

## 高光谱成像的甜瓜嫁接愈合状态早期分类检测

杨杰锴<sup>1</sup>, 郭志强<sup>1</sup>, 黄远<sup>2,3\*</sup>, 高宏盛<sup>1</sup>, 金科<sup>1</sup>, 吴香帅<sup>2</sup>, 杨杰<sup>1</sup>

1. 武汉理工大学信息工程学院, 宽带无线通信与传感器网络湖北省重点实验室, 湖北 武汉 430070
2. 华中农业大学园艺林学学院, 园艺植物生物学教育部重点实验室, 湖北 武汉 430070
3. 中国农业科学院深圳农业基因组研究所, 岭南现代农业科学与技术广东省实验室深圳分中心, 广东 深圳 518000

**摘要** 嫁接的目的是为了提高植物抗土传病害和非生物逆境的能力。甜瓜嫁接愈合状态的早检测是当前育苗厂工业化发展的重要需求。在标准正态变量变换-Savitzky-Golay平滑-二阶导数(SNV-SG-SD)预处理基础上提出了融合嫁接差异信息的竞争性自适应重加权算法-连续投影法(DIS-CARS-SPA)特征提取算法,并建立了基于网格寻优径向基核函数支持向量机(GS-RBF-SVM)分类模型,实现了基于高光谱成像的甜瓜嫁接愈合状态早期分类检测。首先采集以南瓜为砧木,甜瓜为接穗的嫁接成活苗和非成活苗愈合期1~7 d内的高光谱图像,分别采用9种光谱预处理方法,2种特征提取算法和5种优化算法4种核函数支持向量机(SVM)分类模型进行分析。结果显示,SNV-SG-SD光谱预处理、DIS-CARS-SPA特征提取和GS-RBF-SVM分类模型效果最好。利用该模型进一步分析,在同一天不同类型二分类中,愈合期1~7 d内任何一天的分类准确率均能达到99%以上;在不同天嫁接成活苗二分类中可达90.17%以上;在不同天嫁接非成活苗二分类中可达97.03%以上;在不同天不同类型十四分类中可达96.85%,比未融合嫁接差异信息的CARS-SPA特征提取方法准确率提高了0.59%,比只预处理未特征提取方法提高了3.37%。结果表明,所提出的方法不仅能实现同一天不同类型二分类,还能实现不同天同一类型的二分类,不同天不同类型的多分类。在实际应用中,可将分类时间点提前到嫁接后第1天(肉眼观察第3~4天,机器视觉技术第1~2天),同时第3天均是嫁接成活苗和非成活苗的差异突变天数,嫁接成活苗状态可分为弱—中—强三个阶段,非成活苗状态可分为弱—更弱两个阶段,该结论能为甜瓜嫁接苗生产提供有效指导,具有一定的理论和实践价值。

**关键词** 高光谱成像;甜瓜嫁接;光谱预处理;特征提取;分类识别模型

**中图分类号**: S126 **文献标识码**: A **DOI**: 10.3964/j.issn.1000-0593(2022)07-2218-07

### 引言

甜瓜是重要的园艺作物,生产上由于连作导致的土传病害严重,影响了甜瓜的果实产量和品质;嫁接不仅可以提高甜瓜抗土传病害能力,在产量提升方面也有积极作用,甜瓜嫁接栽培已经在生产上得到大面积应用<sup>[1]</sup>。嫁接愈合是嫁接苗生产的重要阶段,愈合阶段种苗质量的评价有利于进行环境的优化管理。然而,目前对于嫁接苗愈合状态的判断主要凭肉眼观察接穗真叶是否出现和破坏性取样测定,不仅耗时耗力,还会错过愈合补救的最佳时机<sup>[2]</sup>。因此亟需研究出快速判别嫁接苗实际愈合状态的无损方法,提高甜瓜嫁接苗生

产愈合阶段的智慧化管理水平和种苗质量。

如何实现高效、精准的嫁接苗愈合状态分类成为人们关注的问题,尤其是嫁接后的1~7 d,是嫁接苗愈合的关键时间,关系着嫁接苗的愈合质量<sup>[3]</sup>。前人利用机器视觉技术虽能有效弥补人为误差上的缺陷,但仅能从图像层面对嫁接苗愈合状态进行区分,当愈合状态近似时识别准确率将有所下降<sup>[4]</sup>。近年来,基于图像和光谱的分类检测逐渐兴起,高光谱成像(HSD)技术结合了机器视觉(空间信息)和连续光谱(光谱信息)的优势,具有快速、准确、分类精度高等特点,能在图像分析的基础上,通过光谱分析进一步探寻深层信息,被广泛应用于分类检测<sup>[5]</sup>。目前基于HSI的瓜类分类检测多用于研究病虫害感染情况,暂无针对嫁接愈合状态研

收稿日期: 2021-07-02, 修订日期: 2021-08-25

基金项目: 国家重点研发计划项目(2019YFD1001900), 国家自然科学基金项目(51479159), 华中农业大学-中国农业科学院深圳基因组研究所合作基金项目(SZYJY2021005)资助

