

doi:10.6041/j.issn.1000-1298.2024.05.025

基于校正光谱序列融合的小麦腥黑穗病籽粒分类方法

梁琨^{1,2} 宋金鹏³ 张驰⁴ 梅秀明⁴ 陈赵越¹ 张靖笛¹

(1. 南京农业大学人工智能学院, 南京 210031;

2. 南京农业大学江苏省智能化农业装备重点实验室, 南京 210031; 3. 南京农业大学工学院, 南京 210031;

4. 南京市产品质量监督检验院国家市场监督管理总局重点实验室(生物毒素分析与评价), 南京 210019)

摘要: 针对小麦腥黑穗病轻度患病籽粒易与健康籽粒混淆, 人工识别难度大的问题, 将校正光谱序列融合技术与深度学习模型相结合, 实现小麦腥黑穗病籽粒快速、精准分类。以健康、轻度患病、重度患病各 300 粒小麦籽粒的高光谱数据为样本, 通过多元散射校正算法(MSC)和标准正态变换算法(SNV)对原始光谱进行预处理, 并利用二维相关光谱法(2D-COS)分析 SNV 与 MSC 算法处理后的光谱之间的互补性。使用校正光谱序列融合技术将原始光谱、SNV 预处理光谱与 MSC 预处理光谱三者进行融合得到序列融合光谱, 以充分利用不同光谱预处理数据间的互补信息。最终, 利用序列融合光谱数据建立基于 ResNet 50 算法的小麦腥黑病分类模型。试验结果表明, 序列融合光谱 ResNet 50 模型总体准确率最高为 93.89%, F1 值为 93.87%, 分类性能优于单一预处理光谱建立的 ResNet 50 模型。为进一步评估模型分类效果, 使用序列融合光谱分别建立偏最小二乘判别分析(PLS-DA)、支持向量机(SVM)以及集成学习算法模型随机森林(RF)与极端梯度提升树(XGBoost)模型, 并进行对比, 结果显示: SVM、PLS-DA、RF 与 XGBoost 总体准确率分别为 81.67%、84.44%、89.44% 与 90.55%, F1 值分别为 81.59%、84.04%、89.49% 与 90.59%, ResNet 50 总体准确率与 F1 值优于传统光谱分析模型。因此, 本研究表明校正光谱序列融合技术结合深度学习模型, 能够实现对不同患病程度腥黑穗病籽粒的有效分类。

关键词: 小麦腥黑穗病; 籽粒分类; 校正光谱序列融合; 二维相关光谱法; 深度学习

中图分类号: S512.1; S41-30 文献标识码: A 文章编号: 1000-1298(2024)05-0263-10 OSID:



Classification of Common Bunt of Wheat Kernels Based on Series Fusion of Scatter Correction Techniques

LIANG Kun^{1,2} SONG Jinpeng³ ZHANG Chi⁴ MEI Xiuming⁴ CHEN Zhaoyue¹ ZHANG Jingdi¹

(1. College of Artificial Intelligence, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210031, China

2. Jiangsu Province Engineering Laboratory for Modern Facility Agriculture Technology and Equipment,

Nanjing Agricultural University, Nanjing 210031, China

3. College of Engineering, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210031, China

4. Key Laboratory of Biotoxin Analysis and Assessment for State Market Regulation,

Nanjing Institute of Product Quality Inspection and Testing, Nanjing 210019, China)

Abstract: An innovative approach that integrated series fusion of scatter correction techniques with deep learning models was introduced to achieve rapid and precise classification of common bunt in wheat kernels. Manual identification of this disease can be particularly challenging, especially in cases with mild infections. To address this challenge, the high-spectral data was leveraged from a sample set comprising 300 kernels, encompassing healthy, mildly infected, and severely infected kernels. The original spectra underwent preprocessing by using the multiplication scatter correction (MSC) and standard normal variate (SNV) algorithms. Furthermore, two-dimensional correlation spectroscopy (2D-COS) analysis was employed to assess the complementarity between spectra processed by SNV and MSC. Subsequently, the series fusion of scatter correction techniques was applied to amalgamate the original spectra, SNV-processed spectra, and MSC-processed spectra, resulting in fused spectral sequences that harnessed the complementary information from various spectral preprocessing methodologies. Following

收稿日期: 2023-09-25 修回日期: 2023-10-24

基金项目: 江苏省自然科学基金面上项目(BK20221518)和江苏省农业科技自主创新资金项目(CX(23)1002)

作者简介: 梁琨(1983—), 女, 副教授, 博士, 主要从事农产品检测技术研究, E-mail: kliang@njau.edu.cn

this, a classification model for wheat common bunt, based on the ResNet 50 algorithm, was developed by using the fused spectral data. Experimental results demonstrated that the ResNet 50 model achieved the highest classification accuracy of 93.89% and an F1-score of 93.87%, surpassing models based on individual preprocessing methods. To further evaluate the classification performance of the model, partial least squares discriminant analysis (PLS-DA), support vector machine (SVM), and ensemble learning algorithms, random forest (RF), and extreme gradient boosting (XGBoost) models were constructed by using the fused spectral data and comparison was done. The results revealed that SVM, PLS-DA, RF, and XGBoost achieved overall recognition accuracies of 81.67%, 84.44%, 89.44%, and 90.55%, respectively, with corresponding F1-scores of 81.59%, 84.04%, 89.49%, and 90.59%. Importantly, the ResNet 50 model outperformed traditional spectral analysis models in terms of overall accuracy and F1-score. In summary, ResNet 50 outperformed traditional spectral analysis models in terms of both overall accuracy and F1-score. In conclusion, this research underscored the efficacy of combining series fusion of scatter correction techniques with deep learning models for the classification of common bunt in wheat kernels at varying infection levels. This approach held promise for the development of rapid and non-destructive detection methods for common bunt in wheat kernels.

