

# 基于 Logistic、IBk 以及 Randomcommittee 方法的条锈病潜育期小麦冠层光谱的定性识别

刘琦<sup>1,2</sup> 李薇<sup>1</sup> 王翠翠<sup>1</sup> 谷医林<sup>1</sup> 王睿<sup>3</sup> 马占鸿<sup>1\*</sup>

(1. 中国农业大学植物保护学院植物病理学系, 农业部作物有害生物监测与绿色防控重点实验室, 北京 100193;

2. 新疆农业大学农学院植物病理学系, 农林有害生物监测与安全防护重点实验室, 乌鲁木齐 830052;

3. 中国农业大学开封实验站, 河南 开封 475004)

**摘要:** 为寻求在小麦条锈病潜育期能探知和监测病害的简单便捷方法, 通过人工接种不同品种小麦诱发条锈病, 在小麦条锈病菌尚处于潜育期时, 采集小麦冠层光谱数据, 并利用双重 Real-time PCR 分子生物学技术检测条锈病菌潜育菌量, 基于 Logistic、IBK 以及 Randomcommittee 三种方法, 在不同建模比、不同参数变换下建立可识别潜育期小麦条锈病的数学模型。结果表明, 在全波段范围内(325~1 075 nm), 3 种方法所建模型模拟识别潜育期小麦条锈病是可行的, 但识别效果有一定差异, 基于 Logistic、IBK 以及 Randomcommittee 方法所建模型的平均准确率分别为 83.95%~84.51%、87.72%~88.98%、93.19%~93.46%。因此, 基于 Randomcommittee 方法所建模型的识别准确率最高, 效果最好, 更适合小麦条锈病潜育期的定性识别。

**关键词:** 小麦条锈病; 潜育期; 高光谱监测; 分子检测

## Qualitative identification of canopy spectra in wheat stripe rust based on Logistic, IBk and Randomcommittee methods

Liu Qi<sup>1,2</sup> Li Wei<sup>1</sup> Wang Cuicui<sup>1</sup> Gu Yilin<sup>1</sup> Wang Rui<sup>3</sup> Ma Zhanhong<sup>1\*</sup>

(1. Department of Plant Pathology, MOA Key Lab of Pest Monitoring and Green Management, College of Plant

Protection, China Agricultural University, Beijing 100193, China; 2. Key Laboratory of the Pest Monitoring

and Safety Control of Crops and Forests, Department of Plant Pathology, College of Agronomy, Xinjiang

Agricultural University, Urumqi 830052, Xinjiang Uygur Autonomous Region, China; 3. Kaifeng

Experimental Station of China Agricultural University, Kaifeng 475004, Henan Province, China)

**Abstract:** To explore the rapid diagnosis method of wheat stripe rust during the latent period, different varieties of wheat were artificially inoculated by the *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* (*Pst*). The canopy hyperspectral data was collected in the latent period, and the amount of *Pst* was also obtained by using the duplex Real-time PCR. Based on the three methods of Logistic, IBk and Randomcommittee, the hyperspectral remote sensing mathematical models were established to recognize the wheat stripe rust during the latent period with different modeling ratio and different modeling parameters. The results showed that within the 325–1 075 nm waveband, the mathematical models based on the methods of Logistic, IBK and Randomcommittee to discriminate wheat stripe rust in the latent period was feasible. But a certain difference in the recognition effectiveness was also found. The average recognition accuracy of the Logistic, IBK and Randomcommittee methods were 83.95%–84.51%, 87.72%–88.98%, 93.19%–93.46%, respectively. The results indicated that the mathematical model based on Randomcommittee method were more suitable for qualitative identification of wheat stripe rust during the latent period.

基金项目: 国家重点研发计划(2017YFD0201700, 2017YFD0200400), 新疆农业大学作物学重点学科项目

\* 通信作者 (Author for correspondence), E-mail: mazh@cau.edu.cn

收稿日期: 2017-09-04

**Key words:** wheat stripe rust; latent period; hyperspectral remote sensing; molecular detection

随着人口数量的不断增加,人均耕地面积的不断减少,生产抗病、优质、高产的小麦成为解决粮食需求问题的重要保障。由条形柄锈菌小麦专化型 *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* (*Pst*) 引起的小麦条锈病是长期危害我国小麦安全生产的重要病害,仅 2002 年就造成我国 11 个省的小麦产量损失约 100 万 t (万安民等, 2003)。为了降低小麦条锈病对小麦产量、品质的影响,寻求一种能在小麦条锈病显症之前探知和监测病害的简单快速识别方法已迫在眉睫。

