

# 基于高光谱和多光谱影像的小麦条锈病侵染过程精准识别

师越<sup>a,b</sup>, 黄文江<sup>a,\*</sup> Giovanni Laneve<sup>c</sup> 郑琼<sup>a,d</sup>, 马慧琴<sup>a,e</sup>, 刘林毅<sup>a,b</sup>

- a. 中国科学院遥感与数字地球研究所, 数字地球重点实验室, 北京, 中国;
- b. 中国科学院大学, 北京, 中国;
- c. 罗马大学, 空间工程学院, 罗马, 意大利
- d. 中国矿业大学, 地球科学与测绘工程学院, 北京, 中国;
- e. 南京信息工程大学, 应用气象学院, 南京, 中国

## 前言

小麦条锈病是最严重的小麦病害之一, 据统计, 在 2000 至 2016 年间, 中国每年发生面积达 670 万公顷, 因此, 对条锈病的发生及发展进行实时监测对保障国家粮食安全具有重要意义。从病理的角度, 条锈病的侵染分五个主要阶段, 即夏孢子、附着泡、芽孢、雄元体、锈孢子。叶片生理生化指标的变化是判断小麦条锈病发展阶段的重要指, 而从光谱的角度对小麦叶片生理生化指标进行监测使大面积监测条锈病发展状态成为可能。但是, 目前的作物病虫害遥感监测通常依赖于特定的病情发展时期, 而随着高光谱和多光谱成像技术的发展, 应用光谱连续观测技术对条锈病整个侵染周期进行监测通常伴随着三个挑战: 1) 当前的植被指数特征均不是针对作物病虫害而提出, 2) 这些指数特征随着病情指数的增加非线性的增加, 3) 光谱特征间的数据冗余现象是制约农业遥感监测的另一个重要因素。近年来, 连续小波变换被认为是一种有效的光谱特征提取技术。基于小波的光谱特征能够有效的过滤噪声, 识别病害侵染的微弱光谱变化, 从而反演病害信息。

## 研究目标

本文主要针对以上问题提出三个目标:

- 1) 基于小波变换提取小麦条锈病侵染相关的小波特征数据集;
- 2) 结合地面实测叶片理化参数, 验证提取特征对病害引起的理化参数变化的敏

感性；

3) 验证并评价提取的小波特征集在高光谱及多光谱图像上的应用效果。

## 研究区域

本研究在河北省廊坊市中国农业科学院廊坊中试基地 (39° 30' 40' ' N, 116° 36' 20' ' E) 进行, 实验与 2017 年 4 月 12 日至 5 月 22 日间进行了 7 次连续观测, 实验于 2017 年 4 月 10 日进行接种, 并开展叶片高光谱及叶片理化参数测量。

## 研究方法

本研究基于连续小波变换(CWT)的实现, 提出了一种基于小波技术提取形状反射光谱特征的方法, 为在不同尺度和分辨率下检测和分析弱信号提供了一种有效的方法, 并在连续的尺度上分析多维高光谱信号。

为评价小波特征在条锈病监测中的效果, 本文选取了 9 个与之相关的研究对象, 并与提取的 WRSFs 进行了比较。这些被证明对作物生长敏感:1) 改良的比值植被指数 (MSR); 2) 色素变异结构独立色素指数 (SIPI)、归一化色素叶绿素指数 (NPCl)、花青素反射率指数 (ARI)、改性叶绿素吸收反射率指数 (MCARI); 3) 水分和氮含量: 比值植被结构指数 (RVSI), 4) 光合作用: 光合辐射指数 (PRI), 生理反射率指数 (PHRI); 5) 作物病害: 黄色锈病指数 (YRI)、蚜虫指数 (AI)、白粉病指数 (PMI),

当前大量的监督分类框架被提出用来检测来自遥感观测的病害胁迫区分和监测, 如人工神经网络 (ANN)、决策树 (DT) 和支持向量机 (SVM)。为验证提取的小波特征在小麦条锈病遥感监测中的效能, 本文以线性判别分析 (LDA) 模型和 SVM 模型为例, 分别对线性和非线性条件下的 WRSFs 和 VIs 的性能进行了检测和比较。

## 结论

本研究提出了一种基于小波变换的冬小麦条锈病的小波特征提取方法, 并对

其进行了研究。在 WRSFs 特征中识别出的小波特征能够捕获和跟踪进展性宿主-病原体相互作用中与锈相关的生物物理指标 (CHL、ANTH、NBI 和 PDM)。评估了 WRSFs 作为 DR 估计的输入特征空间, 并对锈病的损伤检测进行了评价, 并与传统的对疾病感染敏感的指标进行了比较。我们的研究表明, WRSFs-PLSR 模型在锈病发展过程中提供了对特定宿主-病原体相互作用的深入了解, 这比 DR 估计的 VIs-PLSR 模型更有效。对于锈病损害检测, 基于 WRSFs 的特征空间对 LDA 和 SVM 分类框架都是最优的。与传统技术不同的是, 基于 CWT 技术的 WRSFs 提取方法简单明了, 易于反射光谱信号。不需要预先确定波长或其他参数化。实际的 WRSFs 具有较强的鲁棒性, 能够更好地理解各种传感器的高光谱数据跟踪锈蚀发展的病理过程。这种方法可能适用于其他的植物-病原体系统。