(19) 国家知识产权局



(12) 发明专利申请



(10) 申请公布号 CN 114663785 A (43) 申请公布日 2022. 06. 24

(21) 申请号 202210272036.X

(22)申请日 2022.03.18

(71) **申请人** 华南农业大学 **地址** 510642 广东省广州市天河区五山路 483号

(72) **发明人** 谢家兴 华佳俊 李君 何培华 余振邦 付仙冰 张笑微 孙道宗 肖傲

(74) **专利代理机构** 北京慕达星云知识产权代理 事务所(特殊普通合伙) 11465

专利代理师 李冉

(51) Int.CI.

G06V 20/17 (2022.01) *G06V* 20/68 (2022.01) G06V 10/25 (2022.01)

G06V 10/42 (2022.01)

G06V 10/44 (2022.01)

G06V 10/764 (2022.01)

G06V 10/82 (2022.01)

G06K 9/62 (2022.01)

GO6N 3/04 (2006.01)

GO6N~3/08~(2006.01)

GO6T 3/40 (2006.01)

GO1N 21/25 (2006.01)

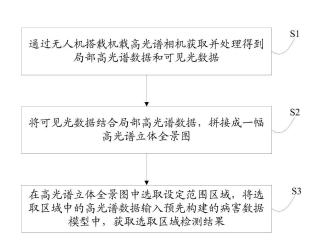
权利要求书3页 说明书13页 附图3页

(54) 发明名称

基于无人机高光谱的荔枝病害检测方法及 系统

(57) 摘要

本发明公开了一种基于无人机高光谱的荔枝病害检测方法及系统,通过无人机搭载机载高光谱相机获取并处理得到局部高光谱数据和可见光数据;将局部高光谱数据经过处理拼接成一幅高光谱立体全景图;选取特定大小的区域,将该区域中的光谱数据输入预先构建的病害数据模型,判断出该区域植株健康状况以及患病类型。该方法运用2D和3D卷积神经网络构建了深度影像拼接模型和病害数据模型,残差结构的设计使网络运算更加简单,所需计算量变小,为利用高光谱遥感技术进行大规模果园病害发散动向、病情监测和预警提供了数据支持。



1.一种基于无人机高光谱的荔枝病害检测方法,其特征在于,包括以下步骤:

步骤1:通过无人机搭载机载高光谱相机获取并处理得到局部高光谱数据和可见光数据;

步骤2:将可见光数据结合局部高光谱数据,拼接成一幅高光谱立体全景图;

步骤3:在所述高光谱立体全景图中根据设定范围选取区域,将选取区域中的高光谱数据输入预先构建的病害数据模型中,获取选取区域检测结果。

2.根据权利要求1所述的一种基于无人机高光谱的荔枝病害检测方法,其特征在于,所述步骤1中对机载高光谱相机采集数据的处理过程包括:

步骤11:对所述机载高光谱相机进行黑板校正和标准白板辐射校正;

步骤12:利用无人机搭载机载高光谱相机采集高光谱数据和可见光数据;

步骤13:对采集到的高光谱数据和可见光数据进行删选,获得处理后的局部高光谱数据和可见光数据。

3.根据权利要求1所述的一种基于无人机高光谱的荔枝病害检测方法,其特征在于,步骤2中的高光谱立体全景图的拼接过程包括:

步骤21:通过采集的局部高光谱数据和可见光数据自带的坐标数据,随机指定所述可见光数据中的一幅图像为中心基准影像数据,并根据中心基准影像确定其临近影像数据,构建拼接数据集;

步骤22:将拼接数据集中图像调整为224×224的影像数据,并随机挑选两张临近的影像数据I₁和I₂;

步骤23:将影像数据 I_1 和 I_2 输入到深度影像拼接模型中,得到两张影像数据的单应性矩阵 H_{4n} ;

步骤24:将得到的所述单应性矩阵 H_{4p} 变换为一般形式H,并将影像数据 I_2 通过一般形式的单应性矩阵H变换为 I'_2 ;

步骤25:将变换后的 I'_2 拷贝到影像数据 I_1 上进行拼接,将重叠区域的像素值按设定的权值相加合成新图像,并对应将影像数据 I_1 和 I_2 对应的所述局部高光谱数据进行拼接合成新光谱图;

步骤26:拼接数据集中所有图像是否拼接完成,如果拼接完成则进入步骤27;否则,将步骤25中合成新图像作为影像数据I₁,并选取拼接数据集剩余图像中与合成新图像临近的图像作为影像数据I₂,返回所述步骤23;

步骤27:是否存在未拼接的可见光数据,如果存在,则剩余可见光数据和对应的局部高光谱数据重复进入所述步骤21;如果不存在,则将所有新图像和对应的新光谱图构成拼接数据集并重复进入所述步骤22,遍历结束获得高光谱立体全景图。

4.根据权利要求3所述的一种基于无人机高光谱的荔枝病害检测方法,其特征在于,步骤23中的所述深度影像拼接模型基于2D CNN构建,由BConv模块、Block模块、Pool模块和Liner模块组成,输入区域大小为224×224,输入通道数为6;

所述BConv模块包括不带偏置的卷积层、批归一化层和Relu激活函数;

所述Block模块由三种不同的BConv模块组成,数据处理过程包括:

步骤2311:经过卷积核大小为1、步长为1、填充为0的DW分组卷积;

步骤2312:再经过卷积核大小为3、步长为1、填充为1的DW分组卷积;

步骤2313:再经过卷积核大小为1、步长为1、填充为0的PW普通卷积;

步骤2314:再经过残差连接得到输出;

所述Poo1模块由两个BConv模块组成,其数据处理过程包括:

先经过卷积核大小为3、步长为2、填充为1的DW分组卷积;再经过卷积核大小为1、步长为1、填充为0的PW普通卷积。

5.根据权利要求3所述的一种基于无人机高光谱的荔枝病害检测方法,其特征在于,所述步骤23中的所述深度影响拼接模型训练过程包括:

步骤2321:选择MS COCO数据集中的图片作为数据集,在从数据集中选取的原始图像上随机裁剪出一个224×224的矩形图像A;

步骤2322:记录下矩形图像A的4个角点的位置,在预设范围内对4个角点进行随机位移,通过对位移前后的坐标计算,得到一个单应性矩阵的一般形式H;