Key words: common bunt; wheat kernel classification; series fusion of scatter correction; two-dimensional correlation spectroscopy; deep learning

0 引言

小麦腥黑穗病作为导致小麦减产的主要病害之一^[1],广泛分布于我国的主要粮食产区^[2]。小麦腥黑穗病影响小麦的生长发育过程,对小麦的质量与产量造成严重破坏,且部分致病菌种属于检疫性真菌^[3]。小麦腥黑穗病可通过籽粒携带真菌孢子进行传播^[4],轻度患小麦腥黑穗病籽粒易与健康籽粒混淆,人工难以区分,使得小麦腥黑穗病防治难度大。因此,实现小麦腥黑穗病籽粒的快速无损分类,控制小麦腥黑穗病传播并进行有效防治,对保证粮食安全具有重要意义。

目前主要通过病菌检测与患病籽粒检测两种方式对小麦腥黑穗病进行检测。病菌检测通过检测小麦光腥黑粉菌(*Tilletia foetida*)、小麦网腥黑粉菌(*Tilletia caries*)、小麦矮腥黑穗病菌(*Tilletia controversa* Kühn)与小麦印度腥黑穗病菌(*Tilletia indica* Mitra)^[5]4种小麦腥黑穗病致病菌的方式检验小麦腥黑穗病。若在病菌检测中发现菌瘿,通常采用形态学检验的方式,观察菌瘿中的病菌形态并加以鉴别;若未发现菌瘿,而在洗涤检验中观察到疑似病菌,则通过PCR检测等分子检测方法,利用遗传信息的差异鉴别上述病菌^[6-8]。病菌检测存在检测周期长、效率低、前处理步骤复杂等缺点,仅适用于实验室检测。患病籽粒检测主要通过人工检测患病籽粒的方式检验小麦腥黑穗病。人工检测效率较低且主观性强,易出现轻度患病籽粒与健康籽粒的误判,且患腥黑穗病的籽粒释放出的三甲胺经人体吸入后可能引发急性中毒^[9-11]。患病籽粒检测效率较低且无法达到标准化检测,不能满足当前的检

测需求。当前对小麦腥黑穗病的检测方法均有一定的局限性,因此需要一种能够快速、无损、高通量检测腥黑穗病小麦籽粒的方法,实现患腥黑穗病小麦籽粒的快速、精准分类。

校正光谱序列融合技术将多种预处理光谱数据进行序列融合,能够充分利用经不同预处理方法处理后的光谱数据所提供的互补信息^[11-12],提升模型性能。高光谱技术通常仅使用一种表现相对较优预处理算法对光谱进行预处理^[13-15],无法去除多种误差影响,影响模型性能。而校正光谱序列融合技术融合多种预处理光谱,去除多种误差影响,降低误差。LIU等^[16]通过序列拼接归一化后的原始光谱、标准正态变换算法(SNV)与多元散射校正算法(MSC)预处理后的光谱,并利用序列融合光谱构建卷积神经网络(CNN)模型,其构建的CNN模型能够有效区分混入不同比例醇的柴油样品,且能够预测混合物中甲醇和乙醇含量。虽然序列光谱数据融合技术可以对光谱数据特征进行补充,但是如何充分挖掘有效的互补信息,提高判别准确率依然是需要解决的问题。当前通常采用SVM^[17]、PLS-DA^[18]等传统机器学习算法对样品光谱信息进行训练,实现样品分类,但传统机器学习算法存在检测精度不佳等问题。而深度学习模型能够深度挖掘光谱中的信息,有效提取光谱的高阶非线性特征^[19],显著提升分类精度。深度学习结合高光谱技术在农作物组分检测^[20]、病害检测^[21]等领域优势明显,模型性能优于传统机器学习算法。

本文以3类不同程度患小麦腥黑穗病籽粒为研究对象,使用SNV与MSC算法对3类小麦籽粒的高光谱数据进行预处理,使用校正光谱序列融合技

术将原始光谱、SNV 光谱与 MSC 光谱进行序列融合,并利用深度学习算法进一步挖掘序列融合光谱深度信息,建立基于 ResNet 50 的小麦腥黑病分类模型,以解决轻度患小麦腥黑穗病籽粒易与健康籽粒混淆和人工识别难度大的问题。

1 材料与方法

1.1 实验材料

实验样品采集于江苏省张家港市,采集品种为扬麦 16,采集时间为 2022 年 6 月,患病籽粒感染病菌为小麦光腥黑粉菌。由专业实验人员依照相关团体标准^[22],具体评价标准见表 1,根据小麦籽粒外观与气味差异,分别挑选出健康籽粒样品、轻度患病籽粒样品、重度患病籽粒样品各 300 粒,共计 900 粒样品进行实验。对应样品外观如图 1 所示。

表 1 3 类小麦样品外观与气味差异

Tab.1 Appearance and odor difference of three types of wheat samples

小麦籽粒感染程度	外观	气味
健康籽粒	形态饱满,颜色为正常的橙黄色,质地坚硬	无异味
轻度患病籽粒	表层出现灰白色外膜,出现褶皱,内部较为坚硬	轻微异味
重度患病籽粒	表层为一层灰白色薄膜,质地较软,其内部充满黑色孢子团,籽粒变为菌瘦 ^[23-24]	中度及以上强烈异味

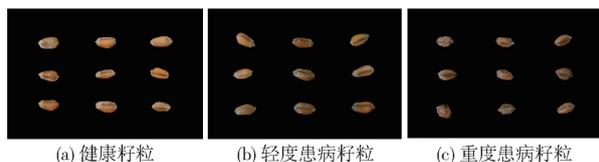


图 1 3 类小麦籽粒

Fig. 1 Three types of wheat kernels

1.2 高光谱数据采集

采用五铃光学公司生产的推扫式可见光-近红外高光谱成像系统采集高光谱图像,其仪器参数如下:光谱范围为 357 ~ 1 016 nm,光谱分辨率为 2.8 nm。使用 2 台 21 V/150 W 线性卤素灯作为光源。采集前对光源角度以及镜头焦距进行调节,设定相机物距为 280 mm,曝光时间为 10 ms,并设置移动平台移动速度为 0.28 mm/s,保证采集图像质量。

采集前需对系统进行预热,预热 20 min 后首先使用标准聚四氟乙烯材质白板进行黑白校正文件采集。高光谱图像采集时,将小麦样品置于黑色背景板上并置于暗箱中进行高光谱采集,减少外界光线影响。高光谱图像采集后于高光谱成像系统自带的

Spectral Image - VNIR 软件中根据黑白校正公式进行黑白校正,以去除因光源强度不均所造成的系统误差。黑白校正公式为

$$R_j = \frac{R_i - R_d}{R_w - R_d} \quad (1)$$

式中 R_j ——校正后图像

R_i ——原始图像

R_w ——白校正图像

R_d ——黑校正图像

黑白校正后利用 ENVI 4.8 软件提取样品光谱,在样品高光谱图像中提取每一个小麦籽粒感兴趣区域(Region of interest, ROI),将 ROI 区域内所有像素平均光谱反射率数据作为该籽粒光谱数据,共计采集 900 条光谱数据。为去除噪声影响,仅保留 400 ~ 1 000 nm 的光谱数据(共 558 个波段)。构建患腥黑穗病小麦籽粒高光谱数据集,将 3 类小麦籽粒样品的高光谱数据按照 6:2:2 随机划分为训练集、验证集与测试集,并使 3 个集合中 3 类小麦样品比例均为 1:1:1。