作者简介: 杨杰锴, 1996年生, 武汉理工大学信息工程学院硕士研究生 e-mail: 1284901668@qq.com

\* 通讯作者 e-mail: huangyuan@mail.hzau.edu.cn

究。本工作通过对以南瓜为砧木，甜瓜为接穗的嫁接成活苗和非成活苗在愈合期 1~7 d 内连续采集高光谱图像，在最佳预处理方法 SNV-SG-SD 上，提出一种融合嫁接差异信息的特征提取算法 (DIS-CARS-SPA)，通过构建 GS-RBF-SVM 模型，实现对甜瓜嫁接苗愈合期 1~7 d 内嫁接状态的早期无损检测。

## 1 实验部分

### 1.1 实验设计

选用下胚轴粗细一致、子叶完全展开的南瓜砧木与甜瓜接穗苗。材料培养在华中农业大学园艺林学学院园艺植物生物学教育部重点实验室进行，采用贴接法嫁接<sup>[6]</sup>。设置嫁接成活和非成活两个处理，嫁接成活处理按照常规嫁接方法进行，对于非成活处理，将接穗切口与砧木切口未完全贴合，中间留有空隙。

甜瓜嫁接苗共计 500 株，嫁接成活和未成活处理各 250 株。嫁接完成后迅速置于透明塑料盖中，再放入专用嫁接愈合室中进行培养。嫁接后愈合期间环境管理为第 0~3 天白天温度 28 ℃、夜间温度 23 ℃，第 4~7 天白天温度 25 ℃、夜间温度 20 ℃；空气湿度第 0~3 天 95%，第 4~7 天 85%；光照强度第 0~3 天为  $75 \mu\text{mol} \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{s}^{-1}$ ，第 4~7 天为  $150 \mu\text{mol} \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{s}^{-1}$ 。从嫁接后第 4 天开始每天定时打开塑料盖子进行通风，避免湿度过高引起病害。

### 1.2 高光谱图像采集

采用比利时 IMEC 公司制造的便携式高光谱成像仪，工作波段 470~900 nm，光谱波段数 150 个，拍摄范围最大分

辨率  $3650 \times 2048$  像素，光照由一个 150 W 的卤素光纤线光源提供。拍摄时，根据嫁接苗大小，选择  $1000 \times 1000$  的像素分辨率，让实时画面获得充分的曝光，为了避免环境光的干扰，整个系统放置在一个黑色的光照箱内。此外，一台电脑 (Inter (R) Core (TM) i5-7300HQ CPU @ 2.50GHz, RAM16GB) 配有 HSI Snapscan 软件用来获取高光谱数据。高光谱图像采集时，先进行校正，调焦，再将白板放置在镜头下方，使白板充满整个画面，直接扫描白板，最后将甜瓜嫁接苗放在镜头正下方直接扫描，如图 1 所示。