遥感技术是一种远离目标物而且不直接与目标接触,通过传感器获得特征信息,并对特征信息进行分析判断的技术(毛政元和李霖, 2002)。地球上所有物质都有其特定的属性,所以其会对电磁波产生特定的吸收、反射和辐射,因而每种物体所产生的特定波长事实上就是该物体的光谱特征。遥感技术就是利用物体的这一特性来获取目标地物的信息,从而实现远距离监测目标地物的目的(梅安新, 2001)。目前,小麦条锈病的遥感监测方面研究主要集中在遥感监测单一的小麦条锈病叶片,以及通过地面、航空、航天遥感技术对小麦条锈病进行监测等方面(Wang et al., 2011)。Mewes et al. (2011) 和 Zhao et al. (2014) 研究结果显示,即使利用很少的高光谱条带仍然能够精确地探测到小麦上的真菌病害;通过对天气情况进行分析,也可以提前预测监控病害的发生情况(Yoder & Pettigrew-Crosby, 1995; Qin et al., 2011; Dutta et al., 2014)。与传统遥感相比,高光谱有很多优势,它能够将图像与光谱结合起来(Long et al., 2005),如 Zhao et al. (2014) 利用高光谱测得的反射率来评估小麦条锈病发生的严重程度;Devadas et al. (2015) 通过分析植物的生理反射指数以及冠层的叶绿素指数与小麦条锈病及其氮素缺乏的相关性,可以区分小麦是受到条锈病的侵染还是缺乏氮素。开发能识别病害的精准模型在农业方面具有很大潜力(Krishna et al., 2014)。偏最小二乘法 (partial least squares, PLS) 线性回归分析可为高光谱数据处理提供一种很有用的探索及预测(Hansen & Schjoerring, 2003), Liu et al. (2015) 认为定性偏最小二乘法 (discriminant partial least squares, DPLS) 方法在模拟小麦条锈病的早期监测上是切实可行的。光谱数据与病情指数的结合也会使病情监测更加精准(Mahlein et al., 2013)。

小麦条锈病菌的侵染过程,一般划分为接触期、侵入期、潜育期和发病期 4 个时期,其中潜育期在条

锈病的整个病害流行过程中具有重要的研究价值,因为潜育期是小麦条锈病菌侵入后尚未显示症状的阶段,若在此阶段能够检测到小麦条锈病菌的存在,将降低病害对小麦造成的损失(肖悦岩等, 1983; 骆勇和曾士迈, 1988; 马占鸿, 2010)。在条锈病潜育期分子检测方面,潘娟娟等(2010)设计出可以对小麦条锈病菌菌种进行特异性识别的引物 betaf/betar; 闫佳会等(2011)研究表明分子生物学方法可以对小麦条锈病在潜育期的侵染程度进行评估,而且发现分子病情指数 (molecular disease index, MDI) 与田间病情指数 (disease index, DI) 之间存在极显著的相关性。表明可以利用分子病情指数对田间的实际发病情况进行预测。

基于此,本研究通过人工接种小麦条锈病菌,将潜育期小麦冠层光谱数据与小麦条锈病菌的潜育菌量数据进行模型拟合,构建潜育期小麦条锈病的病害识别模型,并进一步优化筛选监测潜育期间小麦条锈病的最优预测模型,以期提高小麦条锈病潜育期预报预测的准确性。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

供试小麦及菌株:小麦品种分别为农大 195、农大 211、北京 0045、铭贤 169,由中国农业大学植物病害流行实验室提供。选择高度感病的小麦品种铭贤 169 作为繁菌麦种,首先将籽粒饱满的小麦种子在 0.1% 的  $H_2O_2$  中浸泡 12 h,然后盖上湿润的纱布进行催芽,约 12 h 后选择发芽一致的小麦种子种植于直径 10 cm 的花盆中,每盆种植 20~25 颗种子,胚芽朝上且呈圆形排列。覆土浇水后放置于光照 12 h、光照强度 10 000 lx、温度 11~13℃、湿度 60%~70% 的人工气候室进行培养,备用。菌株 CYR32、CYR33、V26 均由中国农业大学植物病害流行实验室提供。

试剂及仪器:2%CTAB 提取缓冲液、氯仿/异戊醇(24:1)溶液、异丙醇、70%乙醇,国药集团化学试剂北京有限公司。ASD FieldSpec® HandHeld™ 2 分光辐射谱仪,美国 ASD 公司;MyiQ™ 2 双色实时定量 PCR 仪,美国 Bio-Rad 公司。

