

## 基于马铃薯叶片光纤光谱信息的晚疫病患病程度预测

侯冰茹<sup>1</sup>, 刘鹏辉<sup>1</sup>, 张洋<sup>1</sup>, 胡耀华<sup>1, 2, 3\*</sup>

1. 西北农林科技大学机械与电子工程学院, 陕西 杨凌 712100
2. 陕西省农业信息感知与智能服务重点实验室, 陕西 杨凌 712100
3. 浙江农林大学光电工程学院, 浙江 杭州 311300

**摘要** 针对马铃薯晚疫病病的早期检测和防治问题, 利用光谱技术对马铃薯晚疫病叶片过氧化物酶(POD)活性进行预测, 并基于 POD 酶活性实现了马铃薯晚疫病的患病程度预测。采集和测定处于不同温湿度及接菌时间的马铃薯叶片样本的光谱反射率和 POD 酶活性, 选用中心化(MC)预处理方法以消除原始光谱数据的误差。为降低模型复杂程度, 利用随机青蛙算法(RF)、连续投影算法(SPA)、竞争自适应加权算法(CARS)对波长进行筛选, 结果表明利用 CARS 算法提取的 72 个特征波长数据建立的 POD 酶活性的偏小二乘回归(PLSR)预测模型效果最好, 其预测集的决定系数  $R_p^2$  为 0.958 1、均方根误差  $RMSEP_p$  为  $25.698 6 \text{ U} \cdot (\text{g} \cdot \text{min})^{-1}$ 。最后利用径向基函数神经网络(RBFNN)拟合了 POD 酶活性和温湿度、接菌时间的关系, 建立了 POD 酶活性的动力学模型, 实现了基于 POD 酶活性的马铃薯晚疫病患病程度预测。结果证明利用光谱技术快速测定 POD 酶活性以实现马铃薯晚疫病患病程度预测是可行的。

**关键词** 马铃薯晚疫病; 光谱技术; 过氧化物酶; 特征波长; 患病预测

**中图分类号:** O657.3 **文献标识码:** A **DOI:** 10.3964/j.issn.1000-0593(2022)05-1426-07

### 引言

马铃薯是粮菜兼用型作物, 也是仅次于小麦、水稻、玉米的世界第四大粮食作物。在我国马铃薯主要种植区, 由致病疫霉侵染引起的晚疫病是马铃薯产量的毁灭性病害, 也是所有引起产量损失的病害中最严重的一种卵菌性病害<sup>[1]</sup>。该病在马铃薯整个生育期均可发生, 严重时可导致马铃薯绝收。因此研究马铃薯晚疫病的发生及流行时期预测对马铃薯晚疫病病的防治具有重要意义。

近年来光谱技术由于其分析迅速、不破坏样品、不消耗化学试剂、不污染环境等优点被广泛应用于农作物病虫害无损检测领域中。光谱技术结合图像处理、化学计量学方法与病害有关的一些理化参数可实现对农作物病害的早期检测, 并达到了很好的效果。其中结合化学计量学方法可实现对农作物病害的发病程度的定性分类判别, 如程术希等<sup>[2]</sup>采用偏小二乘回归(partial least square regression, PLSR)算法对不同水稻稻叶瘟染病程度的叶片进行化学计量学分析, 建立了稻叶瘟染病程度检测模型, 利用光谱技术可实现病害

胁迫下农作物叶片的各种酶活性等理化值的预测, 如程帆<sup>[3]</sup>等实现了细菌性角斑病早期胁迫下黄瓜叶片中过氧化物酶活性的测定, 杨燕等<sup>[4]</sup>通过建立基于光谱信息的超氧化物歧化酶(superoxide dismutase, SOD)预测模型反演出水稻稻瘟病潜育期内的 SOD 酶活性, 胡耀华等<sup>[5]</sup>利用高光谱技术建立了基于 X-LW-PLS 的定量模型用以预测马铃薯晚疫病叶片中过氧化物酶的活性。这些研究侧重于不同程度病害胁迫下作物各种理化值的预测和变化规律的研究, 未能将理化值的变化规律同病害发病机理结合以实现染病程度的定性预测。

过氧化物酶(peroxidase, POD)是一种用于评价植物抗逆性的酶, 其在植物染病期间是不断变化的, 并与植物患病程度直接相关。Li<sup>[6]</sup>等建立了晚疫病胁迫下不同种类马铃薯叶片 POD 酶活性相对于患病时间的五阶模型, 证明了利用 POD 酶活性反演晚疫病患病程度的可行性。因此先利用叶片的光谱信息实现对 POD 酶活性的定量预测, 再利用预测的 POD 酶活性进而实现对马铃薯晚疫病病的定性预测是可行的。