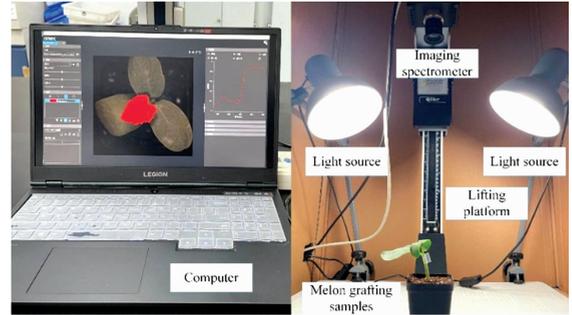


图 1 高光谱图像采集

Fig. 1 Hyperspectral image collection

### 1.3 总体实验方案

二分类样本和十四分类样本均按照训练集：测试集 = 7 : 3 进行划分，并通过测试集的分类精确率  $P$  作为模型评价指标，分类精确率计算为

$$P = \frac{N_{\text{pred}}}{N_{\text{total}}} \quad (1)$$

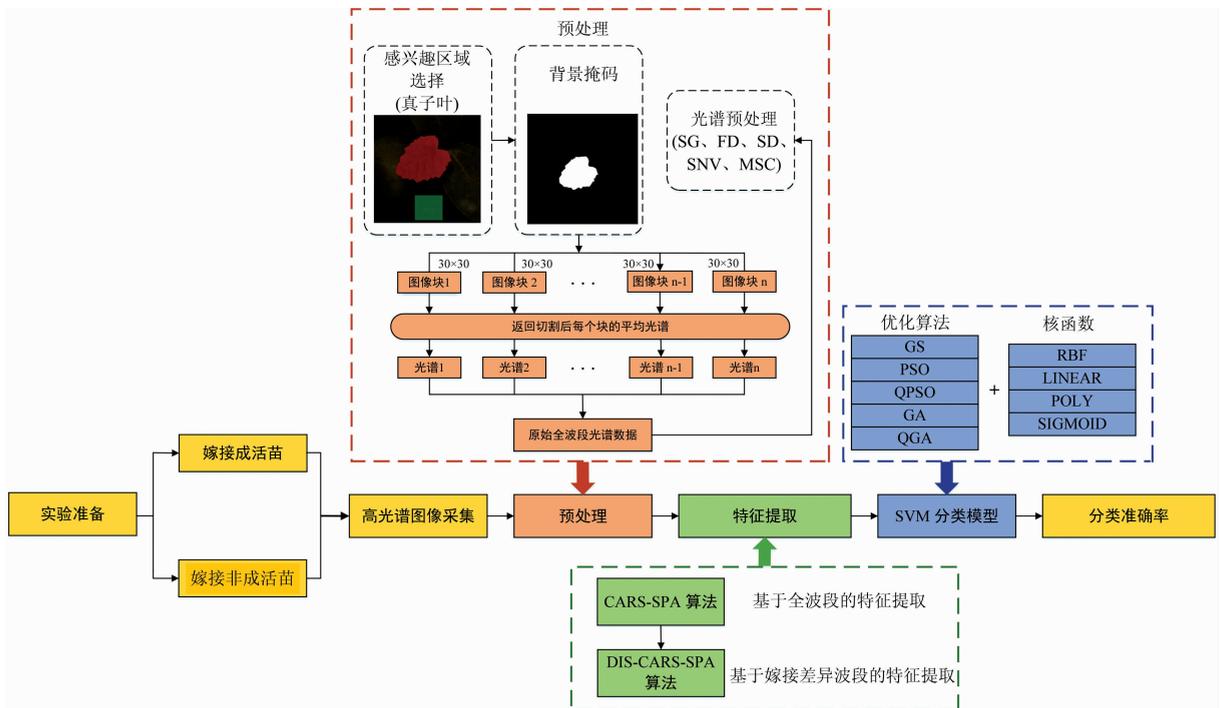


图 2 总体研究方案

Fig. 2 Overall research plan

式(1)中:  $N_{\text{pred}}$  为检测正确嫁接成活苗和非成活苗样本数,  $N_{\text{total}}$  为实际输入样本数。

实验方案由三部分组成: HSI 预处理、特征波段选取和分类模型建模分析。实验中需要验证不同预处理方法、不同特征提取方法、不同组合类型的 SVM 分类模型对甜瓜嫁接状态早期分类检测的影响。总体研究方案如图 2 所示。

## 2 结果与讨论

### 2.1 HSI 预处理

利用配套 HSI Snapscan 采集软件对采集的甜瓜嫁接苗 HSI 数据进行黑白标定去噪。因甜瓜嫁接愈合期内的主要变化来自于新长出的真叶区域变化, 故选择真叶区域作为感兴趣区域, 由图 3(a)和(b)可知, 感兴趣区域的光谱曲线(红色

曲线)和背景区域的光谱曲线(绿色曲线)在 470~900 nm 范围内存在明显差异; 用 ENVI 软件手动圈出感兴趣区域后设置二进制掩码(感兴趣区域内每个像素为 1, 背景区域为 0), 如图 3(c)所示。

根据掩码图像中感兴趣区域和背景区域不一致, 将感兴趣区域对应的高光谱图像区域切割成  $30 \times 30$  的块, 并返回每个块的平均光谱再叠加, 就可切分得到每一天的所有样本光谱值, 称为原始全波段光谱数据。另一方面, 为了消除光谱数据的无关信息, 提高数据和模型的鲁棒性和准确率, 选择常见的光谱预处理方法, 如 SG 平滑、一阶导数(FD)、二阶导数(SD)、标准正态变换(SNV)、多元散射校正(MSC)等<sup>[7]</sup>, 与无预处理的原始光谱进行比较对比, 选取最优的预处理方法。

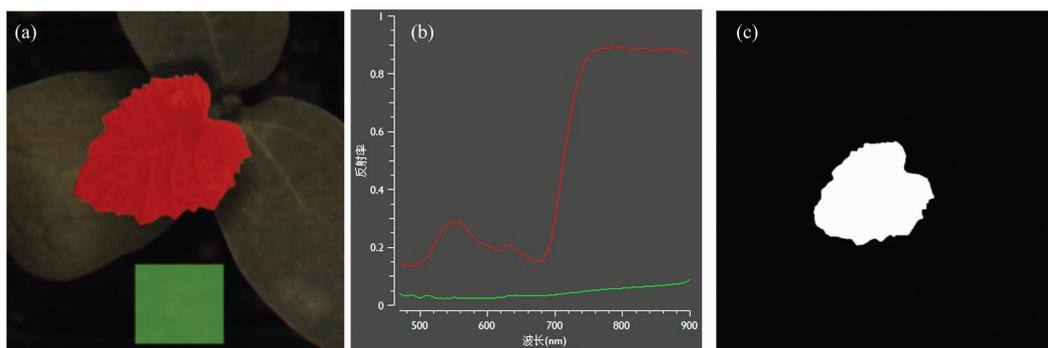


图 3 分割示意图

(a): 感兴趣区域和背景区域分割; (b): 感兴趣区域和背景区域光谱曲线; (c): 掩码

Fig. 3 Segmentation diagram

(a): Segmentation of region of interest and background region; (b): Spectra of region of interest and background region; (c): Mask

