

密 级： 公开

加密论文编号：

北京科技大学

University of Science and Technology Beijing



博士学位论文

论文题目： 玉米雄穗三维表型信息精准解析及关键性状
基因挖掘分析

学 号： D202110469

作 者： 徐波

专业名称： 化学

玉米雄穗三维表型信息精准解析及关键性状 基因挖掘分析

Precise 3D Phenomic Analysis of Maize Tassels and Mining of Key Trait-Related Genes

研究生姓名：徐波

指导教师姓名：赵春江

北京科技大学化学与生物工程学院

北京 100083, 中国

Doctor Degree Candidate: Bo Xu

Supervisor: Prof. Chunjiang Zhao

School of Chemical and Biological Engineering

University of Science and Technology Beijing

30 Xueyuan Road, Haidian District

Beijing 100083, P.R.CHINA

中图分类号：
U D C:

学校代码：
密 级：

10008
公开

北京科技大学博士学位论文

论文题目：玉米雄穗三维表型信息精准解析及关键性状基因挖掘分析

作者：徐波

指 导 教 师：赵春江 单位：北京科技大学化学与生物工程学院

职称：教授

指 导 小 组 成 员：万向元 单位：北京科技大学生物农业研究院

职称：教授

论文提交日期： 2025 年 5 月 30 日

学位授予单位：北京科技大学

摘 要

玉米,作为全球三大谷类作物之一,在保证世界粮食安全体系中占据着举足轻重的战略地位。传统的杂交育种技术成功推动了杂种优势利用效率的大幅提升,近年来发展的分子育种技术,在育种效率的飞跃、优异基因的深度挖掘、复杂性状的精准改良上展现出传统育种技术难以企及的显著优势,基因测序技术的发展成熟也为分子育种提供了便利。尽管如此,基因与性状之间的对应关系错综复杂,这使得在分子育种过程中,很难准确地根据基因来预测和控制性状,给育种工作带来了巨大的挑战。作物许多重要表型性状是多基因控制的数量性状,基于分子标记构建遗传连锁图谱来鉴定表型相关数量性状基因座(QTL)时,准确的表型数据是 QTL 定位的基础,然而,作物表型信息的高通量获取与高精度解译技术却发展滞后,形成了制约智慧育种全面突破的关键瓶颈。

玉米雄穗,作为玉米植株至关重要的生殖器官,其生长发育状态直接关系到玉米的产量与品质,是玉米育种研究的核心靶点之一。在玉米育种实践中,由于育种材料数量庞大,且雄穗有效调查周期极为有限,传统依靠人工调查和测量的方式暴露出诸多弊端。这种方式不仅所能调查的性状数量极为有限,难以满足现代育种对多维度、高通量调查数据的需求,而且成本高昂,严重制约了育种材料的筛选效率,成为阻碍玉米育种进程的一大障碍。

本研究致力于玉米雄穗多个维度高通量表型信息的提取和深度解析,旨在突破现有技术瓶颈,为玉米育种提供创新的技术手段与数据支撑。首先,通过深度融合前沿的深度学习算法,成功实现了玉米雄穗的高通量精准识别与计数,显著提升了检测效率与准确性,为精确掌握不同玉米材料的抽雄进度提供了坚实的技术保障。其次,本研究通过设计研发了先进、高效、低成本、高精度的三维表型获取平台,结合智能算法提取玉米雄穗的多个关键表型指标,为后续深入分析奠定丰富的数据基础。最后,创新性的利用所获取的高通量玉米雄穗表型数据实现对玉米材料分型预测及控制雄穗关键结构性状基因的挖掘,不但揭示了不同分型玉米材料雄穗结构表型参数的变异性情况,同时对控制雄穗的柄长度、主穗长度、分枝数等性状的基因进行了 GWAS 分析,利用功能注释和单倍型数据分析的方法预测出与雄穗发育和形态建成显著关联的候选基因。本研究成果不仅推动了高通量表型技术的创新与应用,也为提升分子育种效率提供了重要的技术支撑,具有显著的学术价值与应用前景。具体研究成果如下:

(1)玉米雄穗精准识别:本研究从两个关键维度展开深入探索,一是针对深度学习需要大量训练样本的难题,创新性地运用迁移学习方法对无人机采集的高清

数码图像中的玉米雄穗进行精准识别。实验结果表明,相较于未使用迁移学习的方法,基于迁移学习的 Faster R-CNN、SSD、YOLO_X 等算法在玉米雄穗检测效果上实现了较大精度的提升,其中,迁移学习后的 YOLO_X 算法表现最佳,识别精确度为 96.15%,召回率为 85.18%,准确度更是达到 98.83%,为玉米雄穗的高效识别提供了可靠的技术方案。二是针对玉米抽雄初期小目标雄穗检测精度较低的行业难题,本研究通过优化 RetinaNet 模型结构并引入注意力机制的方式,实现对小目标雄穗的识别,结果显示,迁移学习模式下,改进的 RetinaNet 模型对小目标雄穗的识别精确度为 99.01%,召回率为 92.89%,平均精度 98.83%,均比 Faster R-CNN、YOLO_X、SS 以及未改进的 RetinaNet 模型识别精度都要高,同时对比了改进的 RetinaNet 模型相较于其他模型,其识别精度更高。本研究从数据集和识别方法等两个维度对玉米雄穗识别进行了精度验证,结果为玉米抽雄进度的精准掌握提供了有力的技术支撑。

(2)玉米单株雄穗三维表型测量系统的创新研发及表型参数获取:成功开发了一套基于 TreeQSM 模型的玉米单株雄穗三维表型测量系统(TIPS)。该系统利用多视图几何及运动恢复结构技术,实现了对玉米单株雄穗 360°全方位图像的快速采集和三维点云重建,为表型参数提取提供了精确的数据基础。另外,首次将适用于树结构提取的定量结构模型 TreeQSM,创新性地应用于玉米雄穗主穗长度、分枝数、分枝长度和分枝角度等关键表型参数的提取上,实验对 37 个不同材料、52 株玉米雄穗样本的表型参数进行了深入分析,结果显示,TIPS 系统采集单株玉米雄穗图像数据的时间为 3 分 20 秒,基于 TreeQSM 模型提取的主穗长度、分枝数、分枝总长度和分枝角度等参数,其决定系数(R^2)分别高达 0.9637、0.9726、0.9354、0.8572,均方根误差(RMSE)分别低至 1.72、1.28、10.15、3.77,平均绝对误差(MAE)分别为 1.33、0.37、10.26、2.73,平均绝对百分比误差(MAPE)分别为 4.65%、9.17%、7.97%、19.67%,充分验证了该系统的高效、高精度与高可靠性。

(3)基于玉米雄穗三维结构表型的分型鉴定方法研究:利用自主研发的 TIPS 系统,采集了 3 种玉米材料分型(NSS, TST, SS)、1227 个自交系玉米关联群体的雄穗图像,利用 TreeQSM 算法,实现了 1194 组玉米雄穗主穗直径、冠高度、穗长度、柄长度、柄直径、分枝数、分枝总长度、平均冠直径、最大冠直径、凸包体积、冠层投影面积等 11 种典型结构表型参数的高通量提取。然后采用高斯模糊聚类算法,对提取的结构表型参数进行聚类分析。结果表明,在排除凸包体积参数的情况下,其他 10 个表型参数聚类效果最佳,其中,NSS 分型的预测精确度达到 67.7%,召回率 70.86%,TST 分型的预测精确度达到 78.5%,召回率 74.05%,并且参数的变异性顺序为:分枝数量>总分枝长度>主穗长度>柄直径>主穗直径>冠高>平均冠幅直径>柄长>冠面积>冠部平均直径>冠部凸包体积,该结果为玉米材料类

型的精准预测提供了一种新的方法与思路。

(4) 玉米雄穗三维结构表型关键性状基因挖掘分析：本研究基于对 398 份玉米材料雄穗三维结构表型的系统测定，获取了主穗长度、分枝数和柄长等 3 项关键性状数据。结合 264 万个高质量 SNP 基因型数据，采用 GAPIT 软件中的混合线性模型 (MLM) 开展全基因组关联分析 (GWAS)，共鉴定出 503 个位于不同染色体上的显著关联 SNP 位点。其中，多个染色体区段呈现 SNP 位点密集分布，提示这些区域可能为控制雄穗结构性状的重要基因组区域。在考虑玉米群体的连锁不平衡 (LD) 衰减距离 (约 50 kb) 的基础上，对显著 SNP 所在区域进行候选基因筛选，最终获得 962 个候选基因。功能注释与 GO/KEGG 富集分析结果显示，这些候选基因显著富集于生长发育、生殖过程、转录调控、信号转导及能量代谢等多个关键生物学通路，初步揭示了玉米雄穗形态建成相关的分子调控网络。进一步地，针对部分关键候选基因开展了单倍型分析，筛选出两个与雄穗发育密切相关的核心候选基因。群体单倍型结构与表型变异的相关性分析结果表明，特定位点的 SNP 多态性与主穗长度、分枝数等性状表现高度相关，验证了其在雄穗发育调控中的潜在功能。本研究系统解析了玉米雄穗三维结构表型的遗传基础，挖掘出多个与其发育与形态建成密切相关的候选功能基因，为深入揭示玉米雄穗发育的遗传调控机制及优异种质资源的分子改良提供了重要理论依据和基因资源支持。

关键词：玉米雄穗；表型；识别；GWAS；基因定位

Precise 3D Phenomic Analysis of Maize Tassels and Mining of Key Trait-Related Genes

ABSTRACT

Maize, as one of the three major cereal crops globally, holds a strategic position in ensuring world food security. Traditional hybrid breeding techniques have successfully driven significant improvements in the utilization efficiency of heterosis. In recent years, molecular breeding technologies have demonstrated unparalleled advantages over conventional methods in terms of breeding efficiency, deep mining of superior genes, and precise improvement of complex traits. The maturation of gene sequencing technologies has further facilitated molecular breeding. However, the intricate relationship between genes and traits makes it challenging to accurately predict and control traits based on genes during molecular breeding, posing significant obstacles to breeding efforts. Many important phenotypic traits in crops are quantitative traits controlled by multiple genes. When constructing genetic linkage maps based on molecular markers to identify phenotype-related quantitative trait loci (QTL), accurate phenotypic data form the foundation of QTL mapping. Yet, the high-throughput acquisition and high-precision interpretation of crop phenotypic information have lagged behind, creating a critical bottleneck that hinders comprehensive breakthroughs in smart breeding.

The maize tassel, a crucial reproductive organ of the maize plant, directly influences maize yield and quality, making it a core target in maize breeding research. In practical maize breeding, the vast number of breeding materials and the limited effective survey period for tassels have exposed numerous drawbacks in traditional manual survey and measurement methods. These methods are not only limited in the number of traits they can survey, failing to meet the modern breeding demand for multi-dimensional, high-throughput data, but also costly, severely constraining the efficiency of breeding material screening and becoming a major obstacle in maize breeding progress.

This study focuses on the extraction and in-depth analysis of high-throughput phenotypic information across multiple dimensions of maize tassels, aiming to break through existing technological bottlenecks and provide innovative technical means and data support for maize breeding. Firstly, by deeply integrating cutting-edge deep learning

algorithms, the study successfully achieved high-throughput accurate identification and counting of maize tassels, significantly improving detection efficiency and accuracy, and providing robust technical support for precisely monitoring the tasseling progress of different maize materials. Secondly, the study designed and developed an advanced, efficient, low-cost, and high-precision 3D phenotypic acquisition platform, combined with intelligent algorithms to extract multiple key phenotypic indicators of maize tassels, laying a rich data foundation for subsequent in-depth analysis. Finally, the study innovatively utilized the acquired high-throughput maize tassel phenotypic data to achieve precise prediction of maize material genotypes, thereby providing data support for studying the phenotypic variability of tassel structures in different genotypes. Meanwhile, a GWAS analysis was conducted on genes controlling traits such as peduncle length, main spike length, and branch number of the tassel. Using functional annotation and haplotype data analysis methods, candidate genes significantly associated with tassel development and morphogenesis were predicted. The research outcomes not only promote the innovation and application of high-throughput phenotypic technologies but also provide significant technical support for enhancing molecular breeding efficiency, demonstrating noTab. academic value and application prospects. Specific research achievements are as follows:

(1) Precise Identification of Maize Tassels: This study conducts an in-depth exploration from two key dimensions. First, to address the challenge of deep learning requiring extensive training samples, we innovatively applied transfer learning for accurate identification of maize tassels in high-definition digital images captured by UAVs. Experimental results demonstrate that compared to methods without transfer learning, algorithms such as Faster R-CNN, SSD, and YOLO_X with transfer learning achieved significant improvements in maize tassel detection accuracy. Notably, the transfer learning-enhanced YOLO_X algorithm exhibited optimal performance, with a precision of 96.15%, recall of 85.18%, and accuracy reaching 98.83%, providing a reliable technical solution for efficient maize tassel identification. Second, targeting the industry-wide challenge of low detection accuracy for small-target tassels during early maize tasseling stages, this study optimized the RetinaNet model architecture by incorporating an attention mechanism to achieve improved small-target tassel recognition. Results show that under transfer learning, the enhanced RetinaNet model achieved 99.01% precision, 92.89% recall, and 98.83% mean average precision (mAP) for small-target tassels - outperforming Faster R-CNN, YOLO_X, SSD, and the original RetinaNet model

in recognition accuracy. Comparative analysis further confirmed the superior recognition precision of the improved RetinaNet model. Through methodological improvements in both dataset processing and recognition approaches, this study has achieved higher-precision identification of maize tassels, particularly for small-target specimens, representing a significant advancement in the field.

(2) Innovative Development of a 3D Phenotypic Measurement System for Maize Tassels and Phenotypic Parameter Extraction: A 3D phenotypic measurement system for maize tassels (TIPS) based on the TreeQSM model was successfully developed. This system utilizes multi-view geometry and structure-from-motion (SFM) technology to achieve rapid 360° image acquisition and 3D point cloud reconstruction of maize tassels, providing a precise data foundation for phenotypic parameter extraction. For the first time, the TreeQSM model, originally designed for tree structure extraction, was innovatively applied to extract key phenotypic parameters such as main axis length, branch number, branch length, and branch angle of maize tassels. Experiments analyzed phenotypic parameters from 37 different materials and 52 maize tassel samples. Results showed that the TIPS system captured single maize tassel image data in 3 minutes and 20 seconds. The TreeQSM model extracted parameters with determination coefficients (R^2) of 0.9637, 0.9726, 0.9354, and 0.8572 for main axis length, branch number, total branch length, and branch angle, respectively, with root mean square errors (RMSE) as low as 1.72, 1.28, 10.15, and 3.77, and mean absolute errors (MAE) of 1.33, 0.37, 10.26, and 2.73, respectively. The mean absolute percentage errors (MAPE) were 4.65%, 9.17%, 7.97%, and 19.67%, fully validating the system's efficiency, high precision, and reliability.

(3) Genotype Identification Method Based on 3D Structural Phenotypic Parameters of Maize Tassels: Using the self-developed TIPS system, tassel images from 1,227 inbred lines of maize association populations with three genotypes (NSS, TST, SS) were collected. The TreeQSM algorithm was employed to achieve high-throughput extraction of 11 typical structural phenotypic parameters, including tassel spike diameter, crown height, tassel spike length, stalk length, stalk diameter, branch number, total branch length, average crown diameter, maximum crown diameter, convex hull volume, and crown projection area among 1194 inbred lines of maize. Gaussian fuzzy clustering was then applied to analyze the extracted structural phenotypic parameters. Results showed that, excluding the convex hull volume parameter, the clustering effect of the other 10 phenotypic parameters reached its optimal state. The prediction accuracy for NSS was 67.7%, The recall rate is 70.86%, and for TST, it was 78.5%, The recall rate is 74.05%.

The variability order of the parameters was: branch number > total branch length > main spike length > stalk diameter > main spike diameter > crown height > average crown diameter > stalk length > crown area > average crown diameter > convex hull volume. These results provide a new method and approach for precise prediction of maize genotypes, offering valuable insights for maize breeding and genetic research.

(4) Mining and Analysis of Key Trait Genes for Three-Dimensional Structural Phenotypes of Maize Tassels: This study systematically measured the three-dimensional tassel phenotypes of 398 maize accessions, obtaining key trait data including main spike length, branch number, and stalk length. By integrating 2.64 million high-quality SNP genotypes, a genome-wide association study (GWAS) was performed using the Mixed Linear Model (MLM) in the GAPIT software, identifying 503 significant SNP loci distributed across different chromosomes. Notably, multiple chromosomal regions exhibited dense SNP clustering, suggesting their potential role as critical genomic regions regulating tassel architecture. Based on the linkage disequilibrium (LD) decay distance (~50 kb) in the maize population, candidate genes within the significant SNP regions were screened, yielding 962 candidate genes. Functional annotation and GO/KEGG enrichment analysis revealed that these genes were significantly enriched in key biological pathways, including growth and development, reproductive processes, transcriptional regulation, signal transduction, and energy metabolism, preliminarily uncovering the molecular regulatory network underlying maize tassel morphogenesis. Furthermore, haplotype analysis was conducted on selected key candidate genes, identifying two core candidate genes closely associated with tassel development. Correlation analysis between population haplotype structure and phenotypic variation demonstrated that specific SNP polymorphisms were highly correlated with traits such as main spike length and branch number, validating their potential regulatory roles in tassel development. This study systematically dissected the genetic basis of three-dimensional tassel architecture phenotypes in maize, uncovering multiple candidate functional genes critical for tassel development and morphogenesis. The findings provide important theoretical insights and genetic resources for further elucidating the genetic regulatory mechanisms of maize tassel development and facilitating molecular breeding of elite germplasm.

KeyWords: Tassel ; Phenotype ; Identify ; GWAS ; Gene mapping

目 录

1 引言.....	1
1.1 研究背景.....	1
1.2 研究意义.....	5
2 文献综述.....	7
2.1 国内外研究现状与进展.....	7
2.1.1 玉米表型提取和分析技术研究现状.....	7
2.1.2 玉米雄穗识别技术研究进展.....	8
2.1.3 玉米雄穗三维结构表型获取技术研究进展	11
2.1.4 玉米高通量表型性状基因挖掘研究进展	13
2.2 研究内容与目标.....	15
2.3 研究技术路线.....	16
3 基于无人机图像的玉米雄穗识别研究	18
3.1 材料与方法.....	18
3.1.1 研究区概况.....	18
3.1.2 数据获取及预处理.....	19
3.1.3 数据处理方法.....	20
3.1.4 精度评价方法.....	30
3.2 结果与分析.....	30
3.2.1 迁移学习方法下玉米雄穗检测结果.....	30
3.2.2 基于 RetinaNet 模型多策略优化的玉米小目标雄穗检测结果	33
3.2.3 迁移学习下改进的 RetnaNet 模型对玉米小目标雄穗检测结果	34
3.3 讨论.....	37
3.3.1 数据集对迁移学习后模型检测精度的影响	37
3.3.2 不同玉米品种对模型检测精度的影响	38
3.3.3 不同种植密度对模型检测精度的影响	40
3.3.4 图像分辨率对改进的 RetinaNet 模型雄穗检测精度的影响	41
3.3.5 光照强度对改进的 RetinaNet 模型雄穗检测精度的影响	43
3.4 本章小结.....	44
4 基于 TREEQSM 的玉米单株雄穗三维表型获取.....	45
4.1 材料与方法.....	45
4.1.1 研究区域.....	45
4.1.2 数据获取平台设计.....	46

4.1.3 单株玉米雄穗表型参数实测数据获取	49
4.1.4 点云重建和空间尺度校正.....	51
4.1.5 玉米雄穗表型参数的提取.....	54
4.1.6 精度评价方法.....	59
4.2 结果与分析.....	59
4.2.1 点云空间尺度校正系数提取结果.....	59
4.2.2 基于 TreeQSM 的表型参数提取结果.....	61
4.3 讨论.....	65
4.3.1 TIPS 数据采集的优点	65
4.3.2 光照强度对雄穗三维点云重建质量的影响	68
4.3.3 背景噪声对雄穗三维点云重建质量的影响	69
4.3.4 拍摄角度和图像数量对表型参数提取的影响	70
4.3.5 雄穗穗型对拓扑结构重建的影响.....	75
4.4 本章小结.....	76
5 基于玉米雄穗三维表型的分型鉴定研究	77
5.1 材料与方法.....	77
5.1.1 数据获取.....	77
5.1.2 原始点云的预处理.....	79
5.1.3 表型参数的测量和提取.....	80
5.1.4 分类方法.....	81
5.1.5 精度评价方法.....	83
5.2 结果与分析.....	84
5.2.1 雄穗三维拓扑结构的重建结果.....	84
5.2.2 点云空间变异性分析与提取结果.....	84
5.2.3 表型参数相关性及其重要性分析结果.....	87
5.2.4 不同种质材料分型鉴定结果.....	88
5.2.5 不同表型参数组合下的聚类结果.....	89
5.3 讨论.....	92
5.3.1 不同分类方法结果的比较.....	92
5.3.2 不同分类方式下的结果.....	94
5.3.3 预测值与实测值聚类结果的比较.....	95
5.4 本章小结.....	95
6 玉米雄穗三维表型关键性状基因挖掘分析	97
6.1 材料和方法.....	97
6.1.1 雄穗结构表型数据.....	97
6.1.2 全基因组关联分析.....	98
6.1.3 GWAS 候选基因功能注释	98
6.1.4 候选基因的单倍型分析.....	98

6.2 结果与分析.....	99
6.2.1 全基因组关联分析.....	99
6.2.2 GWAS 候选基因功能注释	102
6.2.3 不同种质材料分型鉴定结果.....	106
6.3 讨论.....	110
6.3.1 全基因组关联分析.....	110
6.3.2 GWAS 候选基因功能注释	111
6.3.3 不同种质材料分型鉴定结果.....	111
6.4 本章小结.....	112
7 结论与展望.....	113
7.1 结论.....	113
7.2 创新点.....	114
7.3 研究展望.....	115
参考文献.....	118

插图清单

图 1-1 分子育种主要技术流程.....	2
图 1-2 玉米雄穗结构示意图.....	3
图 1-3 多态性分子标记 (SNP/SSR) 的群体遗传分析分类过程	5
图 2-1 作物表型高通量获取主要传感器类型.....	8
图 2-2 大小目标雄穗田间表现.....	10
图 2-3 雄穗穗型结构.....	11
图 2-4 GWAS 分析流程.....	15
图 2-5 技术路线图.....	17
图 3-1 研究区域和实验设计.....	18
图 3-2 御 2 无人机.....	19
图 3-3 Faster R-CNN 网络结构图	21
图 3-4 SSD 网络结构.....	22
图 3-5 YOLO_X 网络结构	23
图 3-6 迁移学习示意图.....	24
图 3-7 RetinaNet 网络结构.....	25
图 3-8 残差模块的结构.....	25
图 3-9 优化后的特征金字塔网络结构.....	29
图 3-10 卷积块注意力机制网络结构.....	29
图 3-11 迁移学习前后不同检测模型损失率变化.....	32
图 3-12 迁移学习前后不同检测模型检测结果.....	33
图 3-13 不同检测模型对小目标雄穗的识别结果.....	36
图 3-14 不同品种玉米雄穗形态.....	38
图 3-15 不同分辨率图像下改进的 RetinaNet 模型检测结果.....	42
图 3-16 不同光照条件下改进的 RetinaNet 模型检测结果.....	43
图 4-1 实验区.....	45
图 4-2 TIPS 系统组成.....	46
图 4-3 TIPS 图像采集系统.....	47
图 4-4 TIPS 实物.....	48
图 4-5 分枝角度测量示意图.....	49
图 4-6 点云重建和空间尺度校正.....	52
图 4-7 单株雄穗点云生成过程.....	53
图 4-8 52 株玉米雄穗点云重建结果.....	53
图 4-9 基于 TreeQSM 算法的玉米雄穗参数提取流程图.....	55
图 4-10 TreeQSM 算法的点云面元集合生成.....	56
图 4-11 分叉识别过程的示意图.....	57
图 4-12 点云圆柱体拟合.....	58
图 4-13 校正线 L1: 红色校正线 L2: 黑色校正线.....	59
图 4-14 空间尺度校正系数分布.....	60
图 4-15 预测 (左) 和实测 (右) 的表型参数分布.....	62
图 4-16 雄穗分枝数与分枝总长度的相关性.....	63
图 4-17 四个表型参数提取精度.....	64
图 4-18 扫描仪的六个扫描位置.....	66
图 4-19 部分雄穗拓扑重建结果.....	67
图 4-20 四个表型参数的提取精度.....	67
图 4-21 基于不同图像组合的表型参数提取性能.....	74

图 4-22 紧凑型玉米雄穗的点云重建.....	75
图 4-23 雄穗分枝拓扑结构.....	75
图 5-1 玉米雄穗点云分离.....	80
图 5-2 雄穗的凸包体积与凸包冠层面积.....	81
图 5-3 TreeQSM 拓扑结构重建结果.....	84
图 5-5 表型参数的相关性.....	87
图 5-6 表型参数重要性排序.....	88
图 6-1 柄长度、穗长度、分枝数直方图.....	98
图 6-2 分枝数的 GWAS 曼哈顿图、QQ 图和显著位点密度图.....	100
图 6-3 穗长度的 GWAS 曼哈顿图、QQ 图和显著位点密度图.....	101
图 6-4 柄长度的 GWAS 曼哈顿图、QQ 图和显著位点密度图.....	102
图 6-5 候选基因的 GO 富集分析.....	104
图 6-6 候选基因的 KEGG 富集分析.....	106
图 6-7 GRMZM2G471529 基因结构分析.....	107
图 6-8 GRMZM2G471529 优势单倍型.....	108
图 6-9 GRMZM2G140763 基因结构分析.....	109
图 6-10 GRMZM2G140763 优势单倍型.....	110

附表清单

表 3-1 深度学习方法在不同场景下的数据集构成.....	20
表 3-2 迁移学习前后不同检测模型结果对比.....	31
表 3-3 基于 RetinaNet 模型多策略优化的玉米小目标雄穗检测结果.....	34
表 3-4 不同模型检测精度.....	35
表 3-5 不同玉米品种雄穗的检测结果 (n=64)	39
表 3-6 不同种植密度条件下不同模型的雄穗识别结果.....	41
表 4-1 表型参量测量示意图.....	49
表 4-2 测量数据情况.....	50
表 4-3 实测 52 组玉米雄穗表型参数结果分布.....	50
表 4-4 几种不同形状的规则物体体积测量.....	51
表 4-5 不同算法提取的表型参数.....	54
表 4-6 体积校准结果.....	60
表 4-7 TreeQSM 分析结果.....	61
表 4-8 未经校正的主穗长度和总分枝长度的提取精度.....	64
表 4-9 四个表型参数经校正后的提取精度.....	64
表 4-10 基于 Artec3DLeo 扫描仪的玉米雄穗点云重建结果.....	66
表 4-11 Faro Focus S350 扫描数据的提取精度.....	67
表 4-12 玉米雄穗三维拓扑重建结果.....	68
表 4-13 玉米雄穗拓扑重构.....	70
表 4-14 三维拓扑重建结果.....	71
表 4-15 基于不同图像组合的表型参数提取精度.....	74
表 5-1 玉米雄穗材料.....	77
表 5-2 表型参量测量示意图.....	78
表 5-3 实测数据基本情况.....	79
表 5-4 不同算法提取的表型参数.....	81
表 5-5 高斯模糊聚类 (GFC) 中主要变量的定义.....	83
表 5-6 提取的表型参数变异性结果.....	86
表 5-7 高斯模糊聚类 (GFC) 结果.....	89
表 5-8 不同参数组合.....	89
表 5-9 不同参数组合下的分类结果.....	90
表 5-10 基于不同机器学习方法的分类结果.....	92
表 5-11 基于不同聚类方法的分类结果.....	94
表 5-12 不同分类方式的结果.....	95
表 5-13 预测值与测量值分类结果的比较.....	95
表 6-1 柄长度、穗长度、分枝数表型统计学分析.....	97

1 引言

1.1 研究背景

玉米，作为世界三大谷类作物之一，在全球粮食体系中占据着举足轻重的地位^[1]。其产量对于确保全球粮食安全起着至关重要的作用。在我国，玉米的种植范围极为广泛，其身影遍布大江南北，我国主要的玉米种植区域涵盖了多个不同的地理环境与气候带，包括土地肥沃、适宜大规模机械化作业的东北产区；地处中原、以黄淮海平原为核心的黄淮海平原产区，凭借灌溉优势发展农业的西北灌溉玉米区，地形复杂、山地众多的西南山地区，以及高海拔、气候独特的青藏高原产区。

在 2024 年，我国玉米产业取得了令人瞩目的成绩，总产量达到 28884.2 万吨。与 2023 年相比，产量实现了显著增长，增产幅度高达 121.5 亿斤，这一增长不仅为我国粮食供应的稳定提供了坚实保障，更是成为推动农业增产和农民增收的重要力量。农业增产意味着更多的粮食供应，有助于稳定市场价格，保障民生；而农民增收则直接关系到农村经济的发展和农民生活水平的提高，对促进乡村振兴战略的实施具有重要意义。

种子，素有“农业芯片”之称，在玉米产量提升方面发挥着核心作用，相关研究表明，种子对玉米产量的贡献率超过 45%，这意味着，优良的种子是实现玉米高产的关键因素之一，因此，不断提高育种水平和效率，对于提升我国玉米良种率至关重要^[2,3]。只有培育出更多高产、优质、抗逆性强的玉米良种，才能满足日益增长的粮食需求，应对气候变化、病虫害侵袭等各种挑战，保障我国的粮食安全。

近年来发展的分子育种技术，在育种效率的飞跃、优异基因的深度挖掘、复杂性状的精准改良上展现出传统育种技术难以企及的显著优势,如图 1-1 所示，分子育种技术主要是通过对大量个体表型进行精准分析，结合遗传群体构建和分子标记技术，可快速将目标基因定位到较小染色体区域，提高基因定位效率，减少后续基因克隆和功能验证的工作量，尽管基因检测技术已经成熟，然而，大量个体表型性状的获取是当前制约分子育种效率的瓶颈，传统通过人工调查的手段由于效率低、投入大，难以大规模推广应用，特别是对作物变化较快的表型信息进行高通量获取时，往往是还未调查完，信息已经改变，最终导致调查数据不足，无法满足基因定位分析的需要，因此，高效获取作物表型高通量信息技术是实现基因挖掘的热点研究方向。

