

郝婧,刘桂礼,李响. 基于近红外光谱和 LabVIEW 技术的番茄抗灰霉病检测系统[J]. 江苏农业科学,2016,44(11):408-410.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2016.11.119

基于近红外光谱和 LabVIEW 技术的 番茄抗灰霉病检测系统

郝婧,刘桂礼,李响

(北京信息科技大学仪器科学与光电工程学院,北京 100192)

摘要:为了准确、快速、无损地检测番茄灰霉病的抗病性,根据番茄的近红外光谱特性,设计了一种基于近红外光谱与 LabVIEW 技术的番茄灰霉病抗病检测系统。该系统主要包括初始化模块、参数读取模块、光谱数据实时采集模块和算法模块。利用该检测系统对番茄叶片进行抗病性检测实时分类试验,以验证系统性能。利用支持向量机算法,对收集的番茄叶片样本进行实时处理。结果表明,基于近红外光谱与 LabVIEW 技术的近红外光谱番茄抗病检测系统能够较好地完成对番茄叶片样本的分类。

关键词:番茄灰霉病;抗病性;近红外光谱;支持向量机;LabVIEW;检测系统

中图分类号: TP391;S436.412.1⁺3 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2016)11-0408-03

番茄具有品种多、营养丰富、产量高等特点,受到广大消费者喜爱,是中国种植面积最大的蔬菜作物之一。目前,灰霉病病毒是番茄常见的疾病,危害十分严重^[1]。选用抗病毒的番茄品种是比较经济、有效、安全的病毒防控途径。由于外界环境等因素,培养的番茄植株并不都具有抗病特性。为降低农业生产成本,需要从培养的番茄植株中高效准确地挑选抗病植株,进行培育。人工识别、图像处理、人工接种等传统检测方法有着耗时长、污染环境、损害样本和易受环境影响的缺点^[2],而近红外光谱分析技术弥补了这些缺点,推进了在农业领域检测中的发展^[3]。本研究利用近红外光谱分析技术对番茄种类进行定性分析,并在 LabVIEW 平台搭建实时检测系统完成番茄抗病品种的分类,以期对番茄抗病性检测提供一种快速、简便、有效的检测方法。

1 检测原理及方法

近红外光谱分析技术是利用近红外光谱包含的物质信

息,用于有机物质定性和定量分析的一种技术。近红外光谱属于红外光谱,该谱区内的信息主要由若干个不同基频的倍频和合频谱带组成。近红外光谱的常规分析技术有透射光谱(NITS)和漫反射光谱(NIRDRS)两大类。其中,漫反射光谱是根据反射与入射光强的比例关系获得物质在近红外区的吸收光谱。近红外光谱分析具有测试简单、速度快、效率高、过程无污染、适用范围广及对样品无损伤等优势。

光谱定量算法分析过程大致包括光谱测量数据预处理、波长选择以提高模型预测精度和简化模型、建立校正模型、评价建模及预测效果^[4]。本研究采取支持向量机为基础的定量分析方法,与传统的人工神经网络相比,支持向量机具有结构简单、并且它能够较好地解决非线性、小样本、局部极小点和高维数等实际问题,各项技术性能特别是泛化能力有明显的提高^[5]。但是 SVM 参数的选择对其预测能力有非常重要的影响,目前在 SVM 参数选择方面,国际上还没有统一的模式^[6]。

通过在 LabVIEW 中调用 DLL,并选择所需函数进行读取数据或控制参数,达到计算机与光谱仪的实时连接,在此基础上对光谱数据进行运算,从而达到对光谱数据的实时处理,实现番茄叶片近红外光谱实时分类的检测。

收稿日期:2015-09-21

基金项目:北京市自然科学基金(编号:4154071)

作者简介:郝婧(1990—),女,辽宁朝阳人,硕士,主要从事电子测量技术方面的研究。E-mail:jinghao626@126.com。

通信作者:刘桂礼,硕士,教授,主要从事电子测量技术方面的研究。E-mail:liuguili@bistu.edu.cn。

mechanical arm by trial[J]. Transactions of the Society of Instrument and Control Engineers,1978,14(6):706-712.

[7] George Z, Bruce A F, Allen T. Feedback control, nonlinear systems and complexity[M]. Heidelberg: Springer-Verlag, 1995: 196-214.

[8] Hjarnarsson H, Gunnarsson S, Gervers M. A convergent iterative restricted complexity control design scheme[C]. Lake Buena Vista: Proceedings of the 33rd IEEE Conference on Decision and Control, 1994: 1735-1740.

[9] Schaal S, Atkeson C G. Robot juggling: implementation of memory-based learning[J]. IEEE Control Systems Magazine, 1994, 14(1):

57-71.