基于不同预处理分别对愈合期 1~7 d 内的甜瓜嫁接成活苗和非成活苗样本按照训练集: 测试集 = 7 : 3 的划分原则构建 SVM 模型(选择 RBF 为核函数, GS 为寻优方式)。结果如表 1 所示, 因为 SNV 预处理后能减少基线漂移及光散射引起的光谱冗余数据, 使光谱更集中, 同时 SG 平滑可有效去除背景噪声, 而 SD 预处理可明显反映出波峰与波谷,

显示有效光谱, 故将三者结合的 SNV-SG-SD 效果最好, 在甜瓜嫁接愈合期 1~7 天内的分类准确率均能达到 99% 以上, 从而将甜瓜嫁接愈合状态的早期分类检测时间提前到嫁接后第 1 天(肉眼观察第 3~4 天<sup>[3]</sup>, 机器视觉技术第 1~2 天<sup>[4]</sup>)。

表 1 基于不同预处理构建 SVM 的同一天嫁接成活苗和非成活苗二分类结果  
Table 1 Two classification results of grafted survival seedlings and non-viable seedlings on the same day based on SVM constructed by different pretreatments

天数	P/%								
	无	SG	FD	SD	MSC	SNV	SG-SD	SNV-SD	SNV-SG-SD
1	99.11	99.11	99.33	99.33	99.33	99.33	99.33	99.05	99.33
2	98.82	98.82	99.76	99.76	99.29	99.76	99.56	100.00	100.00
3	96.73	97.01	98.63	99.23	98.09	99.18	99.25	99.18	99.87
4	98.11	98.11	97.64	99.05	98.02	98.85	98.86	99.02	99.58
5	97.34	97.58	99.03	99.15	98.55	99.03	99.08	99.03	100.00
6	96.54	96.04	98.36	98.85	98.15	98.36	97.98	99.38	99.69
7	97.85	97.62	99.64	99.81	99.04	99.25	99.86	99.76	100.00

本方法还可对不同天嫁接成活苗或非成活苗的二分类进行研究, 选择 SNV-SG-SD 预处理方法, 根据多组数据组合

实验, 取每组实验结果平均值作为该组结果, 筛选部分标志结果如表 2 所示。对表中标号进行说明, 令变量 Day 由 A =

{1, 2}, B={3, 4, 5}, C={6, 7}, D={3, 4, 5, 6, 7}表示, 数字代表天, 若变量 Day 只有一个字母, 则表示在所字母集合范围内任选两天进行二分类, 若表示为 A-B, 则从 A 集合中任选一天, B 集合中任选一天进行二分类, 其余同理。

结果如表 2 所示, 在愈合期内甜瓜嫁接成活苗在第 1~2 天、3~5 天和 6~7 天二分类准确率有明显差异, 其中第 1~2 天的准确率偏低(90.17%), 说明愈合初期甜瓜嫁接愈合部伤口还未修复, 其愈合速度较为缓慢; 第 3~5 天准确率有了明显上升(97.68%), 说明愈合中期甜瓜嫁接愈合部伤口已经逐渐修复, 呈正常愈合状态, 第 6~7 天的准确率进一步提升达到 99.15%, 说明愈合后期甜瓜嫁接愈合部伤口已经快

速修复, 呈快速愈合状态。因此可认为甜瓜嫁接成活苗在愈合期 1~7 d 内愈合状态可分成弱一中一强三个阶段, 第 3 天是明显差异时间。

在愈合期内甜瓜嫁接非成活苗在不同天的分类准确率均能达到 97% 以上, 其中第 1~2 天的准确率相较于第 3 天后偏低, 说明在愈合初期, 非正常嫁接虽有影响, 但程度不是很大, 而第 3 天后任选两天或第 1~2 天中选一天, 第 3 天后选一天准确率均为 99.5% 以上, 说明非正常嫁接加速了变坏的过程, 成为影响二分类结果的直接因素, 因此可以认为甜瓜嫁接非成活苗在愈合期 1~7 d 内愈合状态可分为弱一更强两个阶段, 第 3 天是明显差异时间。

表 2 基于 SNV-SG-SD 预处理构建 SVM 的不同天嫁接成活苗/非成活苗二分类结果

Table 2 Two classification results of survival/non-viable seedlings grafted on different days using SVM constructed based on SNV-SG-SD pretreatment

类型	P/%							
	A	B	C	D	A-B	A-C	B-C	A-D
嫁接成活苗	90.17	97.68	99.15	—	99.33	99.65	99.23	—
嫁接非成活苗	97.03	—	—	99.76	—	—	—	99.95

2.2 特征波段提取

2.2.1 CARS-SPA 算法

以愈合期 1~7 d 内甜瓜嫁接成活苗和非成活苗十四分类的特征波段提取为例, 由于 CARS 算法易将反射率波动差异作为权重较大的变量提取为特征波段, 故使用 SPA 算法对 CARS 特征提取后的特征波段进行二次筛选, 查找含有冗余信息最少的变量组<sup>[8]</sup>。图 4(a) 中采用 CARS 算法筛选的波段数在 560~900 nm 范围内较为密集, 其中 560~692 和 731~900 nm 处更为集中, 经过 CARS 筛选后可得到 66 个特征波段。