本研究以不同患病程度的马铃薯叶片为研究对象, 利用光谱对不同温湿度条件下的马铃薯叶片的 POD 酶活性进行

收稿日期: 2021-03-31, 修订日期: 2021-07-16

基金项目: 国家自然科学基金项目(31971787)资助

作者简介: 侯冰茹, 1999 年生, 西北农林科技大学机械与电子工程学院硕士研究生 e-mail: houbr@nwfufu.edu.cn

\* 通讯作者 e-mail: huyaohua@nwsuaf.edu.cn

快速测定，研究 POD 酶活性随患病程度变化的规律，实现基于 POD 酶活性的马铃薯晚疫病患病程度的定性预测，对野外马铃薯晚疫病病害的早期检测和防治及便携式检测仪的研制提供科学依据。

### 1 实验部分

#### 1.1 试验材料

选用“陇薯 1 号”种薯，其属晚疫病中感品种，广泛种植于西北地区。于 2020 年 1 月种植于杨凌现代示范农业园区温室大棚内，以盆栽方式培养。在马铃薯生长后期(开花末期)采集若干片健康状况良好、大小一致的马铃薯叶片接种致病疫霉，图 1 为接菌后的马铃薯叶片，接种后用保鲜膜将放置叶片容器密封保湿，置于温度为(17±1)℃的人工气候培养箱(RGX-250B, 上海坤天实验室仪器有限公司, 中国)中培养 24 h 以确保侵染成功。由于马铃薯晚疫病流行的最适宜温度为 16~24℃、适宜的发病湿度为 85% 以上，为模拟不同马铃薯晚疫病病害发生的环境条件，因此分别设置 15, 20 和 25℃ 的温度梯度及 70%, 80% 和 90% 的湿度梯度。将叶片随机分为 9 组，每组 15 片，将 9 组叶片分别放入不同温湿度条件的培养箱中进行为期 5 天的离体培养，图 2 为在温度为 20℃、湿度为 70% 的环境条件下经 1~5 d 培养后的马铃薯叶片图像。



图 1 接菌后的离体马铃薯叶片

Fig. 1 Detached potato leaves after inoculation

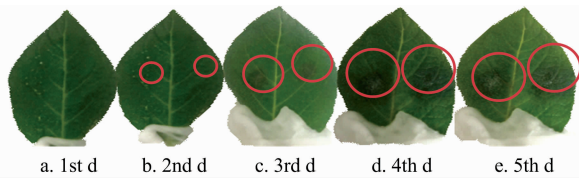


图 2 温度为 20℃、湿度为 70% 环境条件下培养的第 1~5 天的叶片图像

Fig. 2 The images of leaves cultivated at a temperature of 20℃ and 70% humidity for one day to five days

#### 1.2 光谱采集

为避免样品温度对光谱反射率的影响，在同一室温条件下对叶片进行光谱采集。采用如图 3 所示的波长范围为 350~1 000 nm 的可见光/近红外光纤光谱仪(USB4000, Ocean Optics, Dunedin, Florida, USA)并结合便携式反射探头(PR-B-D0-IS30, 江阴韵翔光电技术有限公司, 中国)对马铃薯叶片光谱采集。选择病斑部位作为感兴趣区域，使用探头

垂直照射叶片病斑部位表面，将三次重复测量的感兴趣区域部位的光谱反射率的平均值作为样本的光谱反射率。

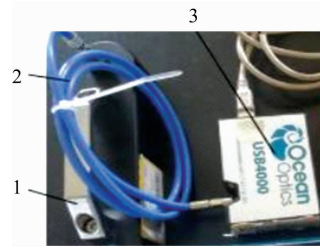


图 3 光谱采集系统

1: 反射探头; 2: 光纤; 3: USB4000 光谱仪

Fig. 3 Spectroscopic acquisition system

1: Reflection probe; 2: Fiber;

3: USB4000 spectrometer

#### 1.3 POD 酶活性测定

剪取叶片的感兴趣区域部位，对其利用分光光度法实现 POD 酶活性的测定，采用酶标仪(YMB-7A, 厦门亿恩达仪器设备有限公司, 中国)进行吸光值的测定，每隔 1 min 记录其在 470 nm 处的吸光值，共记录 3 次，以每分钟吸光值变化 0.01 定义为一个酶活性单位，计算 POD 酶活性<sup>[7]</sup>。

#### 1.4 化学计量学建模方法

利用偏最小二乘回归法建立马铃薯叶片 POD 酶活性的预测模型，由于偏最小二乘法对数据异常值比较敏感，因此在建模前利用蒙特卡洛采样<sup>[8]</sup>进行异常样本检测，检测结果如图 4 所示，从图 4 可看出样本 109 的预测残差标准差较大，样本 61 的预测残差均值较大，样本 35 和 93 的预测残差标准差和均值均较大，由于人为和实验误差可能导致这些样本光谱数据或 POD 酶活性测量的不准确，从而导致预测残差的标准差和均值偏大，因此需要将上述样本剔除，反复进行此操作直至无异常样本出现，经样本剔除后剩下 123 个有效样本。再利用 K-S 算法(Kennard-Stone)按建模集：预测集为 3:1 的比例划分数据，表 1 为马铃薯叶片 POD 酶活性统计表。预测集的决定系数  $R_p^2$  和均方根误差  $RMSEP$  通常作为模型性能的评价标准，预测集决定系数越高、均方根误差