[10] Silva G J, Datta A, Bhattacharyya S P. New results on the synthesis of PID controllers[J]. IEEE Transactions on Automatic Control, 2002, 47(2): 241-252.

[11] 侯忠生, 金尚泰. 无模型自适应控制: 理论与应用[M]. 北京: 科学出版社, 2013.

[12] 侯忠生, 徐建新. 数据驱动控制理论及方法的回归和展望[J]. 自动化学报, 2009, 35(6): 650-667.

[13] Xu J X, Hou Z S. Note on data-driven system approaches[J]. Acta Automatica Sinica, 2009, 35(6): 668-675.

2 番茄抗病检测系统

本系统的建立是基于近红外光谱检测系统,运用支持向量机算法建立近红外光谱分析模型。通过采集样本数据并建立支持向量机校正模型,从而运用 LabVIEW 来建立检测系统。

2.1 样品制备与光谱采集

试验所用样本是在北京市农林科学院蔬菜研究中心试验田所取,选用的番茄植株主要分为 2 类:抗灰霉病和非抗灰霉病番茄植株。在同一期番茄植株中,选择健壮的新、老叶片,保证采集的叶片完整、无损,并尽可能地使在不同植株上选用的叶片大小相似。

硬件系统包括样本放置台、PC 机、光源等通过光纤连接在一起。而光谱采集则通过光谱分析仪完成。本次试验使用的光谱仪型号是 AvaSpec - NIR256 - 1.7,它是 AvaSpec - NIR256 型中的一种波长在 900 ~ 1 750 nm 的光谱仪类型。光谱仪与 PC 机通过 USB 接口相连。具体链路见图 1。

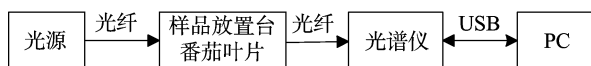


图1 番茄检测系统硬件链路

2.2 SVM 算法建模

建立校正模型的步骤大致如下:首先,对具有代表性的一定数量样品进行采集,并运用近红外光谱仪对其进行光谱信号采集,剔除异常数据后,将这些数据分为校正集和预测集;其次,对光谱数据进行预处理后,运用支持向量机等定性分析方法建立被测样品的近红外光谱数据校正模型;再次,将预测集的光谱数据带入该校正模型中,验证并评价校正模型;最后是模型的优化,输出最后的校正模型,具体流程见图 2。

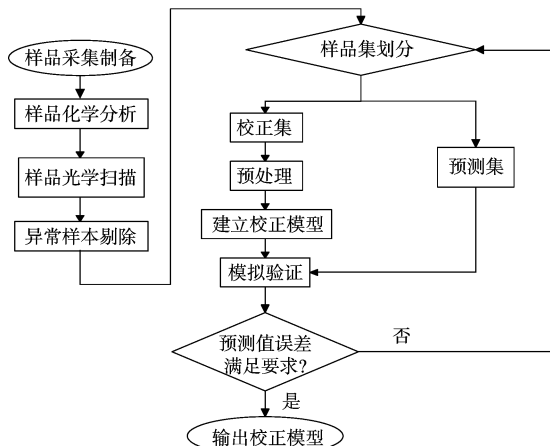


图2 近红外光谱建模流程

2.3 实时采集

本研究中,番茄叶片的光谱数据采集是通过光谱仪来完成的,通过编写的 LabVIEW 调用程序,以动态链接库的形式采集从 USB 接口得到的数据^[7](图 3)。所编写的程序中,调用 AVS_Init 程序模块进行所连接光谱仪的初始化,之后再运行 AVS_Measure 模块来启动光谱仪,进行番茄叶片光谱的采集,同时 AVS_GetLambda 模块将可用像素的频率值显示出来,从而完成实时采集图像的绘制,最后便是通过 AVS_StopMeasure、AVS_Deactivate、AVS_Done 这些模块来完成光谱仪最后的停止、关闭等工作。本试验所选用光谱仪的生产厂

家提供了光谱仪与计算机底层通信的 DLL,使计算机能够通过此 DLL 读取光谱仪的数据并对光谱仪进行控制。

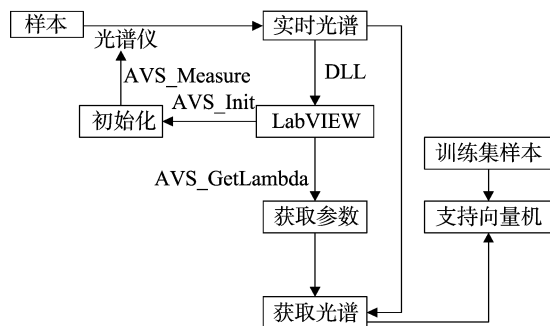


图3 数据实时采集流程

通过在 LabVIEW 中调用 DLL,并选择所需函数进行读取数据或控制参数,达到计算机与光谱仪的实时连接,在此基础上对光谱数据进行运算,从而达到对光谱数据的实时处理,实现番茄叶片近红外光谱的实时分类。