### 1.2 方法

#### 1.2.1 菌株扩繁

将保存在液氮或 -80℃ 冰箱的供试菌株取出,在 45℃ 水浴锅中水浴 5 min,将 3 种供试菌株等比例混

合,与0.02%的吐温溶液配制浓度为0.05 mg/mL的孢子悬浮液。

当麦叶生长至12 d左右时进行接种,首先去除麦叶表面蜡质层,然后采用喷雾接种法接种,将其置于泡沫保温箱内黑暗处理24~48 h;罩上透明的隔离罩(罩顶附纱布)置于人工气候室继续培养。一般经过9~12 d可产生新鲜的夏孢子,15 d左右可产生大量的锈菌孢子,这时用木棍或筷子轻轻敲击叶片,将夏孢子抖落至玻璃管,于干燥器内3~4 d,便可将小麦条锈病菌转移至冷冻管内,放置-80℃冰箱或液氮中备用。每批幼苗收集菌种3~4次。

### 1.2.2 田间试验设计

本试验于2015—2016年的小麦生长季在中国农业大学开封实验站进行,小麦种植密度为180 kg/hm<sup>2</sup>。本试验选取农大195、农大211、北京0045三个小麦品种,将浓度为0.05 mg/mL的小麦条锈菌孢子悬浮液均匀喷洒在已除去蜡质层的小麦叶片上,随后立即用塑料薄膜覆盖保湿,于次日清晨(08:00—09:00)轻轻揭去塑料薄膜,每9个小区种植1个小麦品种,其中6个小区喷施条锈菌孢子悬浮液(1 000 mL/区),3个小区喷施等量蒸馏水作对照,共计27个小区。单个小区面积为3 m×3 m,纵向间隔为0.5 m且保护行为1 m,横向保护行为3 m。

### 1.2.3 光谱数据的采集

接种后进行持续的田间调查,第19天时发现有小麦叶片出现破裂孢子堆,判定锈菌接种成功且整个潜育期为18 d。试验共采集冠层光谱数据4次,分别为接菌前1 d,以及潜育期内每间隔4~6 d的光谱。光谱采集尽量选择晴朗少云且无风的天气,采集时间选择在10:00—14:00之间,采集次数设置均为15(即每条成像光谱由15次采集光谱曲线平均后得到),每个小麦样品均采集3条光谱数据,光谱仪采集高度距离小麦冠层1.3 m,形成直径0.5 m的视场范围。共采集光谱1 620条,其中包括接菌前健康小麦的光谱数据405条;同期健康生长的小麦光谱数据405条;小麦条锈病潜育期冠层光谱数据810条。用ViewSpecPro软件对光谱数据进行简单处理,光谱数据的预处理采用了6种光谱数据变换,分别是原始光谱反射率(R)、原始光谱一阶导数变换(R\_1st.dv)、原始光谱二阶导数变换(R\_2nd.dv)、伪吸收系数[log<sub>10</sub>(1/R)]、伪吸收系数一阶导数变换[log<sub>10</sub>(1/R)\_1st.dv]以及伪吸收系数二阶导数变换[log<sub>10</sub>(1/R)\_2nd.dv]。

### 1.2.4 DNA提取方法及分子检测

DNA提取方法综合Rogers & Bendich(1985)和

Justesen et al.(2002)提取方法并优化,采取2%的CTAB法来提取样品DNA。小麦条锈菌潜育期的定量检测参考潘阳等(2016)建立的双重Real-time PCR体系,20 μL 双重Real-time PCR的反应体系: Buffer(Mg<sup>2+</sup>, Free)2.0 μL、25 mmol/L MgCl<sub>2</sub> 4.0 μL、2.5 mmol/L dNTP 2.0 μL、10 μmol/L 探针各0.3 μL、10 μmol/L 上、下引物各0.4 μL、5 U/μL Taq 酶0.4 μL、ddH<sub>2</sub>O 7.4 μL、DNA模板2.0 μL。反应条件:94℃预变性3 min;94℃变性20 s,57℃退火30 s,72℃延伸20 s,共计40个循环,每个循环结束时采集荧光信号。

标准曲线的建立:根据已知浓度小麦和小麦条锈病菌的DNA浓度以及CT值,分别计算得到小麦和小麦条锈病菌的标准曲线,其中小麦条锈病菌的线性方程为 $y_1 = -0.2573x_1 + 5.4837$  ( $r^2 = 0.9739$ ,  $P < 0.01$ ),  $x_1$ 表示小麦条锈菌的CT值, $y_1$ 代表小麦条锈病菌DNA浓度的对数值(log<sub>10</sub>C);小麦的线性分析方程为 $y_2 = -0.2863x_2 + 8.811$  ( $r^2 = 0.9696$ ,  $P < 0.01$ ),其中 $x_2$ 表示小麦的CT值, $y_2$ 为小麦DNA浓度的对数值(log<sub>10</sub>C)。同时得到小麦条锈病菌DNA浓度定量检测的最小检测限为0.4 pg,而小麦最小检测限为0.5 ng。