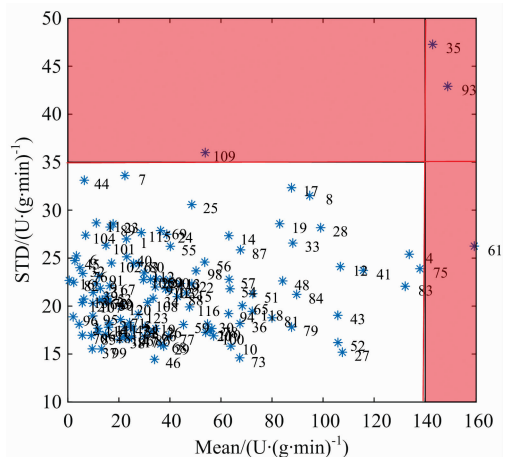


图 4 异常样本检测结果

Fig. 4 Detection results of abnormal samples

越小,且建模集和预测集的均方根误差相差不大时说明此模型效果越好。

表 1 马铃薯叶片 POD 酶活性统计结果  
Table 1 Statistical results of POD enzyme activity of potato leaves

样本集	样本数 / 个	范围/ [U · (g · min) <sup>-1</sup> ]	均值 ± 标准差/ [U · (g · min) <sup>-1</sup> ]
建模集	93	32.94~502.31	225.17 ± 117.22
预测集	30	48.15~477.27	237.31 ± 112.95
全部	123	32.94~502.31	228.13 ± 115.85

### 1.5 数据处理软件

利用 SpectraSuite(Ocean Optics, USA)软件实现对光谱的采集;利用 The Unscrambler X(CAMO, Norway)软件进行光谱数据的预处理;利用 MATLAB(MathWorks, USA)软件实现了数据划分、异常样本检测、PLS 模型建立、评估及特征波长的提取。

## 2 结果与讨论

### 2.1 马铃薯叶片光谱曲线及 POD 酶活性变化规律分析

光谱仪的波长测量范围为 350~1 000 nm,由于受环境和仪器噪声的影响,350~480 和 950~1 000 nm 波段范围内反射率变化波动较大,因此选择 480~950 nm 波段的光谱数据进行分析。图 5 为不同接菌时间的马铃薯叶片光谱曲线。550 nm 处的反射率与叶绿素含量有关,近红外波段的反射率与细胞结构有关,随着接菌时间的增加,叶片内叶绿素含量降低,叶片细胞壁被破坏、细胞空隙变大,导致 550 nm 处和近红外波段的光谱反射率随接菌时间的增加而减小。并且随着接菌时间的增加,760 nm 波长附近由于水或氧的窄吸收

带导致的微弱波谷<sup>[9]</sup>发生了左移。

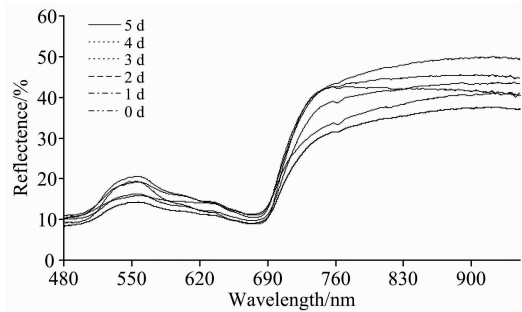


图 5 不同接菌时间时的马铃薯叶片光谱曲线

Fig. 5 Spectral curves of potato leaves with different inoculation times

通过分析图 2 中接菌后第 1~5 d 的马铃薯叶片图像可知,接菌 1 d 时叶片无明显变化,2 d 时叶片出现褐色斑点,随着接菌时间的增加,褐色斑点迅速向外扩大,在 4 d 时病斑产生白霉,此后病斑扩大速率降低,其与马铃薯叶片染病的基本症状基本一致,在本研究的实验条件下认为接菌后 0~1 d 为染病初期、1~4 d 为染病中期、4~5 d 为染病后期。图 6 和图 7 分别为不同温度、湿度条件下 POD 酶活性随接菌时间的变化,从图中可看出不同温湿度环境条件下 POD 酶活性随接菌时间变化的趋势较明显,其大致呈先降后升再降的趋势,且 POD 酶活性均在第 1 天达到最小值、在第 4 天达到最大值。这与植物体内防御系统有关,染病初期 POD 酶活性下降是由于病菌扰乱了植株体内的代谢平衡,之后酶活性升高是由于当处于染病中期时植物体内产生大量的 POD 酶来清除病菌造成的活性氧损伤,随着染病程度的不断增加,植物防御失败导致植物叶片细胞壁被破坏,酶活性也随之降低<sup>[10]</sup>。