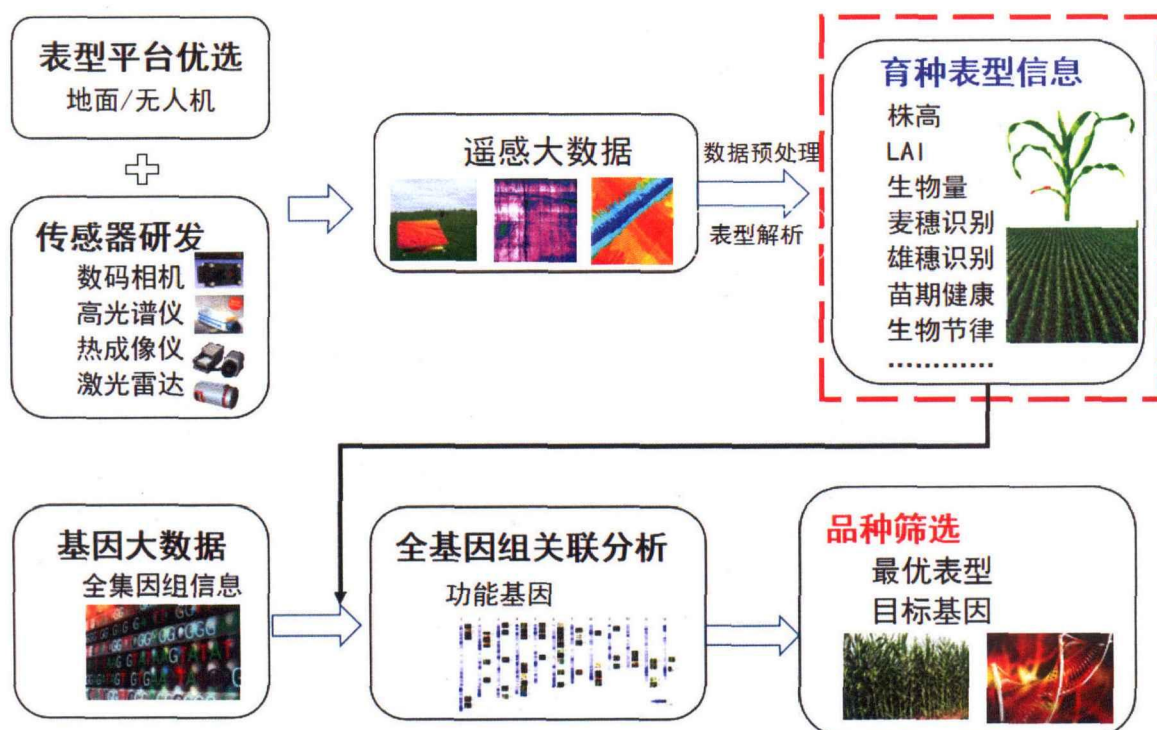


图 1-1 分子育种主要技术流程

Fig. 1-1 Main technical process of molecular breeding

玉米的表型分类涵盖多个方面，包括形态特征（如株高、茎粗、叶片性状、穗型和籽粒类型）、发育特性（如生育期、吐丝-抽雄间隔期）、生理指标（如光合效率、抗逆性）、产量相关性状（如穗粒数、百粒重、单株产量）、抗性性状（如抗病性、抗虫性、抗倒伏能力）、品质特性（如淀粉、蛋白质、油脂含量）以及环境响应特性等。这些表型特征共同决定了玉米的农艺性能、环境适应性和经济价值，是育种、遗传研究和栽培管理的重要依据。

玉米雄穗作为玉米主要的生殖器官，其形态学和发育表型分析是遗传育种和农业生产的重要环节。如图 1-2 所示，玉米雄穗主要由主穗和分枝构成，不同雄穗在主穗长度、分枝数量、分枝角度、分枝长度等特征上具有明显的区别，研究表明，玉米雄穗的结构与花粉产量和授粉效率直接相关，这不仅可以影响最终的籽粒产量，还关乎自交系的留存^[4]。然而，雄穗分枝过于密集以及雄穗尺寸过大并不会促进玉米的最终产量，反而会产生负面影响^[5,6]。另一方面，抽雄进度的早晚，直接影响到玉米能否在最佳的时间进行授粉，进而影响到结实率和产量。

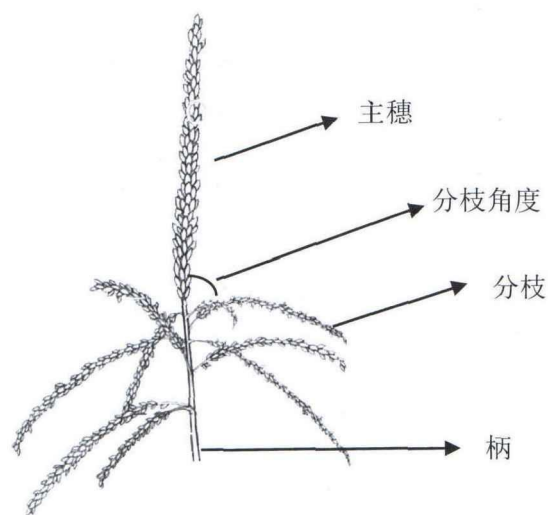


图 1-2 玉米雄穗结构示意图

Fig.1-2 Schematic Diagram of Maize Tassel Structure

玉米是雌雄同株的作物，自花授粉不利于优良品种的产生和筛选，最大限度实现异花授粉对种子质量的提升具有重要意义^[7-8]。一般的，受环境的影响，玉米抽雄时间及进度差异明显，传统依靠人工现场调查的方法效率较低，难以有效及时掌握玉米雄穗的抽雄状态，去雄不及时导致异花授粉的比例较低，基于无人机平台的玉米冠层图像获取技术已经非常成熟，国内以大疆无人机为代表，发展了例如精灵和御等系列无人机，能高效获取大面积玉米高清图像数据，能为进一步的图像分析提供数据支持，而计算机视觉技术在图像识别中发挥着核心作用，基于深度学习的目标检测算法，如 Faster R-CNN、SSD、YOLO 系列等，被广泛应用于玉米雄穗图像识别。研究人员利用大量标注好的玉米雄穗图像样本对这些模型进行训练，模型学习到雄穗的外观形态、颜色分布、纹理特征等关键信息后，便能在新采集的无人机影像中以极高的精确度识别出雄穗，进而为育种工作者提供高可靠、高通量的玉米雄穗抽雄状态信息，然而对于小目标雄穗的识别精度还不高，需要进一步优化模型质量。

除了玉米抽雄状态调查对育种意义重大之外，玉米雄穗穗型结构对产量和籽粒品质的形成也至关重要，因此对雄穗穗型结构的基因定位是当前玉米育种工作中一项热门的研究方向，传统人工调查是一项高成本且复杂的工作，而且雄穗较弱，测量过程中容易发生折断现象，并且雄穗在离开植株以后由于失水较快而导致其形态极易发生改变，人工测量不及时容易造成结果误差较大，不仅如此，对于雄穗分枝角度、体积的测量依靠人工是很难完成的。

对于玉米雄穗表型参数的高通量提取，其目的是为分子育种中基因定位服务的。近年来，在全基因组关联分析（GWAS）技术的支持下，越来越多的玉米雄穗表型性状已被成功定位^[9-13]，包括穗位高^[14, 15]、株高^[16, 17]，籽粒代谢^[18]等。玉米雄穗表型性状作为

被研究最频繁的数量性状之一，到目前为止，已经鉴定出数百个与雄穗形态相关的数量性状位点（QTL）^[19]。大多数雄穗性状，包括雄穗长度、分枝长度、分枝数量、茎粗、主穗直径、茎长等，都能够简便、低成本且准确地进行量化，这使得玉米雄穗结构成为数量性状位点研究的易操作体系之一^[9,20-22]。

GWAS 分析能很好解决作物表型性状和基因位点的定位问题，也是现代分子育种技术最常用基因定位方法，对于材料样本量巨大的情况下，GWAS 分析需要测定的基因数据是庞大的，数据分析过程也是繁琐的。在材料筛选初期，可以利用一种快速高效的初筛方法能很好的解决生产成本和时间效率问题，其中利用玉米表型实现对基因分型的聚类能很好解决这一问题。而且此类研究也较多，有从植株表型到器官表型进行材料分型聚类，也有从一维表型到多维动态表型数据的材料分型聚类，各有特色，效果也较好。目前，有一种基于使用 STRUCTURE 软件通过贝叶斯马尔可夫链蒙特卡（BMCMC）程序分析的结果^[23,24]，可以将玉米材料的类型划分为 TST、NSS、SS、MIXED 四种，该种分类方法是利用多态性分子标记（SNP/SSR）的群体遗传分析方式进行分类的，如图 1-3 所示，首先提取高质量 DNA，利用芯片或测序技术进行全基因组标记分型；随后进行群体遗传分析，包括主成分分析（PCA）和基于模型的群体结构分析（如 STRUCTURE 或 ADMIXTURE），将材料初步划分为不同亚群；再结合已知参考材料（如 B73 代表 NSS、Mo17 代表 SS）的基因型数据，通过遗传距离计算（如 FST）和系统发育树构建进一步验证分类；最终根据个体在特定群体中的祖先成分比例（如 $\geq 60\%$ 判定为 SS/NSS/TST，其余判定为 MIXED）及热带特有标记（TST）确定分型结果，并通过统计检验和可视化（PCA 图、结构柱状图）确认群体划分的可靠性。不同类型种质资源具有独特的特性，热带和亚热带（TST）型，其玉米种质资源适应热带和亚热带气候，具有能在炎热潮湿环境中良好生长的核心性状，并且这种类型的种质资源具有较强的抗旱性和抗病虫能力。非硬秆（NSS）型和硬秆（SS）型玉米种质资源是美国先锋公司的 Duvick 博士根据亲本的不同需求对玉米杂交种进行分类的方式，NSS 被归类为父本，其特点是散粉质量高，茎秆相对柔软，穗位较高，与 SS 群配合力好，而 SS 被归类为亲本，其特点是茎秆坚硬、抗倒伏性强，穗位较低，通常与 NSS 群材料杂交以产生高产组合。但这种分类方法较为复杂，需要大量的分子标记数据，而这些数据并非轻易可得。然而，利用雄穗表型参数进行聚类，并对材料分型进行预测是高效且易用的。

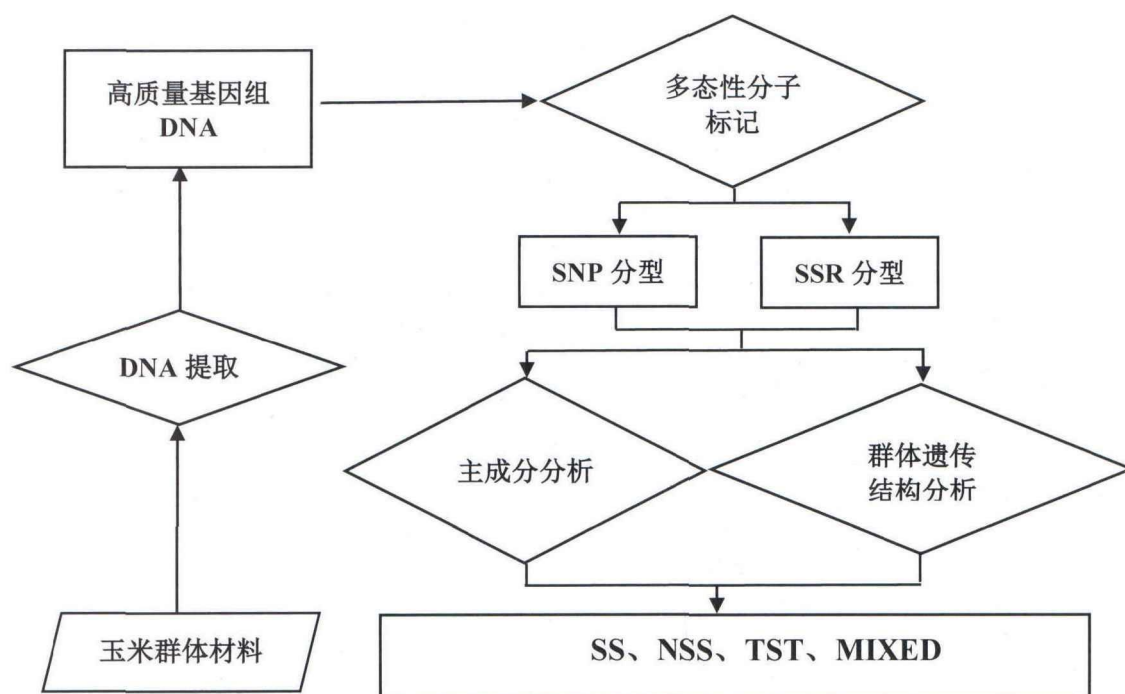


图 1-3 多态性分子标记 (SNP/SSR) 的群体遗传分析分类过程

Fig.1-3 Classification process of population genetic analysis using polymorphic molecular markers (SNP/SSR)

1.2 研究意义

本研究的意义主要体现在三个方面，分别为提升玉米育种效率、降低育种成本，对表型分析的手段提供了一种新的方法。

掌握雄穗生长及结构信息方面：玉米雄穗的抽雄进度及形态结构对授粉效果和材料筛选起着关键作用，及时、准确、高效掌握其生长动态信息及结构信息，有助于玉米育种工作的开展，为育种过程提供重要参考依据。

解决人工调查局限方面：传统依靠人工现场调查雄穗抽雄状态的方法效率低，难以有效及时掌握情况，而利用无人机平台获取玉米冠层图像结合计算机视觉技术中深度学习的目标检测算法，可高效准确识别雄穗，为育种工作者提供高可靠、高通量的抽雄状态信息。

解决雄穗形态结构参数测量难题方面：人工测量雄穗形态结构参数存在成本高、结果误差大以及部分参数难以测量等问题，基于信息技术的表型高通量自动获取技术能提供支持，并且提高了测量的效率和精度，保障了育种工作中对雄穗相关参数获取的准确性和有效性。

解决二维图像局限方面：基于二维图像的方法受拍摄角度影响、缺乏深度信息，因此部分数据难以获取，而使用三维点云技术能较好解决这个问题，不同的三维点云重建数据源各有优劣，本研究相关探索有助于找到更合适的方式来获取高质量的玉米雄穗三

维数据，利于表型研究开展。

结构参数提取方面：目前结构参数提取方法中不同方式各有特点，本研究提供的 TreeQSM 算法在提取玉米雄穗结构表型参数方面具有较大的优势。

对玉米材料的分型进行预测的意义：基于雄穗表型参数对材料分型进行预测是高效且易用的，本研究对辅助育种材料筛选，提高育种效率，以及克服现有分类方法复杂、对大量分子标记数据需求不易满足的问题具有重要意义。

玉米雄穗结构表型性状基因挖掘的意义：玉米雄穗是玉米重要的生殖器官，对籽粒产量和品质的形成至关重要，利用玉米雄穗结构参数的高通量信息为候选基因挖掘提供了高效的研究手段，并且使 QTL 定位分辨率提升 2-3 倍，显著加速了重要农艺性状基因的鉴定效率。

2 文献综述

2.1 国内外研究现状与进展

2.1.1 玉米表型提取和分析技术研究现状

玉米表型是其基因与环境互作的外在表现,包括植株形态、叶片结构、穗部特征等众多性状,精准的表型分析可为玉米遗传育种、生长调控、抗逆性研究等提供关键依据。随着科技的迅猛发展,玉米表型分析技术从传统走向智能化、高通量化,不断推动玉米产业前进。

早期,玉米表型主要依赖人工测量,科研人员手持量具,测量株高、茎粗、叶长、穗位高等指标,用肉眼观察叶片颜色、病虫害症状等。这种方法虽然直接、简单,但存在效率低、主观性强、易损伤植株等弊端,难以满足大规模育种及精细研究的需求,且数据准确性易受人员操作熟练程度和疲劳度的影响。

如图 2-1 所示,目前,对作物表型高通量信息获取的传感器类型较多,不同类型获得的表型参数都不一样,总结起来,主要有图像类和非图像类,图像类包含各类光谱传感器,非图像类主要是激光点云。成像类传感器多光谱和高光谱成像技术可捕捉玉米在不同波段的反射光谱。不同波段对应玉米不同组织、生理状态的特征吸收或反射峰,如近红外波段反映叶片含水量,红光波段与光合作用相关,主要的设备有美国 micasense 系统多光谱、headwall 高光谱,德国 cubert 公司 UHD185 和 X20p 高光谱,国内大疆系列多光谱,长光宇辰多光谱系列以及无锡双利合谱科技有限公司多光谱和高光谱系列相机等。通过分析光谱数据,能无损监测玉米氮素营养状况、病虫害侵染程度、干旱胁迫响应等。但其数据量大、光谱解析复杂,需要专业的光谱分析知识和软件支持。

热红外成像依据玉米植株温度差异成像,可识别水分胁迫下叶片气孔关闭导致的温度变化,用于评估植株水分平衡、灌溉需求。但易受环境温度、光照等因素干扰,空间分辨率不高,绝大部分分辨率为 640×512 ,温度误差 2°C 左右,针对农作物检测的误差较大,需结合实地环境数据校正,以提高表型分析准确性。

随着数码摄像设备的普及,二维图像被越来越多的用于玉米表型数据的采集,通过拍摄玉米植株顶部、侧面等多个角度照片,利用图像处理软件提取特征。例如,依据图像灰度差异识别叶片轮廓、计算叶面积等;根据颜色特征判断叶片衰老、黄化程度等。二维图像的优势在于非接触、操作相对简便,可获取大量样本图像,但难以精确反映植株三维空间结构信息,特别是对于重叠叶片、弯曲穗部的表型信息提取存在较大误差。

激光扫描、结构光成像等三维重建技术逐渐兴起,激光扫描能快速获取玉米植株表面点云数据,经算法处理构建三维模型,精准测量植株体积、空间姿态等复杂性状,国

内用得较多的是法如系列雷达；结构光成像利用三角测量原理和光的反射、折射等特性，结合相机拍摄，同样实现物体的三维重建，这些技术虽然提供了更丰富的植株空间结构信息，但是设备昂贵、数据处理复杂，对操作人员专业素养要求高，限制了应用，如深度相机等。针对作物三维结构信息获取而言，利用多视角图像信息重构作物三维结构的方法，能很好的实现结构表型参数的精准、高通量提取。

获取玉米表型信息的手段和方法较多，在便携性、经济型及易操作性方面差异较大。传统测量玉米表型的手段精度高，经济性和效率较差；激光雷达、多光谱、热红外、高光谱系列传感器虽然获取数据方便，但价格昂贵；利用廉价的高清数码图像来提取玉米表型信息的手段简单、经济又高效，通过开发数据提取算法可以提取多种表型参数，是未来发展的重要方向。

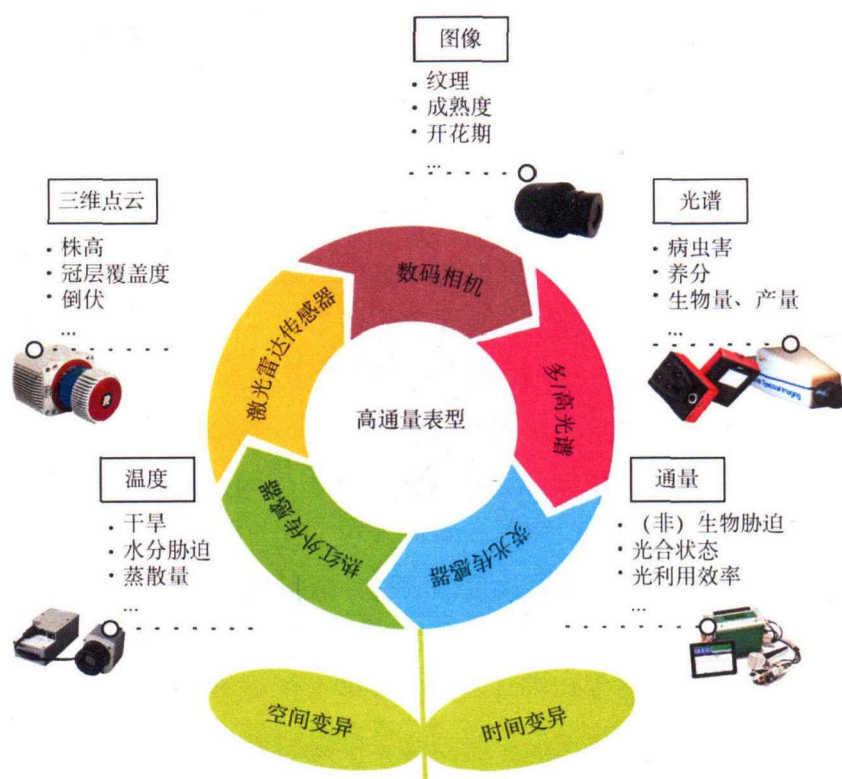


图 2-1 作物表型高通量获取主要传感器类型

Fig. 2-1 Main sensor types for high-throughput crop phenotyping acquisition

2.1.2 玉米雄穗识别技术研究进展

在过往的玉米雄穗识别领域，传统方法主要围绕色彩空间与机器学习展开^[25,26]。Tang 等人^[27]精心设计了一种基于色调-饱和度-强度 (HSI) 色彩空间的图像分割算法，旨在从复杂的图像背景中精准提取玉米雄穗，并提出了一套完整的玉米雄穗识别方法。通过一系列的实验验证，该方法成功地实现了从图像中有效提取玉米雄穗部分，并且对其进行了准确的空间定位，为后续的分析与处理提供了基础。

Kurtulmuş 等人^[28]则另辟蹊径,提出了一种创新的检测算法,将传统彩色图像与机器学习有机结合,实现玉米雄穗的去除检测,该算法首先利用图像 RGB 信息,采用支持向量机算法对图像进行二值化处理,从而将图像中的目标与背景进行初步分离;然后,利用形态学分析方法,进一步对玉米雄穗的位置进行了初步判定;并且在此基础上,利用聚类分析方法,将多次检测到的雄穗位置进行叠加分析,最后精确定出雄穗的位置信息,结果证明,该算法能够在彩色图像中成功检测到雄穗,为玉米雄穗的检测提供了一种新的思路。Zheng 等人^[29]采用了不同的技术路径,将红绿蓝(RGB)色彩空间下的玉米图像转换到 HSI 空间,针对色调分量展开一系列操作,首先进行二值化处理,初步区分目标与背景;接着进行滤波和去噪,剔除图像中的干扰信息;再运用形态学处理,优化目标的形态特征,经过这些步骤后,生成矩形框区域,最后利用学习矢量量化神经网络,对生成的区域进行筛选,确认并去除误检部分,这一系列操作使得该方法显著提高了玉米雄穗的分割精度,为玉米雄穗识别技术的发展做出了贡献。

近年来,随着科技的飞速发展,无人机遥感技术^[30-33]与计算机视觉技术^[34,35]在农业领域展现出巨大的应用潜力,有力地推动了农业智能监测技术的发展。无人机因为使用方便、价格低、监测效率高等特点,近年来越来越多的用作农业数据的采集工具。它能够快速、灵活地获取大面积农田的图像数据,为后续的分析提供丰富的素材。而计算机视觉分析技术借助先进的深度学习算法,在图像分割、图像分类以及目标检测^[36-39]等关键领域发挥着越来越重要的作用,为农业智能监测提供了强大的技术支持。

随着深度学习的算法被大量应用在无人机遥感技术上,已经涌现出了大量的研究成果。例如, Lu 等人^[40]创新性地提出了 TasselNet 模型,该模型通过局部回归网络对玉米雄穗进行精确计数,并公开了具有重要参考价值的玉米雄穗数据集,为后续相关研究提供了有力的数据支撑。Liang 等人^[41]提出 SSDMobileNet 模型,该模型具有独特的优势,能够便捷地部署在无人机系统上,特别适合用于玉米雄穗的识别任务。Yang 等人^[42]对无锚框 CenterNet 目标检测模型进行了针对性的改进,使其能够更高效地检测玉米雄穗,进一步提升了检测的效率与准确性。Mao^[43]利用深度学习加注意力机制的方法实现了小麦病害的识别, Liu 等人^[44]则利用 Faster R-CNN 模型,通过替换不同的主干特征提取网络来探索最优的检测方案,最终得出结论:在玉米雄穗的特征提取方面,残差网络(ResNet)^[45]的效果明显优于视觉几何组网络(VGGNet)^[46]。

然而,大田环境一般较为复杂,不同玉米品种具有独特特性以及种植密度的显著差异,这给现有模型的泛化性能带来了严峻挑战^[47-51]。同时,深度学习模型对大量高质量训练样本的需求,无疑给数据采集工作带来了巨大的压力。采集足够数量且具有代表性的样本,不仅需要耗费大量的人力、物力和时间,还面临着诸多困难,如不同环境条件下的数据获取难度、样本的标注准确性等问题。

迁移学习作为近年来发展的一种机器学习领域重要策略,为解决数据不足导致的模型无法训练或者训练后预测精度不高的问题提供了一种新方法,它能够巧妙地将已在特定任务中训练好的模型应用于新的任务场景,通过对已有知识的迁移与复用,有效提升模型的泛化性能^[52-54]。众多实践案例充分证明了迁移学习的有效性。例如, Li 等人^[55]基于 Faster R-CNN 和 RetinaNet 模型,通过合理运用迁移学习技术,显著提高了麦穗计数的精度,为农业生产中的麦穗统计提供了更准确的方法。万等人^[56]运用 GoogLeNet 网络,借助迁移学习强化了病虫害的识别能力,为农作物病虫害防治提供了有力的技术支持。袁等人^[57]在迁移学习的基础上,构建了双线性 Inception-ResNet-v2 算法,实现了对菌菇的精准识别,该方法在多个不同的数据集上均展现出优异的性能,验证了迁移学习在不同领域的应用潜力。

尽管在玉米雄穗检测方面已经积累了丰富的研究成果^[58],但对玉米雄穗抽雄进度的分析上,需要高频率的监测,如图 2-2 所示,通常,不同种材料抽雄时间不一致,极易出现大小穗混合的情况,因此不仅对雄穗大目标的检测要精准,对于抽雄早期的小目标检测同样需要精准,常用的深度学习方法难以满足对小目标雄穗的检测,特别是对于存在复杂田间环境以及玉米雄穗检测过程中众多干扰因素的情况,如图像分辨率的差异、亮度的变化、雄穗品种的多样性和种植密度的不均匀性等^[59],因此需要适用于小目标检测的模型^[60-62],这就要求检测过程在很大程度上依赖于检测模型对目标特性的精准把握。



(a) 大目标雄穗

(b) 小目标雄穗

图 2-2 大小目标雄穗田间表现

Fig.2-2 Field performance of large and small target tassels

基于卷积神经网络的目标检测模型主要由单阶段检测算法和双阶段检测算法组成,单阶段目标检测算法以其高效性著称,包括 SSD^[63]、YOLO 系列^[64-68]以及 RetinaNet^[69]。这些算法能够直接在图像上进行目标检测,无需像双阶段算法那样进行区域区分,大大提高了检测速度。双阶段目标检测网络则以其高精度见长,主要包括 Faster R-CNN^[70]。该算法通过两个阶段的处理,先提取可能包含目标的区域,再对这些区域进行分类和位置回归,从而实现高精度的目标检测。

RetinaNet 模型作为单阶段目标检测算法中的佼佼者，其内部有许多结构设计对于小目标检测具有显著的帮助。例如，其锚框设计独具匠心，拥有多种不同尺寸，这种多样化的设计能够确保对不同大小目标的检测精度，无论是小的玉米雄穗，还是相对较大的目标，都能被准确检测到。此外，RetinaNet 创新性地使用了特征金字塔网络（FPN）^[71]，该网络通过融合不同层次的特征图，有效地表达了小目标的特征信息，使得模型能够更好地捕捉小目标的细节特征。由于这些优势，RetinaNet 模型已广泛应用于众多小目标检测任务中。例如，Li 等人^[72]利用 RetinaNet 模型精确地检测了麦穗，并通过对实验发现该算法的精度超过了 Faster R-CNN 网络，进一步验证了其在小目标检测方面的优越性。在其他相关研究中，Chen 等人^[73]对 RetinaNet 模型进行了针对性的改进，成功提高了对苍蝇等小目标的识别精度，为 RetinaNet 模型在不同领域的应用提供了新的思路和方法。

2.1.3 玉米雄穗三维结构表型获取技术研究进展

在玉米植株中，雄穗作为重要的生殖器官，在授粉过程里发挥着无可替代的关键作用。其大小和形态结构与花粉产量、授粉效率紧密相关。如图 2-3 所示为 3 种典型的玉米雄穗穗型结构，分别为披散型、半紧凑型 and 紧凑型，目前并没有一个明确的划分标准，行业主流都已雄穗分枝与主穗之间的角度来进行划分，将角度范围 >60 度以上划分为披散型， 30 度到 60 度之间划分为半紧凑型， 30 度以下为紧凑型，各种穗型结构在分枝数、分枝角度、分枝长度均具有显著的差异，其对籽粒的产量和品质均具有不同的影响。过往研究成果显示，雄穗分枝数和产量呈显著负相关态势，这一结论已有研究^[74,75]论证。较小的雄穗对玉米的光合作用更为有利，进而有助于提高最终产量，这在另一研究^[76]中也得到论证。此外，穗型若是过于紧凑，会导致授粉质量欠佳，这是因为在这种情况下，花粉难以有效分散，而过于披散的穗型会导致花粉快速分散，也不利于授粉。因此，玉米雄穗的适当形状对于实现最佳产量至关重要。

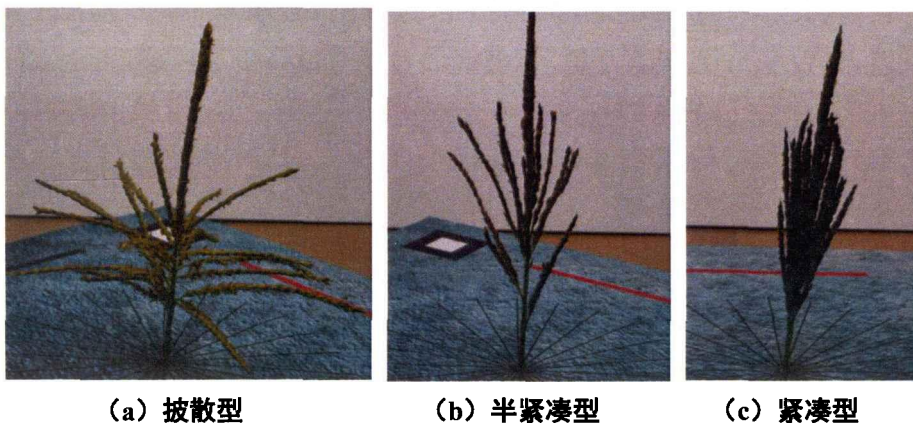


图 2-3 雄穗穗型结构
Fig.2-3 Tassel structure types

玉米雄穗的主要结构表型特征包括主穗长度、直径、柄长度、直径、分枝数、分枝长度、分枝角度、冠层直径、冠层投影面积和包络体积^[77,78]。然而,传统方法主要依赖于人工测量,这是一种劳动密集型、耗时且容易出现人为错误的方法。此外,对于玉米雄穗的高通量表型测量而言,众多的表型参数以及短暂的授粉期(在此期间雄穗停止生长并开始退化),使得可用于测量雄穗结构性状的有效时间十分有限。此外,玉米雄穗离开植株后极易脱水,导致雄穗容易折断,甚至会发生较大的形态变化,这对于获取玉米雄穗的高通量数据极为不利,而且像最大冠幅直径、冠高、平均冠幅直径以及平均冠幅直径等指标也很难通过人工进行测量。因此,迫切需要开发先进的数据采集设备和技术,用于现代育种和栽培试验中玉米雄穗的高通量表型分析^[79],现代农业信息化技术为解决这一困难提供了技术支撑。