使用 SPA 算法对 CARS 特征波段进行降维再提取, 如图 4(b) 所示, 筛选的特征波段数从 66 降到 32, 特征波段普遍位于 582~685 和 730~900 nm。

2.2.2 DIS-CARS-SPA 算法

CARS-SPA 算法虽能进一步简化筛选 CARS 算法提取的特征波段, 但由于 CARS 算法的随机性, 还是容易将反射率波动差异作为权重较大的波段提取为特征波段。文献[9]通过包络线去除法提取棉花冠层的光谱差异波段, 构建估算棉花冠层叶绿素含量的 BP 神经网络模型, 结果发现, 去包络后冠层反射率和叶绿素含量相关性在 560~740 nm 波段范围内提高了 10.7%。文献[10]通过包络线去除法对中国西南丘陵地区的遥感影像阴影信息进行校正重建, 结果发现, 去包络后有阴影的丘陵地区遥感影像自动分类精度提高了 17.98%。因此, 借鉴光谱差异分析思想, 提出 DIS-CARS-SPA 算法特征提取, 即在预处理后先进行嫁接差异信息的筛选, 然后通过包络线去除法确定光谱吸收曲线, 再在光谱差异波段的基础上进行 CARS-SPA 算法特征提取, 使 CARS-SPA 算法融合嫁接差异信息。

在愈合期 1~7 d 内, 嫁接成活苗愈合状态呈现弱一中一强三个阶段, 非成活苗愈合状态呈现弱一更强两个阶段, 因此第 7 天的嫁接成活苗和非成活苗平均光谱曲线差异最大,

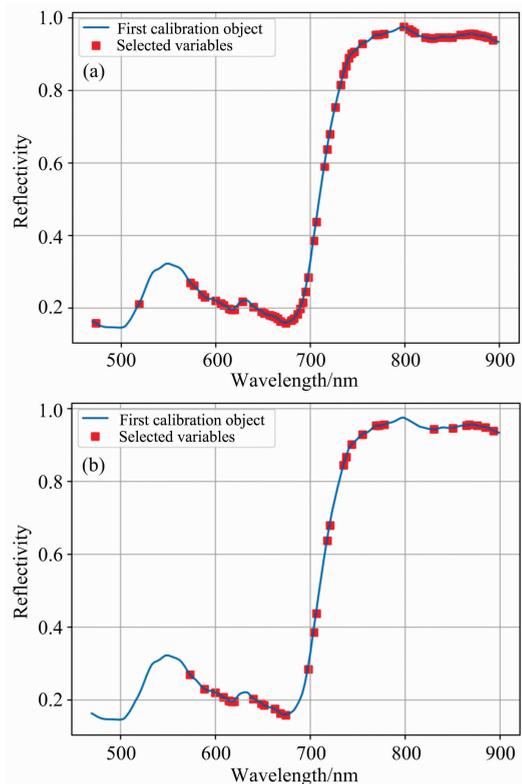


图 4 CARS-SPA 算法

- (a): CARS 算法提取的特征波段位置;
- (b): CARS-SPA 算法提取的特征波段位置

Fig. 4 CARS-SPA algorithm

- (a): Feature band extracted by CARS algorithm;
- (b): Feature band extracted by CARS-SPA algorithm