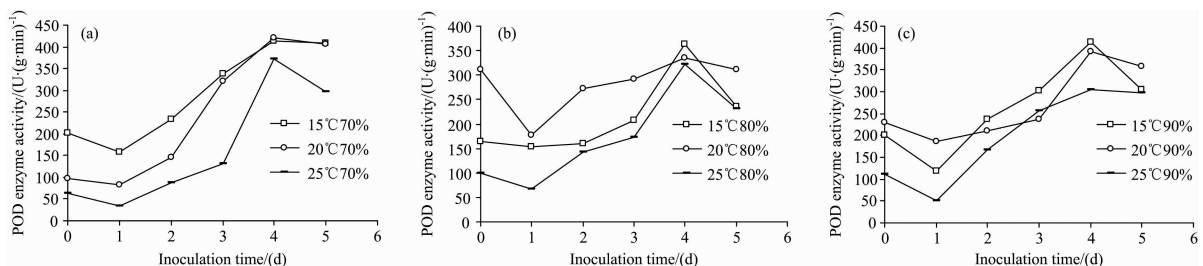


图 6 同一湿度不同温度条件下 POD 酶活性随接菌时间的变化情况

(a): 湿度为 70%; (b): 湿度为 80%; (c): 湿度为 90%

Fig. 6 Changes of POD enzyme activity with inoculation time under the same humidity and different temperature conditions

(a): 70%; (b): 80%; (c): 90%

但温湿度同样对 POD 酶活性变化产生影响,从图 6 可看出控制湿度条件相同、温度条件不同时,不同温度条件下 POD 酶活性变化速率并不一致,当叶片分别处于染病初期、中期及后期时,对应 20, 25 和 15 °C 条件下 POD 酶活性变化相对剧烈。从图 7 可看出控制温度条件相同、湿度条件不同时,当叶片分别处于染病初期、中期及后期时,对应 90%, 70% 和 80% 湿度条件下 POD 酶活性变化相对剧烈。这说明

马铃薯晚疫病在不同染病阶段的较适宜的患病流行条件也不相同,但温湿度对 POD 酶活性变化影响的强弱还需进一步建模讨论。

通过上述分析可知,光谱反射率和 POD 酶活性都会以一定规律随患病程度变化,说明 POD 酶活性与光谱反射率具有一定的相关关系,通过采集叶片的光谱信息可实现对 POD 酶活性的定量检测。

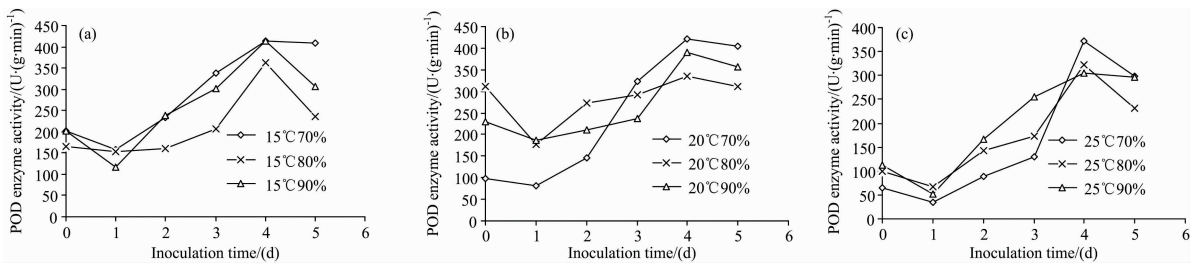


图 7 同一温度不同湿度条件下 POD 酶活性随接菌时间的变化情况

(a): 温度为 15 °C; (b): 温度为 20 °C; (c): 温度为 25 °C

注: 接菌时间为 0 天的叶片即为健康叶片

Fig. 7 Changes of POD enzyme activity with inoculation time under the same temperature and different humidity conditions

(a): 15 °C; (b): 20 °C; (c): 25 °C

Note: The leaves with inoculation time of 0 days are healthy leaves

## 2.2 POD 酶活性预测模型建立

### 2.2.1 光谱数据预处理

用光谱仪所获取的数据不仅包括样本的成分信息,还包括仪器噪声、杂散光、背景信息、基线漂移等无关信息,因此光谱数据应先进行预处理以建立稳定可靠的数学模型。采用了中心化(mean centering, MC)、归一化(normalization)、S-G 卷积平滑(Savitzky-Golay smoothing)、移动窗口平均平滑(moving average smoothing)、多元散射校正(multiplicative scatter correction, MSC)、标准正态变量变换(standard normal variate transformation, SNV)、基线漂移(baseline)、导数算法(derivative)等八种预处理方法对光谱数据进行预处理。表 2 为不同预处理方法所建立的全波长光谱数据 PLS 模