目前已有一些基于二维图像来提取部分作物结构表型的研究,此方法操作过程虽然简单,但数据质量极易受拍摄角度的影响,特别是对于遮挡的问题,单纯的 2D 图像由于缺乏深度信息而无法获取例如体积、角度、投影面积等数据^[80,81],使用三维点云能较好的解决上述问题,目前三维点云重建数据源包括三种,一种是图像序列,另一种是图像加深度信息(TOF 相机, time-of-flight),还有一种是激光雷达点云。激光雷达和深度相机原理获取点云并进行结构分析的应用很多,但对于玉米雄穗这种器官尺度的点云重建效果并不好,使用图像序列重构的三维点云密度大,适合玉米雄穗的结构表型提取。

就点云重建而言,利用深度相机重建的三维点云由于点云密度较小,难以满足精细尺度信息的提取,而且数据采集过程中易受光环境的影响而导致数据质量不高;基于激光雷达的点云三维重建技术精度较高,而且相对成熟,但使用成本较高,不适宜大范围推广应用;基于数码图像的三维重建方法价格低廉,精度高,使用方便,特别适用于对精细尺度的表型信息提取。然而,基于图像序列的三维重建方法往往需要大量的图像来构建物体的三维点云,在非自动化的平台上采集数据的效率往往较低,不适宜数量较大情况下的数据高效获取,急需一种自动的数据采集平台。

基于三维点云的结构参数提取是表型工作的另一个重要环节,目前,主要的方法包括点云分割法、骨架提取法等两大类。骨架提取方法通过直接从原始点云中提取骨架线,然后进行三维结构重建,然而,该方法只能提取骨架信息,并不能实现量化,而基于点云分割的方法却可以很好的解决量化的问题。基于点云分割的方法,是将原始点云分割成若干个小面片集合,然后通过一定的算法将小集合进行聚类形成更大的集合,最后用近似规则的图形进行拟合,例如圆柱体、球体等几何图元在已有的集合上进行拓扑结构重建,最后实现三维可视化以及分枝长度、数量等结构参数的定量化描述。

当前,图像处理和三维(3D)重建技术已广泛应用于作物表型分析工作中^[82]。数字图像和 3D 点云在作物 3D 结构表型提取中的应用较为广泛,关于玉米植株的研究很多,但很少有专门针对玉米雄穗等器官尺度的研究。已有一些研究采用图像分割算法提取

玉米的株高、叶角和叶片数^[83,84],虽然也有一些研究提取了玉米雄穗分枝数量和主穗长度^[85-88],但这些方法是基于单个二维(2D)图像,虽然数据采集过程相对简单,但是由于数据质量对拍摄角度高度敏感,特别是在叶片遮挡和重叠的情况下,因此,单个2D图像很难准确提取作物的体积和分枝角度。相比之下,3D点云技术在提取作物结构参数方面显示出了优势。大多数点云数据是通过3D扫描设备获取的,如激光扫描仪(2D/3D)、飞行时间相机(TOF)和结构光深度相机。Paulus以及Yan等人^[89,90]将地面激光雷达与测量臂集成在一起,并根据重建的大麦植物三维点云提取叶面积和植物高度。Lei和Suresh等人^[91,92]利用激光雷达点云数据估计了玉米植株的三维结构参数,包括株高、叶面积和叶角。Chaivivatrakul和Zhang等人^[93,94]使用TOF(飞行时间)相机获取玉米幼苗的点云数据。他们根据获得的数据建立了玉米幼苗的3D模型,并且提取了包括最大/最小茎径、茎高、叶面积、叶长和叶角在内的结构信息。然而,这些方法针对的是单个植物水平,不适合器官尺度表型性状的提取,并且对于非平滑对象,基于结构光深度相机获取的数据,3D点云重建的性能较差。

对于玉米雄穗,需要更高的点云密度,这增加了对数据采集设备的要求。目前,这些设备成本高昂,难以在实际生产中使用。例如,Faro Focus S350地面激光雷达的成本超过50万元人民币。高密度点云的生成需要来自多视点站的数据,并且高度依赖于数据拼接精度,同时激光点云的收集对其采样频率和运动路径很敏感^[95],此外,该装置获得的玉米雄穗点云密度仍然有限,这将导致细小的分枝严重缺乏点云,这不利于进一步提取结构信息。TOF相机获得的点云密度往往更低,更容易受到环境光的影响。相比之下,基于图像序列的3D重建技术具有很强的环境适应性,具有易于操作、点云精度和密度高的特点。从图像中重建3D点云已被证明在作物表型提取中是可靠的^[96,97],这些优点使其适合大规模推广应用,Christian和Xiang等人^[98,99]使用多视图数字图像成功提取了番茄和高粱的叶面积,Lope、Stava和Zhang等人^[100-102]实现了基于多视图图像的分枝结构的三维重建,韩东和Lu等人^[4,103]重建了玉米雄穗的三维点云,并基于数字图像序列提取了株高、主穗长度和分枝数等相关参数,然而,这些方法仍然存在一些缺点,包括自动化水平低和数据分析效率低。Wu等人^[104,105]利用三台不同高度的数码相机来收集单株小麦不同视角的图像,然后采用多视图三维重建技术完成了小麦的三维点云重建。最后提取了几个表型参数,包括株高、叶长、叶宽、叶面积和投影面积,他们的平台显著提高了单个植物水平表型数据采集的效率、自动化水平和准确性,然而,它不能满足在器官尺度上提取精细表型参数的要求,如玉米雄穗结构表型参数的提取。另外,由于使用图像序列来重建三维结构的方法需要拍摄大量视角的图像,因此,获取过多图像会降低工作效率,而过少图像则难以实现成功的三维重建。因此,进行定量分析以确定合适的图像采集策略非常重要。

2.1.4 玉米高通量表型性状基因挖掘研究进展

高通量表型解析技术能够快速提取作物大量数量性状，也是现代分子育种中快速筛选优良作物性状的重要基础^[106,107]。分子标记技术的发展大大提升了作物数量性状的挖掘水平，该技术从等位酶（1960s）、DNA 标记（RFLP/SSR）到 SNP 标记的代际发展，系统性推动了数量性状研究的范式转型：早期通过遗传规律解析揭示多基因互作网络，现代则依托 SNP 高密度分型（芯片/GBS）实现精准 QTL 定位和 GWAS 分析^[108,109]，如图 2-4 所示为全基因组关联分析（GWAS）技术流程图，其高通量、自动化特性显著提升基因功能解析效率，成为解析作物复杂性状遗传架构的核心驱动力。GWAS 是标记复杂表型性状相关性的关键工具^[110]，它能够将表型与基因测序序列数据有效连接起来^[111]。随着分子育种技术的持续扩大应用，作物的性状位点（QTL）研究成为了热点^[112,113]，越来越多与作物表型性状相关的基因在高通量表型信息的支撑下已被成功定位^[114,115]。一方面，利用高通量表型和基因测序数据进行 GWAS 分析，为不同类型的候选基因挖掘提供一种高效的手段。利用该项技术，GWAS 成功解析了多种玉米性状的遗传组成，其中包括雌穗吐丝时间^[116]，叶片形态结构^[117]，抗性^[118,119]和籽粒组成结构^[120]等方面。在抗逆性状研究方面，秦峰团队利用多个关联自交系群体和 SNP 芯片，鉴定出 3 个抗旱基因^[121-123]，在玉米叶片性状研究方面，Tian 等采用巢式关联群体，通过 JSR 统计方法鉴定到玉米叶长、叶夹角、叶宽等 36、30 和 34 个 QTL 基因位点^[124]。对于株高性状，Peiffer 等利用 4892 个单株 NAM 群体进行分析，发现了 277 个关联基因位点^[125]。另一方面，利用高通量表型与材料基因分型数据进行聚类分析，可以挖掘出不同材料类型其后代基因表达的性状分离特性，为材料筛选和候选基因挖掘提供重要参考，近年来，此类研究较多，Song 等人^[126]通过高斯模糊聚类（GFC）后得到的不同基因类别，并展示了基因表达数据在聚类空间中的分布特征。Minton 等人^[127]为使用高斯混合模型开展植物形态测量分析，建立了一个用于分析植物分类学中形态测量数据的全新概念性、统计性和概率性框架。Yang 等人^[128]将基于模型的高斯聚类方法扩展到模糊模型，提出了一种基于模糊模型的无监督高斯聚类算法，解决了传统高斯聚类算法对初始化敏感以及需要预先指定聚类数量的问题。Fuchs 等人^[129]在多个常用玉米数据集上对比了高斯混合模型与现有的先进混合数据聚类模型，得出该模型在处理混合数据时能够实现更准确、更稳定的聚类结果。Yang 等人^[130]使用包含 1536 个单核苷酸多态性（SNP）的金标检测试剂盒（美国加利福尼亚州圣地亚哥市的因美纳公司生产）以及关联作图方法，针对 12 个玉米表型性状对 527 个品系进行分类，并探究了材料分型与表型变异之间的关系。Pan 等人^[131]利用层次聚类对 24 份西瓜种质资源的表型参数进行聚类，揭示了它们的多样性和变异模式。Xie 等人^[132]利用无人机 RGB 图像，采用动态 K 均值方法对 300 个油菜品种花期的 8 个表型参数进行聚类，依据开花特性将油菜品种分为四类。Han 等人^[133]利用高斯模糊聚类（GFC）算法，利用玉米株高的动态变化预测了玉米材料的分型信息。Rincon、Mustafa 和 Jiban 等人^[134-136]基于株高、叶长、叶宽、叶温、根密度以及根重等

多个表型性状对玉米材料进行聚类分析，以描述不同玉米材料的性状变异性，而利用玉米雄穗结构表型性状进行材料分型聚类研究较少。

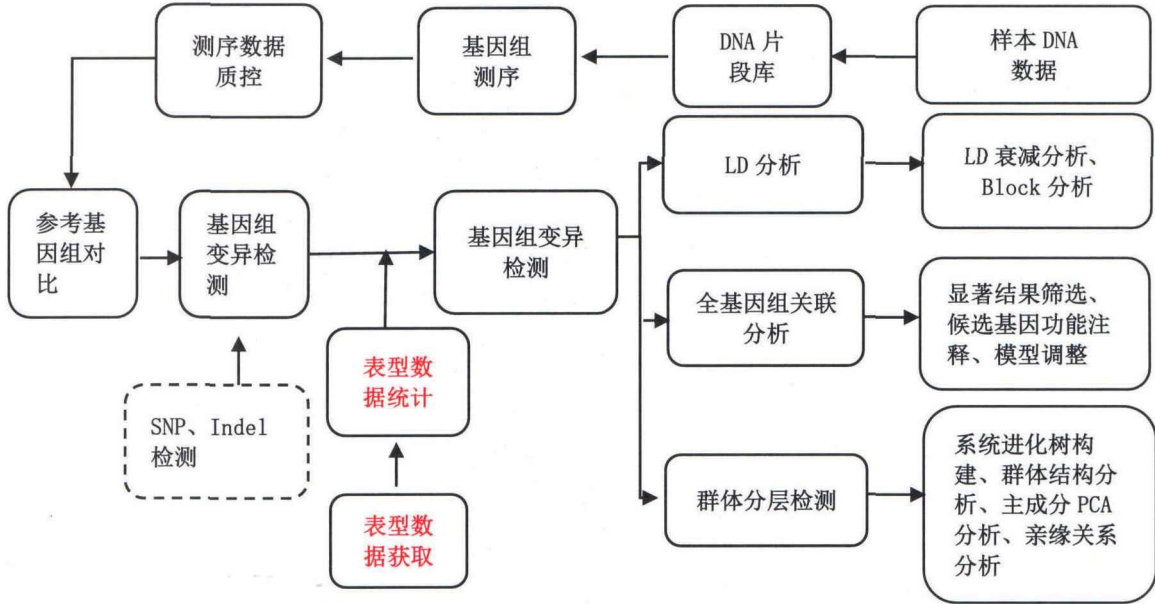


图 2-4 GWAS 分析流程
Fig.2-4 GWAS analysis pipeline

2.2 研究内容与目标

本研究以玉米育种为背景，针对玉米雄穗精准识别与表型提取分析开展相关研究，首先利用遥感应用技术及深度学习技术对无人机高清数码图像进行玉米雄穗的高通量精准识别，通过识别结果使得育种工作者能更好的掌握成千上万的玉米材料抽雄进度，进而为及时去雄，提升玉米异花授粉效果提供一种高效、低成本的技术方案；另外针对玉米雄穗三维结构表型参数获取成本高、自动化程度低、操作复杂、数据一致性差的问题，研究采用经济实用的高清数码图像序列构建玉米三维结构点云的方法，开发数据采集平台及表型提取算法，提取了玉米多个雄穗三维表型参数；最后在基于开发的表型参数获取平台的基础上，提取了大量玉米材料的雄穗多个结构表型参数，结合玉米材料分型信息和基因组测序信息，实现玉米材料分型的精准预测和关键结构表型参数的候选基因挖掘。具体研究内容如下：

（1）基于无人机图像的玉米雄穗识别研究

针对玉米雄穗深度学习过程中大量样本获取难得问题，以 SSD、Faster R-CNN、YOLO_X 等深度学习算法为研究对象，探究采用迁移学习的方法来提升玉米雄穗识别精度，同时探索该方法在不同玉米品种和种植密度下的识别效果，证明了该方法的可行性。另外针对玉米抽雄早期小目标雄穗识别难的问题，研究通过优化 RetinaNet 模型结构，并引入注意力机制的方式来提升识别效果。最后总结分析了图像分辨率、亮度、植株品种以及种植密度对两种检测方法精度的影响。

(2) 基于 TreeQSM 算法的玉米单株雄穗三维表型获取

针对目前玉米雄穗等器官尺度的表型提取和分析技术存在的成本高、自动化能力弱、精度较低、人工测量数据一致性差的问题,本研究 1)设计和开发基于 TreeQSM 的玉米雄穗三维表型测量系统(以下简称 TIPS);2)评估所开发系统提取玉米雄穗表型参数的能力;3)量化不同拍摄角度、图像数量、光照条件和雄穗类型对参数提取精度的影响。该系统集成了一个电动转盘和三个高清数码相机,由自主开发的软件控制,自动获取玉米雄穗的多视图图像。

(3) 基于玉米雄穗三维结构表型的分型鉴定

基于开发的 TIPS 系统,本研究进一步从 1194 个玉米雄穗中提取了主穗长度、直径,分枝数,分枝长度,分枝角度,冠高,茎直径,平均冠幅直径,最大冠幅直径,冠幅体积以及冠幅面积这 11 个表型参数,并且利用高斯滤波和基于密度的空间聚类(DBSCAN)算法对原始点云数据进行去噪后,成功提取出 1194 个单株玉米雄穗点云。最后,使用高斯模糊聚类(GFC)算法对提取的单株玉米雄穗点云数据进行材料分型的分类预测。取得了 NSS 和 TST 等两种分型材料较好的分类效果,同时揭示了玉米雄穗多个结构表型参数的变异性大小顺序,评估了 GFC 算法在玉米材料分型鉴定上的应用潜力。

(4) 基于玉米雄穗三维表型关键候选基因挖掘分析

基于采集的 398 组不同玉米材料实测的主穗长度、柄长度及分枝数等三维结构关键性状表型数据,结合 264 万个高质量 SNP 基因型信息,开展了全基因组关联分析(GWAS),系统挖掘了与雄穗发育相关的候选基因位点。利用生物信息学对候选基因与显著 SNP 位点进行功能注释和单倍型分析,进一步确定调控雄穗发育和形态建成的关键基因。

2.3 研究技术路线

本研究以玉米育种表型信息获取为研究背景,以北京市昌平区小汤山基地和北京科技大学平谷区玉米实验地为研究区,获取玉米冠层高清无人机数码影像,地面玉米单株雄穗数码图像以及雄穗结构表型实测数据,利用迁移学习的方法对玉米雄穗图像进行深度学习,进而实现对玉米雄穗的高精度检测,同时针对玉米雄穗结构表型参数自动获取的问题,开发雄穗图像自动获取装置和提取方法,提取雄穗多个结构表型参数信息,最后基于获取的玉米雄穗结构表型参数,预测玉米材料分型。本研究为玉米分子育种过程中表型的获取及鉴定提供一种经济、高效、精准的技术手段。技术路线如图 2-5 所示。



图 2-5 技术路线图
Fig.2-5 Technical route

3 基于无人机图像的玉米雄穗识别研究

为了实现玉米雄穗的高精度检测，本章以 SSD、Faster R-CNN 和 YOLO_X 等深度学习算法为基础，探究采用迁移学习方法前后，算法在玉米雄穗识别中的精度表现，并进一步分析了这些方法在不同玉米品种和种植密度下的识别效果。此外，针对抽雄早期小目标雄穗的识别难题，研究通过优化 RetinaNet 模型结构并引入注意力机制，形成改进的 RetinaNet 模型，结果显著提升了玉米雄穗的识别精度，相比于采用迁移学习的 YOLO_X 方法更优，最后，研究还系统分析了图像分辨率、光照强度、植株品种以及种植密度等因素对检测模型性能的影响。

3.1 材料与方法

3.1.1 研究区概况

研究区位于北京市昌平区小汤山国家精准农业研究示范基地（40°10'60"N，116°26'30"E），如图 3-1 所示，该实验地共计 5 个品种，4 种植植密度，4 组重复，总计 60 个小区，每个小区的的大小为 2.5*3.6m，5 个品种分别是：湘糯 2008（A5）、郑单 958（A4）、天赐 19（A3）、京九青贮 16（A2）、农科糯 336（A1），其中郑单 958、农科糯 336、天赐 19 等三个品种的紧凑度较低，而且分枝多而长，京九青贮 16 和湘糯 2008 这两个品种的穗枝条较为纤细，穗分枝较少，4 种植植密度分别为 45000 株/公顷，60000 株/公顷，67500 株/公顷，90000 株/公顷。

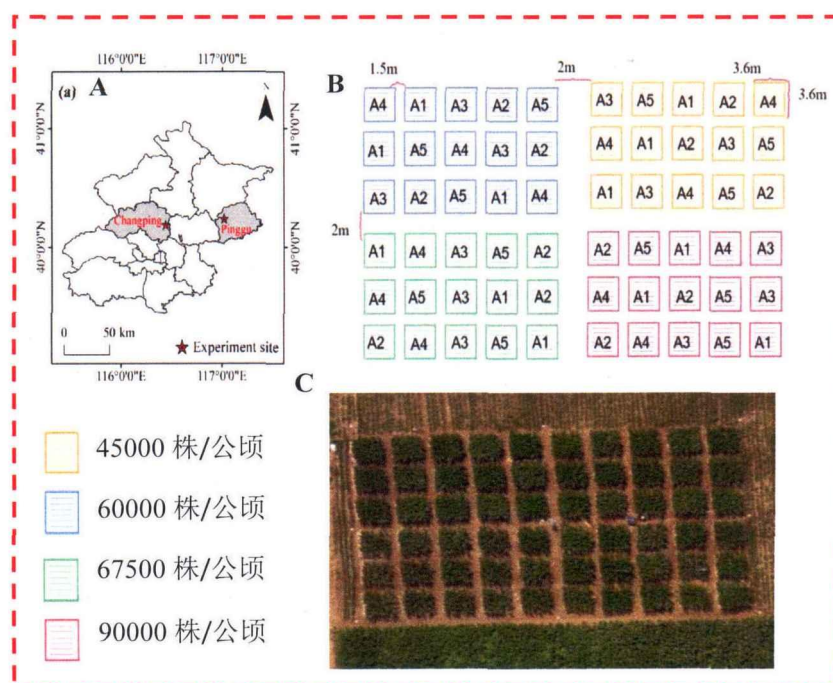


图 3-1 研究区域和实验设计

(A) 研究区域;(B)试验区品种密度图;(C)小汤山基地玉米试验区正射影像

Fig.3-1 Research area and experimental design

(A) Research area; (B) Variety density map of the experimental area;(C) Orthophoto of the maize experimental area at Xiaotangshan Base

3.1.2 数据获取及预处理

图像数据获取使用的是大疆御 2 无人机, 本研究共获取。本研究选用大疆 Mavic2 无人机作为数据获取平台, 对试验田里处于吐丝阶段的 60 个小区地块开展图像采集工作, 如图 3-2 所示, 该无人机获取的图像分辨率是 5472×3648 像素, 在玉米冠层上方 10m 处位置拍照, 航向重叠度和旁向重叠度均为 80%, 地面分辨率为 2 毫米。实验最终采集到 549 张清晰且具有高研究价值的玉米冠层高清数码图像, 由于无人机体积小, 质量轻 (905g), 因此旋翼旋转产生的风场比较小, 对雄穗的扰动也较小, 故获取的图像质量较高。另外, 为确保采集数据的精确性和稳定性, 本研究的无人机图像数据采集是处于光照稳定且无风条件下进行的, 目的是最大限度地降低光照变化以及玉米植株晃动对检测带来的不利影响。



图 3-2 御 2 无人机

Fig.3-2 Mavic 2 UAV

另外, 如表 3-1 所示, 为了深入探究玉米品种与种植密度对模型检测精度的影响, 本研究在训练集和验证集所对应的样本区域中, 针对每个玉米品种, 在每种种植密度条件下, 统一选取 80 张雄穗影像, 以此构建训练集, 最终 5 个品种和 4 种植密度共挑选出切割后 1600 张训练集影像。在验证集数据选取方面, 对于不同种植密度的玉米材料, 每个品种均选取 10 张影像。通过这种方式, 从 5 个品种和 4 种植密度的材料中, 一共获取了 200 张影像作为验证集。至于测试集数据, 本研究对每个材料在每个种植密度下均获取 16 张图像, 经过这样的操作, 最终得到了总计 320 张测试集数据。

表 3-1 深度学习方法在不同场景下的数据集构成

Tab. 3-1 Composition of datasets for deep learning methods in different scenarios

数据集名称	训练集	验证集	测试集
品种数据集	1600	200	320
种植密度数据集	1600	200	320

针对不同光照强度对模型识别精度的影响研究,由于短时间内自然环境下多种梯度且稳定的光照条件难以满足,因此本研究采用模拟光照的方式获得多种光照梯度条件的玉米雄穗数据集。

由于无人机获取的影像分辨率很高,达到毫米级,因此对于真实的玉米抽雄状态通过目视解译图像即可完成,解译结果作为真实数据进行对比验证。

由于无人机获取的原始图像尺寸较大(5472×3648 像素),现有的深度学习算法无法使用原始分辨率图像进行训练,并且,由于深度学习模型对电脑硬件资源要求较高,大尺寸图像将对电脑资源提出更为苛刻的要求,因此需要将图像进行切割分块处理,通常,基于不同的应用场景,一般将图像切割成 32*32、64*64、128*128、256*256、512*512、1024*1024 等分辨率,这里为了平衡电脑计算资源,也为了捕获雄穗更多细节,这里将图像切割成 600*600,切割完成后最终获得 2120 张可用来直接训练的玉米雄穗图像,使用的处理其配置为 windows11 系统,2 个英伟达 1080 显卡,128G 内存,1TB 固态硬盘,24 核处理器。

本研究使用 LabelImg (版本号 4.0) 软件对玉米图像中的雄穗进行标注,并生成 PASCAL VOC 格式的 XML 数据集,其中,XML 文件包含了影像的宽度、高度以及通道数等信息,同时记录检测目标的类别以及左上、右下两个顶点的坐标。

3.1.3 数据处理方法

(1) Faster R-CNN 模型

Faster R-CNN 模型的主干特征提取网络为 VGG16,该网络将输入的图像通过一系列的卷积层、池化层和激活函数等操作,将原始图像转换为一个特征图,其目的是提取图像的高级特征,这些特征能够表征图像中不同物体的特征信息,它会通过多个卷积层逐步减少图像的空间尺寸,同时增加特征图的深度,从而捕捉到图像中的边缘、纹理、形状等信息。图像经过特征提取之后生成的特征图被传入区域建议网络(Region Proposal Network,RPN)和感兴趣区域(Region of Interest,ROI)池化层,而 RPN 是 Faster R-CNN 的一个关键创新,它在特征图上滑动一个小窗口,在每个位置上生成多个不同尺度和长宽比的锚框(Anchor Boxes)。对于每个锚框,RPN 会预测两个信息,一是该锚框是否

包含一个物体（二分类问题，即前景或背景），二是对锚框的位置进行微调的偏移量（边界框回归）。通过一个卷积层来同时完成这两个任务，输出包含前景/背景得分的分类特征图和边界框回归特征图。这使得 RPN 能够高效地生成一系列可能包含物体的候选区域，相比之前的方法（如选择性搜索等），大大提高了候选区域生成的速度和效率。

在模型处理过程中，输入到区域建议网络的那部分数据，会针对候选框实施二分类分析，与此同时初步进行边界框回归操作。而对于传入感兴趣区域池化层（ROI Pooling）的部分，由于从区域建议网络（RPN）输出的候选框以及特征图，它们在大小和比例上呈现出各种各样的形态。但后续的分类层与回归层，却明确要求输入具有固定的大小。所以，在这一环节需要将 RPN 输出的候选框和特征图，调整为适合全连接网络输入的维度。ROI Pooling 能够把对应不同尺寸候选区域的特征图区域进行映射，映射成一个固定尺寸的特征图，以此满足后续处理的需求。它会把各个候选区域细分为多个子区域，针对每个子区域实施池化运算（例如最大池化）。通过这样的操作，原本尺寸各异区域特征就会被转化为固定大小的特征向量，为后续模型处理提供统一规格的输入数据，从而使得这些特征可以输入到后续的全连接层进行处理。接着进行边界框回归 Reg 和分类 Clas，这两层都是全连接层，分类层用于预测每个候选区域的类别，即确定候选区域内物体的类别，回归层则用于对候选区域的边界框进行精确的位置调整，以更准确地定位物体，它会输出边界框的精确位置信息，包括中心坐标和宽高的调整量。图 3-3 为 Faster R-CNN 网络结构图。

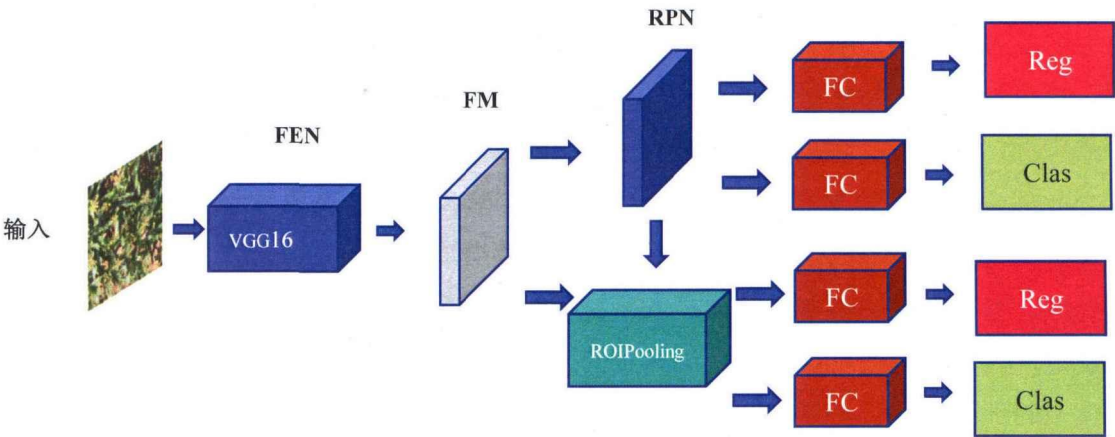


图 3-3 Faster R-CNN 网络结构图

其中，FEN：特征提取网络；FM：特征图；RPN：区域建议网络；ROI Pooling：感兴趣区域池化；FC：全连接层；Reg：边界框回归；Clas：边界框分类

Fig.3-3 The network structure diagram of Faster R-CNN

FEN:the feature extraction network; FM:the feature map; RPN:the region proposal network; ROI Pooling:the region of interest pooling; FC:the fully connected layer; Reg:regression; Clas:classification.

(2) SSD 模型

SSD 网络结构如图 3-4 所示，其中，VGG16 深度卷积神经网络，作为 SSD 模型最为常用的基础架构，其核心功能是进行图像特征的提取。具体而言，这个特征提取网络以 VGG16 的卷积层 Conv4_3 作为起始点，并在 Conv7~Conv11_2 层中总计获得 6 个特征图。这些特征图的尺寸大小依次递减，目的是用于检测不同尺度的目标。

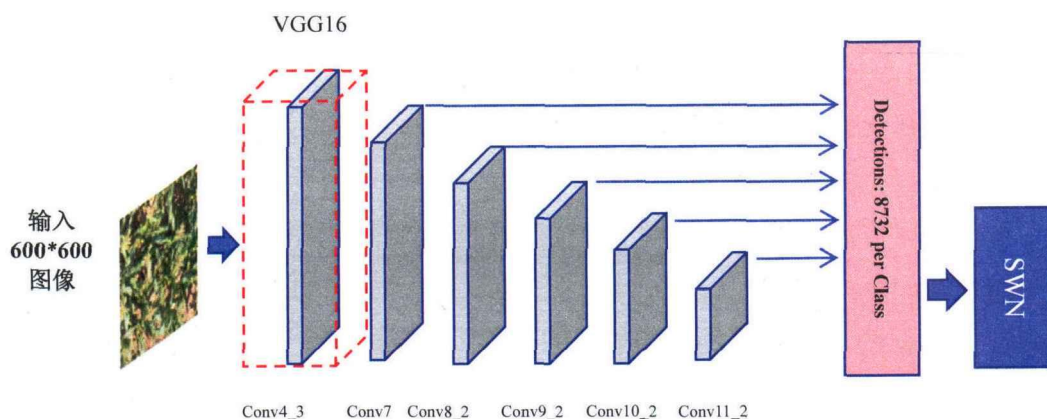


图 3-4 SSD 网络结构

Conv4_3~Conv11_2: 特征图层 1~6; Detections 表示先验框; NMS: 非极大值抑制

Fig.3-4 The network structure of SSD

Conv4_3~Conv11_2: feature layers 1~6; Detections: anchor boxes; NMS: non-maximum suppression.