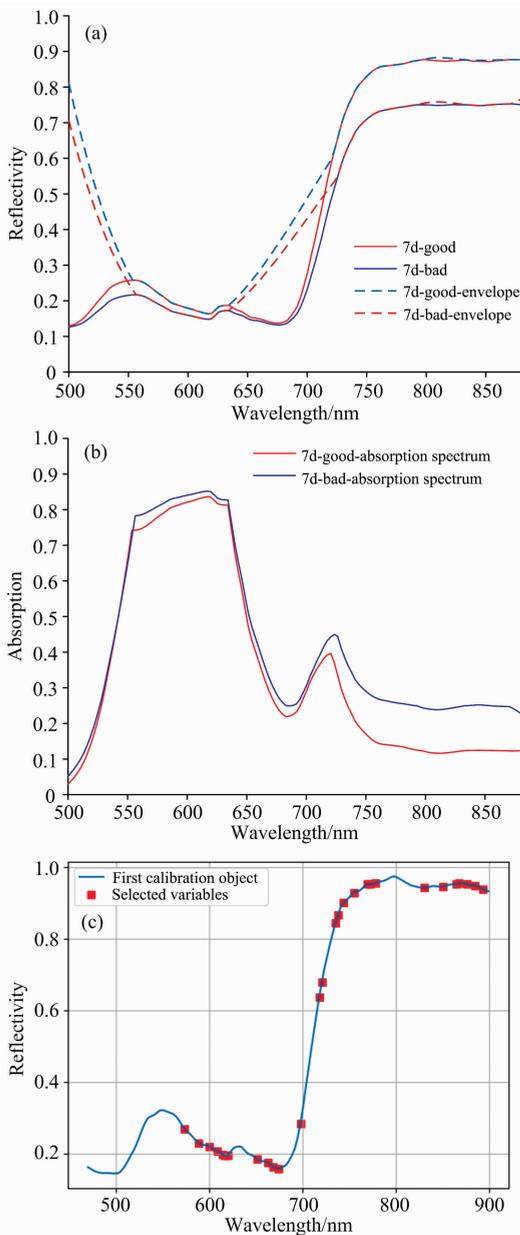


图 5 嫁接差异信息选择

- (a): 第 7 天嫁接成活苗和非成活苗的平均光谱曲线及包络线;  
 (b): 第 7 天嫁接成活苗和非成活苗的平均光谱吸收曲线;  
 (c): DIS-CARS-SPA 算法提取的特征波段位置

Fig. 5 The choice of grafting difference information

(a): Average spectra of grafted survival and non-viable seedlings on the 7th day; (b): Average absorption spectra of grafted survival and non-viable seedlings on the 7th day; (c): Location of the extracted feature wavelengths using DIS-CARS-SPA algorithm

可作为嫁接差异波段选择的原始曲线。如图 5 所示, 图 5(a) 表示的是第 7 天的嫁接成活苗和非成活苗平均光谱曲线和包络线, 发现两者曲线存在较大差异, 将各自包络线与实际光谱曲线相减得到光谱的吸收曲线, 从图 5(b) 中可以明显发现, 552.5~634.3, 651.4~697.5, 709.2~900 nm 三处范围吸收曲线明显不一, 因此认为这三个区间为甜瓜嫁接差异波

段区间。对比图 4(b) 和图 5(c), 图 4(b) 是 CARS-SPA 算法提取的特征波段, 最后筛选出 32 个特征波段, 图 5(c) 是 DIS-CARS-SPA 算法提取的特征波段, 最后筛选出 26 个特征波段。

基于 SNV-SG-SD 预处理方法分别通过 CARS-SPA 算法和 DIS-CARS-SPA 算法构建 SVM 模型(选择 RBF 作为核函数, GS 作为寻优方式), 对愈合期内不同天数(1~7 d)和不同状态(嫁接成活苗和非成活苗)进行十四分类, 并和只预处理无特征提取步骤进行对比。如表 3 所示, 只预处理未特征提取所构建的 SVM 模型准确率最低, 仅为 93.48%, 预处理后经过 CARS-SPA 算法所构建的 SVM 模型准确率达到 96.26%, 结果表明, 特征提取可以有效降维剔除冗余信息, 筛选的特征波段数从全波段 150 个降低至 32 个, 分类准确率提升了 2.78%。而 DIS-CARS-SPA 算法所构建的 SVM 模型准确率最高, 达到 96.85%, 所筛选的特征波段数进一步降低, 只有 26 个, 说明在特征提取前加入嫁接差异信息的筛选可以在更少波段的基础上提升分类模型的识别准确率, 因此该方法可行的。

### 2.3 SVM 分类模型

SVM 分类模型选用 5 种优化算法: 网格寻优(GS)、遗传算法(GA)、量子遗传算法(QGA)、粒子群算法(PSO)、量子粒子群算法(QPSO), 4 种核函数: 径向基(RBF)、线性(LINEAR)、多项式(POLY)、神经元非线性(SIGMOID)进行建模分析。固定 RBF 核函数, 探究不同优化算法对 SVM 模型的影响, 其中不同优化算法将影响 RBF 核函数中的两个重要参数: 惩罚系数  $c$  和核宽度  $g$ 。

如表 4 所示, 所有优化算法模型中, GS-SVM 模型准确率最高, 达到 96.85%, 这是因为 GS-SVM 的可并行性高, 对每个  $(c, g)$  对寻优是相互独立的, 而其余四种算法则受不同  $(c, g)$  对组合的影响。QPSO 算法和 PSO 算法属于同一类型算法, QPSO 算法取消了粒子的移动方向属性, 增加了粒子位置的随机性, 在一定程度上解决了 PSO 算法容易陷入局部最优解的问题, 故 QPSO-SVM 模型准确率高于 PSO-SVM。而 QGA 算法虽在 GA 算法上进行了改进, 但和 GS-SVM 模型准确率相差较大, 这是由于基础 GA 算法对初始样本的数量有一定依赖性, 不能很好的解决大规模计算量问题, 本研究对象是愈合期 1~7 d 内甜瓜嫁接愈合状态的十四分类, 模型计算量大, 因此准确率大大降低。

以此为基础, 选择 GS-SVM 筛选的  $c=1\ 000$ ,  $g=1\ 000$  作为 SVM 模型参数, 探究不同核函数选择对十四分类准确率的影响。