步骤2323:求出单应性矩阵的一般形式H的逆矩阵H⁻¹,将逆矩阵H⁻¹应用于所述原始图像,产生变换后的新图像,在新图像中找到与矩形图像A相同位置的图像B;

步骤2324:将矩形图像A与图像B在通道维度结合,得到6×224×224的输入,并将之前的得到单应性矩阵的一般形式H作为输出,采用均方差损失MSE进行训练,获得深度影像拼接模型。

6.根据权利要求5所述的一种基于无人机高光谱的荔枝病害检测方法,其特征在于,步骤23中的单应性矩阵 H_{40} ,为4行2列形式的单应性矩阵,公式形式如下所示:

$$m{H}_{4p} = egin{pmatrix} \Delta x_1 & \Delta y_1 \ \Delta x_2 & \Delta y_2 \ \Delta x_3 & \Delta y_3 \ \Delta x_4 & \Delta y_4 \end{pmatrix}$$

其中, $(\Delta x_1, \Delta y_1)$ 、 $(\Delta x_2, \Delta y_2)$ 、 $(\Delta x_3, \Delta y_3)$ 、 $(\Delta x_4, \Delta y_4)$ 分别表示矩形图片的四个对应顶点的偏移量。

7.根据权利要求3所述的一种基于无人机高光谱的荔枝病害检测方法,其特征在于,步骤24中的单应性矩阵的一般形式H是一个3×3矩阵,表示为:

$$m{H} = egin{pmatrix} h_{11} & h_{12} & h_{13} \ h_{21} & h_{22} & h_{23} \ h_{31} & h_{32} & h_{33} \end{pmatrix}$$

单应性矩阵将一幅图像中每个位置上的点(x,y)映射到另一幅图像的对应位置(x',y')上,表示为:

$$x' = rac{h_{11}x + h_{12}y + h_{13}}{h_{31}x + h_{32}y + h_{33}} \ y' = rac{h_{21}x + h_{22}y + h_{23}}{h_{31}x + h_{32}y + h_{33}} \ _{\circ}$$

8.根据权利要求1所述的一种基于无人机高光谱的荔枝病害检测方法,其特征在于,步骤3中所述病害数据模型构建过程包括:

步骤31:将已感染病害的种植区域作为样本区域,对样本区域进行勘察,判断各个果树植株的健康状态以及患病类型,获得病害信息;

步骤32:采集样本区域的局部高光谱数据和可见光数据,并拼接成样本高光谱立体全景图:

步骤33:根据所述病害信息,依据不同的病害种类对样本高光谱立体全景图进行标注获得标注全景图,并根据标注全景图中不同ROI区域的高光谱数据构建患病检测数据集;

步骤34:利用所述患病检测数据集训练构建好的病害数据模型。

9.根据权利要求8所述的一种基于无人机高光谱的荔枝病害检测方法,其特征在于,所述步骤33的患病检测数据集的构建过程包括:

步骤331:对所述标注全景图随机绘制R0I区域,每个R0I区域大小为32×32,把得到的每个R0I区域的所有光谱数据作为在该样本点的光谱数据,并根据病害种类对各样本点进行归类;

步骤332:运用SMOTE算法平衡各不同种类样本点的比例,使健康植株正样本与患病植株负样本比例为1:1。

10.一种根据权利要求1-9任一项所述的基于无人机高光谱的荔枝病害检测方法的检测系统,包括:机载高光谱相机、无人机本体以及地面监测终端;所述机载高光谱相机固定安装于所述无人机本体上并与所述无人机本体电连接;所述无人机本体与所述地面监测终端通信连接;

所述无人机本体用于搭载所述机载高光谱相机升高至指定高度,并按照预设飞行路线执行自动飞行任务;所述机载高光谱相机用于拍摄高光谱数据,高光谱数据通过所述无人机本体传输至所述地面监测终端;所述地面监测终端预先存储有病害数据模型,将高光谱数据拼接成高光谱立体全景图后,选取高光谱立体全景图中设定范围大小区域的图像数据输入病害数据模型,获得选取区域检测结果。

基于无人机高光谱的荔枝病害检测方法及系统

技术领域

[0001] 本发明涉及遥感监测技术领域,更具体的说是涉及一种基于无人机高光谱的荔枝病害检测方法及系统。

背景技术

[0002] 目前,荔枝是广东岭南特色水果产业之一,又是广东十大特色作物之一。尽管近年来荔枝现代生产技术有了较大的提高,但广东气候条件容易引起病虫害发生,如在荔枝果期,正值广东高温多雨季节,霜疫霉病、炭疽病和蒂蛀虫往往同时发生,严重影响荔枝果品的质量,已成为荔枝增产、农户增收的重要障碍。

[0003] 传统的荔枝果园病虫害监测与防治主要是依靠农户田间走访调查取样,不仅耗时、耗力、效率低下,而且因人的主观性而容易遗漏。近年来随着深度学习的兴起,图像识别的准确率已经很高了,但是图像识别只是对患病进行分类识别,并不能实现快速大面积的识别患病区域。

[0004] 相较于田间拍照识别,精准农业航空的理念非常符合未来农业的发展方向,该理念的基本思想是通过空中和地面遥感采集农田信息,制作作业处方图,根据处方图实现精准施药。但是,采用航天或卫星遥感影像来提取果园植株信息时,后期处理工作效率低,周期长,成本高,需要耗费大量的人力和物力,并且测量精度也受卫星精度和环境影响,并未取得理想的检测效果。

[0005] 在传统遥感领域,主流的遥感图像拼接方法是以尺度不变(SIFT)特征转换为代表的经典算法,但该方法存在不足,如果遥感影像来自不同视角,或者视角差别较大时,影像中的物体可能会发生较大形变,传统方法就不能准确获得特征点,并且计算得到特征点的算力消耗较大,成本也较高。

[0006] 因此,如何提供一种高效方便、成本低廉的病害检测方法是本领域技术人员亟需解决的问题。

发明内容

[0007] 有鉴于此,本发明提供了一种基于无人机高光谱的荔枝病害检测方法及系统,解决了现有病害检测方式效率低、周期长、成本高且精度不够的问题。

[0008] 为了实现上述目的,本发明采用如下技术方案:

[0009] 一种基于无人机高光谱的荔枝病害检测方法,包括以下步骤:

[0010] 步骤1:通过无人机搭载机载高光谱相机获取并处理得到局部高光谱数据和可见光数据:

[0011] 步骤2:将可见光数据结合局部高光谱数据,拼接成一幅高光谱立体全景图;

[0012] 步骤3:在所述高光谱立体全景图中根据设定范围选取区域,将选取区域中的高光谱数据输入预先构建的病害数据模型中,获取选取区域检测结果,所述检测结果包括植株健康状况以及患病类型。

[0013] 上述技术方案的技术效果为,通过针对全景图大范围的随机选取区域进行检测, 实现检测的全面性和有效性。通过图像拼接成高光谱立体全景图,可以实现任意区域精确 检测,避免漏检局部图像的边缘区域,使得检测更加全面。

[0014] 优选的,所述步骤1中对机载高光谱相机采集数据的处理过程包括:

[0015] 步骤11:在地面上对所述机载高光谱相机进行黑板校正和标准白板辐射校正;

[0016] 步骤12:利用无人机搭载机载高光谱相机按预设飞行路线自动低空飞行并拍摄采集高光谱数据和可见光数据:

[0017] 步骤13:对采集到的高光谱数据和可见光数据进行删选,删除起飞、降落和飞机转弯时拍摄的照片以及其他与研究区域无关的照片,获得处理后的局部高光谱数据和可见光数据。

[0018] 优选的,步骤2中的高光谱立体全景图的拼接过程包括:

[0019] 步骤21:通过采集的局部高光谱数据和可见光数据自带的坐标数据,随机指定所述可见光数据中的一幅图像为中心基准影像数据,并根据中心基准影像确定其临近影像数据,构建拼接数据集,包括中心基准影像在内共获得九张临近影像数据;

[0020] 步骤22:将拼接数据集中可见光数据调整为224*224的影像数据,并随机挑选两张临近的影像数据 I_1 和 I_2 ;

[0021] 步骤23:将影像数据 I_1 和 I_2 输入到深度影像拼接模型中,得到两张影像数据的单应性矩阵 H_{An} ;

[0022] 步骤24:将得到的所述单应性矩阵 H_{4p} 变换为一般形式H,并将影像数据 I_2 通过一般形式的单应性矩阵H变换为 I'_2 ;

[0023] 步骤25:将变换后的 I'_2 拷贝到影像数据 I_1 上进行拼接,将重叠区域的像素值按设定的权值相加合成新图像,并对应将影像数据 I_1 和 I_2 对应的所述局部高光谱数据进行拼接合成新光谱图:

[0024] 步骤26:拼接数据集中所有图像是否拼接完成,如果拼接完成则进入步骤27;否则,将步骤25中合成新图像作为影像数据 I_1 ,并选取拼接数据集剩余可见光数据中与新图像临近的图像作为影像数据 I_2 ,返回所述步骤23;

[0025] 步骤27:是否存在未拼接的可见光数据,如果存在,则剩余可见光数据和对应的局部高光谱数据重复进入所述步骤21;如果不存在,则将所有新图像和对应的新光谱图构成拼接数据集并重复进入所述步骤22,遍历结束获得高光谱立体全景图。

[0026] 优选的,步骤23中的所述深度影像拼接模型基于2D CNN构建,由BConv模块、Block模块、Pool模块和Liner模块组成,共有14个模块,输入区域大小为224×224,输入通道数为6;

[0027] 所述BConv模块包括:

[0028] 不带偏置的卷积层、批归一化层和Relu激活函数,每个BConv层的除了卷积层不同以外,批归一化层和Relu激活函数完全相同,其中根据卷积层为2D卷积和3D卷积的不同,可分为3D BConv和2D BConv;

[0029] 所述Block模块由三种不同的BConv模块组成,根据BConv模块种类的不同,Block模块可分为3D Block模块和2D Block模块,数据处理过程包括:

[0030] 步骤2311:经过卷积核大小为1、步长为1、填充为0的DW分组卷积;

[0031] 步骤2312:再经过卷积核大小为3、步长为1、填充为1的DW分组卷积;

[0032] 步骤2313:再经过卷积核大小为1、步长为1、填充为0的PW普通卷积;

[0033] 步骤2314:再经过残差连接,最后得到输出。DW分组卷积核与PW普通卷积结合称为深度可分离卷积,极大地减少模型的参数量,同时也能极大地提升模型的速度;

[0034] 所述Poo1模块由两个BConv模块组成,根据BConv模块种类的不同,Poo1模块可分为3D Poo1模块和2D Poo1模块,其数据处理过程包括:

[0035] 先经过卷积核大小为3、步长为2、填充为1的DW分组卷积;再经过卷积核大小为1、步长为1、填充为0的PW普通卷积。

[0036] 优选的,所述步骤23中的所述深度影响拼接模型训练过程包括:

[0037] 步骤2321:选择MS COCO数据集中的图片作为数据集,在尺寸大小满足要求的前提下,在从数据集中选取的原始图像上随机裁剪出一个224×224的矩形图像标记为A;

[0038] 步骤2322:记录下矩形图像A的4个角点的位置,然后在一定程度内对4个角点进行随机位移,通过对位移前后的坐标计算,可以得到一个单应性矩阵的一般形式H;

[0039] 步骤2323:求出单应性矩阵的一般形式H的逆矩阵 H^{-1} ,然后将 H^{-1} 应用于原始图像,产生变换后的新图像,此时在新图像中找到与矩形图像A相同位置的图像标记为B:

[0040] 步骤2324:将矩形图像A与图像B两个3×224×224的矩形图像在通道维度结合,得到6×224×224的输入,并将之前的得到单应性矩阵的一般形式H作为输出,采用均方差损失MSE进行训练,获得深度影像拼接模型。

[0041] 优选的,步骤23中的单应性矩阵 H_{4p} ,为4行2列形式的单应性矩阵,公式形式如下所示:

$$egin{aligned} egin{aligned} oldsymbol{H}_{4p} &= egin{pmatrix} \Delta x_1 & \Delta y_1 \ \Delta x_2 & \Delta y_2 \ \Delta x_3 & \Delta y_3 \ \Delta x_4 & \Delta y_4 \end{pmatrix} \end{aligned}$$