型效果,其中参与建模的变量数是通过多次建模测试得出,具体做法为:参与 PLS 建模的变量数从 1 开始逐渐增加,利用留一交叉验证建立 PLS 模型,当求得的预测集的误差均方根最小时,以此时的参与 PLS 建模的变量数为最终参与 PLS 建模的变量数。从表 2 可以看出,利用二阶导数算法处理后的数据所建立的模型的建模和预测效果远远差于其他模型,这是由于经二阶求导后的导数光谱与实际相比存在较大误差,使得参与建模的变量数大大降低,导致模型效果变差。经中心化和基线漂移处理后,模型的效果提升,比较来看,经中心化处理后的数据所建立的模型的建模集和预测集的均方根误差相差较小,模型稳定性相对较好,因此选择中心化方法对光谱数据进行预处理。

表 2 不同预处理方法所建立的全波长光谱数据 PLS 模型结果

Table 2 PLS model results of full-wavelength spectrum data preprocessed by different methods

预处理方法	建模集		预测集		参与建模的变量数
	$R_c^2$	$RMSE_c/[U \cdot (g \cdot min)^{-1}]$	$R_p^2$	$RMSE_p/[U \cdot (g \cdot min)^{-1}]$	
原始	0.958 2	23.831 3	0.965 0	39.088 1	16
中心化	0.958 2	23.831 3	0.965 0	23.603 4	16
归一化	0.927 4	31.409 0	0.943 6	41.630 2	13
S-G 卷积平滑	0.954 7	24.819 8	0.964 7	39.091 7	16
移动窗口平均平滑	0.950 5	25.929 6	0.963 6	39.140 8	16
多元散射校正	0.980 3	16.369 1	0.925 2	44.951 1	16
标准正态变量变换	0.978 8	16.994 2	0.930 1	41.155 3	16
基线漂移	0.960 8	23.074 7	0.967 6	35.878 3	16
导数算法(二阶)	0.774 7	55.335 9	0.434 7	85.186 0	2

### 2.2.2 特征波长提取

由于光谱数据波段较多(采集的有效波长为 2 457 个),大量数据不仅增加建模复杂程度,并且其中包含的大量冗余和共线性数据会影响建模精度<sup>[11]</sup>,因此采用了随机青蛙算法(random frog, RF)、连续投影算法(successive projections algorithm, SPA)、竞争自适应加权算法(competitive adaptive reweighted sampling, CARS)对特征波长进行提取。

RF 算法<sup>[12]</sup>通过计算每个变量的被选概率来评价变量的重要性,由于该算法是基于随机抽样提出的,每次运行结果可能会出现差异,为减少随机因素的影响,将 RF 算法运行

100 次。由于利用 RF 算法无法得出合适的特征波长数,因此取运行 100 次后概率平均值大的前 16 个波长为特征波长。

SPA 算法在数据矩阵中应用变量投影操作寻找含有冗余信息最低、共线性最少的光谱特征变量组<sup>[13]</sup>。在使用 SPA 算法提取特征波长时将变量数范围放大到了 30,即最多可能选择 30 个特征波长点。图 8 为模型的均方根误差随变量数变化的趋势,图 9 为利用 SPA 算法提取的特征波长分布情况,从图 8 中可看出随着变量数的增加,模型的均方根误差呈先降低再升高的趋势,当变量数为 21 时模型的均方根误差最小,因此利用 SPA 算法提取的最佳特征波长数目为 21。

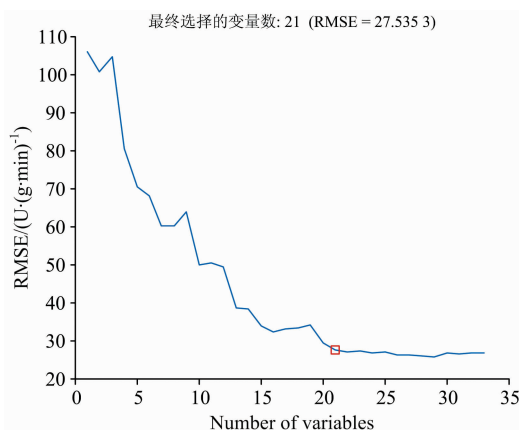


图 8 模型均方根误差随变量数变化的趋势

Fig. 8 The trend of the model root mean square error with the number of variables