由表 5 可知, 选择 RBF 作为 SVM 模型的核函数在愈合期 1~7 d 内甜瓜嫁接愈合状态十四分类准确率最高。虽然十四分类样本数量多, 但 RBF 核函数具有较宽的收敛域, 计算复杂度低, 可以适应大样本情况; 而 POLY 核函数和 SIGMOID 核函数由于内部参数众多, 当大样本时, 核矩阵的元素值趋于无穷大, 计算复杂度大幅提高, 导致最终分类效果低; 虽然 LINEAR 核函数可以适应大样本情况, 但对样本线性度要求极高, 只能解决线性可分问题, 本研究非线性可分, 因此导致分类准确率低。

表 3 基于 SNV-SG-SD 预处理后特征提取构建 SVM 的嫁接成活苗/非成活苗十四分类结果  
Table 3 Fourteen classification results of grafted survival/non-viable seedlings by SVM based on feature extraction after SNV-SG-SD preprocessing

输入类型	预处理	特征提取	分类模型	特征波段数	P/%
1~7 d 甜瓜嫁接苗	SNV-SG-SD	CARS-SPA	SVM(RBF)	32	96.26
1~7 d 甜瓜嫁接苗	SNV-SG-SD	DIS-CARS-SPA	SVM(RBF)	26	96.85
1~7 d 甜瓜嫁接苗	SNV-SG-SD	—	SVM(RBF)	150	93.48

表 4 基于不同优化算法的 SVM 模型参数选择  
Table 4 Parameter selection of SVM model based on different optimization algorithms

输入类型	预处理	特征提取	分类模型	SVM 参数	P/%
1~7 d 甜瓜嫁接苗	SNV-SG-SD	DIS-CARS-SPA	GS-SVM(RBF)	$c=1\ 000, g=1\ 000$	96.85
1~7 d 甜瓜嫁接苗	SNV-SG-SD	DIS-CARS-SPA	PSO-SVM(RBF)	$c=1\ 000, g=10$	87.89
1~7 d 甜瓜嫁接苗	SNV-SG-SD	DIS-CARS-SPA	QPSO-SVM(RBF)	$c=1\ 000, g=100$	92.62
1~7 d 甜瓜嫁接苗	SNV-SG-SD	DIS-CARS-SPA	GA-SVM(RBF)	$c=100, g=10$	75.32
1~7 d 甜瓜嫁接苗	SNV-SG-SD	DIS-CARS-SPA	QGA-SVM(RBF)	$c=100, g=100$	85.27

表 5 基于不同核函数的 SVM 模型参数选择  
Table 5 Parameter selection of SVM model based on different kernel functions

输入类型	预处理	特征提取	分类模型	核函数	P/%
1~7 d 甜瓜嫁接苗	SNV-SG-SD	DIS-CARS-SPA	GS-SVM	RBF	96.85
1~7 d 甜瓜嫁接苗	SNV-SG-SD	DIS-CARS-SPA	GS-SVM	LINEAR	61.33
1~7 d 甜瓜嫁接苗	SNV-SG-SD	DIS-CARS-SPA	GS-SVM	POLY	76.95
1~7 d 甜瓜嫁接苗	SNV-SG-SD	DIS-CARS-SPA	GS-SVM	SIGMOID	50.36

### 3 结 论

以南瓜为砧木，甜瓜为接穗的甜瓜嫁接苗为研究对象，提出基于高光谱成像的甜瓜嫁接愈合状态早期分类检测方法。通过样本集划分，先经过 SNV-SG-SD 预处理，再进行 DIS-CARS-SPA 特征提取，最后建立基于 GS-RBF-SVM 的甜瓜嫁接愈合状态早期分类检测模型，主要得出以下结论：

(1) 方法不仅能实现同一天嫁接成活苗和非成活苗的二分类，还能实现不同天同一类型的二分类，不同天不同类型的多分类。其中同一天的二分类效果最明显，均能达到 99% 以上，说明嫁接成活苗和嫁接非成活苗在愈合期后第一天已

经呈现较大差异，且随着时间推移，这种差异更加凸显。

(2) 在 SNV-SG-SD 最佳预处理基础上，提出 DIS-CARS-SPA 特征提取算法，该算法融合了甜瓜成活苗和非成活苗的嫁接差异特征信息，可以在筛选更少特征波段基础上，进一步提升分类模型的识别准确率。

(3) 本方法可将甜瓜嫁接成活苗和非成活苗的早期分类检测提前到嫁接后第 1 天(肉眼观察第 3~4 天，机器视觉技术第 1~2 天)；同时第 3 天均是嫁接成活苗和非成活苗的差异突变天数，嫁接成活苗状态可分为弱—中—强三个阶段，非成活苗状态可分为弱—更弱两个阶段，能为甜瓜嫁接苗生产提供有效指导，具有一定的理论和实践价值。

