

水稻病害孢子多光谱衍射识别与病害源定位方法研究

杨 宁¹ 张天伟¹ 张钊源¹ 张晓东² 毛罕平² 袁寿其³

(1. 江苏大学电气信息工程学院, 镇江 212013; 2. 江苏大学农业工程学院, 镇江 212013;

3. 江苏大学流体机械工程技术研究中心, 镇江 212013)

摘要: 水稻真菌病害主要依赖真菌孢子在空气中进行传播。然而各种水稻病害孢子的形态相近,传统孢子捕捉仪和显微图像法难以对其进行区分。为了能够准确识别目标病害孢子并进行病害源定位,提出了一种水稻病害孢子多光谱衍射识别与病害源定位方法。为了解决传统衍射方法无法识别形态相似的缺点,设计了一种大视场、无透镜的多光谱衍射成像传感器。通过分析病害孢子衍射指纹图谱,解析稻瘟病菌、稻曲病菌孢子多光谱衍射成像特征规律。融合孢子的形态特征和吸收特性,提出指纹分离强度和相对峰差两个特征参数,建立孢子的多光谱衍射识别模型。通过仿真计算实验分析孢子传播规律,耦合环境信息建立孢子传播过程中的扩散模型。在无定向风及有定向风条件下分析孢子的空间分布情况,提出病害爆发源迭代质心定位算法。实验结果表明,本文方法对水稻病害孢子的识别率达到98.5%,对无定向风条件下的定位误差最低为4.9%,对有定向风条件下的定位误差最低为7.1%。

关键词: 水稻病害孢子; 多光谱衍射识别; 孢子扩散模型; 病害源迭代质心定位

中图分类号: S435.111.4

文献标识码: A

文章编号: 1000-1298(2023)04-0250-09

OSID:



Multispectral Diffraction Identification of Rice Disease Spores
and Localization Method of Disease Source

YANG Ning¹ ZHANG Tianwei¹ ZHANG Zhaoyuan¹ ZHANG Xiaodong² MAO Hanping² YUAN Shouqi³

(1. School of Electrical and Information Engineering, Jiangsu University, Zhenjiang 212013, China

2. School of Agricultural Engineering, Jiangsu University, Zhenjiang 212013, China

3. Research Center of Fluid Machinery Engineering and Technology, Jiangsu University, Zhenjiang 212013, China)

Abstract: Rice fungal diseases mainly rely on fungal spores for airborne transmission. However, the morphology of various rice disease spores is similar, and it is difficult to distinguish them by traditional spore trap and microscopic image methods. To be able to accurately identify target disease spores and locate the disease source, a multispectral diffraction identification and disease source localization method for rice disease spores was proposed. A large field-of-view, lens-free multispectral diffraction imaging sensor was designed to address the shortcomings of traditional diffraction methods that cannot identify morphological similarities. By analyzing the disease spore diffraction fingerprinting, the multi-spectral diffraction imaging characteristic pattern of rice blast and rice curd spores was analyzed. By integrating the morphological characteristics and absorption properties of spores, two characteristic parameters of fingerprint separation intensity and relative peak difference were proposed to establish the multispectral diffraction identification model of spores. The spore propagation law was analyzed by simulation and calculation experiments, and the diffusion model in the process of spore propagation was established by coupling environmental information. The spatial distribution of spores was analyzed under the conditions of non-directional wind and directional wind, and an iterative plasmodial localization algorithm of the disease outbreak source was proposed. The experimental results showed that the recognition rate of rice

收稿日期: 2022-06-26 修回日期: 2022-08-23

基金项目: 国家自然科学基金(面上)项目(32171895)、国家重点研发计划项目(2019YFC1606600-03)、江苏大学农装学部项目(NZXB20200205)、水稻生物学国家重点实验室开放项目(20200302)和湛江市科技计划项目(2021A05235)

作者简介: 杨宁(1984—),男,教授,博士生导师,主要从事微传感与自动化检测技术研究,E-mail: yangn@ujs.edu.cn

通信作者: 毛罕平(1961—),男,教授,博士生导师,主要从事设施农业装备与技术研究,E-mail: maohpujs@163.com

disease spores reached 98.5% , and the localization error was as low as 4.9% for undirected wind conditions and 7.1% for directed wind conditions. This method can provide a reference in locating the source of crop disease outbreaks.

Key words: rice disease spores; multispectral diffraction identification; spore diffusion model; iterative plasmacentric localization of disease sources

0 引言

水稻是人类重要的粮食作物之一^[1],全世界有一半的人口食用大米^[2]。当前,水稻正受到各种真菌、细菌等生物因素的影响,每年造成巨大的产量损失^[3]。生物因素中,稻瘟病和稻曲病是导致产量下降的重要原因^[4-5]。稻瘟病和稻曲病的早期诊断和防治能够防止病原菌孢子的广泛传播,不仅对减少经济损失有重要作用,而且还能防止这些病菌对人类造成健康损失^[6]。

目前,水稻病害的检测方法有多种。比如有环境评估法、卫星遥感监测法、高光谱图像分析法、图像法等。胡亮等^[7]利用采集田间温湿度等环境信息评估病害爆发可能性,环境因素是病害爆发必要条件,但不是充分条件,因此该方法的盲目性较强。李鹏伟^[8]利用卫星遥感技术来监测水稻病害,该方法需要专业设备,且主要检测对象为叶片上已经有表征的水稻病株,因此该方法的滞后性大。朱素素^[9]利用高光谱成像技术研究水稻病害的检测模型,该方法对水稻病害识别较好,但是该方法需要在实验室用专业设备进行,无法适用于大田环境。XIAO 等^[10]利用基于主成分分析和反向传播神经网络对稻瘟病进行识别,能够快速识别稻瘟病株。上述研究对水稻病害爆发后的检测具有一定作用,能够在病害大规模表征后进行识别,但是此时叶片已经被侵染,并不能满足早期检测水稻病害的要求。因此,亟需一种水稻病害早期检测方法。