1.3 实验方法

1.3.1 校正光谱序列融合技术

校正光谱序列融合技术的基本思想是通过将多种预处理后的高光谱数据进行序列融合,以融合不同预处理光谱数据中所携带的互补信息,提升模型性能。目前,主要通过从多种预处理算法中选择出一种表现较优的预处理算法对光谱进行预处理,但单一的预处理算法仅能去除光谱数据中特定类型的误差影响,如基线漂移、峰值偏移等,而不能同时去除光谱中的多种误差影响^[25]。而校正光谱序列融合能够充分利用不同预处理光谱中的互补信息去除多种影响,得到更为有效的分类模型。本文选用标准正态变换算法(Standard normal variate, SNV)与多元散射校正算法(Multiplication scatter correction, MSC)对光谱进行预处理。SNV 能够有效消除因粒子大小不均对物体表面的漫反射产生的影响。MSC 能够有效改善小麦籽粒表面不平滑所带来的散射以及光源造成的基线漂移等误差影响。将原始光谱、SNV 预处理光谱与 MSC 预处理光谱进行序列融合。序列融合前需进行数据标准化,使不同预处理光谱具有相同量级,增强可比性。本文使用 Z - Score 标准化,计算公式为

$$Z = \frac{X - \mu}{\sigma} \quad (2)$$

式中 Z ——Z - Score 标准化后光谱数据

X ——光谱数据

μ ——平均值

σ ——标准差

序列光谱数据融合技术流程如图 2 所示。

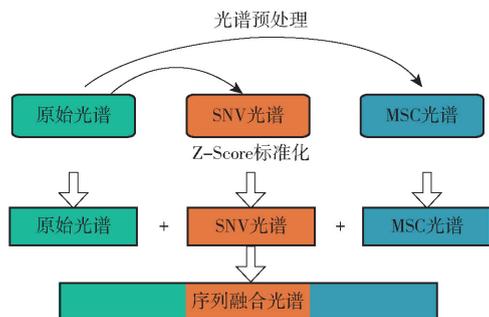


图 2 校正光谱序列融合技术

Fig. 2 Series fusion of scatter correction techniques

1.3.2 二维相关光谱法

利用二维相关光谱法 (2D-COS) 将一维空间光谱扩展至二维空间,以探究不同预处理光谱的二维同步谱差异,证明不同预处理光谱间存在互补信息。2D-COS 可增强光谱分辨率,并探测到在外部扰动下样本分子变化情况,如分子间相互作用,不同吸收峰关系等^[26]。其同步谱依据对角线对称,位于对角线上的为自相关峰,两侧为交叉峰,自相关峰表示物质随外部扰动变化的特征谱带,交叉峰表示物质中关联较大的官能团^[27]。同步谱中自相关峰对应等高线,等高线越密集自相关峰越强,证明对外部扰动越敏感^[28]。不同光谱的 2D-COS 同步谱对角线上的自相关峰差异,能够说明不同光谱数据中存在差异^[29],可作为不同光谱中可能存在互补信息的依据^[30]。2D-COS 公式为

$$\theta(v_1, v_2) = \frac{1}{m-1} \mathbf{S}^T(v_1) \mathbf{S}(v_2) \quad (3)$$

其中

$$\mathbf{S}(v) = \begin{bmatrix} S(v, t_1) \\ S(v, t_2) \\ \vdots \\ S(v, t_m) \end{bmatrix}$$

式中 $\theta(v_1, v_2)$ —— v_1 和 v_2 之间的同步二维相关强度

\mathbf{S} ——以 m 步测量具有相同间隔 t 的光谱的动态光谱强度

S ——光谱强度 v ——波长

t ——扰动间隔 m ——步长

v_1 ——波长 1 v_2 ——波长 2

1.3.3 一维 ResNet 50 模型

深度学习模型能够深度挖掘 3 类籽粒高光谱数据中的有效信息,提高模型分类准确率。本文参考 ResNet 50 模型,对原有的模型结构与参数进行了调整与优化,构建了一维 ResNet 50 模型,使其能够实现 3 类小麦籽粒一维高光谱数据的训练与分类。

ResNet 50 作为一种经典的网络结构,利用残差结构的跳跃连接,避免了因网络加深而导致的梯度消失、退化等问题^[31],残差块作为 ResNet 50 基础结构,需对其进行一维化,使其能够适应一维的高光谱数据。本文将残差块中的二维卷积层替换为一维卷积层,使其能够处理一维的光谱数据。一维化残差块 (1D Conv Block) 内部结构如图 3 所示,其中 1D Conv 为一维卷积层, Batch Norm 为批标准化操作, ReLU 为激活函数。第 1 与第 3 个 1D Conv 中卷积核尺寸为 1, 第 2 个 1D Conv 中卷积核尺寸为 3。

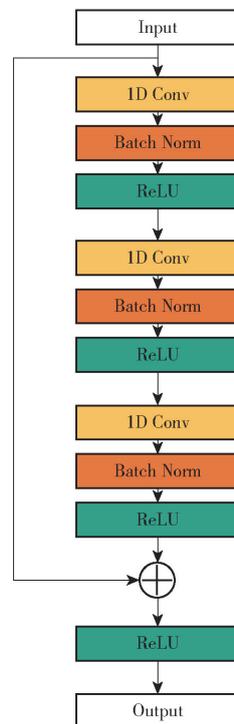


图 3 一维化残差块

Fig. 3 1D Conv Block

使用一维化残差块构建一维化 ResNet 50 模型,一维化 ResNet 50 结构如图 4 所示。使用多个 1D Conv Block 对光谱数据进行卷积,提取光谱特征

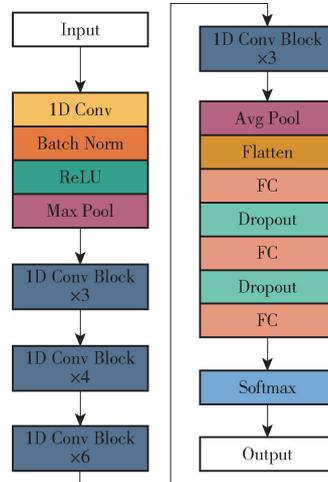


图 4 一维 ResNet 50 模型架构

Fig. 4 Architecture of 1D ResNet 50 model

信息。其中 Max Pool 为最大池化层, Avg Pool 为平均池化层, Flatten 为展平层, FC 为全连接层。防止模型过拟合, 对 ResNet 50 结构进行调整: 将 Flatten 层后原使用的 1 层全连接层替换为 3 层全连接层, 并于 3 层全连接层间添加 Dropout 层, Dropout 层通过设定随机失活概率以决定训练中失活神经元数目, 第 1 个 Dropout 层设定随机失活概率为 0.5, 第 2 个 Dropout 层设定随机失活概率为 0.6, 于 3 层全连接层间添加的 Dropout 层能够防止模型过拟合。最终通过 Softmax 分类器输出 3 类小麦籽粒的概率, 得到籽粒分类结果。