(3) YOLO_X 模型

YOLO_X 以 YOLO_V3^[137,138] 作为基础框架，其架构主要涵盖三个部分：主干部分的特征提取网络，用于初步提取图像的基础特征；加强特征提取网络（FPN+PAN），进一步对已提取的特征进行优化和强化，提升特征的质量与表现力；以及位于输出端的解耦头部，负责对处理后的特征进行解析与预测。

此外，为了使模型能够更好地应对多样的输入场景，并有效提高识别的精准度，YOLO_X 引入了一系列先进技术。其中包括数据增强技术，通过对输入数据进行多样化处理，增加数据的丰富性与模型的泛化能力；免锚机制，简化了目标检测过程中的锚框设定，提升检测效率；还有高级标签分配策略 SimOTA，能够更合理地分配标签，优化模型的训练效果。YOLO_X 的总体结构详见图 3-5。

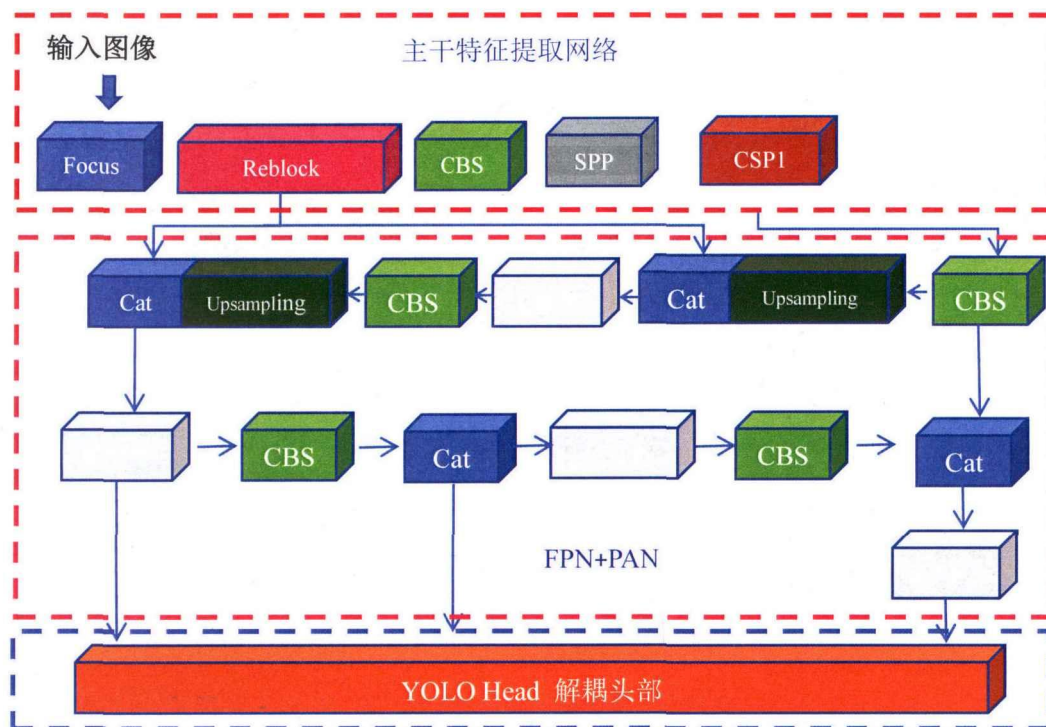


图 3-5 YOLO_X 网络结构

Cat:通道数叠加模块；Upsampling:上采样模块；SPP:空间金字塔池化模块；CSP1~CSP2：跨级部分连接模块；YOLO Head：输出端检测器模块；FPN：特征金字塔模块；PAN：像素聚合网络模块

Fig.3-5 The network structure of YOLO_X

Cat:channel number stacking modules; Upsampling:upsampling modules; SPP:spatial pyramid pooling modules; CSP1~2 : cross-stage partial connections modules; YOLO Head: the output end detector modules; FPN:feature pyramid modules; PAN :pixel aggregation network modules.

(4) 迁移学习

通常，深度学习模型训练的精度一定程度上依赖标注样本的数量，然而，这一过程往往需要大量的数据，数据标注工作不仅耗费大量时间，还需投入诸多人力，过程繁琐且艰辛,鉴于此，迁移学习这一技术逐渐崭露头角，受到学界与业界的广泛关注。

迁移学习的核心要点，是把在特定场景里所习得的特征，以巧妙的方式应用于全新场景下的学习任务，相较于那些没有利用迁移学习的模型而言，预训练模型凭借在大规模数据上的训练，积累了丰富的有效特征。这一特性使得其在面对数据量相对有限的场景时，能够以更高效的方式进行训练，快速得到理想的结果。

在本研究中，选用了公开的 MTC 玉米雄穗数据集^[36]作为迁移前数据对象，并对 Faster R-CNN、SSD、YOLO_X 等三种经典目标检测模型进行预训练。并将训练后的模型权重结果迁移至本研究构建的模型中。同时，为进一步优化训练进程，提升网络训练速度，防止在训练过程中因参数更新不当而破坏已学习到的特征权重，研究采用冻结主干网络的策略开展后续训练工作。迁移学习的流程及操作细节，通过图 3-6 展示的玉米雄穗检测迁移学习示意图可以了解。

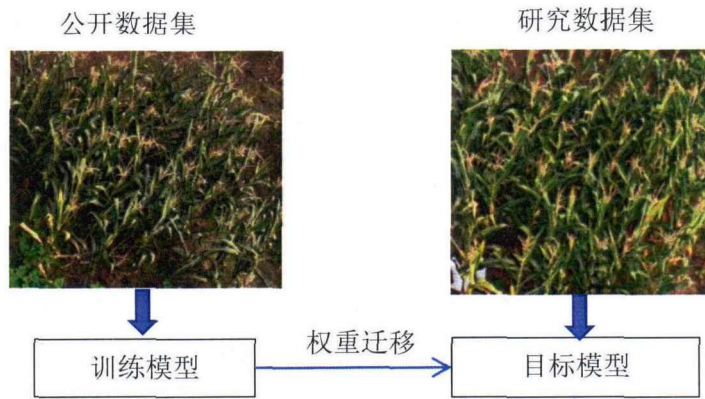


图 3-6 迁移学习示意图

Fig.3-6 Schematic diagram of transfer learning

本研究中，分别将训练轮数（Epoch）和批大小设置成 100 和 4。具体的训练进程如下：在前 50 轮训练阶段，对网络的主干部分执行冻结操作，此时仅对后续的网络层数进行训练，在主干冻结期间，初始学习率设定为 1×10^{-3} 。而在后续的 50 轮训练里，对网络主干的学习率调整为 1×10^{-4} 并进行解冻处理。另外，学习率、置信度阈值和非极大值抑制的阈值分别设置为 0.9、0.5 和 0.3。

（5）RetinaNet 网络

如图 3-7，RetinaNet 作为一种具有代表性的单阶段目标检测算法，在众多领域都得到了广泛的应用。该模型主要由四部分组成，包括特征提取模块、特征金字塔网络（FPN）模块、分类模块以及回归模块等。

其中，特征提取模块核心模块是 Resnet 残差网络，这一选择为其在目标检测任务中高效地提取图像特征奠定了坚实基础。网络之所以能承担此重任，主要得益于其独特的由残差块构成的架构。在残差网络尚未问世之前，深度学习领域面临着一个棘手的难题：随着网络深度的不断增加，网络会出现梯度消失和退化等一系列严重问题。具体而言，当网络层数逐渐增多时，在训练过程中，梯度在反向传播过程中会逐渐减小，直至几乎为零，这就是所谓的梯度消失现象，这使得网络难以更新参数，无法有效学习数据中的复杂模式。同时，网络退化问题也随之而来，表现为训练损失不仅没有随着网络层数的增加而降低，反而不断增大，导致网络的整体效果变得越来越差，进而导致网络深度的增加并未带来预期的性能提升。而残差块创新性地引入了跳跃连接（shortcut connection），允许网络在传递信息时绕过一些层，直接将前面层的输入与后面层的输出相加。这种独特的结构使得网络能够更有效地学习到复杂的特征表示，不仅成功解决了梯度消失的问题，还能让网络构建得更深。残差块结构主要包含两种类型，如图 3-7 所示，分别是基本块（BasicBlock）和瓶颈块（BotteNeck），它们在不同的场景下发挥着各自的优势，基本块（BasicBlock）适用于浅层网络，它由两个 3×3 的卷积层组成，中间通过一个 Relu 激活函数进行连接。这种简洁的结构不仅能够有效地提取局部特征，同时还能保证计算

量不会过大。而瓶颈块（BotteNeck）则更侧重于在深层网络中发挥作用，它通过 1x1、3x3 和 1x1 的卷积层组合，在减少参数数量的同时，依然能够有效地捕捉到不同尺度的特征信息。1x1 的卷积层主要用于降维和升维，在保持特征表达能力的同时，降低了计算复杂度；3x3 的卷积层则负责提取核心的局部特征。这两种残差块的设计，使得 Resnet 网络在不同深度和计算资源需求下，都能灵活地进行调整和优化，为 RetinaNet 模型在目标检测任务中的卓越表现提供了有力支持。

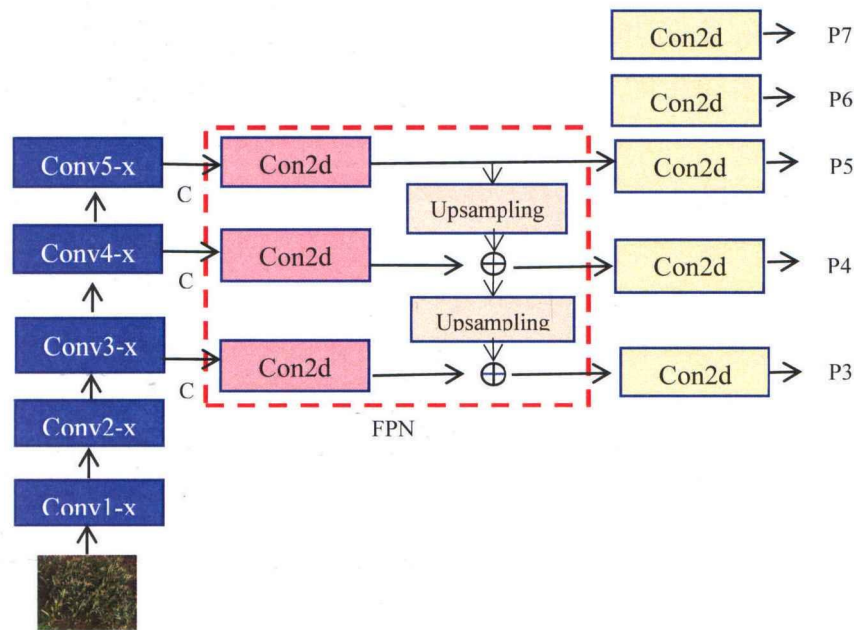


图 3-7 RetinaNet 网络结构
Fig.3-7 The network structure of RetinaNet

值得一提的是，RetinaNet 网络采用了焦点损失（focalloss）作为损失函数。这一举措有效地解决了在训练过程中正、负样本之间存在的不平衡问题。RetinaNet 网络的具体结构如图 3-8 所示。

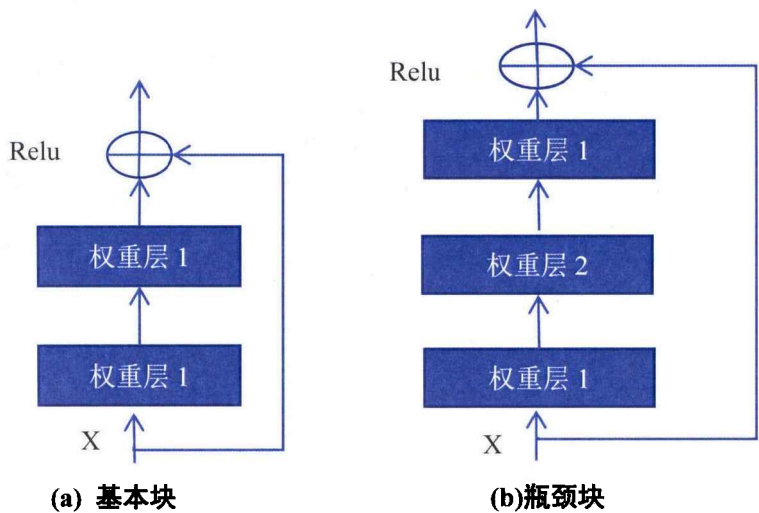


图 3-8 残差模块的结构
Fig.3-8 Structure of residual block

1)特征金字塔网络

在 RetinaNet 模型的架构体系里,特征金字塔网络(FPN)发挥着至关重要的作用,其通过独具匠心的设计,将高层语义特征与底层特征有机地相结合,从而极大地增强了网络整体的特征提取能力。

如 RetinaNet 网络结构所示,FPN 以从特征提取网络输出的特征图 C3-C5 作为操作对象。首先,对这些特征图执行上采样操作,通过精心调整分辨率,使其能够与其他层次的特征图在尺寸上达成匹配。紧接着,将上采样后的特征图进行堆叠,在这一过程中,不同层次的特征信息相互交织、融合,最终生成了经过深度特征融合的 P3-P5 特征图。这些新生成的特征图,既保留了底层特征图所蕴含的丰富空间细节信息,又融入了高层特征图所特有的强大语义抽象能力,为后续精准的目标检测奠定了坚实基础。

在构建特征金字塔的过程中,P6 与 P7 的生成方式也颇具特点。P6 是通过对 C5 进行一次特定的卷积操作而得到的。此次卷积操作选用的卷积核大小为 3×3 ,步长设定为 2。这样的参数设置能够在保证对 C5 特征进行有效筛选与提炼的同时,合理地降低特征图的尺寸,从而使其具备更适应检测较大目标的特征特性。而 P7 的生成则是利用激活函数 Relu 对 P6 进行一次卷积操作。同样,这里的卷积核大小为 3×3 ,步长为 2。Relu 激活函数的运用,使得 P6 在经过卷积变换后,能够进一步突出显著特征,抑制无效信息,让 P7 更精准地聚焦于大目标的关键特征表达。

在特征金字塔所形成的不同层次特征图中,其尺寸特性与目标检测的适配性紧密相关。高层特征图由于在网络的层层卷积与降采样过程中,尺寸逐渐缩小,这使得它们能够在更宏观的视角下整合信息,有利于检测较大的目标。与之相反,底层特征图由于还保留着较高的分辨率,尺寸相对较大,这使得它们能够捕捉到更多细微的局部信息,便于检测较小的目标。

通过上述一系列严谨且巧妙的操作,最终 RetinaNet 模型得到了五个特征图 P3-P7。在实际的目标检测任务里,这些特征图各司其职。其中 P3-P5 凭借其融合了丰富底层细节与一定高层语义的特性,通常被用于小目标检测;而 P6 和 P7 则因其在生成过程中所具备的大尺度特征聚焦能力,主要用于大目标检测。这种精细的分工与协作,使得 RetinaNet 模型在面对各种不同尺度的目标时,都能够展现出卓越的检测性能。

2)分类与回归子网

在 RetinaNet 模型的架构中,分类与回归子网在特征金字塔网络(FPN)的每一层都与一个全卷积网络相连接,这一设计具有重要的功能和意义。

该全卷积网络在整个模型中扮演着关键角色,其主要的功能涵盖了两个方面。一方面,它需要预测每个空间位置上每个锚框以及 K 类物体出现的概率,这是目标检测任务中判断物体类别归属的关键步骤。对于输入的特征图,网络会依据其学习到的特征

信息，仔细评估每个位置可能存在的不同类别物体的可能性。另一方面，当预测为正样本时，该网络还要输出物体相对于锚点的位置，这是实现精准定位的重要信息来源。通过这两个方面的协同工作，全卷积网络使得 RetinaNet 模型能够在检测物体的同时，准确地确定其位置信息，为后续的目标检测和定位任务提供强有力的支持。

回归子网的结构与分类子网在大体上相似，它们共享相似的卷积操作流程，同样使用四个 3×3 的卷积核对特征图进行卷积操作，以提取和处理特征信息。然而，它们之间也存在着一些显著的区别，主要体现在激活函数与最终输出层的通道数量上。回归子网的最后一层使用线性激活函数，线性激活函数在保留原始特征信息的基础上，直接输出预测结果，不会对结果进行非线性变换，这更符合回归任务中对于边界框位置信息的需求。同时，回归子网最终输出图像的通道数量为 $4A$ ，这是因为在目标检测的边界框回归任务中，需要对每个锚框的四个边界位置（例如左上角和右下角的坐标，或者中心坐标及宽高）进行预测，因此需要 $4A$ 个通道来存储这些信息。通过这样的结构设计，回归子网能够有效地调整锚框的位置，使其更精确地贴合目标物体，为 RetinaNet 模型实现精确的目标检测提供了不可或缺的支持。

这种分类与回归子网与全卷积网络的巧妙结合，以及其各自精心设计的网络结构和激活函数的运用，共同构成了 RetinaNet 模型在目标检测任务中出色性能的基础，使得它能够在不同尺度和复杂场景下，都能准确地检测出目标物体并确定其位置和类别信息。

3) 损失函数

损失函数（Loss Function）是用来衡量预测结果于真实结果之间差异大小的函数。在不同的任务和模型中，会使用不同类型的损失函数。例如，在回归任务中，常见的损失函数有均方误差（MeanSquaredError, MSE），它计算预测值与真实值之间的平方差的平均值，公式为：

$$MSE = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)^2 \quad (3-1)$$

其中 y_i 是真实值， $\hat{y}_i$ 是预测值， n 是样本数量。这种损失函数对于预测连续数值的任务很有效。

在分类任务中，常用的损失函数有交叉熵损失（CrossEntropyLoss）。对于二分类问题，其公式为：

$$CE = -[y \log(\hat{y}) + (1-y) \log(1-\hat{y})] \quad (3-2)$$

其中 y 是真实标签（0 或 1）， $\hat{y}$ 是预测概率。对于多分类问题，交叉熵损失的一般公式为：

$$CE = -\sum_{i=1}^k y_i \log(\hat{y}_i) \quad (3-3)$$

其中 k 是类别数量，是第 i 类的真实标签（通常是 one-hot 编码）， $\hat{y}_i$ 是预测为第 i 类的概率。交叉熵损失函数能够很好地衡量分类模型的预测准确性，促使模型学习到正

确的分类边界。

在目标检测任务中，为了解决训练时正负样本不平衡问题，在 RetinaNet 模型中使用了焦点损失（FocalLoss），它通过对不同难易程度的样本赋予不同的权重，使得模型更加关注难样本和正样本，从而提高模型的检测性能。其公式为：

$$FL = -\alpha(1 - \hat{y})^{\gamma} y \log(\hat{y}) - \alpha \hat{y}(1 - y) \log(1 - \hat{y}) \quad (3-4)$$

其中 α 和 γ 是可调节的超参数，用于控制正负样本的权重和难易样本的权重。

损失函数的选择和优化对于模型的性能和训练效果有着直接的影响，合适的损失函数能够帮助模型更快地收敛并获得更好的预测结果。

4) FPN 结构优化

在 RetinaNet 算法中，特征金字塔网络（FPN）通常是自底向上的，这种方式传递的信息到高层特征图后将变得非常模糊，特别是对于小目标而言，甚至丢失其原始信息，最终无法实现精准识别。

为此，本研究依托 RetinaNet 算法，针对经典的 FPN 实施优化举措。为了更清晰地阐述在原 RetinaNet 算法基础上优化 FPN 结构的具体操作，下面结合图 3-9 展开详细说明。在目标检测领域，不同层次的特征图蕴含着不同粒度的语义信息，底层特征图具有更精细的定位信息，但语义信息相对较弱；高层特征图则具备丰富的语义信息，却在定位精度上有所欠缺。为了充分发挥各层特征图的优势，我们在原有的 RetinaNet 算法中巧妙地增添了一条自上而下的路径，其核心目的在于促进底层语义信息与高层语义信息的深度融合，从而对定位信息进行有效的补偿与强化，使模型在目标检测任务中能够更精准地定位目标物体。

在具体的操作流程中，我们以经典 FPN 的输出作为起点。首先，选取输出 C3_1 进行下采样处理。下采样操作可以调整特征图的尺寸，使其与后续参与融合的特征图在维度上相匹配，同时也能在一定程度上整合局部信息，增强特征的表达能力。经过下采样后的 C3_1 与 C4_1 进行加权融合。加权融合是一种灵活的信息整合方式，通过为不同特征图分配不同的权重，能够根据实际需求有针对性地强调或弱化某些特征，从而更好地平衡底层和高层语义信息。

完成第一次融合后，将融合结果再次进行下采样，以适应与 C5_1 融合的要求。同样，再次下采样后的特征图与 C5_1 进行加权融合，进一步整合更高级别的语义信息，使得特征图既保留了底层的精细定位信息，又融入了高层的丰富语义信息。

最后，为了进一步提取和优化融合后的特征，对各层输出结果执行卷积操作。卷积操作是深度学习中常用的特征提取手段，它可以通过一系列的卷积核在特征图上滑动，提取出更具代表性和区分度的特征。经过卷积操作后，我们最终得到优化后的 FPN 输出 P3 至 P5，这些输出特征图将为后续的目标检测任务提供更强大、更全面的特征支

持，有助于提高模型的检测性能和精度。

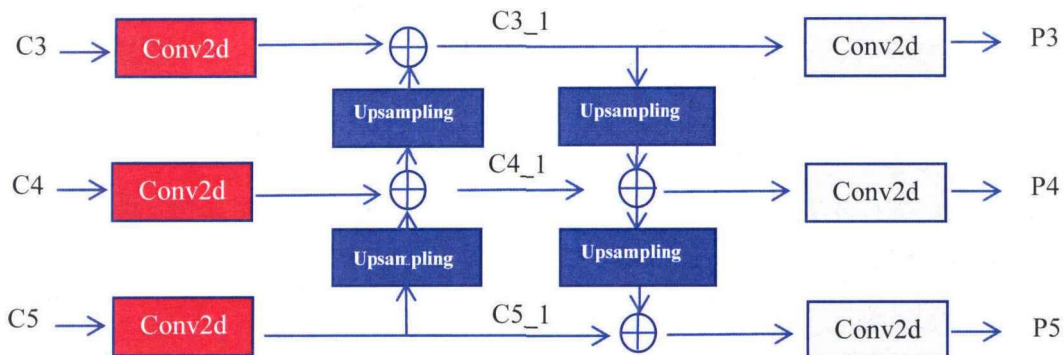


图 3-9 优化后的特征金字塔网络结构
Fig.3-9 The structure of the optimized FPN

5) 注意力机制

注意力机制使网络更加关注期望的目标信息。在本研究中，网络的目标是精准检测玉米雄穗，因此将注意力机制引入网络，让模型更加关注玉米雄穗的特征信息。注意力机制分为通道注意力机制、空间注意力机制以及通道和空间相结合的 CBAM（卷积块注意力模块）注意力机制^[139]。

在本研究里，CBAM 被应用于模型优化。输入的特征图首先进入通道注意力模块，在这一模块中，针对各个输入特征层，会分别进行全局最大池化和全局平均池化，目的是获取两个通道注意力向量。这两个向量随后被输入到一个由隐藏层和多层感知器组成的共享网络。经共享网络处理后，将得到的两个通道注意力向量相加，接着通过 Sigmoid 函数把输出特征层中各通道的权重归一化至 $[0,1]$ 区间，如此便得到了通道注意力模块的加权输出。之后，把该加权输出与输入特征层相乘，进而得到输出特征图；紧接着，这个输出特征图被送入空间注意力模块，在该模块中，会对特征图上的每个特征点执行最大池化和平均池化，完成池化后，将这两个池化结果进行堆叠，再借助通道数为 1 的卷积操作来调整通道数量。随后，利用 Sigmoid 函数将特征层中每个特征点的权重归一化到 $[0,1]$ 区间，最后将输出权重与输入特征层相乘，最终得到 CBAM 的输出。图 3-10 展示了 CBAM 的结构。

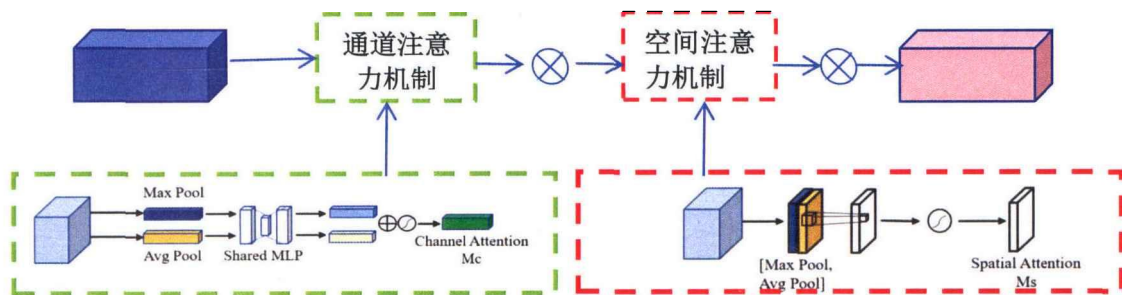


图 3-10 卷积块注意力机制网络结构
Fig.3-10 The structure of the CBAM attention mechanism

3.1.4 精度评价方法

在本研究中，平均精度（AP）、精确度（P）、召回率（R）以及准确度(Accuracy)被用于评估模型的检测性能。平均精度是玉米雄穗检测的一项综合评估指标，其数值是衡量模型性能的一个非常重要的指标。精确度指的是正确预测的正样本占有所有预测为正样本的比例。召回率指的是正确预测的正样本占有所有实际正样本比例。平均精度、精确度、召回率的计算公式如下：

$$AP = \int_0^1 P(R) dR \quad (3-5)$$

$$Accuracy = \frac{TP+TN}{TP+TN+FP+FN} \quad (3-6)$$

其中，TP 是指被预测为 1，实际也为 1 的样本，TN 是指被预测为 0，实际也是 0 的样本，FP 是指被预测为 1，实际为 0 的样本，FN 是指被预测为 0，实际为 1 的样本。

此外，本研究还使用计数指标，这主要是因为检测指标无法很好地区分因品种和种植密度不同而导致的检测差异。计数指标的计算公式如下：

$$R^2 = 1 - \frac{\sum_{k=1}^n (s_i - p_i)^2}{\sum_{i=1}^n (s_i - \bar{s})^2} \quad (3-7)$$

$$RMSE = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (s_i - p_i)^2}{n}} \quad (3-8)$$

$$MAE = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n |s_i - p_i| \quad (3-9)$$

式中， R^2 表示决定系数，RMSE 表示均方根误差，MAE 表示平均绝对误差， n 表示图像数量， s_i 和 p_i 分别表示第 i 张图像中雄穗数量真实值和预测值， $\bar{s}$ 表示实际数量平均值。

3.2 结果与分析

3.2.1 迁移学习方法下玉米雄穗检测结果

试验选取了在目标检测领域颇具代表性的 Faster R-CNN、SSD 和 YOLO_X 这三种网络作为研究对象，并将制作好的玉米雄穗数据集应用于这些网络，开启正式的训练过程。在这一阶段，网络从初始状态开始，逐步学习玉米雄穗图像的特征，不断调整自身的参数，以期在检测任务中展现出更好的性能。

随后，为了进一步提升网络性能，本试验创新性地运用迁移学习这一高效策略对这三个网络展开进一步的训练。迁移学习的引入，旨在利用已有的知识和特征信息，为网络注入新的活力，使其在处理玉米雄穗检测任务时展现出更卓越的能力。

经过一系列的训练和评估后，最终的实验结果被系统地整理并呈现在表 3-2 中。通过对表 3-2 的细致观察和分析，可以发现，与未使用迁移学习的情况相比，当采用迁移学习的方法后，这三种网络在召回率和平均精度这两个关键指标上均取得了显著的提升。具体而言，对于 Faster R-CNN，其召回率大幅提升了 21.96%，这意味着该网络在识别玉米雄穗时，能够更准确地找出更多真实 TP 样本；同时，其平均精度也上升了 16.21%，表明该网络在正确识别 TP 样本和排除 TN 样本方面的能力得到了显著增强。对于 SSD 网络，其召回率和平均精度分别上升了 2.76%和 4.05%，虽然提升幅度相对较小，但也清晰地表明迁移学习为其带来了性能的提升，使其在玉米雄穗检测方面更加可靠和精准。而 YOLO_X 网络的召回率和平均精度分别上升了 5.51%和 3.76%，这一提升进一步证明了迁移学习对于该网络的积极影响，使其在保证召回率的同时，也能提高检测的准确性。

不仅如此，为了更深入地探究迁移学习对模型性能的影响，本研究对 Faster R-CNN、SSD 和 YOLO_X 模型在使用迁移学习前的损失变化情况进行了可视化呈现，具体结果如图 3-11 所示。从图 3-11 中可以直观地看出，经过迁移学习的模型呈现出明显的优势。其中，最显著的特征是其初始损失值显著低于未使用迁移学习的模型。这一现象并非偶然，而是具有深刻的内在含义，它表明在模型训练初期，采用迁移学习后的模型就已经具备了一定的优势，并且，在模型从初始状态逐步训练，直到达到稳定的损失值这一过程中，采用迁移学习后的模型展现出了更快的收敛速度，这意味着它能够更迅速地找到最优的参数组合，更高效地趋向于最优状态，减少了训练时间和资源的消耗，同时也在一定程度上避免了陷入局部最优解的风险，为玉米雄穗的高效、准确识别提供了更强大的支持。这种现象充分彰显了迁移学习在提升目标检测网络性能方面的巨大潜力和优势，为后续的相关研究和实际应用提供了有力的参考和借鉴。

表 3-2 迁移学习前后不同检测模型结果对比

Tab. 3-2 Comparison of the results of different detection models before and after transfer learning

操作对象	模型	精确度 (%)	召回率 (%)	平均精度 (%)	准确度 (%)	标准差
迁移学习前	Faster R-CNN	69.10	70.09	75.80	85.01	0.015
	SSD	88.61	80.23	87.44	93.09	0.012
	YOLO_X	94.94	79.67	89.03	94.62	0.010
迁移学习后	Faster R-CNN	77.27	91.95	92.11	95.03	0.014
	SSD	93.29	82.99	91.49	97.38	0.009
	YOLO_X	96.15	85.18	92.79	98.83	0.008

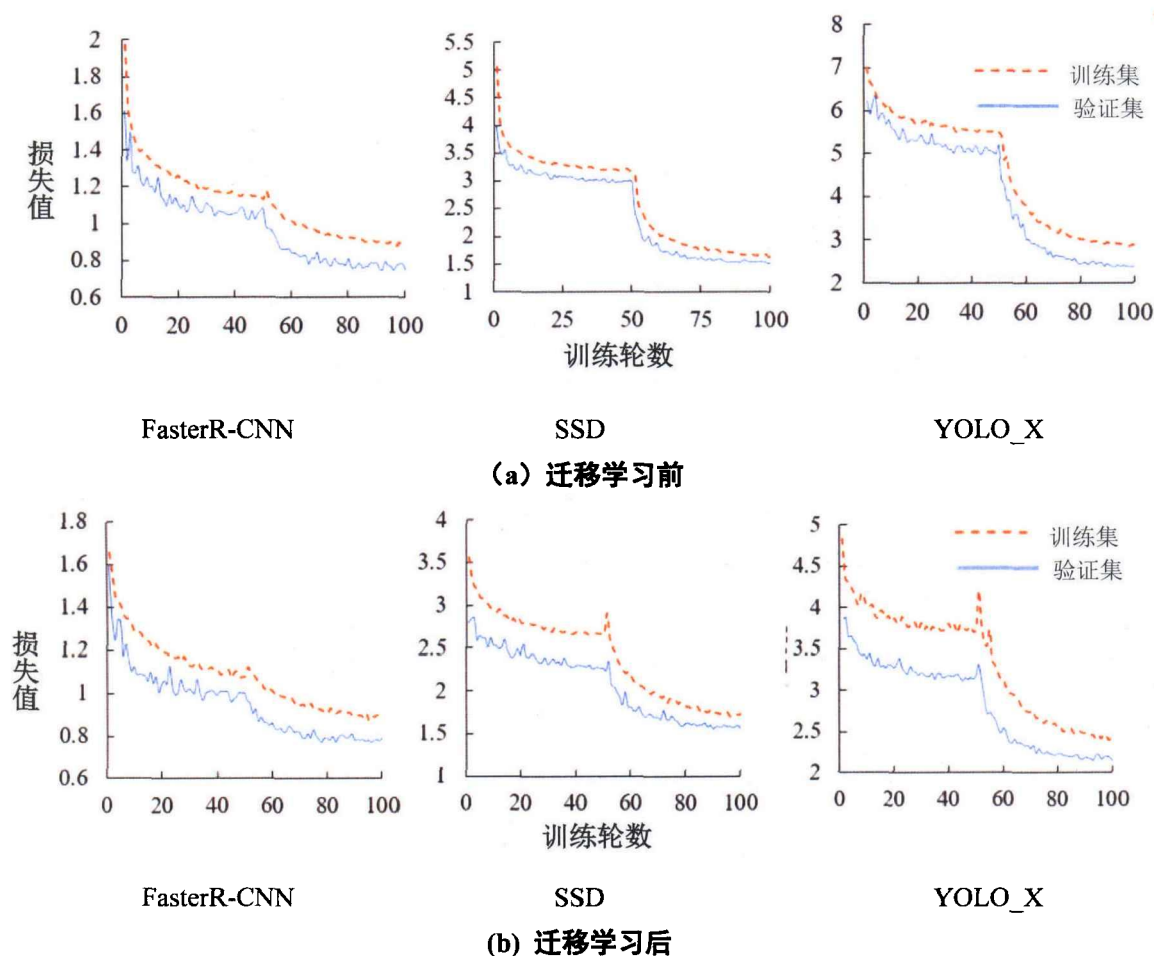


图 3-11 迁移学习前后不同检测模型损失率变化
Fig.3-11 Changes in the loss rate of different detection models
before and after transfer learning