在水稻病害爆发前,稻瘟病菌和稻曲病菌会在叶片上萌发孢子,通过空气将孢子传播到其他叶片上,从而进行病害传播^[11]。因此,从识别病菌孢子的角度出发,如果能在传播过程中捕获并识别孢子,就可以进行病害爆发前检测。目前,孢子的检测方法主要有图像识别法、分子生物学法、光谱检测法等。LI 等^[12]建立了快速高效的环状介导的等温扩增方法,可用于稻曲病的检测。这种方法准确度高,但是由于稻瘟病菌孢子具有密集的甲壳素元素,孢子壁很难被破坏,因此 PCR 检测仅对稻瘟病的菌丝有效,无法检测稻瘟病菌孢子^[13-14]。TIAN 等^[15]将高光谱成像技术用于稻瘟病检测,该方法准确性高,但目前光谱法对病害研究大多在于病害表征后的识

别。钱勇^[16]利用微流控显微成像技术识别水稻病害孢子,该方法根据稻瘟病菌孢子的形态特征,能够在形态各异的孢子中区分出稻瘟病菌孢子。然而,对于形状、大小、颜色类似的孢子,显微图像法的识别难度较大。此外,上述 3 种方法成本较高且需要专业设备,不适用于大田环境。2019 年,笔者研制了一种基于衍射重构的真菌病害孢子检测装置,该装置利用衍射指纹重构出孢子显微图像,能够准确区分形态不同的孢子。此外,该方法能够良好适用于野外大田工作环境^[17]。然而,该装置的局限性在于只能提取形态学特征,对形态相似的孢子识别误差较大。因此,目前亟需一种能够对形态相似的孢子进行准确识别的方法。

病害爆发源的早期检测除了需要对孢子进行识别,还要求对爆发源的定位。而水稻病害传播主要通过空气传播真菌孢子进行。因此,作物病害爆发源定位与空气中污染颗粒爆发源定位具有极高的相似度。王吉等^[18]提出了一种针对多个气体泄漏源进行定位的改进遗传算法。CHAIWINO 等^[19]运用改进后的粒子群优化算法对传感器测量的污染物浓度进行计算,确定了空气污染点源的位置。TOMOHITO 等^[20]通过布置传感器采集浓度信息,应用变分连续同化方法识别多种污染源区位。PARK 等^[21]提出了一种基于局部平均剩余寿命算法实现对室内污染源定位。

为解决上述问题,本文提出一种水稻病害孢子多光谱衍射识别与病害源定位方法。该方法融合孢子的形态学特征和吸收特性,提出两个特征参数进行孢子分类,根据孢子传播的扩散模型,提出病源迭代质心定位算法。

1 实验材料获取与实验平台搭建

1.1 工作原理

1.1.1 多光谱衍射成像原理

多光谱衍射成像是一个基于惠更斯-菲涅尔衍射理论的近场衍射问题。菲涅尔衍射理论假设波前物体可分为无限多的区域元素。这些区域元素可被视为二次源,而二次源由成像平面上各点的复数振幅叠加形成。这一理论可以表示为雷利-索默费尔德积分方程

$$U(M)=\frac{1}{j\lambda}\iint_WU(M_0)\frac{e^{ikr}}{r}k(\chi)dW\tag{1}$$

式中 $U(M)$ ——孢子表面点 M 复振幅
 i,j ——孢子表面坐标值
 $k(\chi)$ ——倾斜系数 λ ——常系数
 k ——波数 M_0 ——中心点
 W ——物体波前面
 r ——点 M 到点 M_0 距离

光源透过孢子样品形成物体波面 W ,它由透过孢子和培养液的物体波面 W_1 和透过培养液的物体波面 W_2 两部分组成。成像平台获得的衍射信息是两部分的衍射效应的叠加。

$$t(x_0,y_0)=t_0+\Delta t(x_0,y_0)\tag{2}$$

式中 t ——参考光场
 t_0 ——初始点参考光场
 Δt ——物体光场
 x_0 ——光场横坐标
 y_0 ——光场纵坐标

其中, t 近似为1。系统中的照明光近似视为振幅为1的垂直入射光。这意味着透射光场与透射率相同。透射光场由两部分组成:由 t_0 代表的平面光构成参考光场,其在 CMOS 平面上的光强分布用 R_0 表示;由 Δt 代表的光场构成物体光场,其在 CMOS 平面上的光强分布用 O 表示,参考光场与物体光场相互干扰,CMOS 图像传感器平面上的光强为

$$I(x,y)=|O(x,y)|^2+|R_0|^2+R_0O(x,y)\tag{3}$$

式中 $I(x,y)$ ——光强分布

根据式(3)可以模拟出物体波前的形状 W_1 。上述参数都是本研究中的样本参数。本文希尔伯特显微镜被用来检测孢子的光学和形态参数。

对于多光谱衍射成像技术,构建了成像系统中的传递函数,其中 $I(\lambda)$ 表示入射光源的光谱功率分布函数, $A(\lambda)$ 表示透射孢子涂片的光谱功率分布函数, $T(\lambda)$ 表示衍射成像系统中的整体透射率函数, $S(\lambda)$ 表示 CMOS 相机的光谱响应性函数。

CMOS 相机每个像素的响应 $R(\lambda_k)$ 可表示为

$$R(\lambda_k)=A(\lambda_k)w(\lambda_k)+n(\lambda_k)\tag{4}$$

式中 $w(\lambda_k)$ ——光谱功率权重函数
 $n(\lambda_k)$ ——暗背底响应

在这一点上,孢子样品的吸收特性在 CMOS 成像传感器的每个像素上都得到了体现。

1.1.2 孢子扩散模型原理

为合理分析实验环境流场分布状况,根据实际尺寸,选用 SolidWorks 软件对实验室进行三维建模。应用 ANSYS 软件对实验室内的速度场进行建模。采用非结构化方式对模型进行网格剖分,细化湿帘