[0043] 其中,等号右边矩阵中的数值表示矩形图片的四个对应顶点的偏移量。

[0044] 优选的, 步骤24中的单应性矩阵的一般形式H是一个3×3矩阵, 表示为:

[0045]
$$m{H} = egin{pmatrix} h_{11} & h_{12} & h_{13} \ h_{21} & h_{22} & h_{23} \ h_{31} & h_{32} & h_{33} \end{pmatrix}$$

[0046] 单应性矩阵能将一幅图像中每个位置上的点(x,y)映射到另一幅图像的对应位置(x',y')上,表示为:

[0047]
$$x' = rac{h_{11}x + h_{12}y + h_{13}}{h_{31}x + h_{32}y + h_{33}}$$

[0048]
$$y'=rac{h_{21}x+h_{22}y+h_{23}}{h_{31}x+h_{32}y+h_{33}}$$

[0049] 优选的,步骤3中所述病害数据模型构建过程包括:

[0050] 步骤31:将已感染病害的种植区域作为样本区域,对样本区域进行勘察,判断各个

果树植株的健康状态以及患病类型,获得病害信息;

[0051] 步骤32:利用无人机搭载机载高光谱相机进行低空拍摄,将采集的局部高光谱数据和可见光数据拼接成样本高光谱立体全景图;与所述步骤2中拼接高光谱立体全景图过程相同;

[0052] 步骤33:根据所述病害信息,依据不同的病害种类对样本高光谱立体全景图进行标注,标注出完全健康植株、患霜疫霉病植株、患炭疽病植株和其他患病植株,获得标注全景图,并根据标注全景图中不同ROI区域的高光谱数据构建患病检测数据集;

[0053] 步骤34:利用所述患病检测数据集训练构建好的病害数据模型。训练采用初始学习率为0.003,权重衰退为0.0001,动量为0.9的Adam优化算法,并用余弦退火算法动态调节学习率。

[0054] 优选的,所述步骤33的患病检测数据集的构建过程包括:

[0055] 步骤331:使用R0I区域提取工具对标注全景图随机绘制R0I区域,每个R0I区域大小为32×32,把得到的每个R0I区域的所有光谱数据作为在该样本点的光谱数据,并根据完全健康植株、患霜疫霉病植株、患炭疽病植株、其他患病植株进行归类;

[0056] 步骤332:运用SMOTE算法平衡各不同种类样本点的比例,使健康植株正样本与患病植株负样本比例为1:1;

[0057] 其中,完全健康植株为健康植株正样本,患霜疫霉病植株、患炭疽病植株、其他患病植株为患病植株负样本,同时使三种不同种类的患病负样本的比例为1:1:1。

[0058] 优选的,SMOTE算法,对于负样本类中的每个样本 x_i ,从 x_i 在负样本类的K近邻中选取一个样本 $\hat{x_i}$,然后在 x_i 和 $\hat{x_i}$ 的连线上随机选取一个新点 x_n 的,其公式为:

[0059]
$$x_n = x_i + rand(0,1) imes |\hat{x}_i - x_i|$$

[0060] 优选的,所述步骤33的病害数据模型是基于3D CNN构建,其特征在于,模型由BConv模块、Block模块、Pool模块和Liner模块组成,共有9个模块,输入区域大小为32×32。

[0061] 优选的,根据所述步骤3中植株健康状况以及患病类型判断患病程度进行分级预警。

[0062] 一种基于无人机高光谱的荔枝病害检测系统,包括:机载高光谱相机、无人机本体以及地面监测终端;所述机载高光谱相机固定安装于所述无人机本体上并与所述无人机本体电连接;所述无人机本体与所述地面监测终端通信连接;

[0063] 所述无人机本体用于搭载所述机载高光谱相机升高至指定高度,然后按照预设飞行路线执行自动飞行任务;所述机载高光谱相机用于拍摄高光谱数据,高光谱数据通过所述无人机本体传输至所述地面监测终端;所述地面监测终端预先存储有病害数据模型,将高光谱数据拼接成高光谱立体全景图后,选取高光谱立体全景图中设定范围大小区域的图像数据输入病害数据模型,获得选取区域检测结果,包括植株健康状况以及患病类型。

[0064] 优选的,所述地面检测终端还设置有分级预警模块,预先存储患病预警指数,结合根据所述病害数据模型输出结果进行分级预警。

[0065] 优选的,所述无人机的飞行任务需选择晴天无云或少云、无风或风速较小的环境进行。

[0066] 经由上述的技术方案可知,与现有技术相比,本发明公开提供了一种基于无人机

高光谱的荔枝病害检测方法及系统,根据受灾种植区域采集的数据建立数据集训练获得病害数据模型,在无人机监测过程中,通过无人机搭载机载高光谱相机获取并处理得到局部高光谱数据和可见光数据;将局部高光谱数据经过深度影像拼接模型处理拼接成一幅高光谱立体全景图;选取特定大小的区域,将该区域中的光谱数据输入预先构建的病害数据模型,判断出该区域植株健康状况以及患病类型。该方法运用2D和3D卷积神经网络构建了深度影像拼接模型和病害数据模型,残差结构的设计使网络运算更加简单,所需计算量变小,为利用高光谱遥感技术进行大规模果园病害发散动向、病情监测和预警提供了数据支持。

附图说明

[0067] 为了更清楚地说明本发明实施例或现有技术中的技术方案,下面将对实施例或现有技术描述中所需要使用的附图作简单地介绍,显而易见地,下面描述中的附图仅仅是本发明的实施例,对于本领域普通技术人员来讲,在不付出创造性劳动的前提下,还可以根据提供的附图获得其他的附图。

[0068] 图1附图为本发明提供的基于无人机高光谱的荔枝病害检测方法流程图;

[0069] 图2附图为本发明提供的高光谱图像拍摄与处理制作数据集结构示意图;

[0070] 图3附图为本发明提供的深度影像拼接模型结构示意图;

[0071] 图4附图为本发明提供的病害数据模型结构示意图;