另外，由表 3-2 可以清晰地看出，在采用迁移学习之后，Faster R-CNN、SSD、YOLO_X 这三种模型在玉米雄穗检测的精确度方面均取得了显著的提升。具体而言，Faster R-CNN 的精确度提升了 8.17%，SSD 的精确度提升了 4.68%，YOLO_X 的精确度提升了 1.21%。同时，在对数平均误检率（LAMR）这一指标上，三种模型也展现出了较好的效果，Faster R-CNN 的 LAMR 降低了 0.25，SSD 的 LAMR 降低了 0.15，YOLO_X 的 LAMR 降低了 0.07。

图 3-12 直观呈现了三种模型的检测结果，其中对于图中真实存在的 16 个玉米雄穗，三类模型在使用迁移学习方法后识别精确度均有所上升，其中，YOLO_X 模型在使用迁移学习后全部检测出来，而不使用迁移学习方法只能检测出 13 个，Faster R-CNN 模型迁移学习前后分别能检测 12 核 14 个，SSD 模型迁移学习前与 Faster R-CNN 模型一样，但迁移学习后多检测出 1 个。

迁移学习前，YOLO_X 的性能已经较为出色，其平均精度达到了 89.03%，比 Faster R-CNN 高出 13.23%，比 SSD 高出 1.59%。在准确度方面，YOLO_X 的准确度为 94.62%，

比 Faster R-CNN 高出 9.61%，比 SSD 高出 1.53%。并且在平均误检率方面，YOLO_X 也是最低的。同时在使用迁移学习之后，YOLO_X 的性能进一步得到了优化，其平均精度（AP 值）达到 92.79%，比 Faster R-CNN 高出 0.68%，比 SSD 高出 1.3%，其准确度更是达到了 98.83%，比 Faster R-CNN 高 3.80%，比 SSD 高 1.45%。尤其值得注意的是，YOLO_X 的对数平均误检率在使用迁移学习之后降至 0.20，为三类模型中最低。综合各项指标来看，无论是在使用迁移学习之前，还是在使用迁移学习之后，YOLO_X 都表现出了更出色的识别性能，相比另外两种网络，它在玉米雄穗检测任务中展现出了更强的优势和竞争力，这凸显了 YOLO_X 模型在该任务中的卓越性能和应用潜力。

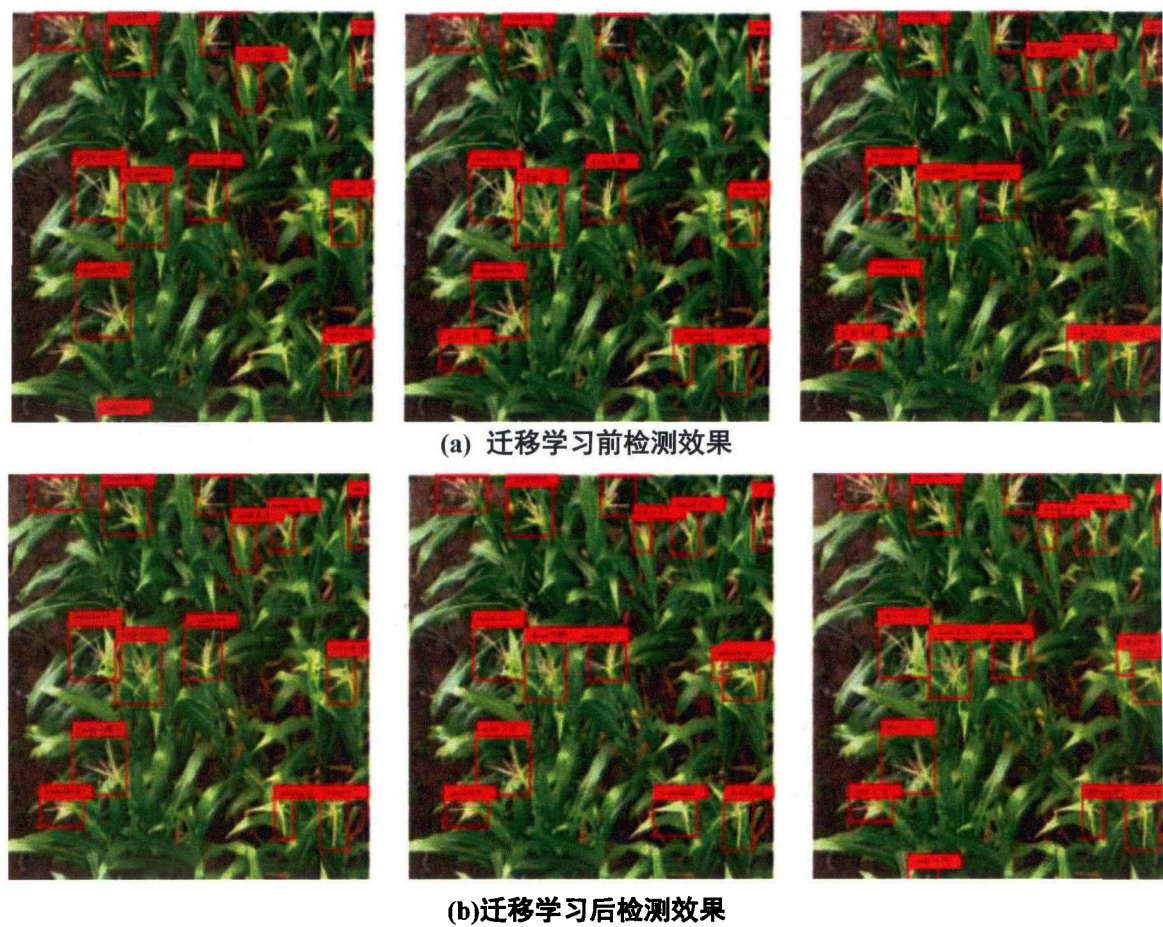


图 3-12 迁移学习前后不同检测模型检测结果

(a) FaterR-CNN (左) SSD (中) YOLO_X (右) (b) FaterR-CNN (左) SSD (中) YOLO_X (右)
(b) Fig.3-12 Detection results of different detection models before and after transfer learning
(a) Faster R-CNN (Left) | SSD (Middle) | YOLO_X (Right)(b) Faster R-CNN (Left) | SSD (Middle) | YOLO_X (Right)

3.2.2 基于 RetinaNet 模型多策略优化的玉米小目标雄穗检测结果

本节以 RetinaNet 算法基础，对比了不同模型策略优化下的玉米雄穗检测效果。相关实验结果呈现在表 3-3 中，其中 RetinaNet 代表未经任何改进的原始模型，RetinaNet-FPN 指的是对 RetinaNet 里的特征金字塔网络(FPN)结构进行优化后的模型，RetinaNet-

CBAM 则是在 RetinaNet 中融入了注意力机制的模型。

通过对表 3-3 中详实数据的深入剖析，能够看到 RetinaNet 模型在不同优化策略下的性能变化。当单独对 FPN 结构进行优化时，RetinaNet 模型在关键性能指标上呈现出积极的增长态势。平均精度实现了 0.83% 的稳步提升，这意味着模型在识别各类目标时，整体准确性得到了进一步巩固；精确度提高了 1.43%，表明模型在判定为正样本的结果中，正确识别的比例显著增加；召回率提升幅度更是达到 2.99%，这体现出模型捕捉目标的能力得到了大幅增强，能够更全面地检测出图像中的目标物体。

在 RetinaNet 算法里引入注意力机制后，同样取得了显著成效。模型平均精度上升了 0.63%，反映出模型对复杂场景和目标的识别能力有所增强；精确度提高 0.43%，进一步提升了模型预测结果的可靠性；召回率提高 1.81%，说明模型在检测过程中遗漏目标的情况明显减少。

而当同时实施 FPN 结构优化和注意力机制引入这两项改进措施时，RetinaNet 模型的性能提升效果更为显著。平均精度大幅提高 2.84%，相比单独优化 FPN 结构的策略，实现了质的飞跃，在目标检测的准确性上达到了更高的水平；精确度提高 1.57%，使得模型在判断目标类别时更加精准；召回率提升了 4.6%，这表明模型不仅能够准确识别目标，还能在更大范围内捕捉到各类目标，极大地增强了模型的检测能力。

综合这些数据可以清晰地得出结论，在 RetinaNet 算法中同时优化 FPN 结构并引入注意力机制，能够从多个维度显著提升模型的检测效果，为该模型在复杂场景下的应用提供了更强大的技术支撑，使其在目标检测任务中展现出更高的效率和准确性。

表 3-3 基于 RetinaNet 模型多策略优化的玉米小目标雄穗检测结果
Tab. 3-3 Detection results of small target mazie tassels based on multi-strategy optimization of RetinaNet model

模型	平均精度(%)	精确度(%)	召回率(%)	标准差
RetinaNet	95.23	96.35	85.66	0.012
RetinaNet+FPN	96.06	97.78	88.65	0.011
RetinaNet+CBAM	95.86	96.98	87.47	0.012
RetinaNet+FPN+CBAM	97.07	97.92	90.26	0.010

3.2.3 迁移学习下改进的 RetnaNet 模型对玉米小目标雄穗检测结果

为全方位评估改进的 RetinaNet 模型对玉米雄穗检测中的性能表现，本研究挑选了 Faster R-CNN、YOLO_X 以及 SSD 三种经典模型，在基于迁移学习的基础上，与改进的 RetinaNet 模型展开严谨的对比验证。

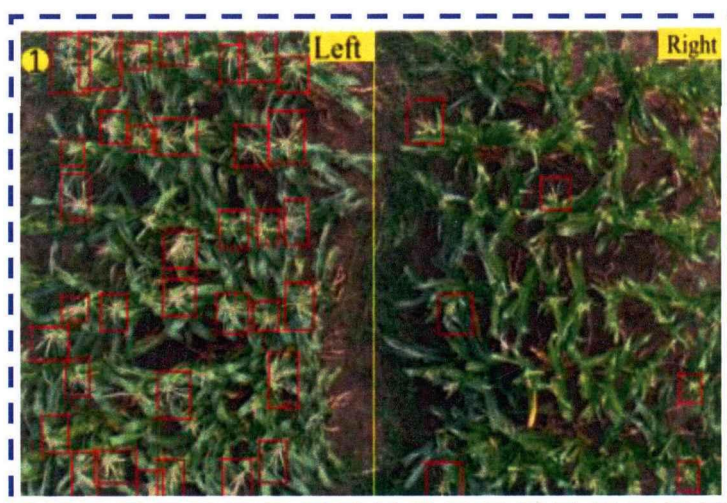
为确保对比结果的科学性与可靠性，研究人员对实验过程进行了严格的控制。与 3.2.1 节中数据一致，首先，将原始图像数据统一裁剪至 2700×1500 像素，以消除图像尺寸差异对模型检测结果的潜在影响。随后，使用完全相同的数据集对这四种模型进行训练，使其在相同的数据环境中进行学习和优化。最后，在同一测试集上对各模型的性能进行评估，以保证测试条件的一致性。

实验结果如图 3-13 和表 3-4 所示。从图 3-13 可以看到，在面对较大尺寸的玉米雄穗时，Faster R-CNN、YOLO_X、SSD 以及改进的 RetinaNet 模型(RetinaNet+FPN+CBAM) 检测效果较为相近，均能较好地完成检测任务。然而，当遇到图 3-13 中左侧图像里重叠度较高的雄穗时，Faster R-CNN 和 SSD 模型的局限性便凸显出来，识别效果降低；相比之下，YOLO_X 算法和改进的 RetinaNet 模型则展现出更强的适应性，能够更为准确地识别这些重叠雄穗。

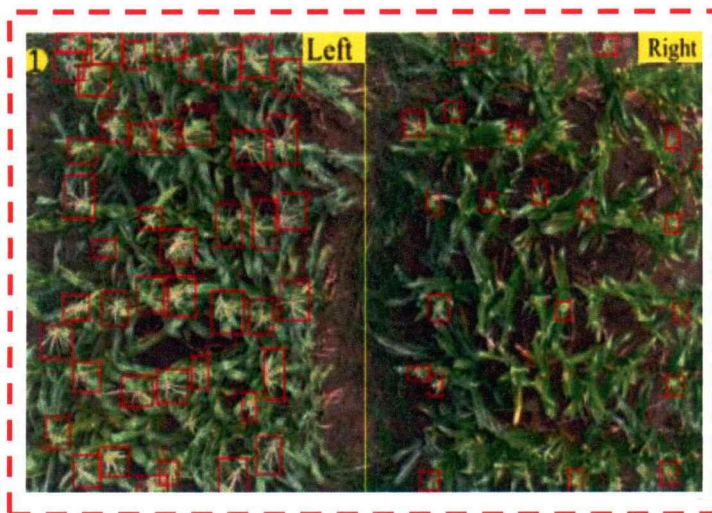
在处理图 3-13 中右侧中包含的众多小目标雄穗的图像时，各模型的检测能力差异更加显著。图中共有雄穗目标 43 个，其中 Faster R-CNN 算法仅检测到 6 个小目标雄穗，YOLO_X 算法检测到 22 个，SSD 算法检测到 12 个，而改进的 RetinaNet 模型凭借其卓越的性能，成功检测到 42 个，这一数据充分表明改进的 RetinaNet 模型在小目标雄穗检测方面具有明显优势。再结合表 3-3 中的数据进行深入分析，改进的 RetinaNet 模型在各项性能指标上均表现出色。其平均精度、精确度、召回率方面比 Faster R-CNN、YOLO_X 和 SSD 等模型都要高。再次证明了改进的 RetinaNet 模型在多个关键性能方面均显著优于 Faster R-CNN、YOLO_X 和 SSD 等模型，在玉米雄穗检测任务中展现出更高的准确性和有效性，能为玉米雄穗的精准检测提供了更为可靠的技术支持。

表 3-4 不同模型检测精度
Tab. 3-4 The results of recognition accuracy based on different models

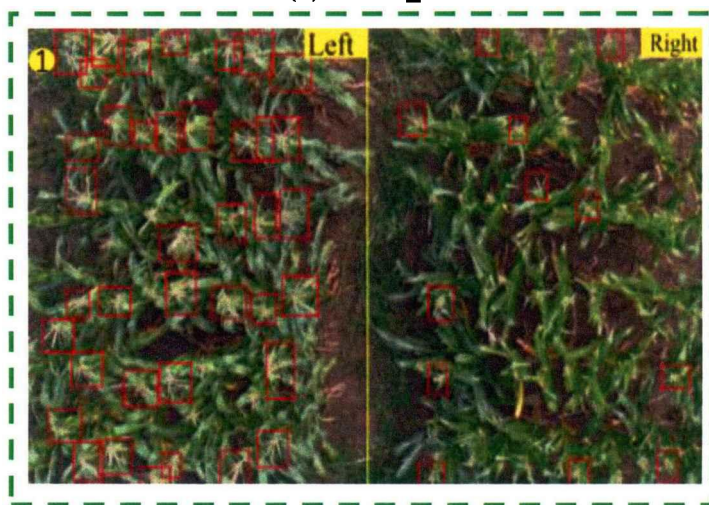
模型名称	平均精度(%)	精确度(%)	召回率(%)	标准差
Faster R-CNN	92.11	77.27	91.95	0.018
SSD	91.49	93.29	82.99	0.013
YOLO_X	92.79	96.15	85.18	0.015
RetinaNet+FPN+CBAM	98.83	99.01	92.89	0.008



(a) Faster R-CNN



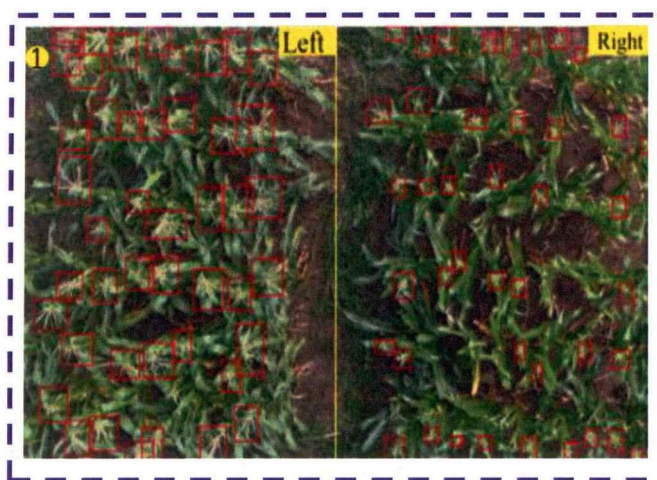
(b) YOLO_X



(c) SSD

图 3-13 不同检测模型对小目标雄穗的识别结果

Fig.3-13 Recognition results of small target maize tassels by different detection models



(d) RetinaNet+FPN+CBAM

图 3-13 续

Fig.3-13 Cont

3.3 讨论

3.3.1 数据集对迁移学习后模型检测精度的影响

在迁移学习这一前沿技术的应用过程中，核心理念在于将在一个特定环境中学习积累的知识，巧妙且高效地应用到全新的环境之中。从理论上来说，在最为理想的条件下，原训练集需要具备两个关键特性，其一，数据量必须足够庞大，如此方能涵盖丰富多样的样本信息，使模型能够学习到广泛的特征；其二，数据质量要达到极高的标准，确保每一个数据样本都精准、可靠且具有代表性。只有当原训练集同时满足这两个条件时，在将其迁移到目标模型中时，目标模型才能够最大限度地吸收原训练集中的丰富特征信息，从而为后续的预测和识别任务奠定坚实的基础。

在本文的研究中，选用了玉米雄穗 MTC 公开数据集。该数据集是由 Lu 等学者^[36]在 2010-2015 年这一较长的时间跨度内，通过精心的实验设计与严谨的数据采集流程所获得的。他们使用高清数码相机，采集了中国 4 个不同实验点共计 6 个不同品种的玉米冠层图像数据，数据集总共包含 361 幅影像，值得一提的是，该数据集全面记录了玉米从苗期到抽雄期等多个关键的生长期，无论是在时间维度上的连续性，还是在品种多样性以及空间分布的广泛性上，都展现出了卓越的品质。其涵盖的数据量极为庞大，并且在数据采集过程中，严格把控质量，确保了每一张图像、每一组数据的准确性和可靠性，质量也较高。

基于这样高质量的数据集进行训练，当将训练好的模型迁移到本文所使用的数据集后，取得了较好的效果，检测精度有了明显的提升，这充分证明了该数据集在迁移学习中的有效性和价值。然而，就迁移学习技术本身的发展现状而言，仍然存在着一些亟待解决的问题。尽管 MTC 公开数据集已经十分丰富，但从更全面的视角来看，样本量依

然存在局限性，特别是在品种的丰富度、环境条件（如光照的强度、角度以及遮挡情况的多样性）、尺度（涵盖无人机拍摄的大尺度俯瞰数据以及观测塔采集的小尺度精细数据等不同维度）等方面的数据量依然较少，这些数据量的不足，直接导致了基于该数据集训练的迁移模型在应用场景上存在一定的限制。目前，该迁移模型仅仅适用于那些与其数据分辨率、玉米生长期以及光照条件较为接近的场景，若要突破这些限制，单纯地增加数据集的规模，虽然在理论上能够提升模型的性能，但在实际操作中却面临着诸多难题。一方面，增加数据集会使得计算量呈指数级增大，这对硬件设备的计算能力提出了极高的要求，需要耗费大量的计算资源；另一方面，计算量的增加必然导致计算时间大幅延长，这在实际应用场景中，尤其是那些对实时性要求较高的场景下，会极大地降低模型的应用价值^[140,141]。

因此，在实际应用过程中，经过深入的分析与实践验证，针对性地选择预训练模型进行迁移是一种更为明智且高效的策略。通过精准地匹配目标任务与预训练模型的特性，可以在不显著增加计算量和时间成本的前提下，更有效地提高检测效率。展望未来，随着玉米雄穗数据集的不断扩大，无论是在品种的多样性、环境条件的复杂性，还是尺度的全面性上都能够得到极大的改善，届时该模型对玉米雄穗识别的泛化性和鲁棒性有望得到显著的提升，能够在更广泛的场景中实现精准、高效的识别，为玉米种植领域的智能化发展提供更为强大的技术支持。

3.3.2 不同玉米品种对模型检测精度的影响

前面章节已经对比了不同检测模型在迁移学习前后的检测效果，为了进一步对比和验证不同模型在不同玉米品种上的检测效果，本研究将 320 张包含相同种植密度(6000 株/公顷)，5 个品种的玉米影像按照品种信息划分为 5 组测试集，每组 64 张。为了使实验结果更具直观性和可解释性，每个品种对应的雄穗图像已在图 3-14 中进行了展示，方便研究者清晰地观察不同品种玉米雄穗的外观特征，以便更好地理解后续的检测结果。

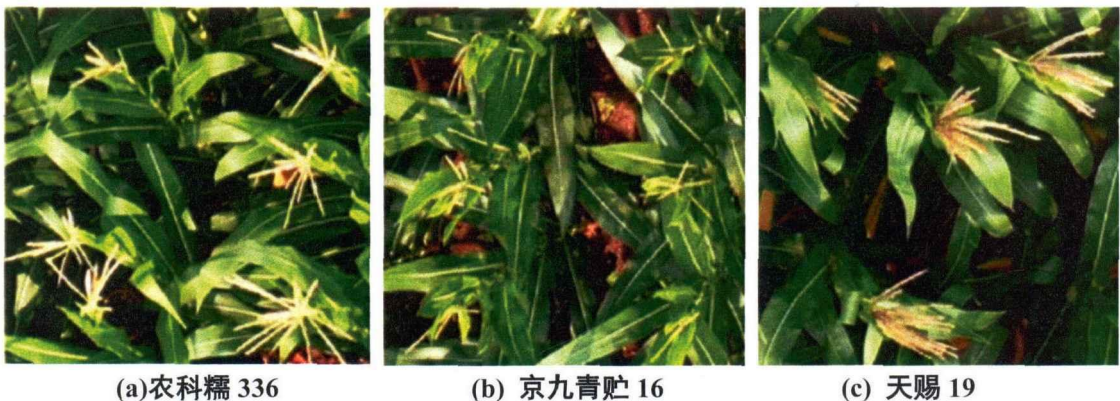


图 3-14 不同品种玉米雄穗形态

Fig.3-14 The morphology of mazie tassels of different varieties

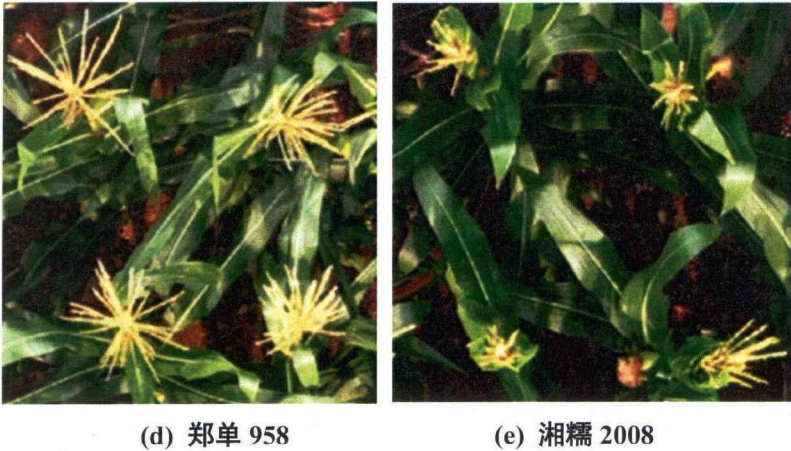


图 3-14 续
Fig.3-14 Cont

在此基础上，研究选用了 Faster R-CNN、SSD、YOLO_X 以及改进的 RetinaNet 模型等四种目标检测模型进行对比，以人工识别并标记的玉米雄穗数为真值，对比各个模型识别出来的结果，然后对这两组数据，即人工标记的真实框数量与模型检测的结果，进行了线性回归分析，通过探究模型的检测性能与真实情况之间的线性关系，挖掘出模型在不同品种玉米雄穗检测上的潜在规律和趋势。最终分析结果如表 3-5 示。

表 3-5 不同玉米品种雄穗的检测结果 (n=64)
Tab. 3-5 Detection results of mazie tassels of different varieties

品种	农科糯 336		京九青贮 16		天赐 19		郑单 958		湘糯 2008	
	R ²	RMSE	R ²	RMSE	R ²	RMSE	R ²	RMSE	R ²	RMSE
Faster R-CNN	0.90	1.82	0.70	2.92	0.83	1.55	0.94	1.08	0.80	2.06
SSD	0.86	2.18	0.57	4.72	0.86	1.46	0.95	0.97	0.77	2.63
YOLO_X	0.91	1.69	0.77	3.20	0.90	1.18	0.96	0.78	0.87	2.15
RetinaNet+FPN+CBAM	0.91	1.67	0.83	3.02	0.95	1.15	0.98	0.76	0.89	1.85

从结果中可以看出，在不同品种的玉米雄穗检测中，郑单 958 品种呈现出较为出色的表现。具体而言，当采用 Faster R-CNN、SSD、YOLO_X 以及改进的 RetinaNet 这四种模型对郑单 958 进行检测时，其决定系数 R^2 分别为 0.94、0.95、0.96、0.98，均方根误差 RMSE 分别为 1.08、0.97、0.78、0.76。由此可以判断郑单 958 在 5 个品种中对于上述四种模型展现出了最好的适应性，这意味着该品种的玉米雄穗在这四种模型下能够得到更为准确和可靠的检测结果。

与之相反，京九青贮 16 品种的检测结果较差。在使用 Faster R-CNN、SSD、YOLO_X 以及改进的 RetinaNet 模型进行检测时，其决定系数 R^2 分别为 0.70、0.57、0.77、0.83，

均方根误差分别为 2.92、4.72、3.20、3.02。相对其他品种而言，京九青贮 16 对于这些模型的适应性最差。

深入探究其中的缘由，主要是因为品种特性的差异对检测结果产生了显著影响。京九青贮 16 和湘糯 2008 这两个品种的穗枝条较为纤细，穗分枝较少，这种形态特征使得它们在图像中可能表现得不够显著，容易在检测过程中被遗漏，从而影响了整体的检测效果。而郑单 958、农科糯 336、天赐 19 等三个品种的紧凑度较低，而且分枝多而长，容易识别，为检测模型提供了更丰富的特征信息，因此更容易被准确地检测到。

对比四种检测模型在不同品种的玉米雄穗检测中的表现效果，YOLO_X 和改进的 RetinaNet 模型结果虽然较为接近，并且 YOLO_X 模型对 5 个品种的决定系数 R^2 分别达到 0.91、0.77、0.90、0.96、0.87，特别是对于农科糯 336 品种来讲，YOLO_X 模型表现与改进的 RetinaNet 模型识别精度是相当的，但总体来讲，改进的 RetinaNet 模型 R^2 更高，RMSE 更小，进一步证明了改进的 RetinaNet 模型是最优的。

3.3.3 不同种植密度对模型检测精度的影响

前面章节中提到 YOLO_X 模型和改进的 RetinaNet 模型在数据迁移和不同玉米品种上的雄穗检测精度较高，为了更进一步对比这两种模型的在更多场景下对玉米雄穗的识别效果，本节针对不同种植密度下的玉米雄穗识别进行研究，研究每个品种每种种植密度均使用 16 张图像数据，这样的分类设计旨在更全面地探究种植密度这一因素对玉米雄穗识别效果的影响。研究将数据集按照品种信息划分，然后分别检测每一个品种下不同种植密度的检测效果，使用平均绝对误差 (Mean Absolute Error, MAE) 来定量化衡量，该指标能够有效地反映出模型预测结果与真实结果之间的平均差异程度，为评估模型的性能提供了重要依据。

如表 3-6 所示，表中列出了基于迁移学习的 YOLO_X 模型和改进后的 RetinaNet 模型在不同品种不同种植密度条件下分别获得平均绝对误差 (MAE) 值，通过该值判断模型对于种植密度这一变量的敏感性，以及在不同种植密度情况下的稳定性和准确性，为后续的模型优化和实际应用提供了宝贵的参考信息。

可以看出，在相同种植密度下，不同玉米品种之间的 MAE 值差异很大，郑单 958 品种的平均绝对误差 (MAE) 明显小于京九青贮 16 品种的相应数值。给定品种的平均绝对误差 (MAE) 随着种植密度的增加而增大，与迁移学习后的 YOLO_X 模型检测结果对比，改进的 RetinaNet 模型对不同种植密度条件下的玉米雄穗检测精度的 MAE 值差异更小，但并不明显，然而使用改进 RetinaNet 模型的方式更加简便，因此更具应用价值。

表 3-6 不同种植密度条件下不同模型的雄穗识别结果
Tab. 3-6 Tassel recognition results of different models under different planting density conditions

模型	品种	45000(株/ 公顷)	60000(株/ 公顷)	67500(株/ 公顷)	90000(株/ 公顷)
YOLO_X	农科糯 336	0.77	1.07	1.26	1.66
	京九青贮 16	2.20	2.49	2.99	3.45
	天赐 19	0.46	0.64	0.85	1.41
	郑单 958	0.20	0.32	0.54	0.70
	湘糯 2008	0.84	1.29	1.57	1.97
RetinaNet+ FPN+CBAM	农科糯 336	0.76	1.02	1.22	1.64
	京九青贮 16	2.08	2.47	2.98	3.37
	天赐 19	0.42	0.62	0.83	1.38
	郑单 958	0.17	0.27	0.51	0.69
	湘糯 2008	0.80	1.26	1.56	1.94