根据DNA浓度计算分子病情指数MDI,MDI=小麦条锈病菌DNA浓度/小麦DNA浓度。根据MDI值计算小麦潜育期分子病情进展曲线下面积(MDI-AUDPC), $AUDPC = \sum_{i=1}^{n-1} (Y_i + Y_{i+1}) / 2 \times (t_{i+1} - t_i)$ ,其中 $Y_i$ 表示接种后第*i*天的MDI值, $t_i$ 表示接种后的第*i*天。

### 1.2.5 采样方法及病情调查

在小麦潜育期,用五点取样法采集冠层光谱数据,并采集叶片用于检测条锈菌潜育量,每点采集25片叶片。待小麦发病后,采用五点取样法进行调查,每6~7 d调查1次,共调查3次,每点调查100片麦叶。调查标准参考小麦条锈病测报技术规范GBT 15795—2011,记录严重度(S)和发病率(I),根据 $DI = I \times S \times 100$ ,求得病情指数(disease index, DI),从而计算病情指数进展曲线下面积(DI-AUDPC), $AUDPC = \sum_{i=1}^{n-1} (Y_i + Y_{i+1}) / 2 \times (t_{i+1} - t_i)$ ,其中 $Y_i$ 表示小麦发病后第*i*天的DI值, $t_i$ 表示发病后的第*i*天。

### 1.2.6 建模方法及模型可信度评估方法

利用SAS 9.0软件对小麦条锈病潜育期获得的MDI-AUDPC与实际发病后调查病情获得DI-AUDPC进行相关性分析,验证在小麦条锈病潜育期利用分子手段获得的MDI是否可以对后期实际病情进

行预测。

结合光谱数据将 MDI 值转化为与建立模型所需的分类标签,并定点结合高光谱数据与分子病情指数对应的分类标签,全波段范围(325~1 075 nm)在不同的建模方法和不同光谱特征下,建立小麦条锈病潜育期的病害识别模型,并验证模型对潜育期小麦条锈病识别的准确率。本研究主要运用3种建模方法:Function-Logistic,即函数的线性 Logistic 回归模型;Lazy-IBK,即 k 最近邻分类器;Meta-Randomcommittee,即随机化的基分类器。采用 Matlab 2010a 和 Waka 3.8 进行模型模拟识别。

在数据分析及挖掘过程中,对结果可信度评估是非常重要的一个部分。本研究引入分层 10 折交叉验证方法,将数据随机划分为 10 份,每一部分中各类所占比例与整个数据集的比例分布保持一致。每次选择其中的一部分数据作为测试集,其余数据作为训练集,整个过程进行 10 次,对上述的 10 次结果求出平均值,最终得到一个综合性的误差。

## 2 结果与分析

### 2.1 MDI 与 DI 的相关性分析

对 MDI-AUDPC 与 DI-AUDPC 的相关性进行分析结果显示,二者之间存在极显著的相关性( $Y =$

$3.435+0.831x, P<0.0001$ ),说明可以利用小麦条锈病潜育期检测到的 MDI 值对田间小麦实际发病情况进行科学预测。

### 2.2 全波段内模型识别效果

在全波段范围内,结合高光谱数据与潜育期检测到的条锈菌量,利用 Logistic、IBK 以及 Randomcommittee 方法建立相关的检验识别模型。结果表明,在全波段范围内,应用不同的建模方法、光谱特征以及建模比例对大田小麦条锈病潜育期的识别效果存在差异,所建模型的平均准确率为 Randomcommittee>IBK>Logistic。

在利用 Logistic 方法所建的模型中,训练集的平均准确率为 100.00%,测试集的平均准确率为 83.95%,10 折交叉验证的平均准确率为 84.51%;最优模型是以  $\log_{10}(1/R)$  为变换参数,以 3:1 为建模比所建立的模型,其训练集准确率为 100.00%,测试集准确率为 87.41%,10 折交叉验证的准确率为 87.41%(表 1)。

在利用 IBK 法所建模型中,训练集的平均准确率为 100.00%,测试集的平均准确率为 88.98%,10 折交叉验证的平均准确率为 87.72%;最优模型是以  $\log_{10}(1/R)_{2nd.dv}$  为变换参数,以 3:1 为建模比所建立的模型,其训练集准确率为 100.00%,测试集准确率为 89.63%,10 折交叉验证的准确率为 88.52%(表 2)。

表 1 基于 Logistic 方法在全波段范围内利用光谱不同光谱特征及不同建模比下所建模型的识别结果

Table 1 Prediction accuracies of models resulting from different spectra features and different proportion of modeling based on Logistic method in all bands