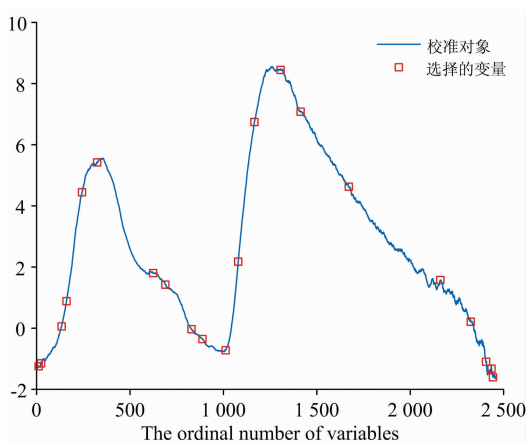


图 9 特征波长分布情况

Fig. 9 Distribution of characteristic wavelengths

CARS 算法能够选择出 PLS 模型中相关系数较大的波长, 并利用交叉验证逐步选择出均方根误差最小的子集, 该子集里的变量即为被选择的波长变量<sup>[14]</sup>。同 SPA 算法相同, 设置其参与建模的潜在变量数为 30, 共运行 100 次。图 10 为 CARS 算法运行结果, 图 10(a) 可看出随运行次数增加被选择的变量数在逐步减小, 运行次数和变量数大致呈指数关系, 从图 10(b) 中可看出当运行次数为 40 时, 均方根误差达到最小值。最终利用 CARS 算法所提取的最佳特征波长数目为 72。各算法提取的特征波长如表 3 所示, 分析表 3 可知利用三种算法提取的特征波长在可见光区域和近红外区域均有分布, 且在可见光区域集中在绿光波段(492~577 nm)和红光波段(622~760 nm), 说明 POD 酶活性对绿光波段和红光波段较为敏感。

### 2.2.3 模型对比

建立了基于全波长和各方法提取的特征波长的 POD 酶活性的预测模型, 各模型结果如表 4 所示。由表 4 可看出, 利用 RF 和 SPA 算法所建立的模型的建模效果均变差, 可能是由于参与建模波长数目大大减小而导致的一些有效光谱信

息被删除所引起的; 但用 SPA 和 CARS 算法所建立的模型的预测效果均和原始模型相当。三种算法比较来看, 利用 CARS 算法所建立模型的建模集和测试集的决定系数最大、均方根误差最小, 其建模效果最好, 因此利用 CARS 算法来进行特征波长的提取效果最好。

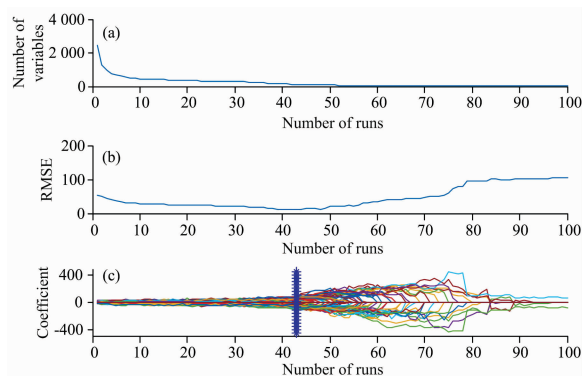


图 10 CARS 算法运行结果

Fig. 10 The results of CARS algorithm

表 3 各算法提取的特征波长

Table 3 Feature wavelength extracted by algorithms

提取方法	特征波长/nm
RF	547, 697, 707, 740, 754, 755, 758, 759, 767, 814, 878, 879, 888, 941, 942, 946
SPA	482, 485, 508, 514, 531, 548, 609, 622, 650, 661, 686, 699, 716, 743, 763, 811, 899, 927, 941, 946, 948
CARS	480, 492, 496, 508, 532, 533, 539, 540, 541, 547, 548, 597, 607, 624, 635, 638, 639, 640, 649, 650, 673, 678, 686, 688, 692, 695, 696, 670, 706, 707, 739, 741, 742, 755, 758, 766, 788, 789, 790, 791, 794, 795, 801, 807, 813, 820, 822, 841, 842, 854, 860, 868, 871, 872, 874, 878, 888, 889, 892, 898, 901, 911, 914, 920, 922, 933, 937, 941, 942, 944, 945, 946

表 4 基于特征波长和全波长的 PLS 模型结果

Table 4 PLS model results based on characteristic wavelength and full wavelength

模型	波长数	建模集		预测集	
		$R_c^2$	RMSE <sub>c</sub> / [U·(g·min) <sup>-1</sup> ]	$R_p^2$	RMSE <sub>p</sub> / [U·(g·min) <sup>-1</sup> ]
PLS	2 457	0.958 2	23.831 3	0.965 0	23.603 4
RF-PLS	16	0.736 2	59.883 7	0.755 9	55.417 2
SPA-PLS	21	0.821 0	49.330 5	0.942 2	27.036 0
CARS-PLS	72	0.997 3	6.032 3	0.958 1	25.698 6

### 2.3 基于 POD 酶活性的患病程度预测

由于 POD 酶活性受温湿度和患病程度的影响, 利用多元线性回归分析和径向基函数神经网络(radial basis function neural network, RBFNN)建立了 POD 酶活性的动力学模型, 模型中晚疫病患病程度用数字 0~3 表示, 数字越大表明其患病程度越严重, 将 POD 酶活性及温湿度作为输入, 输出为