注：表中 MAE 值是在每个品种每种植密度下使用 64 张影像进行雄穗数量提取获得，单位为株

进一步分析可以发现，就同一品种来说，存在一个显著的趋势：MAE 值的大小随着种植密度的增大而增加，说明模型的识别精度并非由单一因素决定，而是与种植密度、品种均紧密关联。主要体现为，检测误差会随着植密度的增加逐渐增大。深入剖析这一现象的根源，不难知道，随着种植密度增大，玉米雄穗之间的交叉重叠和遮挡情况愈发严重，这些因素极大地干扰了检测过程，使模型在精准识别雄穗时难度大增，进而导致误差不断增大。同时，模型对于玉米不同品种的检测精度也表现出较大差异。以郑单 958 为例，该品种的雄穗分枝较大且分枝数较多，这种特征使得其在图像中具有更加丰富的特征信息，为模型的检测提供了便利，因此检测误差相对较小；而京九青贮 16 的雄穗分枝数较少，并且分枝较细，在图像中的特征不够明显，导致模型在检测时面临更大的困难，进而产生了较大的检测误差。

3.3.4 图像分辨率对改进的 RetinaNet 模型雄穗检测精度的影响

实际应用场景中，当使用的无人机图像传感器类型或者飞行高度不一致时，其采集的图像分辨率也是不同的，不同图像分辨率对本研究中改进的 RetinaNet 模型检测精度影响究竟如何，本研究进行了探索。研究使用无人机从 5 米高度采集测试区域的图像，为了提升模型运行效率，将原始图像从 5472×3648 像素裁剪至 2000×2500 像素，研究利用 Envi5.3 软件对分辨率为 2000×2500 像素的图像进行下采样，最终得到分辨率为 1000×1250、500×625 和 250×313 像素的三类图像，以此来模拟同类型无人机 10 米、20 米和 40 米飞行高度下采集的图像。

图 3-15 中总共有 35 个玉米雄穗，在分辨率为 2000×2500 和 1000*1250 像素的图像中，该模型检测检测精度均较高。而在分辨率为 500×625 和 250*313 像素的图像中，检测精度大幅度下降，特别是 250*313 分辨率图像下，玉米雄穗几乎检测不到，由此可知，分辨率对进后的 RetinaNet 模型检测效果影响较大，然而，对于大区域大数据量的玉米育种小区而言，要想提高检测效率，无人机飞行的高度需要更高，更高的高度会导致图像分辨率的急剧下降，然而实际的玉米育种需要的是快速检测更高通量的玉米雄穗，进而判定整个育种小区所有材料的抽雄进度，因此需要进一步研究对低分辨率图像的识别研究。

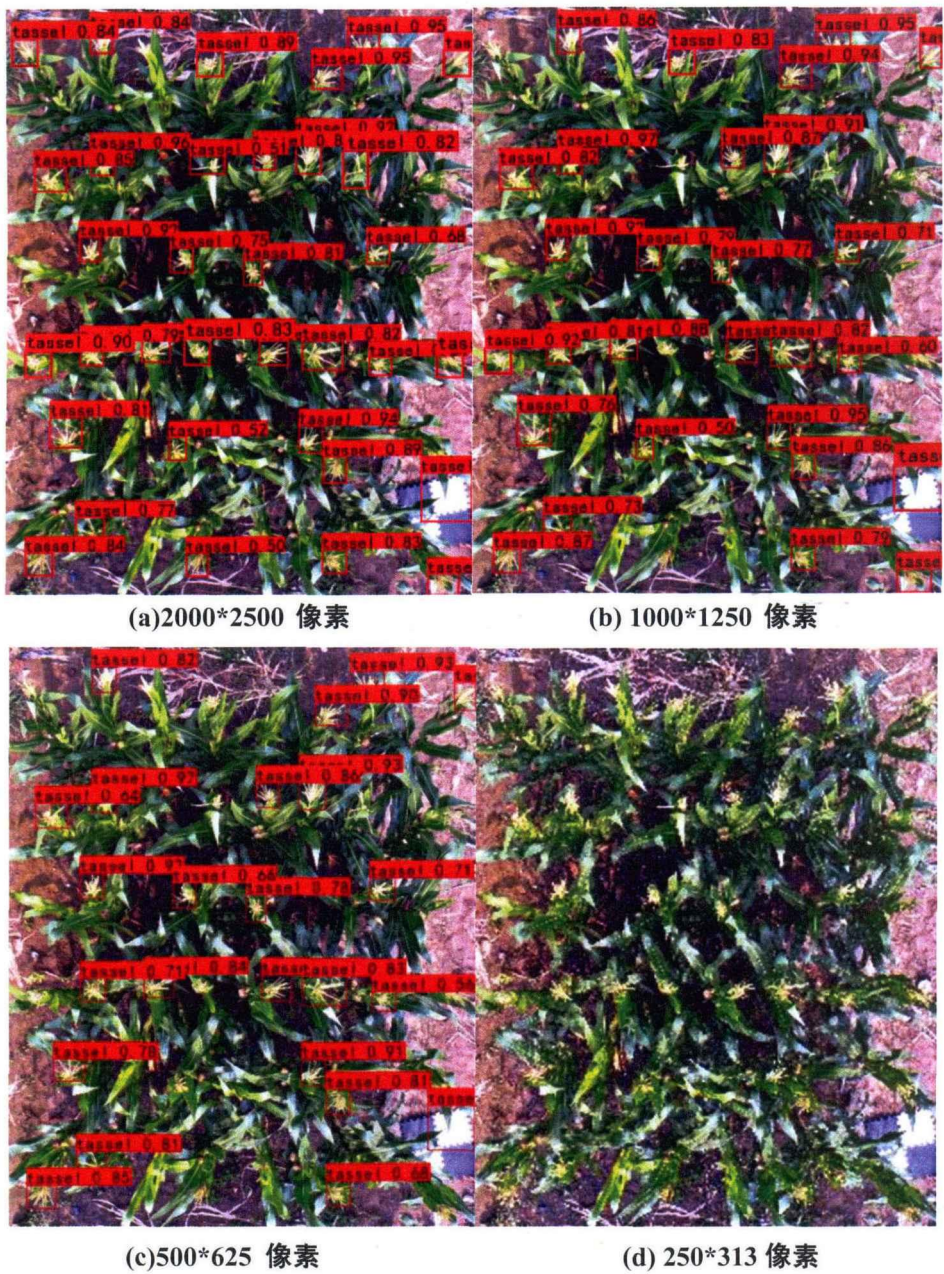


图 3-15 不同分辨率图像下改进的 RetinaNet 模型检测结果

Fig.3-15 Detection results of the improved RetinaNet under different resolution images

3.3.5 光照强度对改进的 RetinaNet 模型雄穗检测精度的影响

尽管改进的 RetinaNet 模型在检测玉米雄穗方面已经表现得较好，但实际场景中获取图像的背景信息一般较为复杂，本研究探索了图像亮度变化对玉米雄穗检测的影响。实验使用了来自测试数据集的大小不同的玉米雄穗图像，并利用改进的 RetinaNet 模型在对亮度条件下对玉米雄穗进行检测，以光照强度为 63Klux 的图像为标准光照，对图像亮度分别进行减弱和增强，结果如图 3-16 所示，处理改进的 RetinaNet 模型对处于不同亮度水平的玉米雄穗的检测明显依赖于亮度。当亮度降低 75% 的较低水平时，改进的 RetinaNet 模型所检测到的玉米雄穗数量颇为稀少。而当亮度降低和增加幅度在 50% 范围以内时，该模型检测到的玉米雄穗结果趋于稳定，并且检测准确度近乎达到 100%。然而，随着亮度进一步增强，达到原来的 150% 以上时，RetinaNet 模型检测到的玉米雄穗数量急剧减少，漏检的雄穗数量还会随着亮度的持续上升而不断增加。亮度降低到原来的 50% 以下时，检测效果也开始变差，但相较于亮度同等增加的情景来讲，其漏检数量要更少一些，究其原因，主要是因为强光更容易丢掉图像中玉米雄穗纹理和色彩信息，使得检测难度急剧增长。

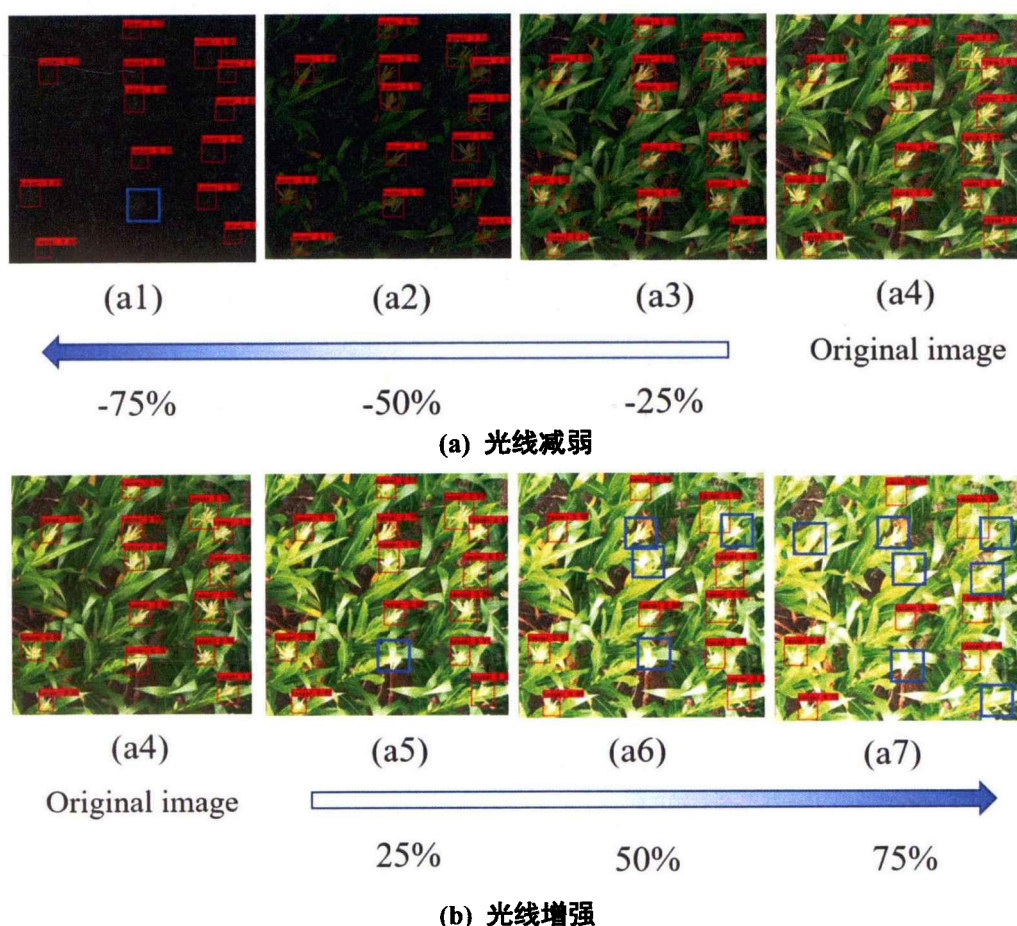


图 3-16 不同光照条件下改进的 RetinaNet 模型检测结果

Fig.3-16 Detection results of the improved RetinaNet model under different lighting conditions

3.4 本章小结

研究使用无人机（UAV）获取玉米雄穗图像，创建了玉米雄穗数据集，并基于该数据集使用迁移学习的方法来验证和对比不同深度学习算法在玉米雄穗识别精度上的效果，总体来讲，使用迁移学习方法后的识别精度明显高于未迁移前，主要是由于迁移学习方法扩大了模型训练的样本数据量，而在不同的深度学习算法上，精度也各有差异，YOLO_X 模型的识别精度高于 Faster R-CNN、SSD 等模型，进一步对 RetinaNet 模型中的特征金字塔网络（FPN）结构进行优化，同时引入了注意力机制，提高了对小目标雄穗的识别精度。此外，研究还分析了不同的图像分辨率、亮度水平、品种以及种植密度，以确定这些因素如何影响各类模型对玉米雄穗的检测效果。

本研究的结果得出以下结论：与未采用迁移学习的模型相比，迁移学习显著提升了 Faster R-CNN、SSD 和 YOLO_X 三种模型在玉米雄穗识别任务中的性能。具体而言，迁移学习后，Faster R-CNN 的平均精度提升了 16.31%，SSD 提升了 4.05%，YOLO_X 提升了 3.76%。在迁移学习后的模型对比中，YOLO_X 表现最为优异。其精确度高达 96.15%，表明在识别玉米雄穗时，YOLO_X 判定为雄穗的结果具有极高的准确性。同时，YOLO_X 的平均精度达到 92.79%，体现了该模型在识别各类玉米雄穗样本时的高度准确性和稳定性。此外，YOLO_X 的准确率达到 98.83%，直观反映了其在整体任务中能够精准检测出几乎所有真实玉米雄穗样本的能力。

本研究在 RetinaNet 模型的基础上优化了特征金字塔网络（FPN）模块，并引入了注意力机制模块，显著提升了模型对玉米小目标雄穗的识别效果。实验结果表明，在基于迁移学习的情况下，改进后的 RetinaNet 算法在平均精度（98.83%）、精确度（99.01%）和召回率（92.89%）方面均表现出色。通过与 Faster R-CNN、YOLO_X 和 SSD 算法的对比，改进的 RetinaNet 算法在精度上依然保持最优。然而，改进后的模型在图像分辨率降低时检测精度有所下降。此外，光照强度对模型性能也有显著影响：在光照较低的情况下，模型表现较好；而在强光条件下，模型表现较差，表明强光对识别效果的干扰更大。同时，改进的 RetinaNet 算法的检测效果还受玉米品种和种植密度的影响，在测试的五个玉米品种中，郑单 958（京九青贮 16）的雄穗检测精度最高（最低）。随着种植密度的增加，玉米雄穗的检测误差也相应增大。本研究通过结合无人机遥感技术和计算机视觉技术，显著提升了玉米雄穗识别的能力，为准确掌握玉米抽雄进度提供了重要支持。

对比改进的 RetinaNet 模型和基于迁移学习方法的 YOLO_X 模型对不同种植密度下玉米雄穗的检测结果，可以发现，改进的 RetinaNet 模型 MAE 值更小，说明识别效果更好，虽然值差异不大，但使用改进 RetinaNet 模型的方式其实际应用价值更大，因为其在保证模型检测精度较高的情况下，其所需的数据量更小，操作过程也更加简单高效。

4 基于 TreeQSM 的玉米单株雄穗三维表型获取

玉米雄穗结构表型参数的获取方法主要有二维图像和三维点云的方式,二维图像无法解决分枝间遮挡而导致参数提取偏差的问题,而激光雷达、结构光、双目视觉原理获取的点云不适合雄穗器官尺度的点云获取,利用二维数码图像序列构建的雄穗三维点云密度大,精度高,本章利用二维图像构建 52 株玉米不同穗型结构雄穗三维点云,利用 Tree QSM 算法重构其三维拓扑结构,并提取了多个结构表型参数,最后对研究技术进行了不同使用场景对精度影响的分析。

4.1 材料与方法

4.1.1 研究区域

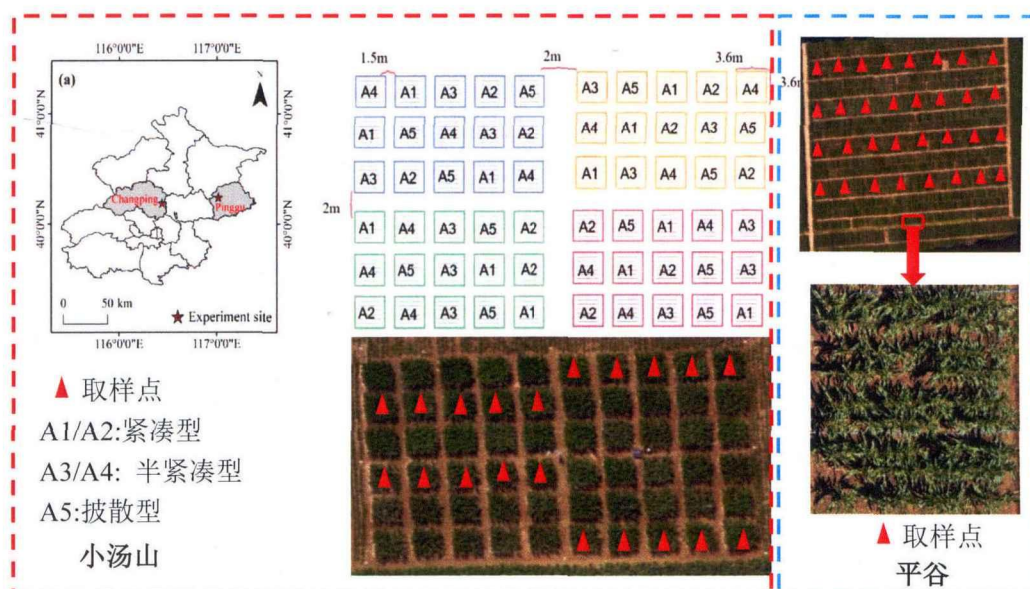


图 4-1 实验区

Fig.4-1 Experimental area

如图 4-1 所示,研究共获取了北京昌平小汤山基地和北京科技大学平谷实验基地总计 52 株玉米雄穗样本,包括紧凑型 8 株,半紧凑型和披散型各 22 株。小汤山基地 A 地块有五个品种,包括两个紧凑型品种、两个半紧凑型品种和一个披散型品种(A1-A5),授粉后,在该实验地块采集了 20 株玉米。在平谷基地,共种植了 1223 种材料,分为 16 个条带,每个条带 80 种材料。每种材料种植成两排,每排之间 0.4 米,不同材料之间 0.6 米,授粉后,共从该基地实验地块采集了 32 株玉米

图像序列数据。

4.1.2 数据获取平台设计

为了自动提取玉米雄穗的表型参数,本研究设计并开发了 TIPS 系统,它由硬件、数据传输、数据采集和数据处理四个模块组成(图 4-2)。硬件模块包括电动转盘、校准参考板、三台数码相机和一台电脑组成。数据传输模块包括控制电动转台的 WiFi 无线通信链路和控制拍照和数据传输的 RS232 有线通信链路。数据采集模块可以实现参数设置、图像预览、相机同步控制和数据存储等功能。数据处理模块包括基于图像序列的 3D 点云重建、点云空间尺度校正和表型参数提取等。TIPS 系统的整个工作过程为数据采集模块通过控制硬件模块采集图像信息,然后通过数据传输模块将图像传输到数据处理模块。

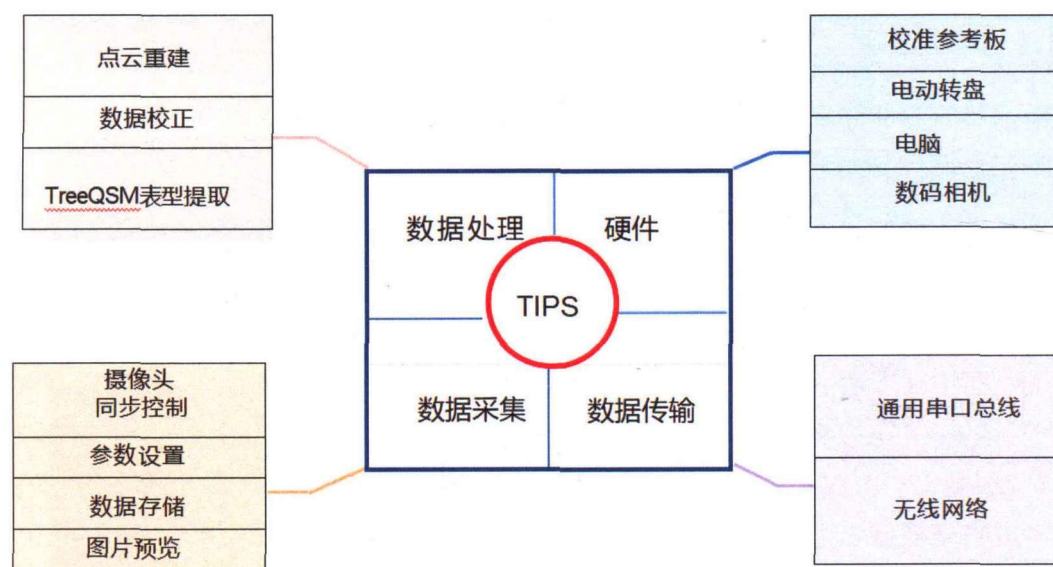


图 4-2 TIPS 系统组成

Fig.4-2 Composition of the TIPS system

开发的 TIPS 系统包含三台数码相机(尼康 D5600),有效像素为 2416 万,18-140mm f/3.5-5.6 GEDVR 镜头,支持 7 倍变焦,三台相机都设置为定焦模式,曝光时间为 1/320,光圈大小为 F5,ISO(感光度)为 6400,它们通过 USB 数据线直接连接到计算机,并使用提供的官方 SDK 进行控制,直径为 60 厘米的电动转台由 24 伏直流电供电,通过 WiFi 连接控制,控制精度为 0.01 度。为了确保高质量的玉米雄穗 3D 重建效果,设计了定制的边长为 80cm 正方形校准板,每个角都有不同的图案,如图 4-3 所示,使用特定的校准板可以在点云重建过程中提升同名点的匹配效率和精度。为了计算重建后的点云空间尺度校正系数,在 X 和 Y 方向上分别设计了

长度为 25cm 的红色和黑色校准线,分别为 L1 和 L2,数据采集和存储控制程序是基于 Visual Studio 2010 平台 C#语言开发的,通过 SFM 算法将采集到的图像序列重建为 3D 点云,然后将其输入 TreeQSM 模型进行玉米雄穗的表型参数提取。如图 4-3 和图 4-4 所示,分别为 TIPS 系统的组成结构图和实物图。

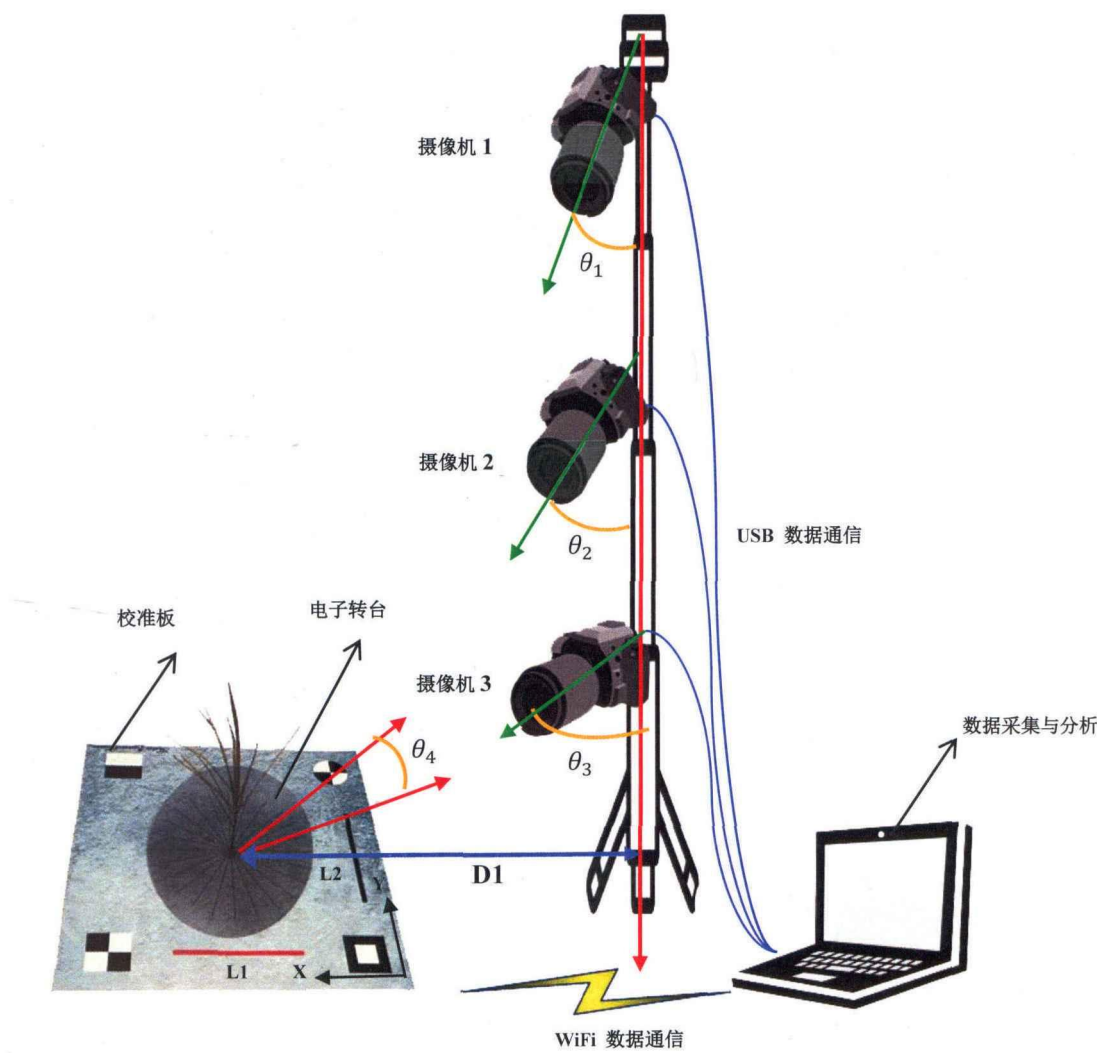


图 4-3 TIPS 图像采集系统
Fig.4-3 Image acquisition of TIPS

TIPS 系统在室内光照条件下自动获取玉米雄穗的多视图图像,光源强度为 80-120 lux。总共为 461 个雄穗样本拍摄了 33192 张图像,每组材料的 72 张图像来自每株雄穗的上层、中层和下层。数码相机和三脚架被固定并调整,以确保校准板占据 70%或更多的视场,且上、中、下三层图像的重叠率达到 70%或以上。通过数据采集软件设置三台相机的高度和拍摄间隔,三台摄像机的角度分别设定为 $\theta_1=30^\circ$ 、 $\theta_2=45^\circ$ 和 $\theta_3=75^\circ$,三台相机分别安装在 1.4 米、0.9 米和 0.4 米的高

度。三脚架的中心点距离校准板的中心 0.8 米 (D1)，电动转台的间隔转动角设置为 $\theta_4=15^\circ$ ，这是一个与重建的 3D 点云质量直接相关的关键参数。拍摄完三张照片后，电动转盘会自动旋转到设定角度，并在下一个角度拍摄其他三张图像。相机的焦点直接影响图像质量，进而显著影响 3D 点云重建的质量。研究中使用了自动聚焦和自动快门功能。

TIPS 系统大约花费 8 秒时间获取一株玉米雄穗的图像，更换新的玉米雄穗样本大约需要 10 秒。因此，理论上，获取所有 461 个玉米雄穗的图像不超过 1552 分钟。



图 4-4 TIPS 实物

Fig.4-4 Actual object of TIPS

4.1.3 单株玉米雄穗表型参数实测数据获取

本研究实测数据包括主穗长度、分枝长度、分枝数、分枝角度等，所有表型参数的量测单位是厘米（分枝角度单位为度）。共获取了 52 株玉米雄穗实测数据，其中柄长度为雄穗主轴最底端花丝距离玉米杆最顶端第一个节点之间的部分，分枝角度测量的是雄穗第一节分枝的角度，冠直径和冠高度指的是最大冠直径和最大冠高度，详细表型参量测量示意图如表 4-1 所示，所有长度均在拉直状态下测得，测量所用的直尺分辨率为 1mm，分枝角度测量示意如图 4-5 所示，测量角度工具的精度为 0.1 度。

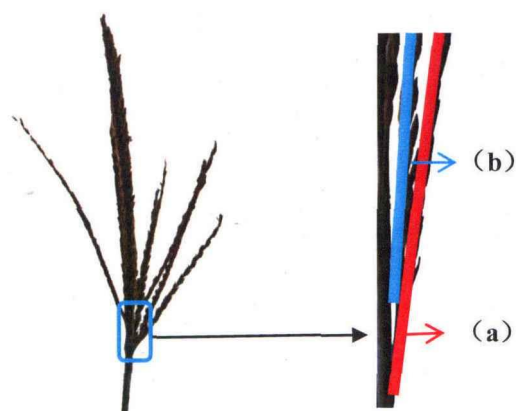


图 4-5 分枝角度测量示意图

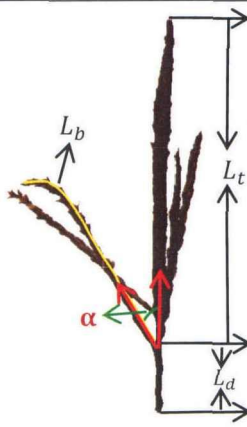
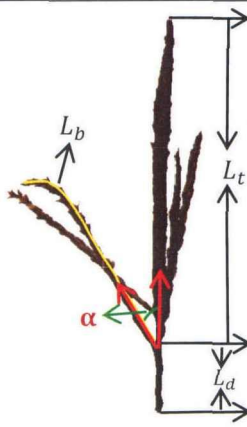
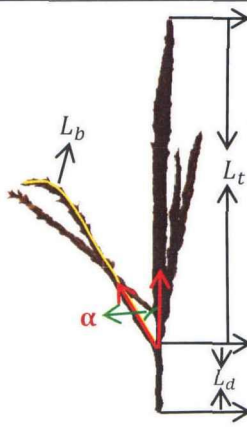
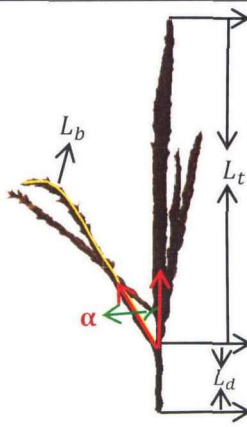
(a)主分枝 (b)二级分枝

Fig.4-5 Schematic diagram of branch angle measurement

(a)primary branch (b) secondary branch

表 4-1 表型参量测量示意图

Tab. 4-1 Schematic diagram of phenotypic parameter measurement

描述	名称（单位：cm 或者 °）	备注
	主穗长(Trunk length)	L_t
	分枝长(Branch length)	L_b
	分枝数(Branch number)	Number of all L_b
	分枝角度(Branch angle)	α

如表 4-2 所示，本部分研究的图像数据为昌平基地 20 株和平谷基地 32 株玉米雄穗图像序列数据，每株材料获取上中下三层，每层 24 张，总计 72 张图像，52 株样本总计获得 3744 张图像。如表 4-3 所示为包括主穗长度、分枝总长度、分枝数、分枝角度等在内的实测数据分布情况，从数据分布来看，差异性较大，具有代表性，另外为了证明 TIPS 系统获取的点云书在 X、Y、Z 方向上的空间尺度变异是稳定的和可靠的，额外测量了 4 组规则物体的点云，结果如表 4-4 所示，重建的三维点云较完整，实际体积被准确计算出来。

表 4-2 测量数据情况

Tab. 4-2 Measurement data summary

位置	材料	参数类型	样本量	采集图像
小 汤 山	A1-郑单 958 （披散型）	分枝数量	20	单株样本 72 张图像，52 株总计 3744 张图像
	A2-京源 1 号（披散型）			
	A3-京源 168（半紧凑型）	分枝长度		
	A4-京九青贮 16（半紧凑型）	分枝角度		
	A5-农科糯 336（半紧凑型）	主穗长度		
平谷	32 种材料		32	