一维 ResNet 50 模型训练前, 需将 3 类小麦籽粒的标签转换为 one-hot 编码形式, 使每个分类向量彼此独立。采用交叉损失熵 (Cross entropy loss) 作为一维 ResNet 50 模型 3 维损失函数, 采用随机梯度下降法 (Stochastic gradient descent, SGD) 更新模型参数并优化训练过程。训练时对模型批尺寸、学习率等超参数进行调优, 多次实验后将模型批尺寸设定为 64, 学习率初始化为 0.01, 迭代次数设为 200 次进行模型训练。

1.3.4 传统光谱分析模型

使用序列融合光谱建立 ResNet 50 模型, 并与线性分类模型——偏最小二乘判别分析 (PLS-DA)、非线性分类模型支持向量机 (SVM) 以及集成学习算法模型——随机森林 (RF) 与极端梯度提升树 (XGBoost) 模型进行对比, 展示序列光谱数据融合技术结合 ResNet 50 模型的有效性, 证明 ResNet 50 模型能够更为有效地提取特征信息, 分类性能优于传统光谱分析模型。本文使用十折交叉验证法, 通过最小交叉验证分类误差平均值来寻找最佳潜在变量数量, 建立小麦赤霉病籽粒 PLS-DA 模型。针对 SVM 模型, 核函数使用径向基函数 (Radical basis function, RBF), 使用十折交叉验证结合网格搜索对惩罚系数与核参数进行寻优, 惩罚系数与核参数搜索区间设为 $-20 \sim 20$, 搜索步长设为 0.1。对于 RF 模型, 使用网格搜索对其迭代次数与最大深度进行

寻优, 迭代次数区间为 $0 \sim 100$, 最大深度区间为 $1 \sim 10$ 。XGBoost 模型参数较多, 使用网格搜索对其迭代次数、学习率、最小叶子节点权重以及最大深度进行参数寻优, 迭代次数区间为 $0 \sim 100$, 学习率区间为 $0.01 \sim 0.1$, 最小的叶子节点权重以及最大深度区间为 $1 \sim 5$ 。

1.3.5 实验环境与评价指标

实验环境为 Windows 10 64 位操作系统, CPU 为 Intel(R) Core (TM) i7 9700K, 频率 3.60 GHz, 内存为 16 GB, GPU 为 NVIDIA GeForce GTX 2080Ti。开发环境为 Python 3.8, 深度学习框架 Pytorch, CUDA 10.0。

使用患腥黑穗病小麦籽粒高光谱数据集构建模型进行训练、验证与测试, 并绘制混淆矩阵, 选取准确率 (Accuracy) 与 F1 值作为模型评价指标, 准确率与 F1 值越高, 表示模型有更佳的分类性能。

2 结果与分析

2.1 校正光谱序列融合

本文采用多元散射校正算法 (MSC) 和标准正态变换算法 (SNV) 对光谱进行预处理。原始光谱与预处理后光谱曲线如图 5 所示。MSC 光谱相较于原始光谱, 光谱更为集中, 光谱间的基线平移与偏移现象得到了改善^[32], 而 SNV 光谱相较于原始光谱, 在原始光谱散射现象得到改善的同时, SNV 光谱峰值变为原始光谱的数倍, 放大了 3 类籽粒间的特征差异^[33]。MSC 与 SNV 去除了原始光谱中不同类型的误差影响, 为进一步证明 MSC 与 SNV 光谱间存在互补信息, 利用 2D-COS 算法将 MSC 光谱与 SNV 光谱的一维光谱曲线转换为二维相关同步谱图, 如图 6 所示。MSC 与 SNV 的二维相关同步谱图中位于主对角线上的自相关峰存在明显差异, 说明 MSC 光谱与 SNV 光谱间存在互补信息^[29]。为充分利用不同预处理光谱中的互补信息, 去除多种误差影响, 使用校正光谱序列融合技术, 将原始光谱、MSC 光谱与 SNV 光谱归一化后进行序列融合, 构建