[0072] 图5附图为本发明提供的基于无人机高光谱的荔枝病害检测系统结构示意图。

具体实施方式

[0073] 下面将结合本发明实施例中的附图,对本发明实施例中的技术方案进行清楚、完整地描述,显然,所描述的实施例仅仅是本发明一部分实施例,而不是全部的实施例。基于本发明中的实施例,本领域普通技术人员在没有做出创造性劳动前提下所获得的所有其他实施例,都属于本发明保护的范围。

[0074] 参照图1所示,本发明实施例公开了一种基于无人机高光谱的荔枝病害检测方法,该方法包括:

[0075] S1:通过无人机搭载机载高光谱相机并处理获取得到局部高光谱数据和可见光数据;

[0076] S2:将可见光数据结合局部高光谱数据,拼接成一幅高光谱立体全景图;

[0077] S3:选取特定大小的区域,将该区域中的光谱数据输入预先构建的病害数据模型,判断出该区域植株健康状况以及患病类型。

[0078] 实施例1

[0079] 在一个实施例中,上述S1中的高光谱立体全景图由无人机搭载机载高光谱相机采集的高光谱数据和可见光数据拼接而成,参照图2所示,高光谱立体全景图采集拼接流程包括:

[0080] S11:在地面上对所述机载高光谱相机的黑板校正和标准白板辐射校正;

[0081] 其中,首先采用机载高光谱相机配套软件对高光谱数据进行黑板校正,矫正后影像的像素量为辐射量,对经过黑板校正后的高光谱辐射量影像数据进行波段配准,使其各波段影像的同名点重合;然后利用地面实测标准白板反射率数据进行白板校正;

[0082] S12:利用无人机搭载机载高光谱相机按设定的飞行路线自动低空飞行并拍摄采集高光谱数据和可见光数据;

[0083] S13:对采集到的高光谱数据和可见光数据进行删选,删除起飞、降落和飞机转弯时拍摄的照片以及其他与研究区域无关的照片。

[0084] 实施例2

[0085] 在一个实施例中,上述S2中的高光谱立体全景图的拼接过程包括:

[0086] S21:通过采集的数据自带的坐标数据,随机指定可见光数据中的一幅图像为中心基准影像数据,并根据中心基准影像确定其临近影像数据,构建拼接数据集,包括中心基准影像在内共获得九张临近影像数据;

[0087] S22:将拼接数据集中可见光数据调整为224*224的影像数据,并挑选两张临近的影像数据 I_1 、 I_2 ;

[0088] S23:将影像数据 I_1 和 I_2 输入到深度影像拼接模型中,得到两张影像数据的单应性矩阵 H_{4n} ;

[0089] S24:将模型得到的单应性矩阵 H_{4p} 变换为一般形式H,并将影像数据 I_2 通过单应性矩阵H变换为 I'_2 ;

[0090] S25、将变换后的 I'_2 拷贝到影像数据 I_1 上进行拼接,并将重叠区域的像素值按一定的权值相加合成新图像,依据所述重叠区域的像素值的权值对应将影像数据 I_1 和 I_2 对应的局部高光谱数据进行拼接合成新光谱图;

[0091] S26: 拼接数据集中所有图像是否拼接完成,如果拼接完成则进入S27;否则,将S25中合成新图像作为影像数据 I_1 ,并选取拼接数据集剩余可见光数据中与新图像临近的图像作为影像数据 I_2 ,返回S23;

[0092] S27:是否存在未拼接的可见光数据,如果存在,则剩余可见光数据和对应的局部 高光谱数据重复进入S21;如果不存在,则将所有新图像和对应的新光谱图构成拼接数据集并重复进入S22,遍历结束获得高光谱立体全景图。

[0093] 实施例3

[0094] 在一个实施例中,上述S23中的深度影像拼接模型是基于2D CNN构建,参照图3所示,模型由BConv模块、Block模块、Pool模块和Liner模块组成,总计共有14个模块,输入区域大小为224×224,输入通道数为6,下面对图3所示各个模块进行说明。

[0095] 在本实施例中,所述BConv模块包括不带偏置的卷积层、批归一化层和Relu激活函数,每个BConv层的除了卷积层不同以外,批归一化层和Relu激活函数完全相同,其中根据卷积层为2D卷积和3D卷积的不同,可分为3DBConv和2DBConv;

[0096] 在本实施例中,所述Block模块由三种不同的BConv模块组成,数据处理过程包括:

[0097] S2311:先经过卷积核大小为1、步长为1、填充为0的DW分组卷积;

[0098] S2312:再经过卷积核大小为3、步长为1、填充为1的DW分组卷积;

[0099] S2313:再经过卷积核大小为1、步长为1、填充为0的PW普通卷积;

[0100] S2314:再经过残差连接,最后得到输出。

[0101] 根据BConv模块种类的不同,Block模块可分为3D Block模块和2D Block模块。

[0102] 在本实施例中,所述Poo1模块由两个BConv模块组成,其数据处理过程包括:

[0103] 先经过卷积核大小为3、步长为2、填充为1的DW分组卷积;

[0104] 再经过卷积核大小为1、步长为1、填充为0的PW普通卷积;

[0105] 根据BConv模块种类的不同,Pool模块可分为3D Pool模块和2D Pool模块。

[0106] 下面对各模块中的一些操作进行说明:

[0107] (1)3D卷积

[0108] 2D卷积的计算公式为:

[0109]
$$output_{ij}^{xy} = \sum_{m} \sum_{p=0}^{P_i-1} \sum_{q=0}^{Q_i-1} w_{ijm}^{pq} input_{(i-1)m}^{(x+p)(y+q)}$$

[0110] 3D卷积的计算公式为:

[0111]
$$output_{ij}^{xyz} = \sum_{m} \sum_{p=0}^{P_i-1} \sum_{q=0}^{Q_i-1R_i-1} \sum_{r=0}^{p_{ijm}} w_{ijm}^{pqr} input_{(i-1)m}^{(x+p)(y+q)(z+r)}$$