和风机附近的网格,以满足流场梯度变化的要求。

实验室中的气体流动和热交换满足质量、动量和能量守恒定律。实验室内的空气以低速流动,可视为不可压缩流体。流体的物理参数会随时间和空间随机变化。 $k-\varepsilon$ 模型用于描述空气的湍流。

选择离散相模型进行空气中孢子扩散分析,可以计算出不同位置的孢子浓度。本文应用欧拉方法描述实验室流场,拉格朗日方法跟踪纳米微球轨迹。由于实验室中纳米微球的浓度较低,不考虑纳米微球之间的碰撞。粒子轨迹方程为

$$\frac{du_p}{dt}=F_D(u_1-u_p)+\frac{g_x(\rho_p-\rho_1)}{\rho_p}+F_x\tag{5}$$

$$F_D=\frac{18\mu}{\rho_p d_p^2}\frac{C_d Re_p}{24}\tag{6}$$

式中 ρ_p ——颗粒密度
 μ ——湍流密度
 g_x ——通用变量
 ρ_1 ——颗粒密度
 u_p ——颗粒速度
 u_1 —— x 方向流速
 F_x ——相互作用力
 F_D ——拖曳力
 d_p ——微颗粒直径
 Re_p ——相对雷诺数
 C_d ——拖曳力系数

1.1.3 病害源迭代质心定位算法原理

为了实现两种不同环境条件下作物病害源区位的预估,本文提出了一种基于多传感器节点的病害哨兵搜寻算法,图1为迭代定位算法流程图。其基本思想为:首先,在二维区域内等间距布置 n 个传感器节点,之后启动传感器节点进行病害孢子的初次富集,待病害孢子富集完成后,选取 k 个病害孢子节点作为有效节点,其中有效节点为富集到的病害孢子个数大于所有节点富集到的病害孢子平均值的节点。如需实现初步定位,那么可将这 k 个有效节点的质心作为病害源预估的初始位置。此时,病害源预估初始位置为

$$(x_1,y_1)=\left(\frac{x_1+x_2+\cdots+x_k}{k},\frac{y_1+y_2+\cdots+y_k}{k}\right)\tag{7}$$

式中 (x_1,y_1) ——病害源预估初始位置坐标
 k ——节点数

如需进一步确定病害源的精确位置,根据传感器节点测得风速和风向信息,结合不同环境条件下病害源的传播规律确定病害爆发源传播的大致范围,从而进行节点的二次布置。将初次搜寻时病害

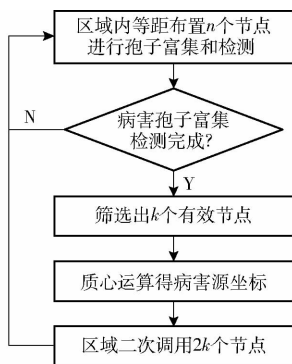


图 1 迭代定位算法流程图

Fig. 1 Flow chart of iterative location algorithm

源的预估位置作为第 2 次节点布置的中心,依据病害源的传播规律构建外接矩形作为二次搜寻节点的布置区域。在这个矩形范围内等间距布置 $2k$ 个节点,若 $2k > n$ 则布置 n 个节点,进行病害孢子二次富集,之后可以选取 k' 个有效节点,通过质心运算可以实现病害源区位的进一步预估,经过多次迭代后,病害源坐标为

$$(x_m, y_m) = \left(\frac{x_1 + x_2 + \cdots + x_{k_m}}{k_m}, \frac{y_1 + y_2 + \cdots + y_{k_m}}{k_m} \right) \quad (8)$$

式中 (x_m, y_m) ——第 m 次迭代后病害源坐标
 k_m ——迭代次数

1.2 实验材料

为了更好体现多光谱衍射识别的优越性,选取了生物微颗粒和非生物微颗粒。其中,稻曲病菌孢子和聚苯乙烯微球的形状、粒径相近,稻瘟病菌孢子和二者的形态差异较大^[22]。稻曲病孢子和稻瘟病孢子来自于中国水稻研究所人工气候室,聚苯乙烯微球球形,平均粒径为 $(5 \pm 0.03) \mu\text{m}$,购自天津大鹅科技有限公司(GREEN-04000 型)。

本实验孢子悬浮液浓度为 $250 \text{ mg}/(10 \text{ mL})$,在水相中分散,在 $4 \sim 8^\circ\text{C}$ 条件下储存。在稀释之前,将溶液超声处理约 2 min ,以减少微球聚集,并将浓度调整为 1×10^6 个/mL 以校准设备的性能。

使用空压机(MDET550-30L 型,温岭申霸空压机制造有限公司)、气溶胶发生器(汇分 3326 气溶胶发生器(24 喷嘴),上海汇分电子科技有限公司)和干燥管(汇分 3602 气溶胶扩散干燥器,上海汇分电子科技有限公司)组成的病害爆发源来模拟病害孢子的释放。