晚疫病患病程度，且为消除不同量纲的影响，需对输入参数进行归一化处理。利用多元线性回归分析建模时，通过对数据归一化、散点图分析、线性回归分析后，筛选出与 POD 酶活性有显著关系的自变量，建立的 POD 酶活性动力学模型如式(1)

$$y = -0.777t - 1.561h + 1.407d + 4.896th^2 - 3.396t^2h^2 - 3.651h^2d + 7.75h^2d^2 - 5.007h^2d^3 + 0.8 \quad (1)$$

式(1)中， $y$  为 POD 酶活性，单位  $U \cdot (g \cdot \min)^{-1}$ ； $t$  为温度，单位  $^{\circ}C$ ； $h$  为湿度，单位 %； $d$  为患病程度，值取 0~3。

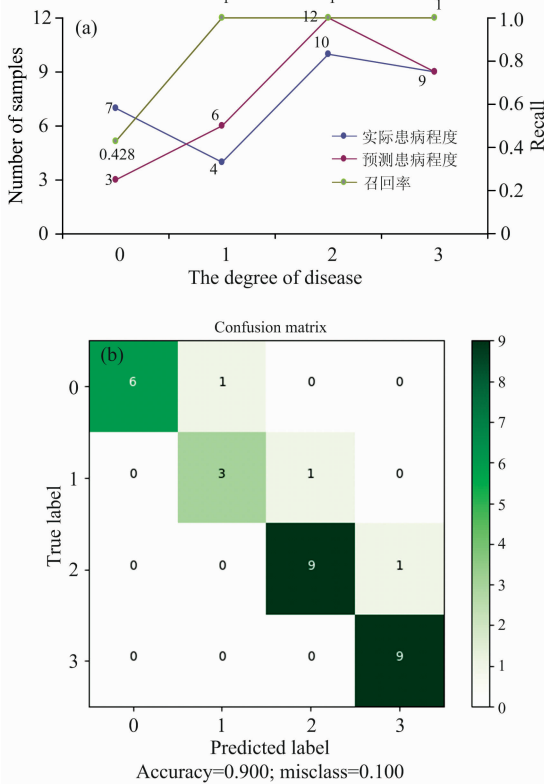


图 11 利用多元线性回归分析(a)和 RBFNN(b)建立的模型对样本患病程度的预测结果

Fig. 11 The prediction modeling results of the sample's disease degree established by multiple linear regression analysis (a) and RBFNN (b)

利用该模型对 30 个样本的患病程度预测结果如图 11(a)所示，其中 4 个健康样本被预测为患病样本，预测准确率为 86.7%。利用 RBFNN 网络建模时，以归一化处理后的 120 个样本为输入样本，其中 50% 为训练样本，25% 为测试样本，25% 为验证样本，不断修改网络参数以提高模型精度。模型结果显示同温度相比，湿度对 POD 酶活性的影响较大。以图 11(b)所示的混淆矩阵评价模型对 30 个样本的预测结果，有 3 个样本预测的患病程度偏严重，预测准确率为 90.0%，可能是用于测试的叶片生长状况不一，部分叶片稍许老化，老化的叶片 POD 酶活性较正常叶片高，使得酶活性预测误差偏高，降低了模型准确率。

### 3 结 论

利用光谱对马铃薯叶片 POD 酶活性进行预测，比较了多种光谱数据预处理及特征波长提取方法对预测模型精度的影响，再结合径向基函数神经网络 RBFNN 实现了基于 POD 酶活性的马铃薯晚疫病患病程度的预测。主要结论如下：

(1) 建立了基于光纤光谱信息的 POD 酶活性预测模型。利用 CARS 算法提取的特征波长所建立的模型对 POD 酶活性预测的效果最好，预测集的决定系数  $R_p^2$  为 0.958 1、均方根误差  $RMSE_p$  为 25.698 6  $U \cdot (g \cdot \min)^{-1}$ 。提取的特征波长在可见光区域集中在绿光波段和红光波段，说明 POD 酶活性对绿光波段和红光波段较为敏感，证明了利用光谱实现 POD 酶活性快速测定的可行性。

(2) POD 酶活性随患病程度变化的规律并非呈单调线性趋势。随着接菌时间的增加，POD 酶活性大致呈先降后升再降的趋势，说明 POD 酶活性的变化可以反映马铃薯叶片的患病程度。

(3) 基于马铃薯叶片的光纤光谱信息实现了晚疫病患病程度的定性预测。利用 RBF 径向基网络建立了 POD 酶活性和患病时间、温湿度的动力学模型，其中温度对 POD 酶活性变化的影响最小、接菌时间对其影响最大，结合 POD 酶活性预测模型即可实现对患病程度的预测，预测准确率为 90.0%，说明基于 POD 酶活性对马铃薯晚疫病患病程度的定性预测是可行的，对野外马铃薯晚疫病害的早期检测和防治及便携式检测仪的研制提供了科学参考。

### References

[ 1 ] ZHU Ju-li, LIANG Jing-si, WANG Wei-wei, et al(祝菊澧, 梁静思, 王伟伟, 等). Microbiology(微生物学通报), 2020, 47(3): 952.