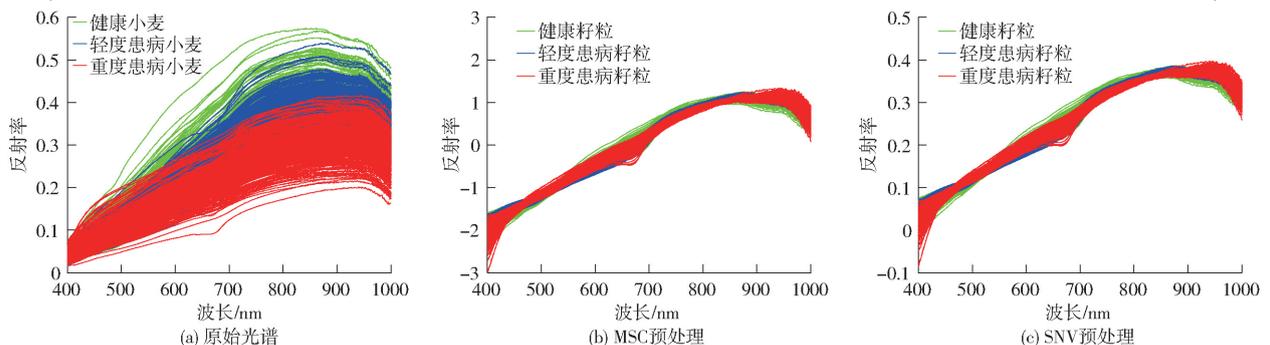


图 5 不同光谱曲线

Fig. 5 Different spectral curves

序列融合光谱。序列融合光谱包含了原始光谱、MSC 光谱与 SNV 光谱中 558 个特征波段,共计 1 674 个特征波段,为模型提供更加丰富的信息。

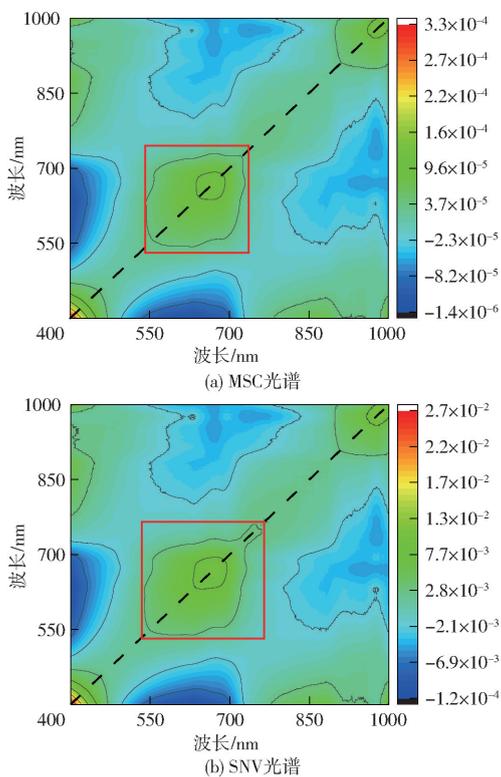


图6 2D-COS 二维同步谱

Fig. 6 Reprehensive synchronous 2D-COS images

2.2 模型训练与测试结果

利用不同光谱数据训练 ResNet 50 深度学习模型,各模型训练过程中的分类准确率曲线与损失函数曲线如图 7 所示。随着训练迭代周期的增加,4 个模型训练集与验证集的准确率逐渐上升,损失值逐渐下降,最终逐渐稳定。SNV 光谱 ResNet 50 模型与 MSC 光谱 ResNet 50 模型经过 120 个迭代周期(epoch)后损失值与准确率快速收敛,序列融合光谱 ResNet 50 模型收敛速度次之,经过 130 个迭代周期逐渐收敛。原始光谱 ResNet 50 模型收敛速度最慢,经过 140 个迭代周期后才逐渐收敛。本文所构建的模型分类性能均较为稳定,未出现过拟合现象。

不同光谱数据训练 ResNet 50 模型测试集结果如表 2 所示,混淆矩阵如图 8 所示。分析可知,不同模型对于重度患病籽粒的分类准确率均为 100%,误判主要发生于健康籽粒与轻度患病籽粒之间,这是由于随病情加重,籽粒外观与内部成分发生了较大改变,重度患病籽粒的外观变为灰黑色,内部变为黑色粉末,导致其光谱特征与健康籽粒、轻度患病籽粒的光谱特征差异较大,易于区分,而健康籽粒与轻度患病籽粒的光谱特征差异较小,易发生误判。原始光谱 ResNet 50 模型总体准确率为 85.00%,F1 值

为 84.99%,其中健康籽粒分类准确率仅为 75.00%。原始光谱 ResNet 50 模型易将健康籽粒识别为轻度患病籽粒,表现相对较差。SNV 光谱 ResNet 50 模型与 MSC 光谱 ResNet 50 模型健康籽粒分类准确率为 75.00% 与 76.67%,与原始光谱 ResNet 50 模型分类性能基本持平,但轻度患病籽粒分类准确率显著提升,准确率为 90.00% 与 91.67%,使得预处理光谱建立的 2 个模型整体性能上升,SNV 光谱 ResNet 50 模型总体准确率为 88.33%,F1 值为 88.27%,MSC 光谱 ResNet 50 模型总体准确率为 93.89%,F1 值为 93.87%。序列融合光谱 ResNet 50 模型充分利用原始光谱、SNV 光谱、MSC 光谱间的互补信息,在有效分类重度患病籽粒的基础上,进一步提高了健康籽粒与轻度患病籽粒分类能力,取得较为优秀的分类效果,健康籽粒分类准确率为 85.00%,轻度患病籽粒分类准确率达到 96.67%,模型总体准确率为 93.89%,F1 值为 93.87%。序列融合光谱 ResNet 50 模型与原始光谱 ResNet 50 模型相比,显著提高了轻度患病籽粒分类准确率,且重度患病籽粒未发生误判。序列融合光谱 ResNet 50 模型与 SNV 光谱 ResNet 50 模型、MSC 光谱 ResNet 50 模型相比,进一步提升了健康籽粒与轻度患病籽粒的分类准确率,取得了较为优秀的分类效果。

2.3 模型对比

为评估本文模型性能,使用序列融合光谱,分别建立传统光谱分析模型 PLS-DA、SVM、RF 与 XGBoost,并与本文建立的 ResNet 50 的分类效果进行对比。测试集结果如表 3 所示,混淆矩阵如图 9 所示。分析可知,SVM 模型分类性能较差,总体准确率为 81.67%,F1 值为 81.59%,相较于 SVM 模型,ResNet 50 不仅对重度患病籽粒的分类能力优于 SVM 模型,且更好地区分了健康籽粒与轻度患病籽粒。PLS-DA 模型能够有效分类重度患病籽粒,分类准确率为 100%,但对于健康籽粒与轻度患病籽粒的分类能力仍逊于 ResNet 50,总体准确率为 84.44%,F1 值为 84.04%。集成学习模型 RF 与 XGBoost 总体分类性能优于 PLS-DA 与 SVM,能够更好地区分健康籽粒与轻度患病籽粒,但对于轻度患病籽粒与重度患病籽粒的分类能力仍逊于 ResNet 50。RF 与 XGBoost 总体准确率为 89.44% 与 90.55%,F1 值为 89.49% 与 90.59%。综上所述,相较于传统机器学习分类模型,ResNet 50 模型更为有效地提取了光谱特征信息,且具有更强的泛化能力,实现了 3 类不同患病程度籽粒精准分类。