1.3 实验平台搭建

1.3.1 多光谱衍射成像节点设计

衍射光识别气体传感器节点由富集模块和衍射成像模块两部分组成。富集模块用于将空气中的病害孢子富集到玻片上,多光谱衍射成像模块用于采

集孢子的衍射图像信息。多光谱衍射成像节点结构框图如图 2 所示。

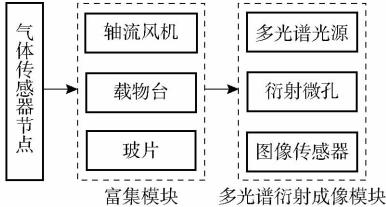


图 2 传感器节点结构框图

Fig. 2 Block diagram of sensor node structure

设备具有体积小、成本低、视野宽、使用方便的特点。多光谱衍射成像节点结构图如图 3 所示。实验平台由两部分组成,包括雾化模块和无透镜衍射成像模块。无透镜成像模块由多光谱光源模块、微孔、过滤齿轮和 CMOS 传感器组成,光源为欧司朗 LAE65D LED。多波长光源由波长分别为 525 、 550 、 575 nm 的 LED 组成。直径 $100 \mu\text{m}$ 的微孔位于光源的正下方,CMOS 传感器位于微孔下方 45 mm 处。图像传感器芯片选择 Aptina 公司的 MTP033,其成像区域面积为 $5.7 \text{ mm} \times 4.28 \text{ mm}$, 5×10^6 像素,这意味着该设备的最终视场为 24 mm^2 ,是传统显微镜的 100 倍。采用定制的芯片模块,可以直接采集灰度图像。这可以在提高采集效率的同时提高采集图像的信噪比。使用该设备时,需要先打开气泵进行孢子雾化,将雾化后的孢子富集到玻片上。升降杆用于控制切换装置富集状态和识别状态。无透镜成像模块用 3 种波长的光对孢子采集衍射指纹。

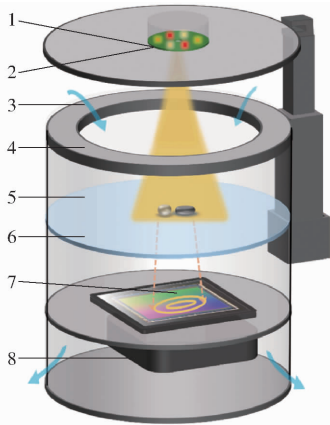


图 3 衍射成像节点结构图

Fig. 3 Node structure diagram of diffraction image

- 1. 多波长光源 2. 微孔 3. 空气通路 4. 空气漏斗 5. 孢子
- 6. 玻片 7. 衍射指纹 8. 轴流风机

1.3.2 定位系统设计

分别准备聚苯乙烯微球、稻曲病菌孢子、稻瘟病菌孢子悬浮液,利用移液枪从悬浮液中吸取 $2 \mu\text{L}$ 到装有 20 mL 纯净水的烧杯中。将稀释后孢子悬浮液倒入体积为 1 L 的雾化瓶中,气溶胶发生器将溶液中的孢子雾化成气溶胶颗粒,然后通过干燥管,以消

除残留的水蒸气。通过一个流量计获得干燥后稳定的气体流速,最后将气体吹到玻片上进行富集。图 4 为实验模拟图。

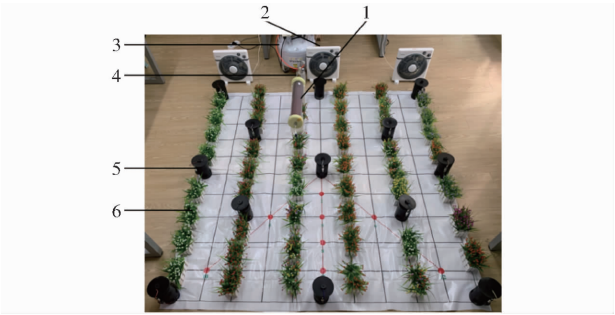


图 4 实验模拟图
Fig. 4 Experimental simulation diagram

1. 干燥管 2. 风扇 3. 空气压缩机 4. 气溶胶发生器 5. 衍射成像节点 6. 仿生植物

2 结果与讨论

2.1 多光谱衍射指纹计算与仿真

孢子形状、大小特征都会影响衍射指纹的形成,因此,不同形态特征的孢子的衍射指纹也有一定区别。然而,由于空气中存在多种微颗粒(包括生物微颗粒和非生物微颗粒),在检测中有许多与目标孢子形态相似的微颗粒。

为了提高识别精度,引入了多光谱衍射识别方法。不同微颗粒对光的吸收效应不同,当入射光束进入微颗粒组织后,会出现不同的传播情况。对于病害孢子而言,孢子组织中的蛋白质、水和色素等大分子会吸收光线^[23]。由于分子组成不同,不同物质对光的吸收也有一些差异,例如:紫外线和可见光波段的光主要被色素和蛋白质吸收,而红外波段的光主要被内部水分子吸收。由于孢子本身是半透明的,而不同的孢子之间的颜色差异很大,所以本文选择可见光波段进行研究。

在 Matlab 软件中利用式(1)~(4)计算多光谱下的衍射指纹。其中,采样间隔依据傅里叶变换计算得到。根据显微镜下的形态,模拟一个孢子。它所计算出来的衍射图像与实验平台捕捉到的衍射指纹相似,表明计算正确。如图 5 所示,衍射指纹呈多个同心圆环样,中间条纹十分明显,而边缘的条纹逐渐被消除。这是由于实验所用的部分相干光中包含部分相位不同的光线,这些光线导致了边缘部分条纹分布较模糊。而中心区域几乎不受其他光线影响,因此中心区域和内部条纹更具有价值。

由于不同形态和吸收特性的孢子具有不同的衍射特性,例如稻瘟病菌呈梨形,而稻曲病菌孢子呈圆形,利用 Matlab 软件计算了两种模拟孢子在多光谱

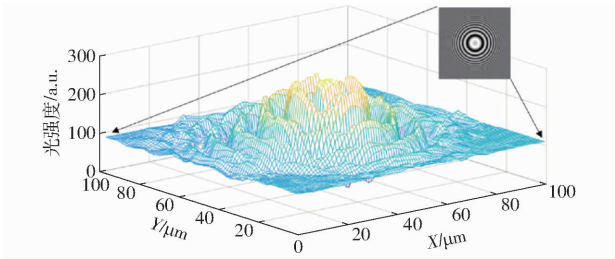


图 5 三维衍射指纹示意图

Fig. 5 Three dimensional diffraction fingerprint schematic

下的衍射指纹。图 6 为计算出来的多光谱衍射指纹,由于理论情况下所得图形呈对称性,因此利用中心轴上的像素强度分布曲线来描述。

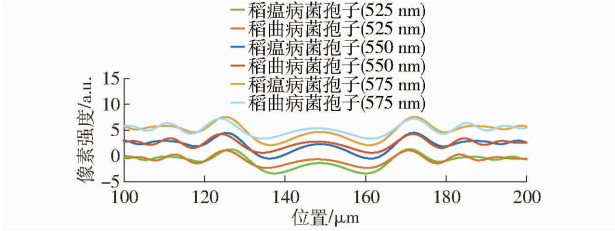


图 6 多光谱衍射指纹仿真曲线

Fig. 6 Multi-wavelength diffraction fingerprint simulation

模拟结果表明,同种孢子在多种波长下的衍射指纹存在显著差异,这是由于孢子对不同波长的光吸收特性不同。而两种孢子在不同波长下的差异性也有一定的区别。因此,多光谱衍射识别具备可行性。