2.4 前面板界面设计

DLL 使得 LabVIEW 平台能够与光谱仪设备实时连接,并根据 LabVIEW 优化特性对系统进行了四大模块的构思设计,主要包括波形显示、参数显示、结果显示、分类显示等 4 方面,形成了如图 4 的系统界面。通过参数显示、结果显示两大模块记录光谱仪的运行参数,通过波形显示来实时记录当前样本放置台上番茄叶片的近红外光谱图形,分类结果则显示了该分类系统完成番茄样本分类的最终结果。

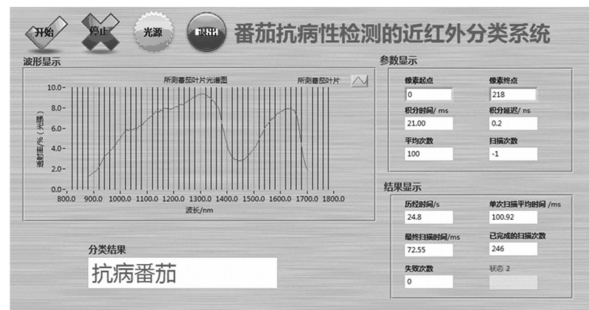


图4 系统前面板界面

3 试验过程与结果分析

3.1 试验过程

3.1.1 SVM 建模与最佳参数选择 2015 年 2 月在北京市农林科学院试验基地对佳红 8 号番茄叶片进行近红外光谱测量。本试验共采集到 123 个样本数据,其中抗灰霉病番茄和非抗灰霉病番茄的比例约为 1 : 1。这 2 类品种番茄波形图对比见图 5。由图 5 可以看出,2 种类型的番茄光谱图是不可线性区分的。

对于异常的样品采用 F 统计显著性校验的方法来进行判别。 F 统计量的计算公式为^[8]：

$$F_i = \frac{Difference_i^2}{\left(\sum_{j=1, j \neq i}^n Difference_j^2 \right) / (n-1)}$$

式中: $Difference_i$ 为第 i 个样品的预测浓度残差, n 为原始样品集的样品数目。分子自由度为 1,分母自由度为 $(n-1)$,通常

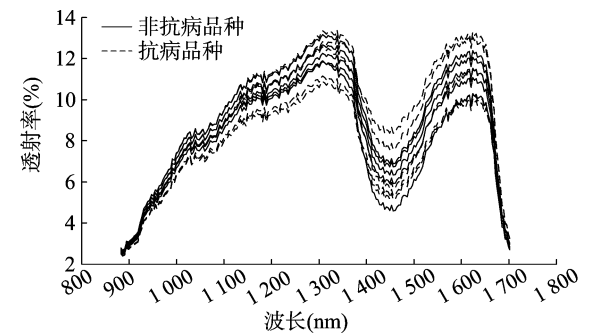


图5 2 种类型番茄光谱图比较

取显著性水平为 0.99,通常查的临界值 $F_{0.01}(1,n-1)$,如果 $F_i \geq F_{0.01}(1,n-1)$,则可以将样品 i 看作是异常的样品,在建模时将其从样品集中剔除掉。

本研究采集的样本数据,选用波谷位置为浓度判断点进行剔除操作。由光谱图得出,波谷位置在波长为 1 450 nm 左右,从而剔除异常样品 8 个。将剩余的 115 个样本采用含量梯度法^[9]划分出具有浓度代表性的训练集(校正集)和测试集(校验集),通过 SVM 进行建模。计算结果见表 1。

表 1 番茄叶片建模训练集和测试集

| 指标 | 原始样品 (个) | 异常样本 (个) | 训练集样本数 (个) | 测试集样本数 (个) |
|--------|-------------|-------------|---------------|---------------|
| 番茄叶片光谱 | 123 | 8 | 38 | 77 |

在 MATLAB 平台上进行调试,选择最佳的分类模型,并对建立的模型进行校正,从而更好地实现番茄叶片抗病性的正确分类。同时运用番茄抗病检测系统完成实时分类。分别设置核函数为:线性、多项式、径向基、Sigmoid 型。运用训练集中的样本数据建立模型,之后通过所建立的模型对测试集中的样本数据进行分类。首先,设定惩罚参数 C 的搜索范围:1、10、 10^2 、 10^3 、 10^4 、 10^5 、 10^6 。当 C 达到一定值后,所对应的模型推广能力达到最大,不会再变化。在 MATLAB 上调试,得到试验结果见表 2。