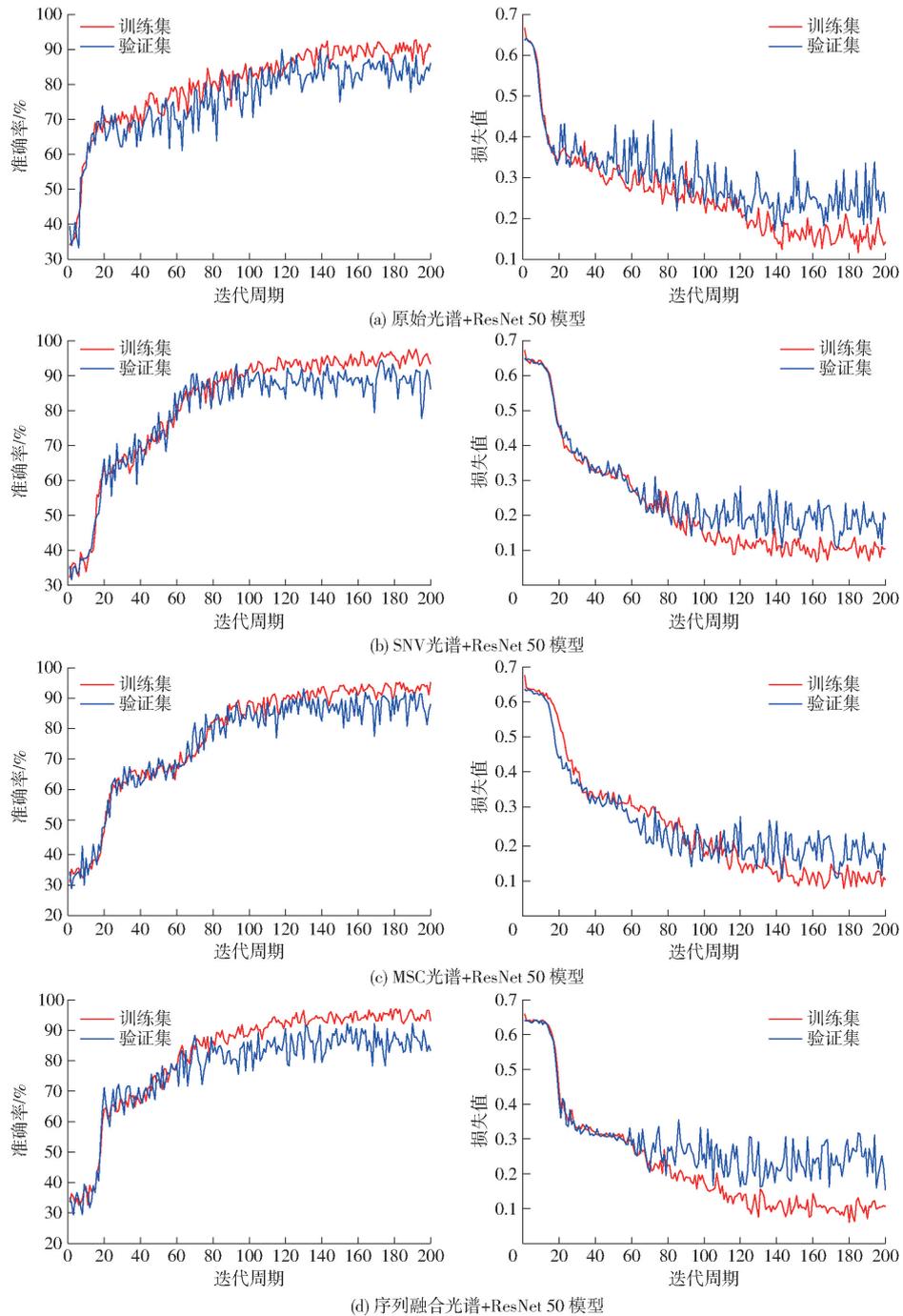


图 7 不同光谱 + ResNet 50 模型准确率与损失值

Fig. 7 Accuracy and loss values of different spectral ResNet 50 models

表 2 ResNet 50 建模结果
Tab. 2 Results of ResNet 50

模型	准确率			总体准确率	F1 值
	健康	轻度患病	重度患病		
原始光谱 + ResNet 50	75.00	80.00	100	85.00	84.99
SNV 光谱 + ResNet 50	75.00	90.00	100	88.33	88.27
MSC 光谱 + ResNet 50	76.67	91.67	100	89.44	89.38
序列融合光谱 + ResNet 50	85.00	96.67	100	93.89	93.87

3 结论

(1) 针对轻度患小麦腥黑穗病籽粒易与健康籽

粒混淆,人工识别难度大的问题,使用校正光谱序列融合技术结合深度学习模型 ResNet 50,建立了序列融合光谱 + ResNet 50 模型。使用校正光谱序列融合技术融合不同预处理光谱间互补信息,使用 ResNet 50 充分提取光谱特征信息,实现 3 类不同患病程度的小麦籽粒有效分类,模型总体准确率为 93.89%, F1 值为 93.87%。3 类籽粒分类准确率均达到 91% 以上。为在籽粒尺度检测小麦腥黑穗病提供了一种新方法。

(2) 校正光谱序列融合技术将原始光谱、MSC 光谱与 SNV 光谱归一化后进行序列融合,构建序列

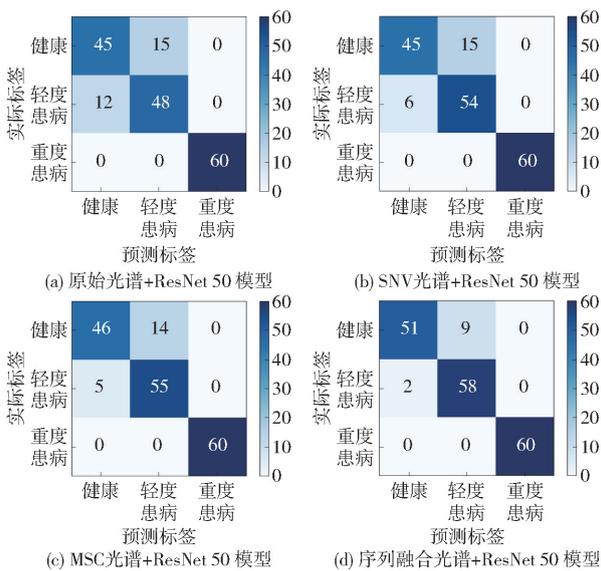


图8 不同光谱 + ResNet 50 模型的混淆矩阵

Fig. 8 Confusion matrix of different spectral + ResNet 50 models

表3 ResNet 50 与传统机器学习算法的建模结果对比

Tab. 3 Comparison of modeling results between ResNet 50 and traditional machine learning algorithms %

模型	准确率			总体准确率	F1 值
	健康	轻度患病	重度患病		
序列融合光谱 + SVM	73.33	75.00	96.67	81.67	81.59
序列融合光谱 + PLS - DA	75.00	78.33	100	84.44	84.04
序列融合光谱 + RF	85.00	86.66	96.67	89.44	89.49
序列融合光谱 + XGBoost	86.66	88.33	96.67	90.55	90.59
序列融合光谱 + ResNet 50	85.00	96.67	100	93.89	93.87

融合光谱。充分利用不同预处理光谱间的互补信息,去除多种误差影响,提升模型性能。本文使用 2D - COS 算法将 MSC 光谱与 SNV 光谱的一维光谱曲线转换为二维相关同步谱图,证明 MSC 光谱与

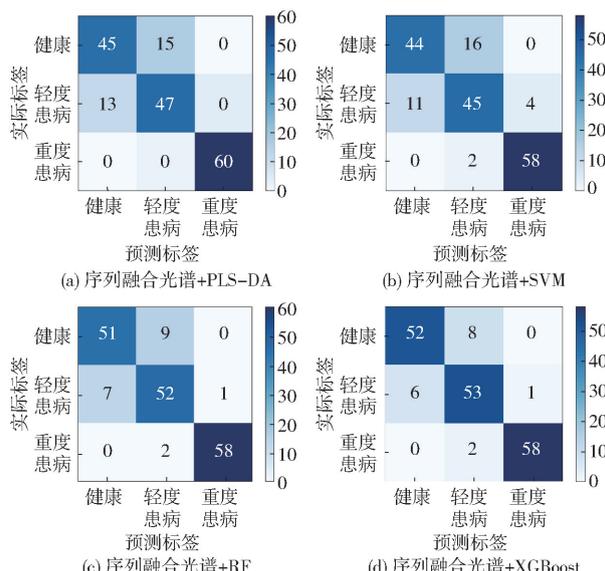


图9 传统光谱分析模型的混淆矩阵

Fig. 9 Confusion matrix of traditional spectral analysis model

SNV 光谱间存在互补信息,为校正光谱序列融合技术对模型性能的提升提供了理论依据。校正光谱序列融合技术为光谱预处理提供了一种新思路。校正光谱序列融合技术并不局限于原始光谱、MSC 光谱与 SNV 光谱融合,更多预处理光谱间的融合将在后续实验中进一步进行验证。