[0112] 3D卷积相较于普通的2D卷积更适合运用在高光谱数据的处理,以32*32的输入区域大小、波段125为例,假如使用2D卷积,是将125个不同的波段当作通道数来对32*32的区域进行卷积操作,但是这样由于125个波段是以通道的形式存在的,这样就可能会使数据过于拟合偏远的波段。而3D卷积,是将125个不同的波段当作一个维度,也就是说在3D卷积下,初始输入通道数为1,数据区域大小实际为125*32*32,由于卷积核的滑动,在操作过程中可以让卷积层先拟合相邻波段,从相邻波段中提取共同的有效特征,然后从局部到全体的提取特征,每个卷积层提取特征后会将特征存储在通道这一维度上,运用3D卷积可以更符合逻辑的提取特征。

[0113] (2) 券积核参数

[0114] 在本实施例中,卷积核参数有卷积核大小、卷积核移动步长、卷积核周围填充。在本实施例中,当卷积核大小为n时,对于3D卷积来说指的是卷积核大小为n*n*n,对于2D卷积来说指的是卷积核大小为n*n;卷积核移动步长为s,指的是该卷积核每次向右移动s步,当向右移动不了时,则向下移动s步,并从最左端开始移动;卷积核周围填充为p,指的是在输入周围填充额外的数据,在本实施例中,填充的额外数据的数值为0,填充的大小与卷积核大小有关,具体为:

[0115]
$$p = \left\lfloor \frac{n}{2} \right\rfloor$$

[0116] 下面计算每个输入在经过卷积核大小为n,步长为s,填充为p的卷积层后的输出大小,其中,2D卷积为:

[0117]
$$w_{output} = rac{w_{input} - n + 2p}{s} + 1$$

[0118]
$$h_{output} = rac{h_{input} - n + 2p}{s} + 1$$

[0119] 而在3D卷积中,经过卷积核大小为n,步长为s,填充为p的卷积层后,输出大小的h、w计算完全相同,波段维度的大小计算公式为:

[0120]
$$b_{output} = rac{b_{input} - n + 2p}{arepsilon} + 1$$

[0121] (3) 深度可分离卷积

[0122] 在Block模块和Pool模块中,DW (Depthwise) 分组卷积是深度卷积,对输入的每个通道分别使用一个卷积核,然后将所有卷积核的输出再进行拼接得到它的最终输出。因为卷积操作的输出通道数等于卷积核的数量,而DW分组卷积中对每个通道只使用一个卷积核,所以单个通道在卷积操作之后的输出通道数也为1。那么如果输入的通道数为N,对N个通道分别单独使用一个卷积核之后便得到N个通道为1的输出。再将这N个输出按顺序拼接便得到一个通道为N的输出。

[0123] PW (Pointwise) 普通卷积是逐点卷积,能使输入改变通道数量后输出,也能对DW分组卷积的输出进行通道融合。

[0124] DW分组卷积核与PW普通卷积结合称为深度可分离卷积。以2D卷积为例,假设输入的尺寸为 $M \times Dk \times Dk$,卷积核的尺寸为 $D_r \times D_r$,数量为N。

[0125] 在普通的卷积中,假设对应输入空间位置中的每一个点都会进行一次卷积操作,那么可知单个卷积进行的计算量为:

[0126] $M \times D_{\nu} \times D_{\nu} \times D_{\nu} \times D_{\nu}$

[0127] 对于N个卷积核,总计算量为:

[0128] $N \times M \times D_k \times D_k \times D_F \times D_F$

[0129] 对于深度可分离卷积采用类似的分析可知,DW分组卷积的计算总量为:

[0130] $M \times D_k \times D_k \times D_F \times D_F$

[0131] PW普通卷积的计算总量为:

[0132] $N \times M \times D_{L} \times D_{L}$

[0133] 所以深度可分离卷积的计算总量为:

[0134] $M \times D_{\nu} \times D_{\nu} \times D_{\nu} \times D_{\nu} + N \times M \times D_{\nu} \times D_{\nu}$

[0135] 即与普通卷积相比,计算量仅为普通卷积的:

[0136]
$$\frac{1}{N} + \frac{1}{D_F^2}$$

[0137] 由上述计算可以看出,在实现卷积功能以及其精度的同时,深度可分离卷积极大地减少模型的参数量,同时也能极大地提升模型的速度。

[0138] 实施例4

[0139] 在一个实施例中,上述S23的深度影像拼接模型具体各层参数如下表1所示:

[0140] 表1深度影像拼接模型各层参数

	模块名称	输入大小	通道数	输出大小
[0141]	2D BConv	6*224*224	32	32*112*112
	2D Pool	32*112*112	64	64*56*56
	$2 \times 2D$ Block1	64*56*56	64	64*56*56
	2D pool1	64*56*56	128	128*28*28
	$2 \times 2D$ Block2	128*28*28	128	128*28*28
	2D pool2	128*28*28	256	256*14*14
	2 × 2D Block3	256*14*14	256	256*14*14
	2D pool3	256*14*14	512	512*7*7
	$2 \times 2D$ Block4	512*7*7	512	512*7*7
	全局平均池化层	512*7*7	/	512*1
	线性层	512		8

[0142] 下面对上述各层进行说明:

[0143] (1) 全局平均池化层

[0144] 全局平均池化层将数据中的每一个通道中的数据看作一个特征,将区域大小7*7中的四个数值取平均,得到长度为512的特征向量。

[0145] (2) 线性层

[0146] 线性层将长度为512的特征向量经过全连接最后得到8个输出,即单应性矩阵H_{4n}。

[0147] 在本实施例中,上述S23中的深度影像拼接模型的训练过程包括:

[0148] S2321:选择MS C0C0数据集中的图片作为数据集,在尺寸大小满足要求的前提下,在原图像上随机裁剪出一个224×224的矩形图像标记为A;

[0149] S2322:记录下A的4个角点的位置,然后在一定程度内对4个角点进行随机位移,通过对位移前后的坐标计算,可以得到一个单应性矩阵的一般形式H;

[0150] S2323:求出单应性矩阵的一般形式H的逆矩阵 H^{-1} ,然后将 H^{-1} 应用于原始图像,产生变换后的新图像,此时在新图像中找到与矩形图像A相同位置的图像标记为B;

[0151] S2324:将矩形图像A与图像B两个3×224×224的矩形图像在通道维度结合,得到6×224×224的输入,并将之前的得到单应性矩阵的一般形式H作为输出,采用均方差损失MSE进行训练,获得深度影像拼接模型。