光谱特征 Spectra feature	建模比(训练 集:测试集) Modeling ratio (training set: testing set)	准确率 Accuracy (%)			光谱特征 Spectra feature	建模比(训练 集:测试集) Modeling ratio (training set: testing set)	准确率 Accuracy (%)		
		训练集 Training set	测试集 Testing set	交叉验证 (10折) Cross- validation			训练集 Training set	测试集 Testing set	交叉验证 (10折) Cross- validation
R	1:1	100.00	86.67	82.96	$\log_{10}(1/R)$	1:1	100.00	85.56	87.41
	2:1	100.00	89.44			2:1	100.00	87.22	
	3:1	100.00	88.15			3:1	100.00	87.41	
	4:1	100.00	87.04			4:1	100.00	85.19	
	平均数 Mean	100.00	87.83			平均数 Mean	100.00	86.35	
R_1st.dv	1:1	100.00	85.56	84.63	$\log_{10}(1/R)_{1st.dv}$	1:1	100.00	84.07	83.89
	2:1	100.00	77.22			2:1	100.00	83.89	
	3:1	100.00	81.48			3:1	100.00	84.44	
	4:1	100.00	72.22			4:1	100.00	80.56	
	平均数 Mean	100.00	79.12			平均数 Mean	100.00	83.24	
R_2nd.dv	1:1	100.00	85.93	84.63	$\log_{10}(1/R)_{2nd.dv}$	1:1	100.00	85.56	83.52
	2:1	100.00	84.44			2:1	100.00	82.78	
	3:1	100.00	87.41			3:1	100.00	82.22	
	4:1	100.00	78.70			4:1	100.00	81.48	
	平均数 Mean	100.00	84.12			平均数 Mean	100.00	83.01	

表2 基于IBK方法在全波段范围内利用光谱不同变换参数及不同建模比下所建模型的识别结果

Table 2 Prediction accuracy of models resulting from different spectra features and different proportion of modeling based on IBK in all bands

光谱特征 Spectra feature	建模比(训练集: 测试集) Modeling ratio (training set: testing set)	准确率 Accuracy (%)			光谱特征 Spectra feature	建模比(训练集: 测试集) Modeling ratio (training set: testing set)	准确率 Accuracy (%)		
		训练集 Training set	测试集 Testing set	交叉验证 (10折) Cross- validation			训练集 Training set	测试集 Testing set	交叉验证 (10折) Cross- validation
R	1:1	100.00	87.41	87.41	$\log_{10}(1/R)$	1:1	100.00	86.67	88.33
	2:1	100.00	86.11			2:1	100.00	85.56	
	3:1	100.00	94.07			3:1	100.00	92.59	
	4:1	100.00	87.04			4:1	100.00	88.89	
	平均数 Mean	100.00	88.66			平均数 Mean	100.00	88.43	
R_1st.dv	1:1	100.00	89.63	87.78	$\log_{10}(1/R)$ _1st.dv	1:1	100.00	88.15	88.33
	2:1	100.00	88.33			2:1	100.00	89.44	
	3:1	100.00	88.15			3:1	100.00	90.37	
	4:1	100.00	91.67			4:1	100.00	93.52	
	平均数 Mean	100.00	89.45			平均数 Mean	100.00	90.37	
R_2nd.dv	1:1	100.00	90.37	85.93	$\log_{10}(1/R)$ _2nd.dv	1:1	100.00	88.52	88.52
	2:1	100.00	87.22			2:1	100.00	89.44	
	3:1	100.00	89.63			3:1	100.00	89.63	
	4:1	100.00	86.11			4:1	100.00	87.04	
	平均数 Mean	100.00	88.33			平均数 Mean	100.00	88.66	

在 Randomcommittee 方法中,训练集的平均准确率为 100.00%,测试集的平均准确率为 93.19%,10折交叉验证的平均准确率为 93.46%;最优模型是以

$\log_{10}(1/R)$ \_1st.dv 为变换参数,以 4:1 为建模比所建立的模型,其训练集准确率为 100.00%,测试集准确率为 93.52%,10折交叉验证的准确率为 93.70%(表3)。

表3 基于 Randomcommittee 方法在全波段范围内利用光谱特征及不同建模比下所建模型的识别结果

Table 3 Prediction accuracies of models resulting from different spectra features and different proportion of modeling based on Randomcommittee in all bands