(3)深度学习模型 ResNet 50 能够深度挖掘光谱特征信息,有效区分 3 类不同患病程度的小麦籽粒。将 ResNet 50 分类结果与传统光谱分析模型 SVM、PLS - DA、RF、XGBoost 分类结果相对比。结果显示,SVM、PLS - DA、RF 与 XGBoost 的总体准确率分别为 81.67%、84.44%、89.44% 与 90.55%,F1 值分别为 81.59%、84.04%、89.49% 与 90.59%。ResNet 50 更为有效地提取了光谱特征信息,分类性能优于传统光谱分析模型。

参考文献

- [1] ZHANG Qingqing, MEN Xingyuan, HUI Cang, et al. Wheat yield losses from pests and pathogens in China[J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2022, 326: 107821.
- [2] 中国农业科学院植物保护研究所, 中国植物保护学会. 中国农作物病虫害[M]. 北京: 中国农业出版社, 2015.
- [3] 中华人民共和国农业农村部. 中华人民共和国进境植物检疫性有害生物名录[EB/OL]. [2011-12-06]. http://www.zys.moa.gov.cn/flfg/201904/t20190428_6245344.htm.
- [4] 何春雨,杜久元,张礼军,等. 小麦腥黑穗病研究进展[J]. 麦类作物学报,2012,32(3):589-593. HE Chunyu, DU Jiuyuan, ZHANG Lijun, et al. Advance in the study on wheat bunts[J]. Journal of Triticeae Crops, 2012, 32(3): 589-593. (in Chinese)
- [5] 林授锴,王念武,翁瑞泉,等. 小麦矮腥黑粉菌检疫鉴定研究进展和展望[J]. 植物检疫,2008(5):318-320. LIN Shoukai, WANG Nianwu, WENG Ruiquan, et al. Progress and prospect of research on quarantine identification of *Tilletia controversa* Kuhn[J]. Plant Quarantine, 2008(5): 318-320. (in Chinese)
- [6] 张茜. 小麦矮腥黑粉菌感染小麦穗部的 RNA-Seq 分析[D]. 石河子: 石河子大学, 2020. ZHANG Han. RNA-Seq analysis of *Tilletia controversa* Kühn infection wheat grains[D]. Shihezi: Shihezi University, 2020. (in Chinese)
- [7] GB/T 18085—2000 植物检疫 小麦矮腥黑穗病菌检疫鉴定方法[S]. 2000.
- [8] GB/T 28080—2011 小麦印度腥黑穗病菌检疫鉴定方法[S]. 2011.

- [9] 仇智霖. 三甲胺及其代谢物诱导人呼吸道细胞的协同毒性效应及代谢组学研究[D]. 广州: 广东工业大学, 2021.
QIU Zhilin. Study on synergistic toxicity and metabonomics of human respiratory tract cells induced by trimethylamine and its metabolites[D]. Guangzhou: Guangdong University of Technology, 2021. (in Chinese)
- [10] 刘显曾, 李金生, 成坚, 等. 三甲胺(TMA)的毒性研究[J]. 天津轻工业学院学报, 1992(1): 39-44.
LIU Xianzeng, LI Jinsheng, CHENG Jian, et al. Study on toxicity of trimethylamine[J]. Journal of Tianjin Institute of Light Industry, 1992(1): 39-44. (in Chinese)
- [11] HONG Shaoyong, WANG Yanzhi, CHEN An, et al. Rapid assessment of gasoline quality by near-infrared (NIR) deep learning model combined with fractional derivative pretreatment[J]. Analytical Letters, 2022, 55(11): 1745-1756.
- [12] BA Yuling, LIU Jinbao, HAN Jichang, et al. Application of Vis-NIR spectroscopy for determination the content of organic matter in saline-alkali soils[J]. Spectrochimica Acta, Part A: Molecular and Biomolecular Spectroscopy, 2020, 229: 117863.
- [13] 刘爽, 谭鑫, 刘成玉, 等. 高光谱数据算法的小麦赤霉病籽粒识别[J]. 光谱学与光谱分析, 2019, 39(11): 3540-3546.
LIU Shuang, TAN Xin, LIU Chengyu, et al. Recognition of fusarium head blight wheat grain based on hyperspectral data processing algorithm[J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2019, 39(11): 3540-3546. (in Chinese)
- [14] ABDULRIDHA J, MIN A, ROUSE M N, et al. Evaluation of stem rust disease in wheat fields by drone hyperspectral imaging[J]. Sensors, 2023, 23: 4154.
- [15] 李全凯. 小麦白粉病早期快速诊断及病情监测方法研究[D]. 泰安: 山东农业大学, 2022.
LI Quankai. Research on early rapid diagnosis and disease monitoring of wheat powdery mildew[D]. Taian: Shandong Agricultural University, 2022. (in Chinese)
- [16] LIU Shiyu, WANG Shutao, HU Chunhai, et al. Series fusion of scatter correction techniques coupled with deep convolution neural network as a promising approach for NIR modeling[J]. Spectrochimica Acta Part A: Molecular and Biomolecular Spectroscopy, 2023, 291: 122371.
- [17] 刘潭, 李子默, 冯帅, 等. 基于LMPSO-SVM的高光谱水稻稻瘟病害分级检测[J]. 农业机械学报, 2023, 54(11): 208-216, 235.
LIU Tan, LI Zimo, FENG Shuai, et al. Classification detection of hyperspectral rice blast disease based on LMPSO-SVM[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2023, 54(11): 208-216, 235. (in Chinese)
- [18] 蔡苇荻, 张羽, 刘海燕, 等. 基于成像高光谱的小麦冠层白粉病早期监测方法[J]. 中国农业科学, 2022, 55(6): 1110-1126.
CAI Weidi, ZHANG Yu, LIU Haiyan, et al. Early detection on wheat canopy powdery mildew with hyperspectral imaging[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2022, 55(6): 1110-1126. (in Chinese)
- [19] 倪超, 李振业, 张雄, 等. 基于短波近红外高光谱和深度学习的籽棉地膜分选算法[J]. 农业机械学报, 2019, 50(12): 170-179.
NI Chao, LI Zhenye, ZHANG Xiong, et al. Film sorting algorithm in seed cotton based on near-infrared hyperspectral image and deep learning[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2019, 50(12): 170-179. (in Chinese)
- [20] 冯喆, 李卫豪, 崔笛. 基于高光谱成像和深度学习的山核桃内源性异物检测[J]. 农业机械学报, 2021, 52(增刊): 466-471.
FENG Zhe, LI Weihao, CUI Di. Inspection of endogenous foreign body in Chinese hickorynut based on hyperspectral imaging and deep learning[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2021, 52(Supp.): 466-471. (in Chinese)
- [21] 吴叶兰, 管慧宁, 廉小亲, 等. 基于高光谱成像和Att-BiGRU-RNN的柑橘病叶分类[J]. 农业机械学报, 2023, 54(1): 216-223.
WU Yelan, GUAN Huining, LIAN Xiaoqin, et al. Classification of citrus diseased leaves based on hyperspectral and Att-BiGRU-RNN[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2023, 54(1): 216-223. (in Chinese)
- [22] T/KJFX 006—2021 粮食收购过程中腥黑穗病小麦感官鉴别和分类[S]. 2021.
- [23] 陆小成, 苏聪莉, 何俊英. 汉中盆地小麦腥黑穗病防控技术[J]. 现代化农业, 2022(2): 22-23.
LU Xiaocheng, SU Congli, HE Junying. Prevention and control technology of common of wheat in Hanzhong Basin[J]. Modernized Agriculture, 2022(2): 22-23. (in Chinese)
- [24] MATANGUIHAN J B, MURPHY K M, JONES S S. Control of common bunt in organic wheat[J]. Plant Disease, 2011, 95(2): 92-103.
- [25] MISHRA P, BIANCOLILLO A, ROGER J M, et al. New data preprocessing trends based on ensemble of multiple preprocessing techniques[J]. TrAC Trends in Analytical Chemistry, 2020, 132: 116045.
- [26] 由昭红. 基于ATR-MIR和2D-COS技术的鲢鱼糜快速鉴别及其蛋白质二级结构变化原位分析[D]. 杭州: 浙江大学, 2017.
YOU Zhaohong. Rapid discrimination and protein in situ analysis of silver carp surimi based on ATR-MIR and 2D-COS spectroscopy[D]. Hangzhou: Zhejiang University, 2022. (in Chinese)
- [27] 彭严芳, 王君, 吴志生, 等. 丹参酮II A和隐丹参酮近红外光谱的2D-COS解析及其在丹参酮提取物近红外模型中应用[J]. 光谱学与光谱分析, 2022, 42(6): 1781-1785.
PENG Yanfang, WANG Jun, WU Zhisheng, et al. NIR band assignment of tanshinone II A and cryptotanshinone by 2D-COS technology and model application tanshinone extract[J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2022, 42(6): 1781-1785. (in Chinese)