为更好地识别水稻病害孢子并区分出非生物微颗粒和其他病害孢子,将形态特征与吸收特性相结合,设计指纹分离强度(FSS)和相对峰差(RPP)两个参数来量化这些孢子的特征,在不同的波长图像条件下,两种参数具有不同的特征,计算公式为

$$F_{ss} = \frac{\sum (I_n^2(x) - I_{n_0}^2(o))d^2(x)}{\sum d^2(x)} \tag{9}$$

$$R_{pp} = k_0 \frac{\sum (I(x) - n_0 I_m)d(x)}{n_0 I_m} \tag{10}$$

式中 $I_n(x)$ ——第 x 个像素点的像素强度
 $I_n(o)$ ——中心像素的归一化像素强度
 $d(x)$ ——第 x 个像素点到中心像素点的距离
 I_m ——平均背景像素强度
 k_0 ——常数系数
 n_0 ——像素点序号
 F_{ss} ——指纹分离强度
 R_{pp} ——相对峰差

2.2 气传孢子扩散规律分析与仿真

本文利用 ANSYS 对空气中病害孢子传播情况进行仿真计算,归纳病害孢子的传播规律。此外,利用 SolidWorks 软件对实验场地进行建模,模型中包

括作物场域和自由扩散场域。图 7 为流场分布示意图,其中,模拟作物场域高为 1 m,面积为 4 m²,自由扩散场域高为 0.3 m,面积为 4 m²。参照实际情况,作物间隔并呈列状分布。为了简化模型,将作物简化为尺寸为 0.1 m×0.1 m×0.3 m 的立方体。

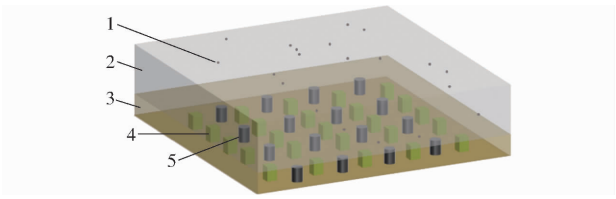


图 7 流场分布示意图

Fig. 7 Schematic of experimental flow field

1. 病害孢子 2. 自由扩散场域 3. 作物场域 4. 模拟植物
5. 衍射成像节点

利用 ANSYS 软件在湍流模型和离散相模型下模拟计算。无定向风时,病害孢子在爆发后呈静态传播,受空气密度影响向四周扩散。图 8 为无定向风下的仿真结果。设置初始释放速度为 0.1 m/s。随着爆发速度的增加,从 x 轴方向看,浓度从中心向外围递减趋势较小,这是由于此方向无作物阻拦。而从 y 轴方向分析,浓度下降趋势较缓,这是由于被相邻植物阻碍。

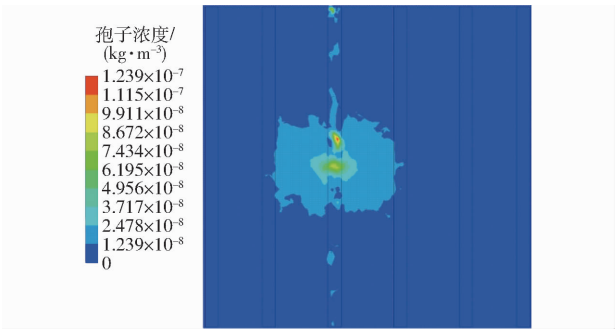


图 8 无定向风条件下孢子传播规律

Fig. 8 Spore propagation pattern in absence of wind

图 9 为定向风下的仿真结果,设置初始释放速度为 0.1 m/s,设置初始风速为 0.1 m/s。与无定向风条件不同,由于受外来风向影响,孢子浓度分布不均匀。从整体上看,在有定向风的环境条件下,病害

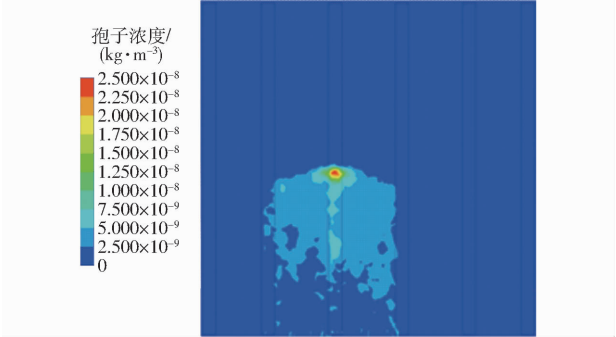


图 9 定向风条件下的孢子传播规律

Fig. 9 Spore propagation pattern with directional wind

孢子的传播范围可以用矩形区域进行近似,且定向风速越大,爆发源处的病害孢子浓度越低。

2.3 多光谱衍射指纹识别可用性分析

图 10 为采集到的衍射指纹。利用多光谱衍射成像装置采集 3 种样品的衍射指纹,进行衍射参数可用性分析。随着孢子半径增加,主暗条纹半径保持不变。稻瘟病菌孢子相较于其他两种样品具有较高的指纹分离强度,而稻曲病菌孢子和聚苯乙烯微球具有相似的指纹分离强度,这是因为稻曲病菌孢子和聚苯乙烯微球具有相似的形态,这说明指纹分离强度能够很好地区分形态特征。在同种波长下,稻曲病菌孢子的相对峰差高于稻瘟病菌孢子和聚苯乙烯微球,这是由于他们的光吸收特性不同^[24]。