光谱特征 Spectra feature	建模比(训练集: 测试集) Modeling ratio (training set: testing set)	准确率 Accuracy (%)			光谱特征 Spectra feature	建模比(训练集: 测试集) Modeling ratio (training set: testing set)	准确率 Accuracy (%)		
		训练集 Training set	测试集 Testing set	交叉验证 (10折) Cross- validation			训练集 Training set	测试集 Testing set	交叉验证 (10折) Cross- validation
R	1:1	100.00	92.96	93.33	$\log_{10}(1/R)$	1:1	100.00	92.22	92.96
	2:1	100.00	92.78			2:1	100.00	93.33	
	3:1	100.00	92.59			3:1	100.00	93.33	
	4:1	100.00	92.59			4:1	100.00	93.52	
	平均数 Mean	100.00	92.73			平均数 Mean	100.00	93.10	
R_1st.dv	1:1	100.00	93.70	93.52	$\log_{10}(1/R)$ _1st.dv	1:1	100.00	92.96	93.70
	2:1	100.00	93.89			2:1	100.00	92.78	
	3:1	100.00	93.33			3:1	100.00	93.33	
	4:1	100.00	93.52			4:1	100.00	93.52	
	平均数 Mean	100.00	93.61			平均数 Mean	100.00	93.15	
R_2nd.dv	1:1	100.00	92.96	93.70	$\log_{10}(1/R)$ _2nd.dv	1:1	100.00	93.70	93.52
	2:1	100.00	93.33			2:1	100.00	93.33	
	3:1	100.00	93.33			3:1	100.00	93.33	
	4:1	100.00	92.59			4:1	100.00	93.52	
	平均数 Mean	100.00	93.05			平均数 Mean	100.00	93.47	

利用 Logistic、IBK 以及 Randomcommittee 三种方法所建立模型的训练集准确率均为 100.00%, 测试集准确率以及 10 折交叉验证准确率分别在 79.12%~93.61% 和 82.96%~93.70% 之间(表 4)。利

用 3 种方法所建立的最优模型的训练集准确率为 100.00%, 测试集准确率以及 10 折交叉验证准确率分别在 87.41%~93.52% 和 87.41%~93.70% 之间(表 5)。

表 4 全波段范围内基于三种方法在不同光谱特征下平均准确率的比较

Table 4 Prediction accuracies of models resulting from different spectra features based on three modeling methods in all bands %

光谱特征 Spectra feature	Logistic			IBK			Randomcommittee		
	训练集	测试集	交叉验证	训练集	测试集	交叉验证	训练集	测试集	交叉验证
	Training set	Testing set	Cross-validation	Training set	Testing set	Cross-validation	Training set	Testing set	Cross-validation
R	100.00	87.83	82.96	100.00	88.66	87.41	100.00	92.73	93.33
R_1st.dv	100.00	79.12	84.63	100.00	89.45	87.78	100.00	93.61	93.52
R_2nd.dv	100.00	84.12	84.63	100.00	88.33	85.93	100.00	93.05	93.70
log <sub>10</sub> (1/R)	100.00	86.35	87.41	100.00	88.43	88.33	100.00	93.10	92.96
log <sub>10</sub> (1/R)_1st.dv	100.00	83.24	83.89	100.00	90.37	88.33	100.00	93.15	93.70
log <sub>10</sub> (1/R)_2nd.dv	100.00	83.01	83.52	100.00	88.66	88.52	100.00	93.47	93.52
平均数 Mean	100.00	83.95	84.51	100.00	88.98	87.72	100.00	93.19	93.46

表 5 全波段范围内基于三种方法建模中最优模型

Table 5 Prediction accuracy of best model based on three modeling methods in all bands

方法 Method	光谱特征 Spectra feature	建模比(训练集:测试集) Modeling ratio (training set:testing set)	准确率 Accuracy (%)		
			训练集 Training set	测试集 Testing set	交叉验证 Cross-validation
Logistic	log <sub>10</sub> (1/R)	3:1	100	87.41	87.41
IBK	log <sub>10</sub> (1/R)_2nd.dv	3:1	100	89.63	88.52
Randomcommittee	log <sub>10</sub> (1/R)_1st.dv	4:1	100	93.52	93.70

### 3 讨论

本研究通过人工接种不同品种小麦诱发条锈病, 采集小麦条锈病处于潜育期时的小麦冠层光谱数据, 并利用双重 Real-time PCR 分子生物学技术获得条锈菌潜育菌量。基于 Logistic、IBK 和 Randomcommittee 三种方法, 在不同光谱特征、不同建模比下建立识别潜育期小麦条锈病的数学模型。本研究对小麦条锈病潜育期的分子病情指数与病情指数进行相关性分析, 结果表明, 二者之间存在极显著相关性, 说明利用分子病情指数可以对大田小麦条锈病的实际发病情况进行预测。因此, 本研究构建了小麦条锈病潜育期冠层的高光谱数据与分子病情指数之间的定性识别模型, 但尚未明确当小麦条锈病菌潜育菌量为多少时可以运用光谱曲线的变化准确探测到, 也未能了解小麦条锈病菌感染小麦叶片后具体改变了寄主植物何种物质或其含量而最终改变光谱曲线的变化, 这也是未来研究的重点工作。本研究在 325~1 075 nm 全波段范围虽然成功建立了模拟识别潜育期小麦条锈病模型, 但由于数据庞大, 存在无效波段以及数据冗余等问题, 因此关于其识别的最优波段仍待进一步研究, 并且基于 3 种方