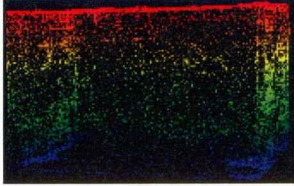
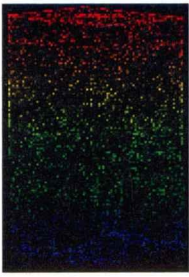
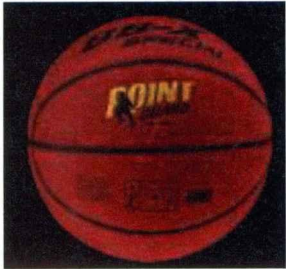
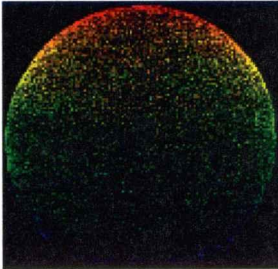
表 4-3 实测 52 组玉米雄穗表型参数结果分布

Tab. 4-3 Situation of measured phenotypic parameter data of 52 mazie tassels

名称	最大值(cm)	最小值(cm)	平均值(cm)	变异系数	备注
主穗长度	39.6	16.0	27.84	5.48	L_t
分枝总长	236.5	51.9	103.92	44.03	Sum of all L_b
分枝数	32	2	10.97	6.57	Number of all L_b
分枝角度	6.5	41.3	18.22	9.15	α

表 4-4 几种不同形状的规则物体体积测量

Tab. 4-4 Volume measurement of several regular objects with different shapes

序号	对象	三维点云	实测体积 (cm ³)
1			11643.52
2			2260.44
3			62326.64
4			2910.21

4.1.4 点云重建和空间尺度校正

基于 TIPS 获取的图像序列,应用 SFM 算法实现了每个玉米雄穗点云的三维重建。SFM 依赖于多视图几何及运动恢复结构的基本原理^[142],它从多幅图像重建 3D 模型,具有简单和环境限制小的优点^[143]。Zhang 等人^[144]在用无人机获取图像后,使用 SFM 算法对人工林进行了 3D 重建,结果表明,该方法有效地描述了人工林的林下结构和厘米级尺度的植被,同时生成了大规模的点云模型。Sun 等人^[145]利用 SFM 重建了棉铃的三维结构,并通过点云聚类 and 分割的方法准确地确定了它们的数量和位置。Zermas 等人^[146]利用 SFM 重建玉米植株的点云,并通过分析其骨架结构来提取表型参数。SFM 算法执行流程如图 4-6 所示。

首先是参数初始化与特征解析: 基于输入图像的焦距参数,采用 SIFT 算法提取多尺度特征描述子,通过 k-d 树构建高维特征空间,基于欧氏距离度量实现

跨图像特征点匹配,筛选满足阈值约束的强关联图像对;然后就是几何约束与鲁棒优化:对筛选图像对执行极线几何分析,推导空间投影约束关系,采用 RANSAC (随机抽样一致性) 算法迭代优化基础矩阵 F ,剔除异常匹配点(匹配误差 <0.8 像素);最后是增量式三维重建:基于连续匹配点轨迹构建稀疏点云拓扑,通过增量束调整(Bundle Adjustment)逐步扩展重建规模,将新观测图像纳入非线性优化框架。这一过程一直持续,直至没有更多合适的图像可供添加。最终,生成玉米雄穗的 3D 点云,该流程通过特征空间优化(k-d 树加速匹配)、几何鲁棒性增强(RANSAC 抗噪)与增量式 BA 优化三大模块的协同,实现了从二维图像序列到三维场景的高精度重建,本研究中使用了稀疏束调整^[147,148]。

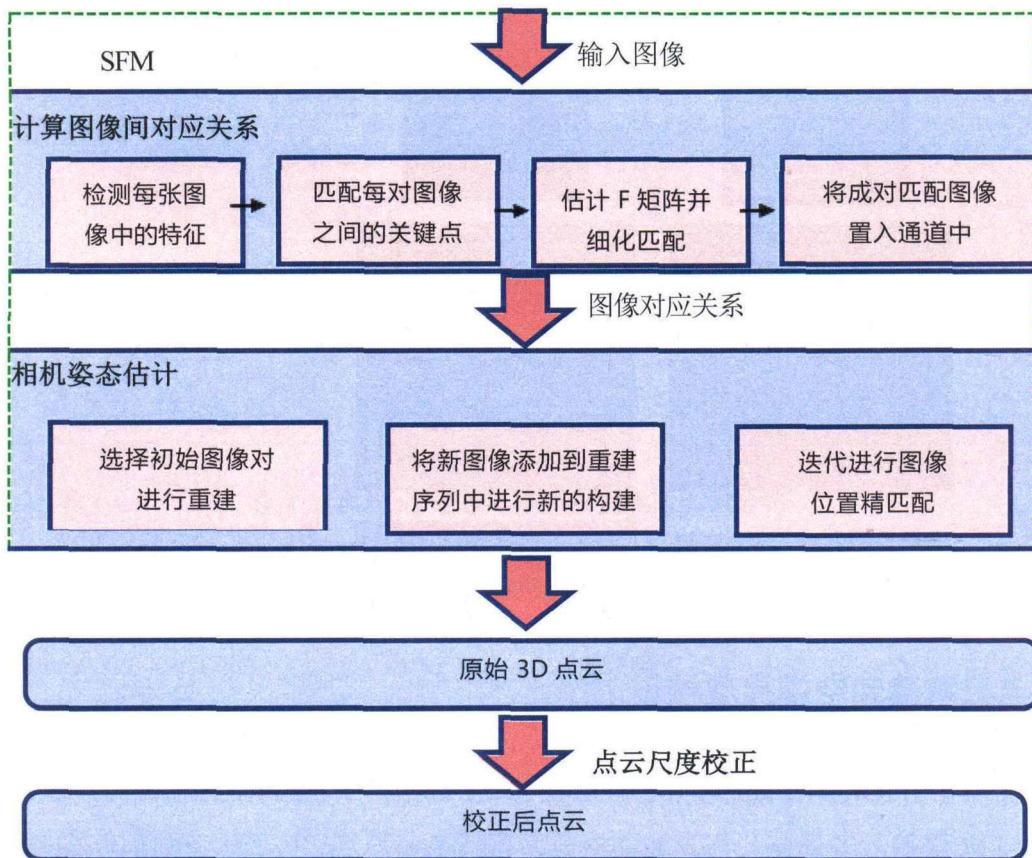


图 4-6 点云重建和空间尺度校正

Fig.4-6 Point cloud reconstruction and spatial scale calibration

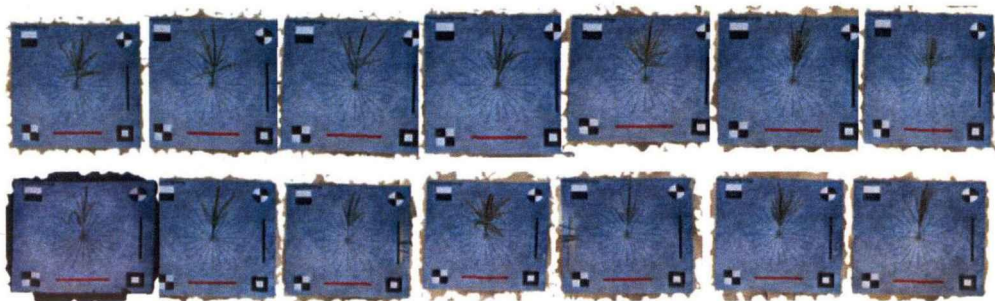
使用商业软件 DJI Terra(深圳市大疆科技有限公司,版本 3.5.1)以批处理模式重建 3D 点云数据(.ply 格式)单株雄穗点云生成过程如图 4-7 所示,包括从原始点云重建到空间尺度校正再到最后三株玉米雄穗点云的分离,生成的点云除了 X、Y 和 Z 坐标值外,点云数据还包含 RGB 颜色信息,图 4-8 显示了不同类型(包括披散型、半紧凑型 and 紧凑型)玉米雄穗的 72 幅图像子集的 3D 重建结果,可以发现,使

用 TIPS 可以成功重建不同类型的雄穗,由于每个雄穗重建点云数据都包含校准板和噪声,开源软件 cloudcompare(<http://www.cloudcompare.org/>版本 2.12)用于去除非雄穗点以进行后续分析。

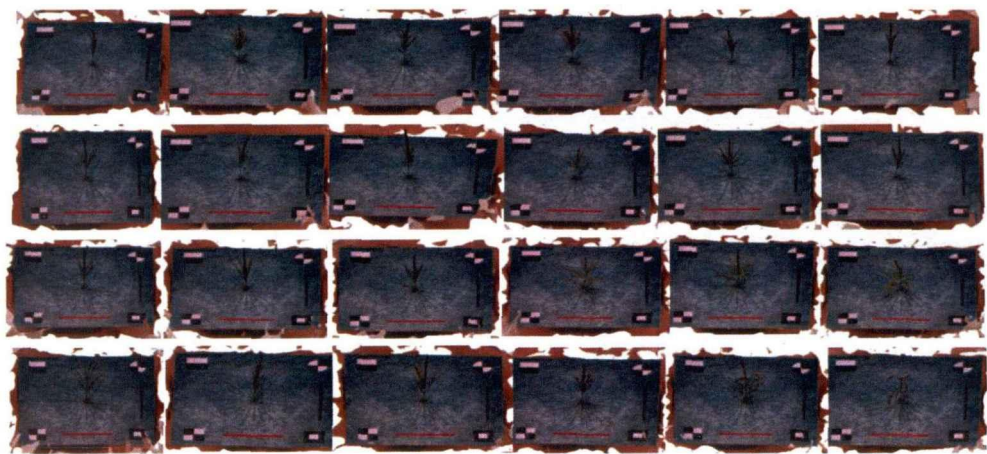


图 4-7 单株雄穗点云生成过程

Fig.4-7 Generation process of point cloud for individual maize tassel



(a) 小汤山基地



(b) 平谷基地

图 4-8 52 株玉米雄穗点云重建结果

Fig.4-8 The results of point cloud reconstruction of 52 mazie tassels

由于重建的 3D 点云不是物理值,因此需要进一步校正以准确提取雄穗表型参数,为了证明重建的 3D 点云的可靠性,该研究分别从 2D 平面和 3D 空间的角

度分析了空间尺度校正系数,使用校准板上设计的红色和黑色作为尺度校准线,实现 2D 平面 X 和 Y 方向上尺度校正系数的获取,通过将实际长度 D(25cm 的固定值)除以红色和黑色校准线的长度(L)来获得空间尺度校正系数 P,实际长度 D 可以使用 cloud compare 软件获得。

玉米雄穗主穗长度和总分枝长度的预测值即为算法提取的欧式空间距离与 P 的乘积,至于提取的点云在空间三维结构上的尺度变异情况,本研究通过基于 X 轴和 Y 轴方向的结果,然后利用规则图像的体积分析,结论间接证明了点云在 Z 轴方向的空间尺度转换参数与 X 轴和 Y 轴是几乎一致的。

4.1.5 玉米雄穗表型参数的提取

表型信息提取用到了 TreeQSM 算法和凸包算法,两者提取的指标如表 4-5 所示,其中 TreeQSM 算法已经被广泛应用在对树三维结构的提取上^[149-152];并取得很好的效果,目前该算法已经被发布成不同版本软件^[153-156],本文利用玉米雄穗与树结构相似的特点开展算法迁移应用。

表 4-5 不同算法提取的表型参数

Tab. 4-5 Phenotypic parameter extracted by different algorithms

算法	提取指标
TreeQSM	主穗长度、分枝数、分枝长度、分枝角度
Convexhull	投影面积,凸包体积

用于提取表型参数的 TreeQSM 算法流程图如图 4-9 所示。首先,对点云进行滤波,原始点云数据可能包含因传感器误差、环境干扰等产生的噪声点;TreeQSM 通常会使用统计滤波、双边滤波等方法去除这些噪声,比如统计滤波,会计算每个点与其邻域点的距离,若某点与邻域点的距离明显偏离平均距离,则判定为噪声点并去除;然后将点云数据的坐标进行归一化处理,使所有点的坐标值处于特定范围,如[0,1],这有助于后续算法的计算稳定性和一致性,也便于不同数据集之间的比较,经过过滤后的点云会被贴合雄穗表面的小集合所覆盖,然后确定这些覆盖集之间的相邻关系,将不属于雄穗的集合予以删除,从而完成雄穗组件的定义。所谓雄穗组件,指的是点云中基本独立的部分或簇,其可以是单个分枝、一组分枝,甚至是整个雄穗;完成雄穗组件定义后,便要对其进行分割操作,区分出主干和分枝,在分割时,运用区域生长模型,通过检查局部连接性来识别分枝,分割完成后,下一步是将每个部分利用最小二乘法模拟一系列的圆柱体,这

些圆柱体的半径、高度和方向可能各不相同。最终，依据构建好的圆柱形模型，计算雄穗的拓扑结构以及其他特征参数^[157]。

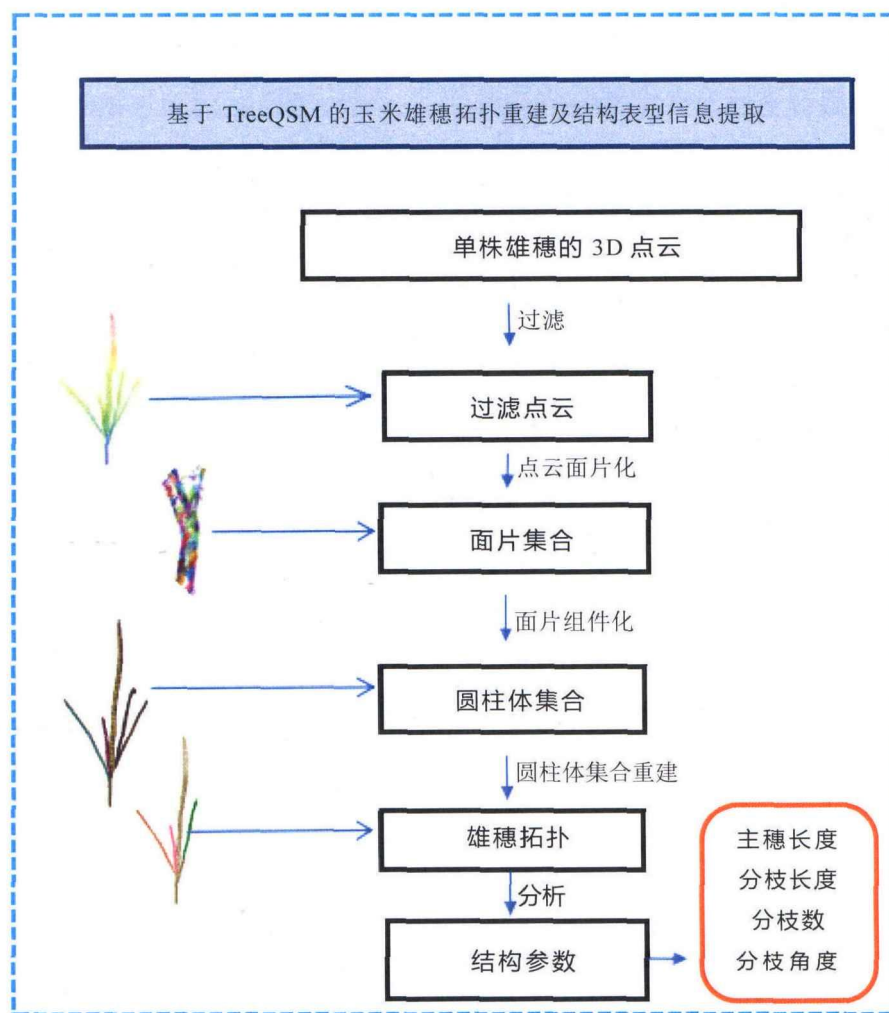


图 4-9 基于 TreeQSM 算法的玉米雄穗参数提取流程图

Fig.4-9 Flowchart of maize tassel parameter extraction based on the TreeQSM

构建玉米雄穗的TreeQSM模型需要一些假设。首先被检测对象只能是单株而非群体，其次被检测对象具有类似树一样的结构，即一根主干然后分出多个分枝结构，最后为便于计算，假设雄穗在局部近似为圆柱形，该算法的主要过程如下。

如图 4- 10 所示，首先是用符合雄穗表面的小集合覆盖过滤后的点云，在经过过滤的玉米雄穗点云集合里，随机选取一个点 A，把与点 A 的欧式距离为 r 的所有点归为一个集合，记为 P1（即图中红框所包含的点）。接下来，以点 A 作为中心点，在点云中随机搜寻与点 A 距离为 2d（其中 $d \leq r$ ）的点，假设找到的这个点为 m。然后，以点 m 为新的中心点，再次重复上述寻找点并构建集合的过程，将新形成的集合标记为 P2（也就是图中蓝框内的点）。

在搜寻过程中,当发现某个点 Q 同时处于集合 $P1$ 和集合 $P2$ 时,就需要判断该点与点 A 或点 m 之间谁的距离更近,进而将点 Q 归入距离更近的那个集合。在此次示例中,点 Q 距离点 A 更近,所以点 Q 被划分到集合 $P1$ 。如此不断地重复上述操作步骤,一直到所有的雄穗点云都被划分到不同的集合 $P1$ 、 $P2...Pn$, 这些集合本研究在此统称为面片集合。

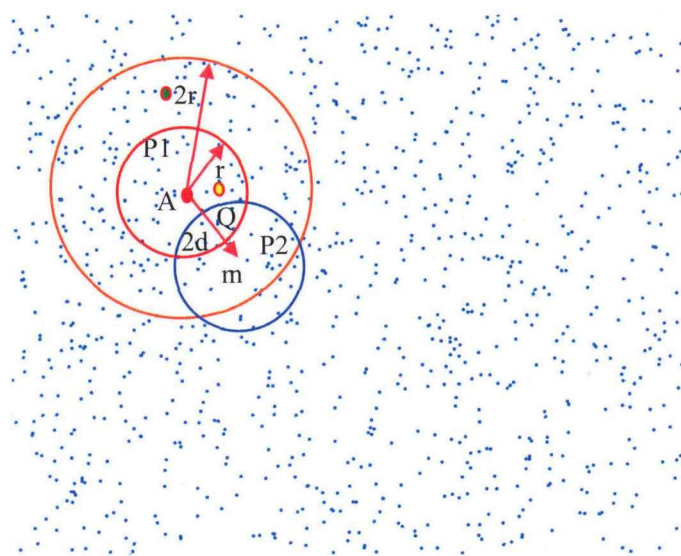


图 4-10 TreeQSM 算法的点云面元集合生成

Fig.4-10 Point cloud facet collection generation based on TreeQSM

然后定义覆盖集的相邻关系,删除不属于雄穗的集合,并定义雄穗组件,进而分割雄穗组件。当集合 $P1$ 与 $P2$ 的中心点之间的距离小于 $2d$ 时,可认定这两个集合存在相邻关系。若某个集合不存在与之相邻的集合,那么该集合中的点便被视作噪声点,需将其从数据中删除。

完成噪声点处理后,从玉米雄穗的底部开始进行遍历操作,对之前划分好的面片集合开展聚类工作。在聚类完成后,采用圆柱体来近似替代每一个面片集合,每一个这样被圆柱体替代的集合就构成一个玉米雄穗组件,进行这样的处理主要有两个目的:其一,是为了清晰地区分玉米雄穗的主干与分枝;其二,则是为了能够精确地定量化计算玉米雄穗的结构信息。

接着使用区域生长模型,通过检查局部连通性来识别分枝。基于区域生长模型进行主干和分枝的确定过程,这一过程起始于玉米雄穗组件的底部,随后,切割区域及其所延伸形成的研究区域,会沿着组件逐步移动,具体可参考图 4-11,在此过程中,整个雄穗组件会被划分为三个区域:切割区域、研究区域,以及沿着玉米雄穗组件移动并构建出的线段区域。

在整个分析流程中，切割区域被设计成一种类似砖型的独特结构。在每一个操作步骤里，该切割区域会朝着与之相邻的组件层进行位置移动。不仅如此，每个切割区域还会沿着组件所指示的方向，朝着由多层覆盖集组合而成的研究区域进行拓展，形象地说，就如同生命体一般进行“生长”。

紧接着，需要针对每个研究区域开展连通性检查工作，其目的在于挖掘其中可能潜藏的分叉情形。当检查发现研究区域处于不连通的状态时，就需要对其各个独立的部分展开深入分析。要仔细判断这些部分的性质，确定它们到底是新分枝的起始点，还是属于当前线段的一部分。在分枝的形成过程中，切割区域的某一部分会被当作后续确定新线段的重要基础。而切割区域里那些不能作为新线段基础的部分，则会被整合到已有的线段当中。通过这样的方式，线段就会呈现出逐层增长的态势。

线段的扩展过程会持续进行，直至出现以下两种特定情况为止。其一，当无法再构建出符合要求的切割区域时，线段扩展停止；其二，当研究区域的任何一个单独部分都无法明确认定为该线段的延续部分时，线段扩展也会终止。图 4-11 直观地展示了这一完整的过程。

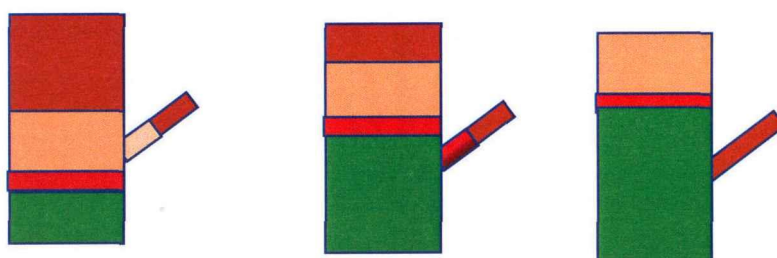


图 4-11 分叉识别过程的示意图

Fig.4-11 Schematic diagram of the bifurcation identification process

沿着玉米雄穗分量（呈棕色），切割区域（显示为红色）及其延伸出来的研究区域（浅红色）不断移动，同时构建出线段（显示为绿色）。在切割区域和研究区域向前移动的过程中，若遇到分叉情况（比如分枝处），这两个区域便不再保持连接状态，此时，属于分枝的那部分切割区域就会成为新分枝的基础。

最后，如图 4-12 所示，为了便于计算，本研究假定玉米雄穗的主干以及分枝都为圆柱体结构。在此基础上，从构建好的圆柱体模型中，能够计算出雄穗的拓扑结构以及其他各类特征参数，进而计算出玉米雄穗组件近似为圆柱体后的各类三维表型参数。

为了更好地证明使用 TIPS 重建的 3D 点云的高质量及其对体积提取的适用性，使用凸包算法来提取重建后的点云体积并与真实值对比验证,由于玉米雄穗

的实际体积很难手动测量,因此采用获取包括球体、矩形和圆柱体等在内的几个规则立方体的 3D 点云数据进行验证,体积使用 MATLAB (2017b) 中的“boundary”函数提取的,该函数表示松紧度的第三个参数设置为 1。

TreeQSM 有五个输入参数:patchDiam1、patchDiam2Min、patchDiam2Max、BallRad1 和 BallRad2。研究中使用了 TreeQSM2.4.0 版本,参数 patchDiam1 控制噪声点的滤波器,参数 patchDiam2Min 和 patchDiam2Max 是点云重建过程中点云拟合平面的最小和最大直径,与点云密度有关,值越小,重建细节越精细,然而,当达到临界值时,容易发生干线分离错误,参数 BallRad1 和 BallRad2 定义了点云分类的最小和最大半径。本研究主要通过调整 patchDiam1、patchDiam2Min 和 patchDiam2Max 来获得玉米雄穗的三维拓扑结构并提取相关表型参数。在生成点云后,由于重建的三维点云空间信息不是物理值,需要进一步较准,以便准确量化穗表型参数。



图 4-12 点云圆柱体拟合

Fig.4-12 Point cloud cylinder fitting

如图 4-13 所示,通过在校准板上设计的红色和黑色校准线,实现了二维平面 X 和 Y 方向的尺度校正系数 P 的获取。

$$P=D/L \quad (4-1)$$

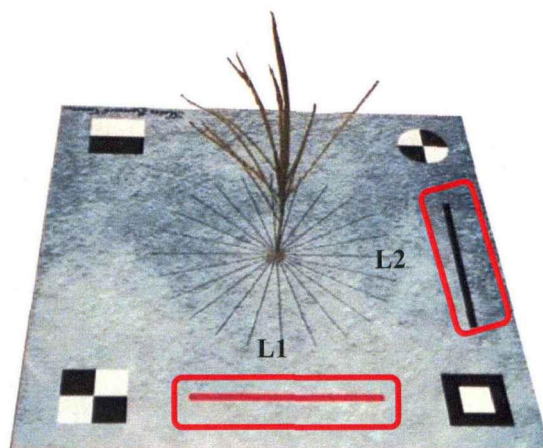


图 4-13 校正线 L1: 红色校正线 L2: 黑色校正线
Fig.4-13 Calibration line L1:Red-Line;L2:Black-Line

4.1.6 精度评价方法

本文利用 TIPS 系统实现玉米雄穗 360 度序列图像的自动采集，并重建其三维拓扑结构，然后利用 TreeQSM 算法提取雄穗分枝数、主轴长度、分枝长度及分枝角度等信息。对于分析结果的精度评价，本研究使用决定系数 R^2 、均方根误差 (RMSE)、平均绝对误差 MAE 和平均绝对百分比误差 MAPE 等 4 个指标来进行衡量，更高的模型精度由更接近 1 的 R^2 、更低的 RMSE、MAE 和 MAPE 值表示，计算公式如下。

$$R^2 = 1 - \frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2}{\sum_{i=1}^n (Y_i - \bar{y})^2} \quad (4-2)$$

$$RMSE = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (Y_i - \bar{y})^2} \quad (4-3)$$

$$MAE = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n |Y_i - \bar{y}| \quad (4-4)$$

$$MAPE = \frac{100\%}{n} \sum_{i=1}^n \left| \frac{Y_i - \bar{y}}{Y_i} \right| \quad (4-5)$$

式中， R^2 表示决定系数，RMSE 表示均方根误差，MAE 表示平均绝对误差，MAPE 为绝对误差百分比， n 表示图像数量， y_i 为真实值， Y_i 为预测值， $\bar{y}$ 为真实值均值。

4.2 结果与分析

4.2.1 点云空间尺度校正系数提取结果

本研究提取了 52 组重建玉米雄穗三维结构后的红色和黑色校准线的欧几里德距离,如图 4-14 所示,图中三个绿点表明,红色和黑色校准线之间的空间尺度转换因子不一致的样本占 5.77%,欧几里德距离差为 0.01,进一步对计算了红色校准线的空间尺度校正系数,可以发现,空间尺度校正系数的值相对集中,范围 35 到 39 之间。

体积提取的结果如表 4-6 所示,从结果可以看出, TIPS 系统获取的点云数据预测的体积和实际体积之间的误差绝对百分比均在 4%以内,证明了该系统获取的点云在空间上的变异是较为稳定的,同时也是高精度的,这一结论也为高效提取玉米雄穗表型参数提供了参考依据。

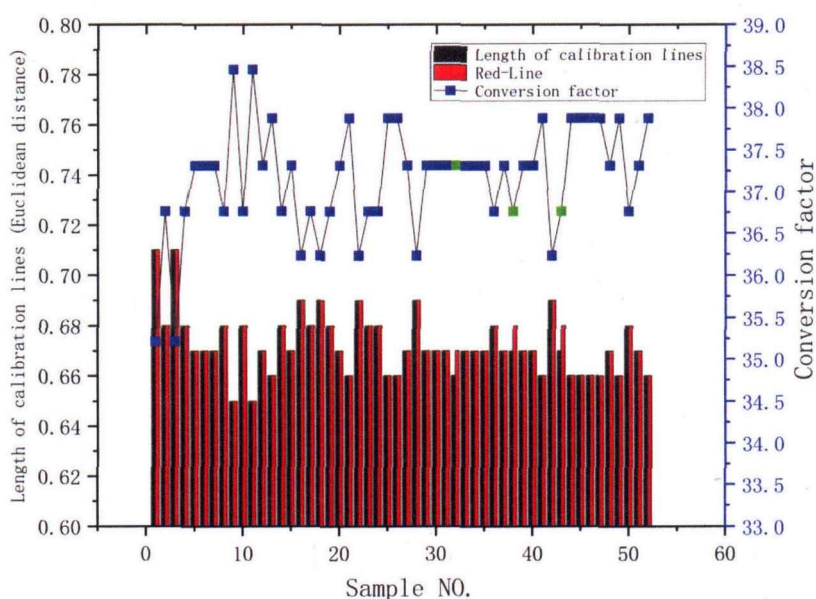


图 4-14 空间尺度校正系数分布

Fig.4-14 Distribution of spatial scale correction factors

表 4-6 体积校准结果

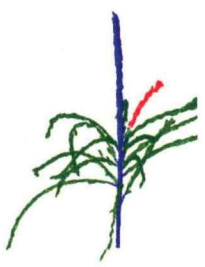
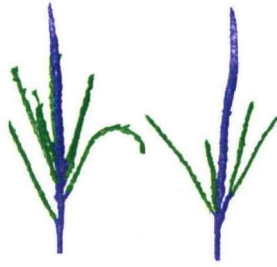
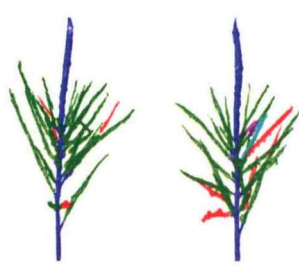
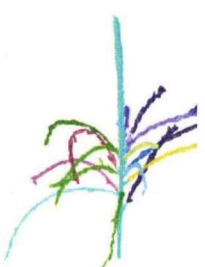
Tab. 4-6 The results of volume calibration

编号	预测体积 (cm ³)	实测体积 (cm ³)	误差绝对百分比
1	11846.87	11643.52	1.75
2	2315.52	2260.44	2.44
3	60325.11	62326.64	3.21
4	2798.56	2910.21	3.84

4.2.2 基于 TreeQSM 的表型参数提取结果

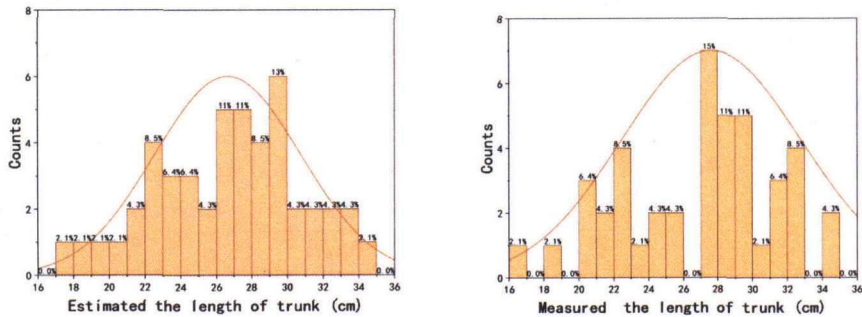
为了获得最佳的雄穗三维拓扑重建结果,一般是通过调整 patchDiam1、patchDiam2Min 和 patchDiam2Max 三个参数来优化 TreeQSM 算法,本研究中由于单个雄穗分枝的大小相似,因此这三个参数的设置保持不变,分别设置为 0.005、0.0005 和 0.005,表 4-7 列出了三种类型雄穗(披散型、半紧凑型 and 紧凑型)的雄穗主轴分离、圆柱体拟合和拓扑重构的关键结果。雄穗的主干和二次以上分枝分别用蓝色和红色标记,主干提取的准确性对其他参数的提取有显著影响,基于提取的主干,重建了单个玉米雄穗的拓扑结构。拓扑重建结果和圆柱拟合精度直接关系到所有表型参数的最终提取精度。