[0152] 在本实施例中,上述S23中的单应性矩阵 H_{4p} ,为4行2列形式的单应性矩阵,公式形式如下所示:

[0153]
$$m{H}_{4p} = egin{pmatrix} \Delta x_1 & \Delta y_1 \ \Delta x_2 & \Delta y_2 \ \Delta x_3 & \Delta y_3 \ \Delta x_4 & \Delta y_4 \end{pmatrix}.$$

[0154] 其中等号右边矩阵中的数值表示矩形图片的四个对应顶点的偏移量。

[0155] 实施例5

[0156] 在一个实施例中,上述S24中的单应性矩阵的一般形式H是一个3×3矩阵,表示为:

[0157]
$$m{H} = egin{pmatrix} h_{11} & h_{12} & h_{13} \ h_{21} & h_{22} & h_{23} \ h_{31} & h_{32} & h_{33} \end{pmatrix}$$

[0158] 单应性矩阵能将一幅图像中每个位置上的点(x,y)映射到另一幅图像的对应位置(x',y')上,表示为:

[0159]
$$x'=rac{h_{11}x+h_{12}y+h_{13}}{h_{31}x+h_{32}y+h_{33}}$$
 $y'=rac{h_{21}x+h_{22}y+h_{23}}{h_{31}x+h_{32}y+h_{33}}$.

[0161] 实施例6

[0162] 在一个实施例中,上述S3中的病害数据模型构建过程包括:

[0163] S31:将已感染病害的荔枝果园作为样本区域,对整个荔枝果园进行勘察,判断各个果树植株的健康状态以及患病类型;

[0164] S32:利用无人机搭载高光谱相机进行低空拍摄,并拼接成高光谱立体全景图;

[0165] S33:在高光谱立体全景图上依据不同的病害种类标注出完全健康植株、患霜疫霉病植株、患炭疽病植株、其他患病植株,并根据不同R0I区域的高光谱数据构建患病检测数据集:

[0166] 其中,荔枝果园勘察采用人工的方式,由专业果农在高光谱立体全景图上标记出不同患病区域,在该荔枝果园,常见病害有霜疫霉病和炭疽病,所以分别标注出完全健康植株、患霜疫霉病植株、患炭疽病植株、其他患病植株;

[0167] S34:利用所述患病检测数据集训练构建好的病害数据模型。训练采用初始学习率为0.003,权重衰退为0.0001,动量为0.9的Adam优化算法,并用余弦退火算法动态调节学习率。

[0168] 实施例7

[0169] 在一个实施例中,上述S33的患病检测数据集的构建过程包括:

[0170] S331:使用R0I区域提取工具对高光谱立体全景图随机绘制R0I区域,每个R0I区域大小为32×32,把得到每个R0I的所有光谱数据作为在该样本点的光谱数据,并根据完全健康植株、患霜疫霉病植株、患炭疽病植株、其他患病植株进行归类;

[0171] S332:运用SMOTE算法平衡各不同种类样本的比例,使健康植株正样本与患病植株 负样本比例为1:1;

[0172] 其中,完全健康植株为健康植株正样本,患霜疫霉病植株、患炭疽病植株、其他患病植株为患病植株负样本,同时使三种不同种类的患病负样本的比例为1:1:1。

[0173] 在本实施例中,上述SMOTE算法,对于负样本类中的每个样本 x_i ,从 x_i 在负样本类的 K近邻中选取一个样本 $\hat{x_i}$,然后在 x_i 和 $\hat{x_i}$ 的连线上随机选取一个新点 x_i 的,其公式为:

[0174] $x_n = x_i + rand(0,1) imes |\hat{x}_i - x_i|$

[0175] 实施例8

[0176] 在一个实施例中,上述S33的患病数据模型是基于3D CNN构建,参照图4所示,模型由BConv模块、Block模块、Pool模块、Liner模块组成,总计共有9个模块,输入区域大小为32×32。

[0177] 在本实施例中,上述S33的患病数据模型具体各层参数如下表2所示:

[0178] 表2患病数据模型各层参数

[0179]	模块名称	输入大小	通道数	输出大
	3D Block1	1*125*32*32	4	4*125*32*32
	3D Pool1	4*125*32*32	8	8*63*16*16
	3D Block2	8*63*16*16	8	8*63*16*16
	3D Pool2	8*63*16*16	16	16*32*8*8
	3D Block3	16*32*8*8	16	16*32*8*8
	3D Pool3	16*32*8*8	32	32*16*4*4
	展开层	32*16*4*4	/	512*4*4
	2D Block	512*4*4	512	512*4*4
	2D Pool	512*4*4	1024	1024*2*2
	全局平均池化层	1024*2*2	/	1024*1
	线性层	1024		4

[0180] 下面对上述各层进行说明:

[0181] (1)展开层

[0182] 展开层将四维的数据展开成三维的数据,其中保持区域大小不变,将原四维数据中的每个通道的每个波段当作三维数据中的一个通道,共得到512个通道。

[0183] (2) 全局平均池化层

[0184] 全局平均池化层将三维数据中的每一个通道中的数据看作一个特征,将区域大小2*2中的四个数值取平均,得到长度为1024的特征向量。

[0185] (3)线性层

[0186] 线性层将长度为1024的特征向量经过全连接最后得到4个输出,在经过线性层之后,运用SOFTMAX函数,得到对应患病检测数据集中的完全健康植株、患霜疫霉病植株、患炭疽病植株、其他患病植株四类中每种类型的概率,概率最大的即为该类区域,其中SOFTMAX函数的公式为:

[0187]
$$\operatorname{Softmax}(z_i) = rac{e^{z_i}}{\sum_{c=1}^C e^{z_c}}$$

[0188] 在本实施例的模型中,采用深度可分离卷积和普通卷积的对比如下表3所示:

[0189] 表3深度可分离卷积和普通卷积的对比

	模型	参数量	模型文件大小
[0190]	模型1运用普通卷积	3.15m	12.1MB
	模型1运用深度可分	0.56	2.23MB
	离卷积	0.56m	
	模型 2 运用普通卷积	5.33m	20.3MB
	模型 2 运用深度可分	1.13m	4.39MB
	离卷积	1.13111	4.39101D