法所建立模型的稳定性和适用性还需时间的考验。

目前, 已有大量研究表明利用高光谱数据模拟可以实现对小麦条锈病发病后病情指数的精确反演, 并成功构建了反演模型, 如蔡成静等(2005)发现小麦条锈病单片病叶光谱曲线在 930 nm 波段其病情指数与冠层光谱反射率有极显著相关性; 蒋金豹等(2007)研究了不同生育期冬小麦条锈病的冠层光谱信息与病情指数之间在 432~582、637~701、715~765 nm 波段范围有极显著的相关性; 张玉萍等(2014)根据 6 个植被指数与病情指数的相关性确定了小麦不同氮素水平会影响小麦条锈病的遥感监测; 但是实现潜育期的小麦条锈病的分子病情指数与高光谱数据的结合的反演, 国内报道相对较少, 还需要持续深入的研究, 而高光谱遥感技术可以实现以足够光谱分辨率区分具有诊断性光谱特征的物质属性, 从而探测到小麦条锈菌潜育期光谱变化; 同时, 分子检测技术可以在条锈菌处于潜育时对其进行快速实时定量检测, 若能将两项技术的优势结合, 不仅是对 2 种方法的各自验证, 而且为及时、准确探测条锈病潜育期的发病规律提供了可靠依据和有效