表 2 不同核函数的预测正确率

| 核函数类型 | 对含有 77 个样本训练集的预测正确率 (%) | 参数 C |
|-------------|----------------------------|--------|
| 线性核函数 | 76.62 | 10^4 |
| 多项式核函数 | 42.86 | 10^2 |
| 径向基核函数 | 83.12 | 10^5 |
| Sigmoid 核函数 | 39.56 | 10^5 |

由表 2 可看出,径向基核函数所对应 77 个样本数据的预测正确率 83.12% 为最高。所以在本试验中,径向基核函数被选为建立 SVM 模型的核函数。

3.1.2 检测系统分类结果 分别采取个数为 20、40、60、80、…等 9 组不同数量梯度的番茄叶片样本,每组抗病番茄叶片与普通番茄叶片样本的比例为 1 : 1,进行结果预测,并将预测结果与模型预测值进行比较,分别计算其预测相对误差和平均预测相对误差(表 3)。

预测相对误差 = $\frac{\text{预测值} - \text{模型参考值}}{\text{模型参考值}} \times 100\%$ 。

由表 3 可以看出,随着样本个数的增多,预测值逐渐变大,并且趋近于模型参考值。当样本个数在 100 个以上时,相对误差逐渐减小,模型预测效果越来越趋于稳定。

表 3 检测系统分类结果的准确性

| 样本个数 (个) | 模型参考值 (%) | 预测值 (%) | 预测相对误差 (%) |
|-------------|--------------|------------|---------------|
| 20 | 83.12 | 76.31 | 8.19 |
| 40 | 83.12 | 79.57 | 4.27 |
| 60 | 83.12 | 81.64 | 1.78 |
| 80 | 83.12 | 81.98 | 1.37 |
| 100 | 83.12 | 82.31 | 0.97 |
| 120 | 83.12 | 82.59 | 0.64 |
| 140 | 83.12 | 82.87 | 0.30 |
| 160 | 83.12 | 82.75 | 0.44 |
| 180 | 83.12 | 82.90 | 0.50 |

3.2 结果与分析

实现 SVM 算法对番茄叶片的样本数据进行有效的分类,对光谱数据进行预处理,采用预测浓度残差的方法剔除异常样品,根据含量梯度法完成训练集和测试集的分类。将训练集样本作为输入部分,建立 SVM 模型。根据不同核函数,预测集样本的预测正确率选取最优核函数:径向基核函数。通过比较不同参数,选取最佳惩罚参数和核函数参数,最后得到最优的 SVM 模型。最后得出所测结果与模型参考值之间差异不显著,可见该方法的重复性良好,认为对番茄灰霉病抗病性的检测是比较成功的。

4 结论

设计了一套基于近红外光谱和 LabVIEW 技术的番茄抗病检测系统,通过 LabVIEW 检测系统并利用 DLL 的方法实现光谱仪与 PC 机之间的实时采集工作。对通过光谱仪采集到的数据进行处理分析,完成番茄品种的实时分类,实时完成了抗病性番茄和普通番茄的分类。

综上可得,基于近红外光谱的番茄抗病检测系统能够完成番茄品种的实时分类,并且对采用支持向量机算法的系统分类准确率接近 83%。

参考文献:

[1] 纪军建,张小风,王文桥,等. 番茄灰霉病防治研究进展[J]. 中国农学通报,2012,28(31):109-113.

[2] 宋学贞,杨国正. 棉花抗黄萎病育种研究进展[J]. 中国农学通报,2013,29(21):16-22.

[3] 孙 通,徐惠荣,应义斌. 近红外光谱分析技术在农产品/食品品质在线无损检测中的应用研究进展[J]. 光谱学与光谱分析,2009(1):122-126.

[4] 蒙杰丹. 近红外光谱法快速无损分析测定中药活性成分的研究[D]. 重庆:西南大学,2012.

[5] Niaz A, Jameh - Bozorghis S, Nori - Shargh D. Prediction of toxicity of nitrobenzenes using ab initio and least squares support vector machines. [J]. Journal of Hazardous Materials,2008,151(2):603-609.

[6] 王 梅. 一种改进的核函数参数选择方法[D]. 西安:西安科技大学,2011.

[7] 庙立交,杨新华,王 巍. 基于 LabVIEW 的动态链接库的设计与调用[J]. 工业仪表与自动化装置,2010(4):71-73.

[8] 祝诗平,王一鸣. 近红外光谱建模异常样品剔除准则与方法[J]. 农业机械学报,2004,35(4):115-119.

[9] 王炳建. 近红外油页岩含油率快速检测方法的研究[D]. 长春:吉林大学,2014.