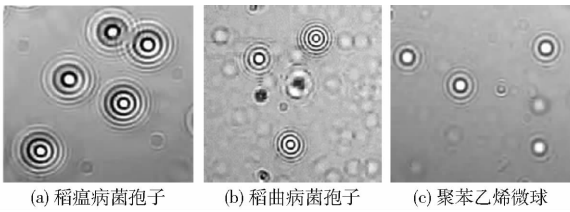


图 10 衍射指纹图

Fig. 10 Diffraction fingerprint pattern

为了评估特征参数 FSS、RPP 的准确率,选取 300 组实验数据进行对比。为了使图形更加清晰,本文选取 50 组随机样品,选取的样品结果与全部结果一致,能够稳定表征特征参数的规律,图 11 为聚类因子图。本方法对不同形态孢子的识别率达到 98.5%,对形态相似孢子识别率达到 95.3%。

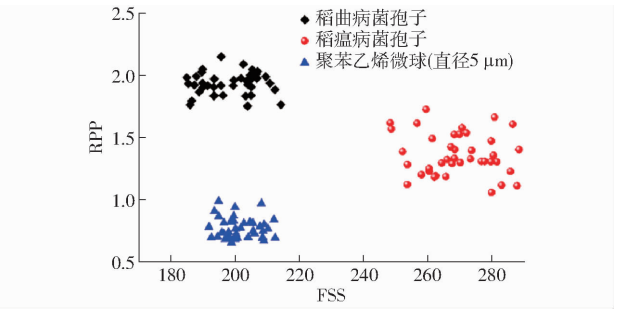


图 11 聚类因子图

Fig. 11 Clustering factor graph

2.4 病害源迭代质心定位算法可用性分析

为了验证病害源迭代质心定位算法的准确性及实用性,本文分别在无定向风和有定向风条件下进行扩散实验。分别随机布置若干处病害爆发源,实验开始 1 h 后,打开多光谱衍射节点进行孢子捕捉和检测,依据各个衍射节点的孢子个数,运用迭代质心定位算法进行定位计算。依据实验结果,为了更好地描述定位准确度,需要对定位结果进行相对误差计算,其计算公式为

$$R_e = \frac{x}{D_{\text{MAX}}} \times 100\% \quad (11)$$

式中 x ——实验定位与初始爆发源之间的距离
 D_{MAX} ——实验区域的最大边长
 R_E ——相对误差

表 1 为 10 次定位坐标及其误差结果,其中 1 ~ 5 为无定向风条件下结果,6 ~ 10 为有定向风条件下的结果。

表 1 有定向风及无定向风条件下迭代定位坐标及误差

Tab.1 Iterative positioning coordinates and errors under directional and windless conditions							cm
序号	病害源坐标	一次定位坐标	二次迭代坐标	三次迭代坐标	一次定位误差	二次迭代误差	三次迭代误差
1	(40, 60)	(20.5, 62.5)	(38.5, 53)	(35.5, 62)	19.7	7.2	4.9
2	(90, 10)	(35.5, 28)	(26.5, 14.5)	(28, 5)	18.8	5.7	5.4
3	(100, 100)	(105, 92.5)	(92.5, 99)	(104, 101)	9.0	7.6	4.1
4	(120, 90)	(122, 105)	(131, 87)	(116.5, 89)	15.1	11.4	3.6
5	(200, 130)	(195, 133.5)	(191.5, 125)	(193.5, 126)	6.1	9.9	7.6
6	(30, 40)	(45, 31)	(19, 32)	(28, 47)	17.5	13.6	7.3
7	(90, 120)	(113, 137)	(94, 133.5)	(92, 114)	28.6	14.1	6.3
8	(100, 100)	(83, 129.5)	(91, 107.5)	(98, 109)	34.0	11.7	9.2
9	(130, 150)	(146, 155)	(126, 165)	(128.5, 145.5)	16.8	15.5	4.7
10	(160, 80)	(142, 101)	(176, 84)	(157.5, 73)	27.7	16.5	7.4

图 12 为无定向风条件下的定位坐标图,第 1 次定位平均误差为 13.7%,到第 2 次迭代时,定位平均误差仅为 8.3%,第 3 次迭代后,定位平均误差 4.9%,满足基本定位需求。

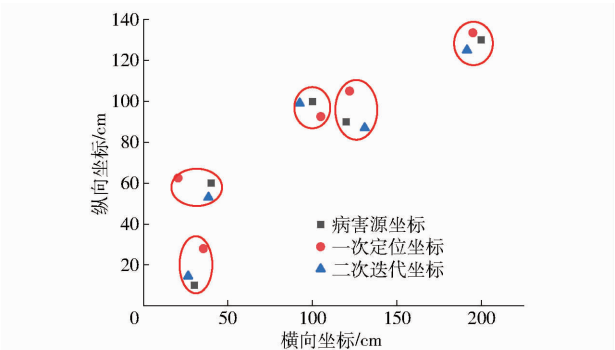


图 12 无定向风条件下迭代坐标分布图
Fig. 12 Iteration coordinate distribution diagram under no wind condition

图 13 为有定向风条件下的定位坐标图,第 1 次定位平均误差为 24.9%,到第 3 次迭代时,定位误差降为 7.1%。平均误差高的原因是定向风的存在增加了定位难度。