方法,为小麦条锈病发生流行的预测预报提供双保险,也对小麦安全生产具有十分重要的意义。

### 参 考 文 献 (References)

- Cai CJ, Wang HG, An H, Shi YC, Huang WJ, Ma ZH. 2005. Remote sensing research on monitoring technology of wheat stripe rust. Journal of Northwest Sci-Tech University of Agriculture and Forestry (Natural Science Edition), 33(6): 31-36 (in Chinese) [蔡成静, 王海光, 安虎, 史延春, 黄文江, 马占鸿. 2005. 小麦条锈病高光谱遥感监测技术研究. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 33(6): 31-36]
- Devadas R, Lamb DW, Backhouse D, Simpfendorfer S. 2015. Sequential application of hyperspectral indices for delineation of stripe rust infection and nitrogen deficiency in wheat. Precision Agriculture, 16(5): 477-491
- Dutta S, Singh SK, Khullar M. 2014. A case study on forewarning of yellow rust affected areas on wheat crop using satellite data. Journal of the Indian Society of Remote Sensing, 42(2): 335-342
- Hansen PM, Schjoerring JK. 2003. Reflectance measurement of canopy biomass and nitrogen status in wheat crops using normalized difference vegetation indices and partial least squares regression. Remote Sensing of Environment, 86(4): 542-553
- Jiang JB, Chen YH, Huang WJ. 2007. Using hyperspectral derivative index to monitor winter wheat disease. Spectroscopy and Spectral Analysis, 27(12): 2475-2479 (in Chinese) [蒋金豹, 陈云浩, 黄文江. 2007. 用高光谱微分指数监测冬小麦病害的研究. 光谱学与光谱分析, 27(12): 2475-2479]
- Justesen AF, Ridout CJ, Hovmøller MS. 2002. The recent history of *Puccinia striiformis* f. sp. *Tritici* in Denmark as revealed by disease incidence and AFLP markers. Plant Pathology, 51: 13-23
- Krishna G, Sahoo RN, Pargal S, Gupta VK, Sinha P, Bhagat S, Saharan MS, Singha R, Chattopadhyay C. 2014. Assessing wheat yellow rust disease through hyperspectral remote sensing.//ISPRS Technical Commission-VIII, at Hyderabad, pp. 1413-1416
- Liu Q, Gu YL, Wang SH, Wang CC, Ma ZH. 2015. Canopy spectral characterization of wheat stripe rust in latent period. Journal of Spectroscopy, 2015(1): 1-11
- Long TK, Wan YQ, Yang YD, Duan QB. 2005. Study of hyperspectral remote sensing for archaeology. Journal of Infrared & Millimeter Waves, 24(6): 437-440
- Luo Y, Zeng SM. 1988. Study on resistance component of wheat stripe rust (*Puccinia striiformis*) I. Science China Chimica, 18(1): 51-59 (in Chinese) [骆勇, 曾士迈. 1988. 小麦条锈病(*Puccinia striiformis*)慢锈品种抗性组份的研究 I. 中国科学: 化学, 18(1): 51-59]
- Ma ZH. 2010. Plant disease epidemiology. Beijing: Science Press (in Chinese) [马占鸿. 2010. 植病流行病学. 北京: 科学出版社]
- Mahlein AK, Rumpf T, Welke P, Dehne HW, Plümer L, Steiner U, Oerke EC. 2013. Development of spectral indices for detecting and identifying plant diseases. Remote Sensing of Environment, 128: 21-30
- Mao ZY, Li L. 2002. The integration of RS, GIS, and GPS and its application. Journal of Central China Normal University (Natural Sciences), 36(3): 385-388 (in Chinese) [毛政元, 李霖. 2002. "3S"集成及其应用. 2002. 华中师范大学学报(自科版), 36(3): 385-388]
- Mei AX. 2001. Introduction to remote sensing. Beijing: Higher Education Press (in Chinese) [梅安新. 2001. 遥感导论. 高等教育出版社]
- Mewes T, Franke J, Menz G. 2011. Spectral requirements on airborne hyperspectral remote sensing data for wheat disease detection. Precision Agriculture, 12(6): 795-812
- Pan JJ, Luo Y, Huang C, Sun ZY, Zhao L, Yan JH, Ma ZH. 2010. Quantification of latent infections of wheat stripe rust by using real-time PCR. Acta Phytopathologica Sinica, 40(5): 504-510 (in Chinese) [潘娟娟, 骆勇, 黄冲, 孙振宇, 赵磊, 闫佳会, 马占鸿. 2010. 应用real-time PCR定量检测小麦条锈菌潜伏侵染量方法的建立. 植物病理学报, 40(5): 504-510]
- Pan Y, Gu YL, Luo Y, Ma ZH. 2016. Establishment and application of duplex real-time PCR quantitative determination method on latent infection of wheat stripe rust. Acta Phytopathologica Sinica, 16(4): 1-7 (in Chinese) [潘阳, 谷医林, 骆勇, 马占鸿. 2016. 双重Real-time PCR定量测定小麦条锈菌潜伏侵染方法的建立与应用. 植物病理学报, 16(4): 1-7]
- Qin H, Wang HR, Li WJ, Jin XX. 2011. Application of DPLS-based LDA in corn qualitative near infrared spectroscopy analysis. Spectroscopy & Spectral Analysis, 31(7): 1777
- Rogers SO, Bendich AJ. 1985. Extraction of DNA from milligram amount of fresh herbarium and mummified plant tissues. Plant Molecular Biology, 5(2): 69-76
- Wan AM, Zhao ZH, Wu LR. 2003. Reviews of occurrence of wheat stripe rust disease in 2002 in China. Plant Protection, 29(2): 5-8 (in Chinese) [万安民, 赵中华, 吴立人. 2003. 2002年我国小麦条锈病发生回顾. 植物保护, 29(2): 5-8]
- Wang HG, Guo BJ, Ma ZH. 2011. Monitoring wheat stripe rust using remote sensing technologies in China.//Li DL, Chen YY. 5th Computer and Computing Technologies in Agriculture (CCTA), Beijing, China, pp. 163-175
- Xiao YY, Zeng SM, Zhang WY, Wang PY. 1983. SIMYR—a simple simulation model for epidemic of wheat stripe rust, *Puccinia striiformis* West. Acta Phytopathologica Sinica, 13(1): 1-13 (in Chinese) [肖悦岩, 曾士迈, 张万义, 王沛有. 1983. SIMYR—小麦条锈病流行的简要模拟模型. 植物病理学报, 13(1): 1-13]
- Yan JH, Luo Y, Pan JJ, Wang HH, Jin SL, Cao SQ, Ma ZH. 2011. Quantification of latent infection of wheat stripe rust in the fields using real-time PCR. Acta Phytopathologica Sinica, 41(6): 618-625 (in Chinese) [闫佳会, 骆勇, 潘娟娟, 王海光, 金社林, 曹世勤, 马占鸿. 2011. 应用real-time PCR定量检测田间小麦条锈菌潜伏侵染的研究. 植物病理学报, 41(6): 618-625]
- Yoder BJ, Pettigrew-Crosby RE. 1995. Predicting nitrogen and chlorophyll content and concentrations from reflectance spectra (400-2500 nm) at leaf and canopy scales. Remote Sensing of Environment, 53(3): 199-211
- Zhang YP, Li GZ, Wang HG, Leng WF, Ma ZH. 2014. Research on wheat physiological and spectral characteristics under the conditions of different nitrogen levels and wheat stripe rust. China Plant Protection, 34(1): 18-23 (in Chinese) [张玉萍, 李桂芝, 王海光, 冷伟锋, 马占鸿. 2014. 不同氮素量与小麦条锈病条件下小麦生理及冠层光谱研究. 中国植保导刊, 34(1): 18-23]
- Zhao JL, Huang LS, Huang WJ, Zhang DY, Yuan L, Zhang JC, Liang D. 2014. Hyperspectral measurements of severity of stripe rust on individual wheat leaves. European Journal of Plant Pathology, 139(2): 407-417