- [28] 安焕炯,翟晨,马倩云,等. 结合2D-COS和光谱融合技术的小麦淀粉回生特性定量表征[J]. 光谱学与光谱分析,2023,43(1):162-168.
AN Huanjiong, ZHAI Chen, MA Qianyun, et al. Quantitative characterization of wheat starch retrogradation by combining 2D COS and spectral fusion[J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2023, 43(1): 162-168. (in Chinese)
- [29] JIANG Hongzhe, RU Yu, CHEN Qing, et al. Near-infrared hyperspectral imaging for detection and visualization of offal adulteration in ground pork[J]. Spectrochim Acta Part A Mol. Biomol. Spectrosc., 2021, 249: 119307.
- [30] LIU Zhimin, SHEN Tao, ZHANG Ji, et al. A novel multi-preprocessing integration method for the qualitative and quantitative assessment of wild medicinal plants: gentiana rigescens as an example[J]. Frontiers in Plant Science, 2021, 12: 759248.
- [31] HE Kaiming, ZHANG Xiangyu, REN Shaoqing, et al. Deep residual learning for image recognition[C]//Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, 2016:770-778.
- [32] 郝勇,吴文辉,商庆园. 饲料中粗脂肪和粗纤维含量的近红外光谱快速分析[J]. 光谱学与光谱分析,2020,40(1):215-220.
HAO Yong, WU Wenhui, SHANG Qingyuan. The research on quantitative analysis of feed crude fat and coarse fiber based on near infrared spectroscopy and variables selection methods[J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2020, 40(1): 215-220. (in Chinese)
- [33] 黄亦其,刘祥焕,黄震宇,等. 基于高光谱成像的甘蔗叶片早期轮斑病与锈病识别技术[J]. 农业机械学报,2023,54(4):259-267.
HANG Yiqi, LIU Xianghuan, HUANG Zhenyu, et al. Identification of early wheel spot and rust on sugarcane leaves based on spectral analysis[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2023, 54(4): 259-267. (in Chinese)

(上接第262页)

- [25] GUO M, XU T, LIU J, et al. Attention mechanisms in computer vision: a survey[J]. Computational Visual Media, 2022, 8(3):331-368.
- [26] HU J, SHEN L, SUN G. Squeeze-and-excitation networks[C]//Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, 2018: 7132-7141.
- [27] QIN Z, ZHANG P, WU F, et al. Fcanet: frequency channel attention networks [C] // Proceedings of the IEEE/CVF International Conference on Computer Vision,2021: 783-792.
- [28] 魏秀参. 解析深度学习:卷积神经网络原理与视觉实践[M]. 北京:电子工业出版社,2018.
- [29] WANG H, WU X, HUANG Z, et al. High-frequency component helps explain the generalization of convolutional neural networks[C]//Proceedings of the IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, 2020: 8684-8694.
- [30] SELVARAJU R R, COGSWELL M, DAS A, et al. Grad-CAM: visual explanations from deep networks via gradient-based localization[C]//Proceedings of the IEEE International Conference on Computer Vision,2017: 618-626.
- [31] HE K, ZHANG X, REN S, et al. Identity mappings in deep residual networks [C] // Computer Vision-ECCV 2016: 14th European Conference, Amsterdam, The Netherlands, October 11-14, 2016, Proceedings, Part IV 14. Springer International Publishing, 2016: 630-645.
- [32] CHOI S, KIM T, JEONG M, et al. Meta batch-instance normalization for generalizable person re-identification [C] // Proceedings of the IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, 2021: 3425-3435.
- [33] TAN M, LE Q. Efficientnet: rethinking model scaling for convolutional neural networks [C] // International Conference on Machine Learning. PMLR, 2019: 6105-6114.
- [34] SIMONYAN K, ZISSERMAN A. Very deep convolutional networks for large-scale image recognition [C] //3rd International Conference on Learning Representations (ICLR 2015). Computational and Biological Learning Society, 2015.
- [35] DING X, ZHANG X, MA N, et al. Repvgg: making vgg-style convnets great again [C] // Proceedings of the IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, 2021: 13733-13742.