[0191] 实施例9

[0192] 参照图5所示,本发明还提供了一种基于无人机高光谱的荔枝病害检测系统,该系统包括:机载高光谱相机,无人机本体以及地面监测终端,所述机载高光谱相机固定安装于所述无人机本体上并与所述无人机本体电连接,所述无人机本体与所述地面监测终端通信连接:

[0193] 无人机本体用于搭载机载高光谱相机升高至指定高度,然后按照预定好的飞行路线执行自动飞行任务,机载高光谱相机用于拍摄高光谱数据,高光谱数据通过无人机本体传输至地面监测终端,地面监测终端预先存储有病害数据模型,将高光谱数据拼接成高光谱立体全景图后,选取高光谱立体全景图中一定区域的图像数据输入病害数据模型,获得选取区域检测结果,包括植株健康状况以及患病类型。

[0194] 在本实施例中,所述飞行任务需选择晴天无云或少云、无风或风速较小的环境进行。

[0195] 较优地,地面监测终端还预先存储患病预警指数,根据区域聚集患病的多少对患病程度进行分级预警。

[0196] 本实施例中采用的机载高光谱相机是由德国Cubert公司生产S185机载高光谱相机,S185机载高光谱相机具有快速成像的特点,采样间隔为4nm,总共有125条波段,光谱波长范围在450~950nm之间。

[0197] 本实施例中无人机本体采用的是DJI MATRICE 600PRO六旋翼无人机,该无人机配备6块锂电池,机臂可快速折叠,起落架可自由收放,具有便携灵活安全、维护成本低的特点。在执行飞行任务时,设定无人机本体飞行高度为50m,飞行速度为2m/s。

[0198] 下面通过一个具体的实例对上述方法的实现过程进行说明:

[0199] 基于无人机高光谱的荔枝病害检测方法,具体细分为以下步骤:

[0200] 第一步:对已感染病害的荔枝果园进行勘察,做好标记;

[0201] 第二步:用无人机搭载机载高光谱相机采集高光谱数据并拼接成高光谱立体全景图:

13/13 页

[0202] 第三步:对高光谱立体全景图进行数据处理,样本过采样,建立患病检测数据集;

[0203] 第四步:根据患病检测数据集训练构建病害数据模型:

[0204] 第五步:定期利用无人机搭载机载高光谱相机采集高光谱数据拼接成高光谱立体全景图:

[0205] 第六步:将图像输入患病数据模型得到患病区域结果检测以及分类结果;

[0206] 第七步:根据区域聚集患病的多少对患病程度进行分级预警;

[0207] 本发明实施例公开的基于无人机高光谱的荔枝病害检测方法,与传统的荔枝病害检测方法相比,无需耗费大量人力物力,在模型搭建完成后只需定期利用无人机搭载机载高光谱相机执行飞行任务即可,高效、快捷、精准、易推广使用。且除了荔枝外,本实施例提供的方案还应用于其他作物,如柑橘、茶叶、芒果、中草药的遥感病害监测。

[0208] 本说明书中各个实施例采用递进的方式描述,每个实施例重点说明的都是与其他实施例的不同之处,各个实施例之间相同相似部分互相参见即可。对于实施例公开的装置而言,由于其与实施例公开的方法相对应,所以描述的比较简单,相关之处参见方法部分说明即可。

[0209] 对所公开的实施例的上述说明,使本领域专业技术人员能够实现或使用本发明。对这些实施例的多种修改对本领域的专业技术人员来说将是显而易见的,本文中所定义的一般原理可以在不脱离本发明的精神或范围的情况下,在其它实施例中实现。因此,本发明将不会被限制于本文所示的这些实施例,而是要符合与本文所公开的原理和新颖特点相一致的最宽的范围。

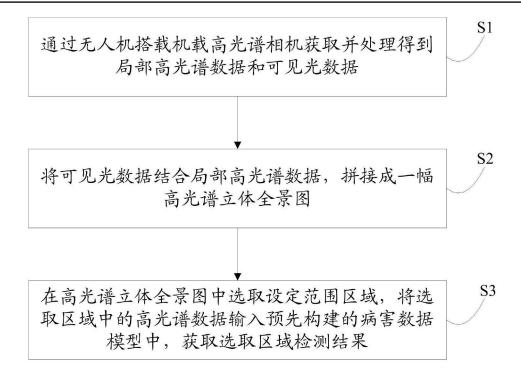


图1

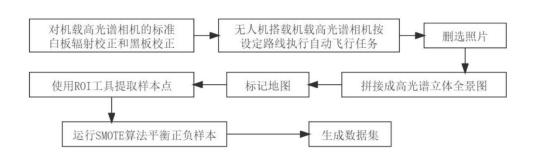


图2

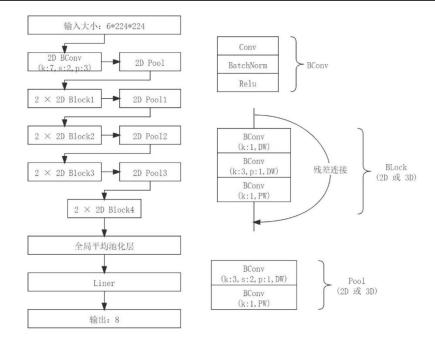


图3

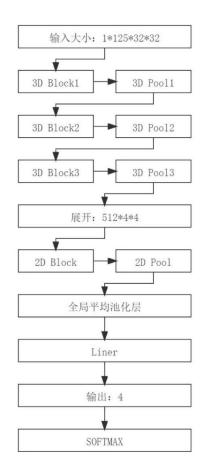


图4

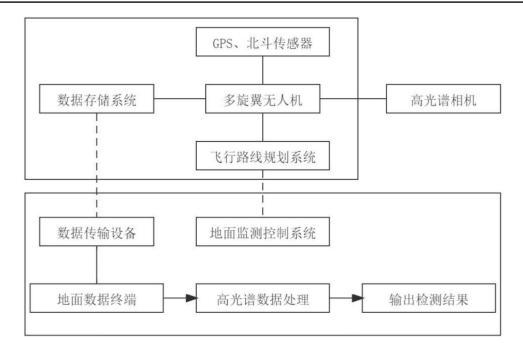


图5