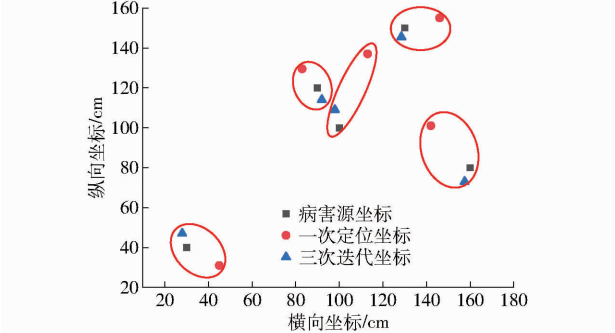


图 13 有定向风条件下迭代坐标分布图
Fig. 13 Iterative coordinate distribution with directional wind

如图 14 所示,无论是有无定向风下,随着迭代次数的增加,定位误差呈下降趋势,且都在第 3 次迭代后无明显下降。对于无定向风,结合考虑简化运算难度,二次迭代已满足定位需求。而对于有定向风,为了能够更精准地定位病害爆发源,需要 3 次迭代定位。

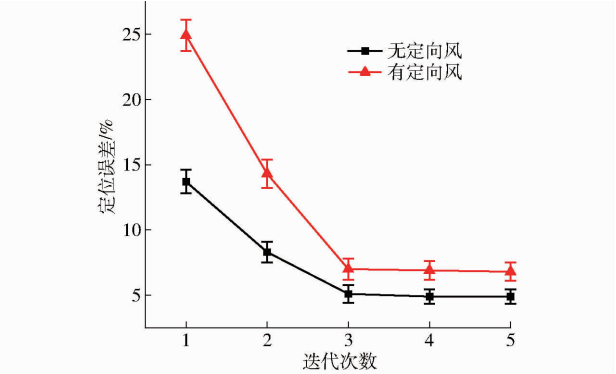


图 14 迭代定位误差曲线
Fig. 14 Iterative positioning error diagram

2.5 病害源迭代质心定位算法验证实验

为了验证多光谱衍射识别方法的准确性和病源迭代质心定位算法的可用性,在野外大田环境中进行稻曲病发病区域的孢子识别及病源定位实验,大田实验如图 15 所示。

在野外稻田中,以稻曲病病株为中心,向四周辐射状布置多光谱衍射识别传感器,共布置 20 个传感器节点。节点布置完成后,对稻曲病菌孢子进行富集,富集时间设置为 2 h。富集完成后对采集到的衍射指纹进行特征提取。图 16 为其中一个节点采集到的衍射指纹图,图中黑色斑点为空气中的灰尘及杂质,同心圆环为孢子的衍射指纹。

经整理,孢子识别结果和病源定位情况如表 2



(a) 稻曲病病株



(b) 稻田节点布置图

图 15 大田实验

Fig. 15 Field experiment graphs

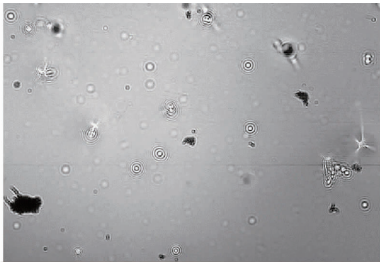


图 16 含有杂质的衍射指纹图

Fig. 16 Diffraction fingerprints with foreign substance

所示。由表 2 可知,传统衍射法能够满足不同形态孢子的检测需求,但是大田环境复杂,出现相似形态颗粒时识别效果较差。多光谱衍射法中各个节点中稻曲病菌孢子的识别率最低达到 90%,最高可达 96%。病害源迭代定位平均误差为 12.1%。

不同于实验室模拟实验,真实稻田中由于发病数量较少,且空气流通速度快,空气中稻曲病孢子浓度较低。此外,由于稻田中微颗粒成分复杂,

表 2 孢子识别及病源定位情况

Tab.2 Spore identification and localization of disease source

实验序号	disease source			%
	衍射法平均 识别率	多光谱衍射法 平均识别率	迭代质心定位 平均误差	
1	86	96	11.5	
2	79	92	12.2	
3	88	95	13.4	
4	82	91	11.6	
5	85	90	11.8	

不同病害孢子粘连程度大,空气中杂质微颗粒与稻曲病孢子粘连情况也较为严重,因此识别的准确性及定位的精确度略差于实验室模拟实验。该实验结果证实了多光谱衍射识别和病害爆发源定位方法的可用性。

3 结论

(1)提出一种基于多光谱衍射识别孢子的小米病害源定位与监测方法,设计一种多光谱衍射成像孢子识别装置,提出多光谱下不同孢子的识别方法,优化形态相似的孢子的识别精度,不仅能够准确识别形态不同的孢子,其识别率达到 98.5%,还能够准确区分形态相似的孢子,其识别率达到 95.3%。

(2)设计了水稻病害爆发源迭代定位算法;在实验中分别验证无定向风、有定向风条件下的定位精度。其中,无定向风条件下,第 2 次迭代后平均定位误差仅有 8.3%,第 3 次迭代后误差降至 4.9%。在有定向风条件下,第 3 次迭代后误差降至 7.1%。

(3)在患有稻曲病病株周围进行稻田验证实验,各个节点中稻曲病菌孢子的识别率最低达到 90%,最高可达 96%。病害源迭代定位平均误差为 12.1%。

参 考 文 献

[1] SAHU K P,KUMAR A,PATEL A,et al. Rice blast lesions: an unexplored phyllosphere microhabitat for novel antagonistic bacterial species [J]. Microb. Ecol. , 2021, 81(3) : 731 – 745.

[2] 李海生,赵雪君,郑翔,等. 水稻病虫害发生变化情况及绿色防控技术措施[J]. 农业开发与装备,2022(4) : 201 – 203.

LI Haisheng,ZHAO Xuejun,ZHENG Xiang, et al. Changes in the occurrence of rice pests and diseases and green prevention and control technology measures[J]. Agricultural Development & Equipment,2022(4) : 201 – 203. (in Chinese)

[3] GUO Lianbo,YU Yunxin,YU Hanyue,et al. Rapid quantitative analysis of adulterated rice with partial least squares regression using hyperspectral imaging system[J]. Journal of the Science of Food and Agriculture,2019,99:5558 – 5564.