### References

- [1] Jiang Kai, Wang Jinwu, Li Cuiling. International Agricultural Engineering Journal, 2018, (4): 65.
- [2] Jiang Kai, Chen Liping, Feng Qingchun, et al. International Agricultural Engineering Journal, 2020, 29(2): 250.
- [3] LOU Jian-zhong, LI Jian-ping, ZHU Pan-an(楼建忠, 李建平, 朱盘安). Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering (农业工程学报), 2016, 32(23): 64.
- [4] SU Ying-xin, ZHANG Yue-feng, GU Song(苏颖欣, 张跃峰, 辜松). Journal of Agricultural Mechanization Research(农机化研究), 2020, 42(4): 184.
- [5] FU Qing, GUO Chen, LUO Wen-lang(付青, 郭晨, 罗文浪). Progress in Laser and Optoelectronics(激光与光电子学进展), 2020, 57(20): 202803.
- [6] LIU Fang-yuan, HUANG Yuan, LI Xuan, et al(刘方圆, 黄远, 黎焯, 等). Chinese Melons and Vegetables(中国瓜菜), 2019, 32(3): 18.
- [7] LIU Shuang, TAN Xin, LIU Cheng-yu, et al(刘爽, 谭鑫, 刘成玉, 等). Spectroscopy and Spectral Analysis(光谱学与光谱分析),

- 2019, 39(11): 3540.
- [ 8 ] XU Ying-chao, WANG Xiang-you, YIN Xiang, et al(许英超, 王相友, 印 祥, 等). Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery(农业机械学报), 2018, 49(2): 339.
- [ 9 ] ERSBAT Ablet, BAIDENGSHA Maimaitiaili, MAMAT Sawut, et al(依尔夏提·阿不来提, 白灯莎·买买提艾力, 买买提·沙吾提, 等). Acta Optica Sinica(光学学报), 2019, 39(9): 0930003.
- [10] ZHANG Tian, LIAO He-ping, CUI Lin-lin(张 甜, 廖和平, 崔林林). Journal of Remote Sensing(遥感学报), 2017, 21(4): 604.

## Early Classification and Detection of Melon Graft Healing State Based on Hyperspectral Imaging

YANG Jie-kai<sup>1</sup>, GUO Zhi-qiang<sup>1</sup>, HUANG Yuan<sup>2, 3\*</sup>, GAO Hong-sheng<sup>1</sup>, JIN Ke<sup>1</sup>, WU Xiang-shuai<sup>2</sup>, YANG Jie<sup>1</sup>

1. College of Information Engineering, Hubei Key Laboratory of Broadband Wireless Communication and Sensor Network, Wuhan University of Technology, Wuhan 430070, China
2. College of Horticulture and Forestry Sciences, Key Laboratory of Horticultural Plant Biology, Ministry of Education, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China
3. Agricultural Genomics Institute at Shenzhen, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Shenzhen Branch, Guangdong Laboratory for Lingnan Modern Agriculture, Genome Analysis Laboratory of the Ministry of Agriculture, Shenzhen 518000, China

**Abstract** The purpose of grafting is to improve the ability of plants to resist soil-borne diseases and abiotic stresses. The early detection of the grafting healing state of melon is an important demand for the current industrial development of nursery plants. Based on the standard normal variable transformation savitzky Golay smoothing second derivative (SNV-SG-SD) preprocessing, this paper proposes a competitive adaptive reweighting (DIS-CARS-SPA) feature extraction algorithm fusing grafting difference information. Establishes a radial basis function support vector machine (GS-RBF-SVM) classification model based on grid optimization, The early classification detection of melon grafting healing state based on hyperspectral imaging was realized. Firstly, hyperspectral images of grafted survival seedlings and non-survival seedlings with pumpkin as rootstock and melon as scion were collected within 1~7 days of the healing period. Nine spectral preprocessing methods, two feature extraction algorithms and five optimization algorithms, and four kernel function support vector machine (SVM) classification models were used for analysis. The results show that the best is SNV-SG-SD spectral preprocessing, DIS-CARS-SPA feature extraction and GS-RBF-SVM classification model. Further analysis using the model shows that the classification accuracy of different types of binary classification on the same day can reach more than 99% on any day within 1~7 days of the healing period. More than 90.17% of the grafted seedlings survived on different days; More than 97.03% of the grafted non-survival seedlings could be classified on different days. On different days and types of 14 classifications, it can reach 96.85%, which is 0.59% higher than the cars-spa feature extraction method without fusion of grafting difference information and 3.37% higher than the method without only preprocessing feature extraction. The results show that the proposed method can not only realize the two classifications of grafted survival seedlings and non-survival seedlings on the same day but also the two classifications of the same type on different days and the multi-classification of different types on different days. In practical application, it can advance the classification time to the first day after grafting (3~4 days for naked-eye observation and 1~2 days for machine vision technology). At the same time, the third day is the difference between mutation days of grafted survival seedlings and non-survival seedlings. The state of grafted survival seedlings can be divided into three stages: weak, medium strong, and the state of non-survival seedlings can be divided into two stages: weak weaker. This conclusion can provide effective guidance for the production of grafted melon seedlings and has a certain theoretical and practical value.

**Keywords** Hyperspectral imaging; Melon grafting; Data preprocessing; Feature extraction; Classification and recognition model

\* Corresponding author

(Received Jul. 2, 2021; accepted Aug. 25, 2021)