[ 2 ] CHENG Shu-xi, SHAO Yong-ni, WU Di, et al(程术希, 邵咏妮, 吴迪, 等). Journal of Zhejiang University · Agriculture & Life Sciences(浙江大学学报·农业与生命科学版), 2011, 37(3): 307.

[ 3 ] CHENG Fan, ZHAO Yan-ru, YU Ke-qiang, et al(程帆, 赵艳茹, 余克强, 等). Spectroscopy and Spectral Analysis(光谱学与光谱分析), 2017, 37(6): 1861.

[ 4 ] YANG Yan, HE Yong(杨燕, 何勇). Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering(农业工程学报), 2013, (20): 135.

[ 5 ] HU Yao-hua, LI Qing-yu, TANG Yi(胡耀华, 李清宇, 唐翊). Journal of Jiangsu University · Natural Science Edition(江苏大学学报·自然科学版), 2018, 39(6): 683.

[ 6 ] Li Q, Hu Y. International Journal of Agricultural and Biological Engineering, 2019, 12(2): 160.

- [ 7 ] ZHANG Zhi-liang, QU Wei-jing, LI Xiao-fang(张 志 良, 瞿 伟 菁, 李 小 方). Plant Physiology Experiment(植物生理学实验指导). Beijing: Higher Education Press(北京: 高等教育出版社), 2009.
- [ 8 ] HE Jia-yan, LI Ting, GUO Chang-kai, et al(何佳艳, 李 亭, 郭长凯, 等). Food and Fermentation Industries(食品与发酵工业), 2017, 43(10): 228.
- [ 9 ] ZHANG Chao, WANG Yan(张 超, 王 妍). Journal of Southwest Forestry College(西南林学院学报), 2010, 30(6): 83.
- [10] DUAN Jiang-yan, AN Jian-mei, GAO Gang(段江燕, 安建梅, 郜 刚). Agriculture & Technology(农业与技术), 2008, 28(1): 21.
- [11] Zhu H, Chu B, Zhang C, et al. Scientific Reports, 2017, 7(1): 4125.
- [12] ZHANG Hai-liang, YE Qing, LUO Wei, et al(章海亮, 叶 青, 罗 微, 等). Journal of East China Jiaotong University(华东交通大学学报), 2017, 34(2): 105.
- [13] LONG Yan, LIAN Ya-ru, MA Min-juan, et al(龙 燕, 连雅茹, 马敏娟, 等). Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering(农业工程学报), 2019, 35(13): 270.
- [14] ZHANG Hua-xiu, LI Xiao-ning, FAN Wei, et al(张华秀, 李晓宁, 范 伟, 等). Journal of Instrumental Analysis(分析测试学报), 2010, 29(5): 430.

## Prediction of the Degree of Late Blight Disease Based on Optical Fiber Spectral Information of Potato Leaves

HOU Bing-ru<sup>1</sup>, LIU Peng-hui<sup>1</sup>, ZHANG Yang<sup>1</sup>, HU Yao-hua<sup>1, 2, 3\*</sup>

1. College of Mechanical and Electronic Engineering, Northwest A&F University, Yangling 712100, China

2. Shaanxi Key Laboratory of Agricultural Information Perception and Intelligent Service, Yangling 712100, China

3. College of Optical Mechanical and Electrical Engineering, Zhejiang A&F University, Hangzhou 311300, China

**Abstract** To detect and prevent potato late disease, the peroxidase (POD) activity of potato late-blight leaves was predicted by spectroscopic techniques, and the prediction of potato late-blight disease was realized based on POD enzyme activity. The spectral reflectivity and POD enzyme activity of potato leaf samples in different temperature, humidity and inoculation time conditions were collected and measured. And the Mean Centering method is ultimately chosen, which is used to eliminate the error of the original spectral data. In order to reduce the complexity of the model, RF, SPA and CARS algorithms were used to filter the wavelengths, and the results showed that the partial least-square regression (PLSR) prediction model was established by using the spectral data at 72 characteristic wavelengths which are extracted by the CARS algorithm was the best. The coefficient of determination  $R_p^2$  of the prediction set is 0.958 1, and the root means square error RMSE<sub>p</sub> is 25.698 6 U · (g · min)<sup>-1</sup>. Finally, the RBF radial basis network was used to fit the relationship between POD enzyme activity, temperature, humidity and inoculation time and established a kinetic model of POD enzyme activity. So the prediction of the disease period of potato late blight based on POD enzyme activity was further realized. The results proved the feasibility of using spectroscopy to rapidly determine POD enzyme activity to predict potato late blight.

**Keywords** Potato late blight; Spectroscopy; Peroxidase; Characteristic wavelength; Disease prediction

(Received Mar. 31, 2021; accepted Jul. 16, 2021)

\* Corresponding author