[4] JIAN Feng,LU Yang,CHEN Yu,et al. Image recognition of four rice leaf diseases based on deep learning and support vector machine[J]. Computers and Electronics in Agriculture,2020,179(12):105824.

[5] FAN Jing,YANG Juan,WANG Yuqiu,et al. Current understanding on *Villosiclava virens*, a unique flower-infecting fungus causing rice false smut disease[J]. Molecular Plant Pathology,2016,17:1321 – 1330.

[6] QIU Jiehua,MENG Shuai,DENG Yizhen,et al. *Ustilaginoida virens*: a fungus infects rice flower and threatens world rice production[J]. Rice Science,2019,26(4):199 – 206.

[7] 胡亮,曹艳,唐江云,等. 基于物联网的玉米病害环境监测系统研究与实现[J]. 中国农学通报, 2020,36(22) :154 – 164.

HU Liang,CAO Yan,TANG Jiangyun,et al. Research and implementation of an environmental monitoring system for maize

- diseases based on Internet of Things[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin,2020,36(22):154–164. (in Chinese)
- [8] 李鹏伟. 黑龙江垦区寒地水稻主要病害遥感监测研究[J]. 现代化农业,2020,12(4):56–57.
LI Pengwei. Remote sensing monitoring of major rice diseases in cold areas of Heilongjiang Reclamation Area[J]. Modern Agriculture,2020,12(4):56–57. (in Chinese)
- [9] 朱素素. 基于高光谱成像技术的水稻主要病害早期检测及其模型构建[D]. 杭州:浙江大学,2020.
ZHU Susu. Early detection of major rice diseases based on hyperspectral imaging technology and its model construction[D]. Hangzhou:Zhejiang University,2020. (in Chinese)
- [10] XIAO Maohua, MA You, FENG Zhixiang, et al. Rice blast recognition based on principal component analysis and neural network[J]. Computers and Electronics in Agriculture,2018,154:482–490.
- [11] YANG Ning, CHEN Chiyuan, LI Tao, et al. Portable rice disease spores capture and detection method using diffraction fingerprints on microfluidic chip[J]. Micromachines,2019,10(5):289.
- [12] LI Ling, ZHANG Shuya, ZHANG Chuanqing. Establishment of a rapid detection method for rice blast fungus based on one-step loop-mediated isothermal amplification (LAMP)[J]. Plant Disease,2019,103(8):1967–1973.
- [13] LIANG Huipeng, LI Wenfang, LUO Qingchun, et al. Analysis of the bacterial community in aged and aging pit mud of Chinese Luzhouflavour liquor by combined pcr-dgge and quantitative pcr assay[J]. Journal of the Science of Food and Agriculture, 2015,95:2729–2735.
- [14] LU Jian, WANG Jin, HU Xialin, et al. Electrochemical biosensor based on tetrahedral DNA nanostructures and gquadriplex-hemin conformation for the ultrasensitive detection of microRNA–21 in serum[J]. Analytical Chemistry,2019,91:7353–7359.
- [15] TIAN Long, XUE Bowen, WANG Ziyi, et al. Spectroscopic detection of rice leaf blast infection from asymptomatic to mild stages with integrated machine learning and feature selection[J]. Remote Sensing of Environment,2021,257:112350.
- [16] 钱勇. 基于微流控显微成像技术的微尺度水稻真菌孢子富集检测系统[D]. 镇江:江苏大学,2021.
QIAN Yong. A microscale rice fungal spore enrichment detection system based on microfluidic microimaging[D]. Zhenjiang: Jiangsu University,2021. (in Chinese)
- [17] 杨宁,陈驰原,李国晓,等. 基于衍射重构技术的作物真菌病害孢子微型检测装置[J]. 农业机械学报,2019,50(4):42–48.
YANG Ning, CHEN Chiyuan, LI Guoxiao, et al. Micro detection device for fungal spores of crop based on diffraction reconstruction[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery,2019,50(4):42–48. (in Chinese)
- [18] 王吉,张儒,李俊明. 基于改进型遗传算法的危险气体多泄漏源定位研究[J]. 武汉理工大学学报,2020,42(6):486–493.
WANG Ji, ZHANG Ru, LI Junming. Research on locating multiple leak sources of hazardous gases based on improved genetic algorithm[J]. Journal of Wuhan University of Technology,2020,42(6):486–493. (in Chinese)
- [19] CHAIWINO W, MANOROT P, POOCHINAPAN K, et al. Identifying the locations of atmospheric pollution point source by using a hybrid particle swarm optimization[J]. Symmetry-Basel,2021,13(6):985.
- [20] TOMOHITO M, HIKARI S, AKIRA K. Identification of multiple contamination sources uusing variational continuous assimilation[J]. Building and Environment,2019,147(1):422–433.
- [21] PARK D, CHANG S. Tracing indoor contaminant release location based on local mean residual-life-time of air[J]. International Journal of Ventilation,2021,20(2):135–157.
- [22] FU Rongtao, DING Lei, ZHU Jun, et al. Morphological structure of propagules and electrophoretic karyotype analysis of false smut *villosiclava virens* in rice[J]. Journal of Microbiology, 2012,50(2):263–269.
- [23] BOMBALAKA A, MULARCZYK-OLIWA M, KWASNY M, et al. Classification of the biological material with use of ftir spectroscopy and statistical analysis[J]. Spectrochimica Acta Part A-Molecular and Biomolecular Spectroscopy,2011,78(4):1221–1226.
- [24] YAO Lu, WEI Wang, HUANG Meigui, et al. Evaluation and classification of five cereal fungi on culture medium using visible/near-infrared (vis/nir) hyperspectral imaging[J]. Infrared Physics & Technology, 2020,105:103242.