表 4-7 TreeQSM 分析结果
Tab. 4-7 The analysis results of TreeQSM

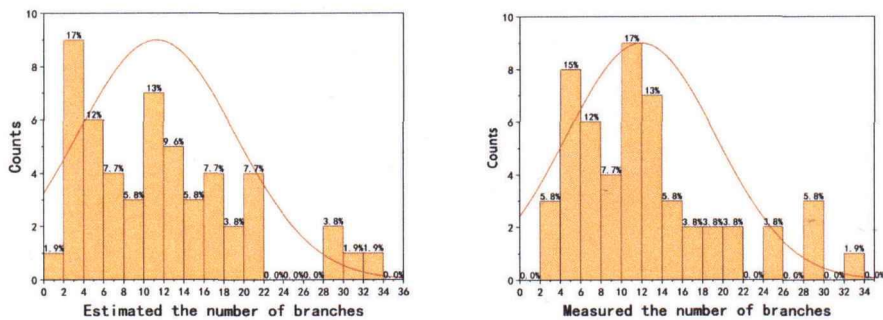
结果名称	披散型	半紧凑型	紧凑型
主轴分离			
圆柱体拟合			
拓扑重构			

将提取的主穗长度、分枝数、分枝总长度和分枝角度与人工测量进行比较,如图 4-15 所示,无论是实际测量值还是预测值,主穗长度和分枝角度都大致遵循正态

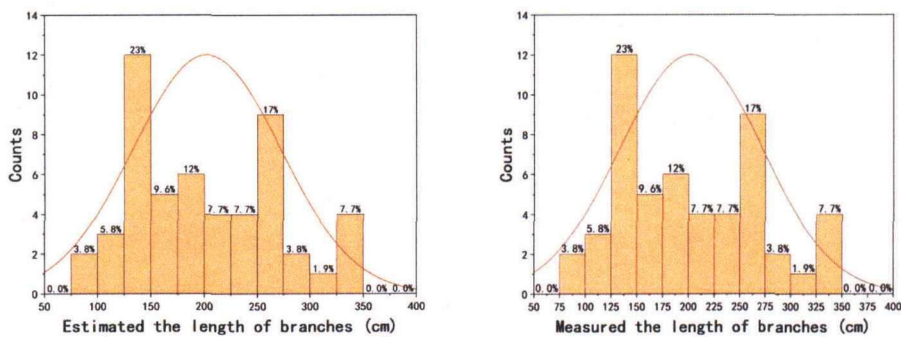
分布,小汤山基地的 20 个样本比平谷基地的样本有更多的分枝,这导致样本量更大,分枝数量和总分枝长度也更高,最终直方图中的峰值位于左侧,同时,该研究比较了四个雄穗表型参数的相关性(图 4-16),实测和预测的分枝数与实测分枝长度之间存在很强的相关性, R^2 值大于 0.9,原因是 TreeQSM 提取的分枝数量与计算总分枝长度的数据严格对应,虽然由于严重的分枝交叉而遗漏了一些分枝,但在提取分枝长度时,遗漏的分枝不计入总分枝长度。



(a) 主穗长度



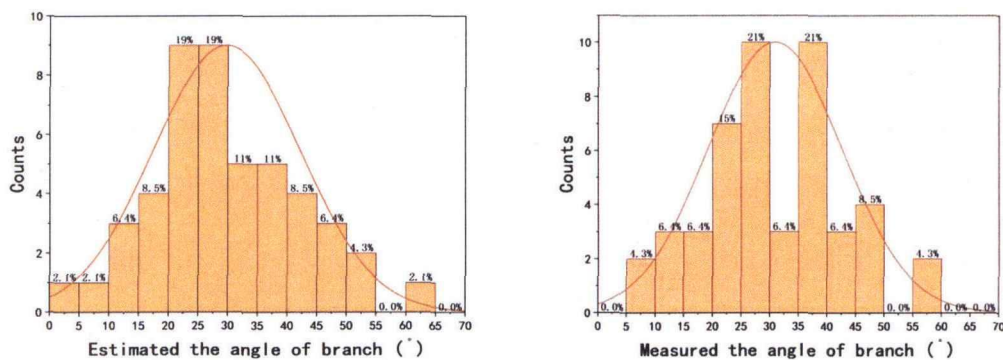
(b) 分枝数量



(c) 分枝总长度

图 4-15 预测(左)和实测(右)的表型参数分布

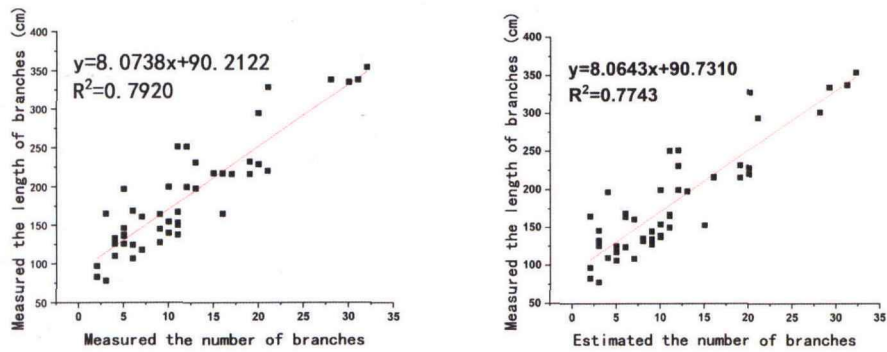
Fig.4-15 Distribution of predicted and measured phenotypic parameters



(d) 分枝角度

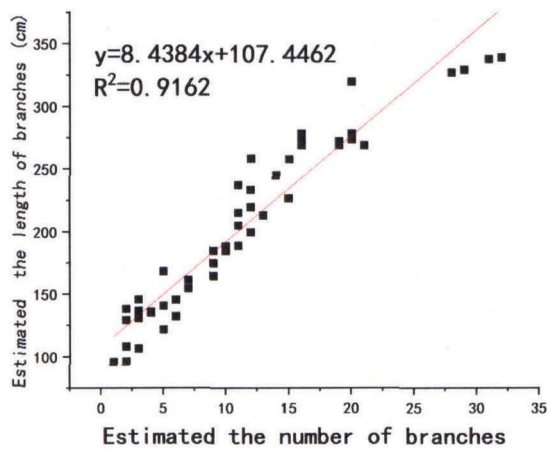
图 4-15 续

Fig.4-15 Cont



(a) 实测分枝数与分枝总长度

(b) 预测分枝数与分枝总长度



(c) 预测的分枝数量和预测的分枝总长度

图 4-16 雄穗分枝数与分枝总长度的相关性

Fig.4-16 Correlation between the number of tassel branches and the total length of branches

表 4-8、表 4-9 和图 4-17 显示了空间尺度转换前后四个表型参数的提取精度,

结果表明,经过空间尺度转换后,提取精度大大提高,分枝数量的提取精度最高,其次是主穗长度,然后是分枝总长,并且 RMSE 值的差异也较大,主要是在分枝较多的情况下,每个分枝的误差都是累积的,分枝角度的精度最低,特别是对于较小的角度,误差较大,值得注意的是,本研究只是比较了空间尺度校正前后主穗长度和总分枝长度的提取精度,可以观察到,经过空间几何校准后,所有评价指标都有所提高。

表 4-8 未经校正的主穗长度和总分枝长度的提取精度

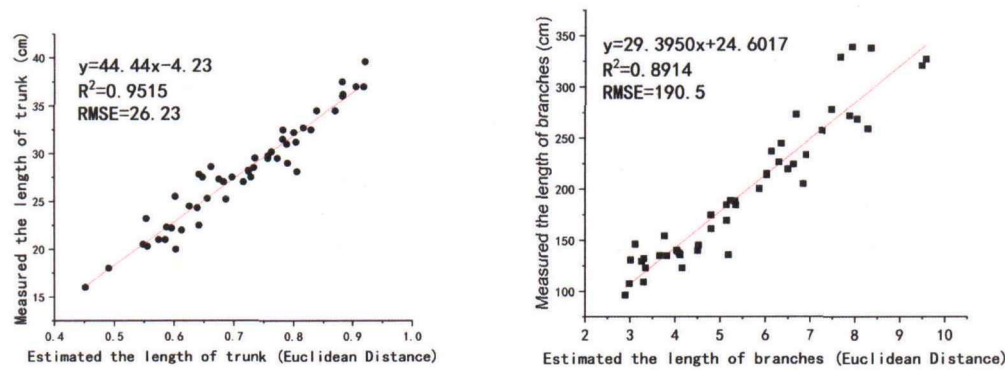
Tab. 4-8 Extraction accuracy of uncorrected main spike length and total branch length

名称	R ²	RMSE
主穗长度	0.9515	26.23
分枝总长度	0.8914	190.50

表 4-9 四个表型参数经校正后的提取精度

Tab. 4-9 Extraction accuracy of four phenotypic parameters after calibration

提取指标	R ²	RMSE	MAE	MAPE (%)
主穗长度	0.9637	1.72	1.33	4.65
分枝总长	0.9354	10.15	10.26	7.97
分枝角度	0.8572	3.77	2.73	19.67
分枝数量	0.9726	1.28	0.37	9.17

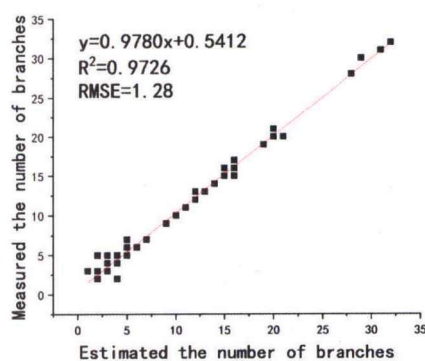


(a) 主穗长度 (未校正)

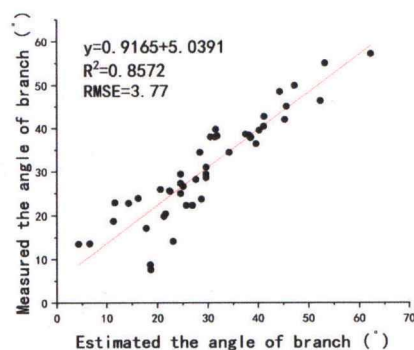
(b) 分枝总长 (未校正)

图 4-17 四个表型参数提取精度

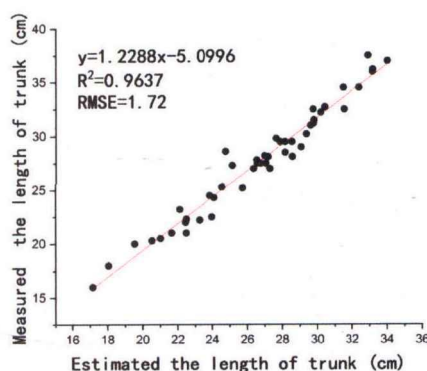
Fig.4-17 Extraction accuracies of the four phenotypic parameters



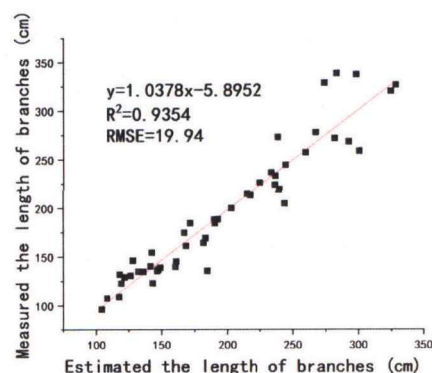
(c) 分枝数



(d) 分枝角度



(e) 主穗长度 (校正后)



(f) 分枝总长 (校正后)

图 4-17 续

Fig.4-17 Cont

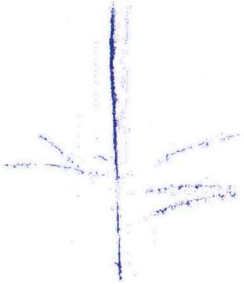
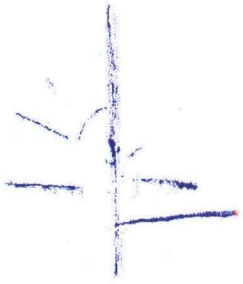
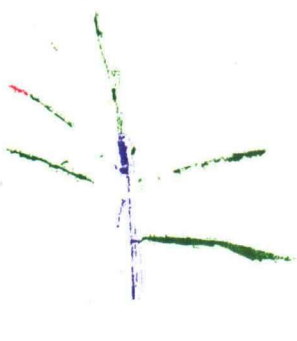
4.3 讨论

4.3.1 TIPS 数据采集的优点

在这项研究中,Artec3DLeo 扫描仪和 Faro Focus S350 也被用来收集玉米雄穗的数据并进行比较,实验共扫描了 40 个雄穗样本,分为 5 组,每组 8 个样本,使用相同的方法获得了 40 组测量数据,如表 4-10 所示,Artec3DLeo 扫描仪采集的雄穗数据点云大量丢失。据统计,其点云密度仅为 TIPS 系统生成的重建点云密度的 23.6%(表 4-10),这阻碍了完整雄穗拓扑结构的重建。因此,基于结构光原理的装置不适合研究玉米雄穗三维结构表型。

表 4-10 基于 Artec3DLeo 扫描仪的玉米雄穗点云重建结果

Tab. 4-10 The results of maize tassel point cloud reconstruction based on the Artec 3D Leo

名称	样品 1	样品 2	样品 3
主点云			
主轴分离			

Faro Focus S350 激光扫描仪作为常用的激光点云扫描设备，其垂直视场为-60°到90°，水平视场为0°到360°，扫描距离为20米,扫描精度为±1毫米,测量速率高达976000点/秒,多站扫描用于确保玉米雄穗的更高精度和更高密度的点云,每个站的扫描时间不到174秒,六个站点位于8个玉米雄穗周围(如图4-18所示)。

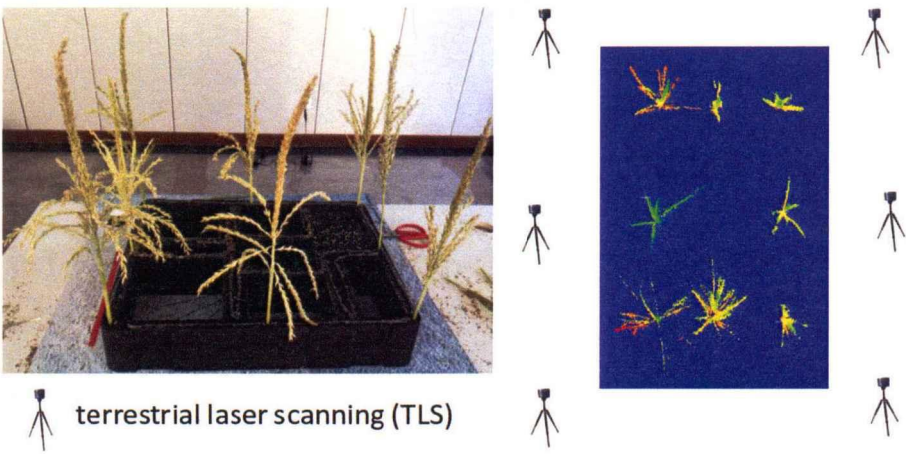


图 4-18 扫描仪的六个扫描位置

Fig.4-18 Six scanning positions of the scanner

实验成功提取雄穗主轴的样本数量为40个中的34个,失败率为15%,图4-19显示了雄穗的部分拓扑重建,可以观察到,激光雷达捕获的点云密度较低,经计算得

知其平均点云密度为 TIPS 系统生成的重建点云密度的 42.67%,特别是对于紧凑型雄穗,其分枝点云过于稀疏而表现不太明显。

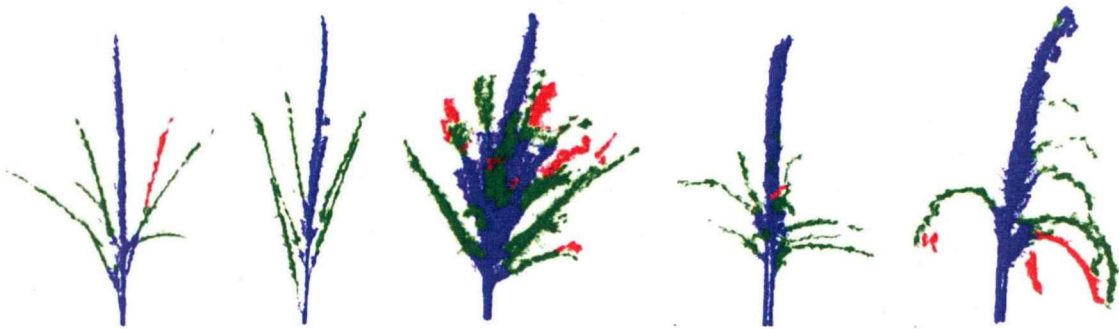


图 4-19 部分雄穗拓扑重建结果

Fig.4-18 The results of topological reconstruction of some maize tassels

表型提取结果如表 4-11 和图 4-20 所示,与本研究中的方法相比,基于 Faro Focus S350 激光点云提取的雄穗结构表型参数在各种评估指标上都有显著下降,但主穗长度的准确性仍处于较高水平,这表明激光雷达在提取玉米雄穗等小器官尺度的 3D 结构表型方面仍存在许多局限性。

表 4-11 Faro Focus S350 扫描数据的提取精度

Tab. 4-11 Extraction accuracy of Faro Focus S350 scanning data

名称	R ²	RMSE	MAE	MAPE(%)
主穗长度	0.9627	2.25	11.471	4.37
分枝总长度	0.7167	51.31	37.36	27.22
分枝角度	0.7373	13.75	11.57	27.67
分枝数	0.7072	3.71	3.17	37.12

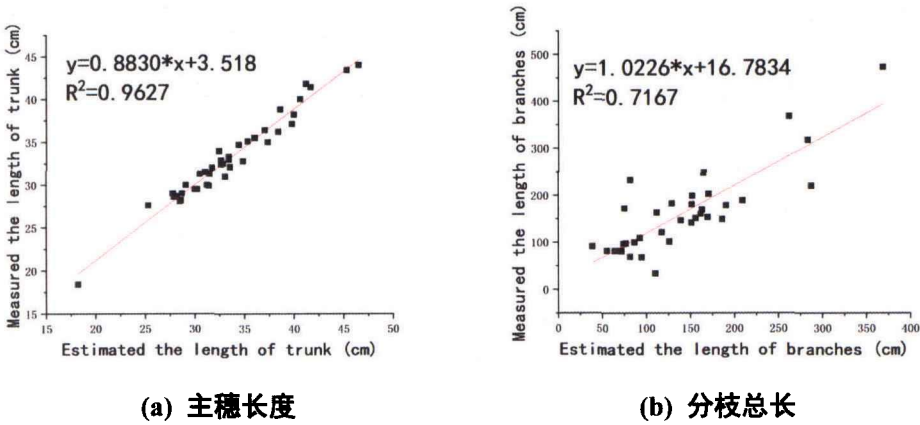


图 4-20 四个表型参数的提取精度

Fig.4-20 Extraction accuracy of four phenotypic parameters

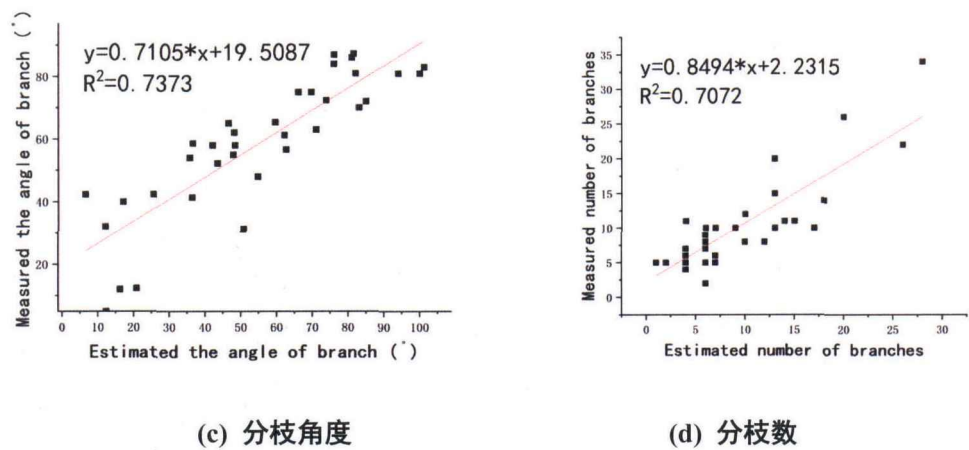


图 4-20 续
Fig.4-20 Cont

可以预见的是,与结构光原理和具有毫米级精度的激光激光雷达点云相比,基于 TOF 原理获取的点云由于一般只具备厘米级的精度和较低的分辨率,因此更不适合提取玉米雄穗结构表型的参数。

4.3.2 光照强度对雄穗三维点云重建质量的影响

不同的光照条件会影响 3D 点云重建的准确性,为了量化光照条件的影响,本研究通过调整原始图像上校准板白色区域的 DN 值来模拟不同的光照条件,它产生了六种不同强度的模拟照明条件,包括正常(测量的光强为 80-100lux)、正常条件的 1000%、300%、70%、60%和 50%,如表 4-12 所示。

表 4-12 玉米雄穗三维拓扑重建结果

Tab. 4-12 Three-dimensional topological reconstruction results of mazie tassels						
光照比例	100%	1000%	300%	70%	60%	50%
原始图像						
原始点云						

表 4-12 续
Tab. 4-12 Cont

光照比例	100%	1000%	300%	70%	60%	50%
圆柱体拟合						
主轴提取						
拓扑重构						
点云密度比	100%	98.5%	99.3%	87.6%	79.5%	64.2%
拓扑重构成功率	100%	100%	100%	61.54%	15.38%	3.85%

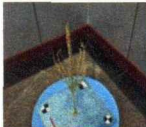
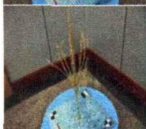
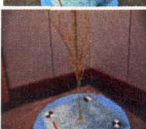
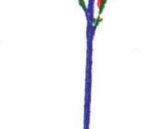
可以观察到,当环境光强度增加到原始强度 80-100lux 的 3 倍到 10 倍时,重建的 3D 点云密度和构建的拓扑结构的完整性受到的影响都较小,并且可以准确地提取主干和分枝,然而,当光强度降低时,SFM 重建的 3D 点云密度急剧降低,导致大量空白区域,因此,TreeQSM 可能会丢弃稀疏的分枝点云作为噪声点,并错误地识别雄穗的主干,当光强低于正常条件的 50%时,TreeQSM 成功重建玉米雄穗拓扑结构的概率小于 5%,这种情况最可能的原因是,在弱光条件下,从雄穗反射回数码相机的光通量迅速减少,环境光噪声的贡献变得显著,最终导致有效点的占比急剧下降。

4.3.3 背景噪声对雄穗三维点云重建质量的影响

当校准板和玉米雄穗被控制并占据相机视场的约 30%时,在保持其他条件不

变的情况下，重建了每个雄穗样品的 3D 点云。如表 4-13 所示，52 个样本中只有 8 个能够重建,成功率为 15.4%,此外,成功率随着背景复杂性的增加而降低,虽然可以通过调整 TreeQSM 的参数来重建样本的拓扑结构,但由于点云的过度损失、主干和分枝的不完全提取以及噪声圆柱拟合,它们已经不适合进一步的分析和参数提取。

表 4-13 玉米雄穗拓扑重构
Tab. 4-13 Topological reconstruction of mazie tassels

	图像	雄穗的三维重建	主要三维点	圆柱体拟合	主干提取拓扑结构
上层					
中层					
下层					

4.3.4 拍摄角度和图像数量对表型参数提取的影响

将 TIPS 获取的图像分为十组,研究不同拍摄角度和图像数量对玉米雄穗三维重建的影响。第一组由来自上层、中层和下层的全部 72 张图像组成,第二至第四组是来自上层、中层和下层的图像的成对组合,分别命名为 um(上层和上层)、ul(上层和下层)和 ml(中层和下层),每个组合包含 48 幅图像。这些组合用于研究不同拍摄角度对 3D 重建的影响,第五至第十组是通过以 30°、45°、60°、75°、90°和 105°的间隔组合来自上层、中层和下层的所有 72 幅图像而形成的,它们依次命名为 ph30、ph45、ph60、ph75、ph90 和 ph105。表 4-14 显示了所有组合的一些玉米雄穗的 3D 重建结果,可以观察到,基于不同拍摄角度的图像组合的 3D 点云重建的质量保持在相对较高的水平,然而,在不同拍摄图像数量的组合下,无论雄穗类型如何,3D 重建后的点云密度平均降至 30%以下,除 ph30 组合外。此外,对于除 ph30 之外的所有组合,使用 TreeQSM 提取主干的失败概率均超过 90%，说明拍摄图像数量对三维结构重建的影响要明显大于拍摄角度的影响。

表 4-14 三维拓扑重建结果

Tab. 4-14 The results of 3D topological reconstruction

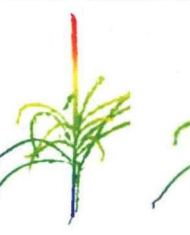
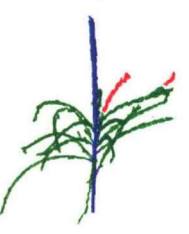
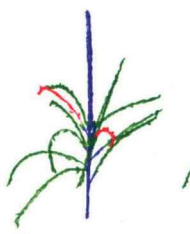
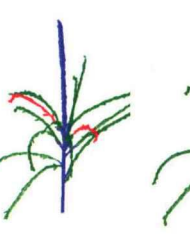
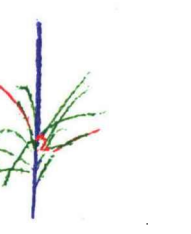
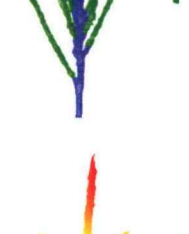
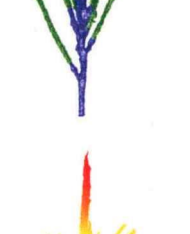
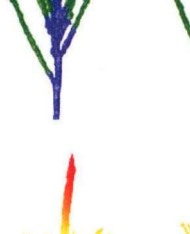
组合类型	uml	um	ul	ml	ph30
披散型					
主轴分离					
半紧凑型					
主轴分离					
紧凑型					

表 4-14 续
Tab. 4-14 Cont

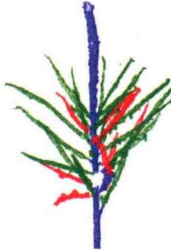
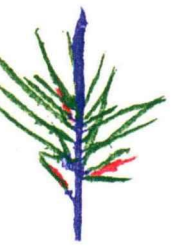
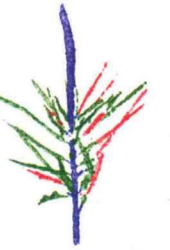
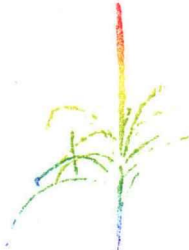
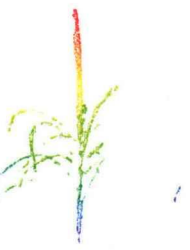
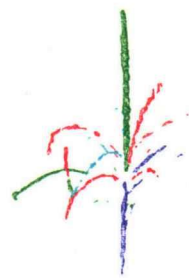
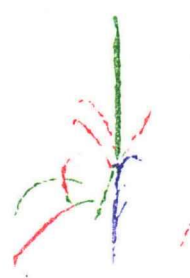
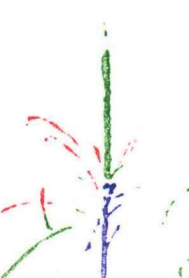
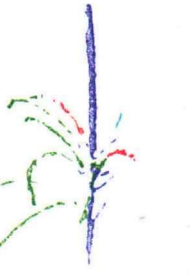
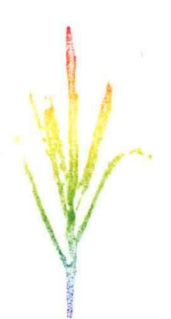
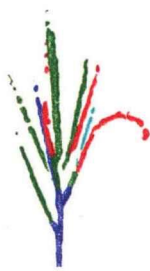
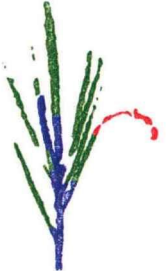
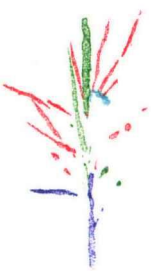
组合类型	uml	um	ul	ml	ph30
主轴分离					
组合类型	ph45	ph60	ph75	ph90	ph105
披散型					
主轴分离					无
半紧凑型					

表 4-14 续

Tab. 4-14 Cont

组合类型	ph45	ph60	ph75	ph90	ph105
主轴分离			无	无	无
紧凑型					
主轴分离			无	无	无
失败概率 (拓扑重建)	90.38%	96.16%	100%	100%	100%
点云密度 (平均值%)	27.75%	24.67%	22.64%	21.69%	5.13%

四个表型参数的提取精度如表 4-15 和图 4-21 所示。在进行点云空间尺度转换后计算评价指标,um 和 ph30 的精度明显降低,将 ph30 的分析结果与其他组合进行比较,所有评价指标都较高,ph30 使用的图片较少,这一结果表明,在玉米雄穗表型参数提取中,遮挡带来的误差比低点云密度带来的误差影响更大,在重建的点云密度方面,来自上层(u)、中层(m)和下层(l)的图像的贡献大小为 $m>l>u$ 。所有分枝角度的评价指标均显著降低,这表明遮挡和低点密度都会显著影响分枝角度的提取精度。

表 4-15 基于不同图像组合的表型参数提取精度

Tab. 4-15 Phenotypic parameter extraction accuracy based on different image combinations

重建模式	主穗长度		分枝总长度		分枝角度		分枝数量		失败率 (拓扑重建)	点云密度 (均值%)
	MAE	MAPE	MAE	MAPE	MAE	MAPE	MAE	MAPE		
um	2.45	8.77	23.28	15.55	3.97	31.73	2.73	27.50	3.85%	63.8%
ul	1.72	6.56	22.15	13.82	3.86	30.39	2.65	26.43	1.92%	84.8%
ml			19.06	13.38	3.69	30.51	2.95	28.65	1.92%	97.3%
ph30	1.63	5.86	17.79	12.34	3.05	25.85	1.97	21.09	7.69%	58.6%
uml	1.33	4.65	15.39	7.97	2.73	19.67	0.37	9.17	0%	100%

注:由于主穗拍摄不完整,导致 md 组合没有统计数据

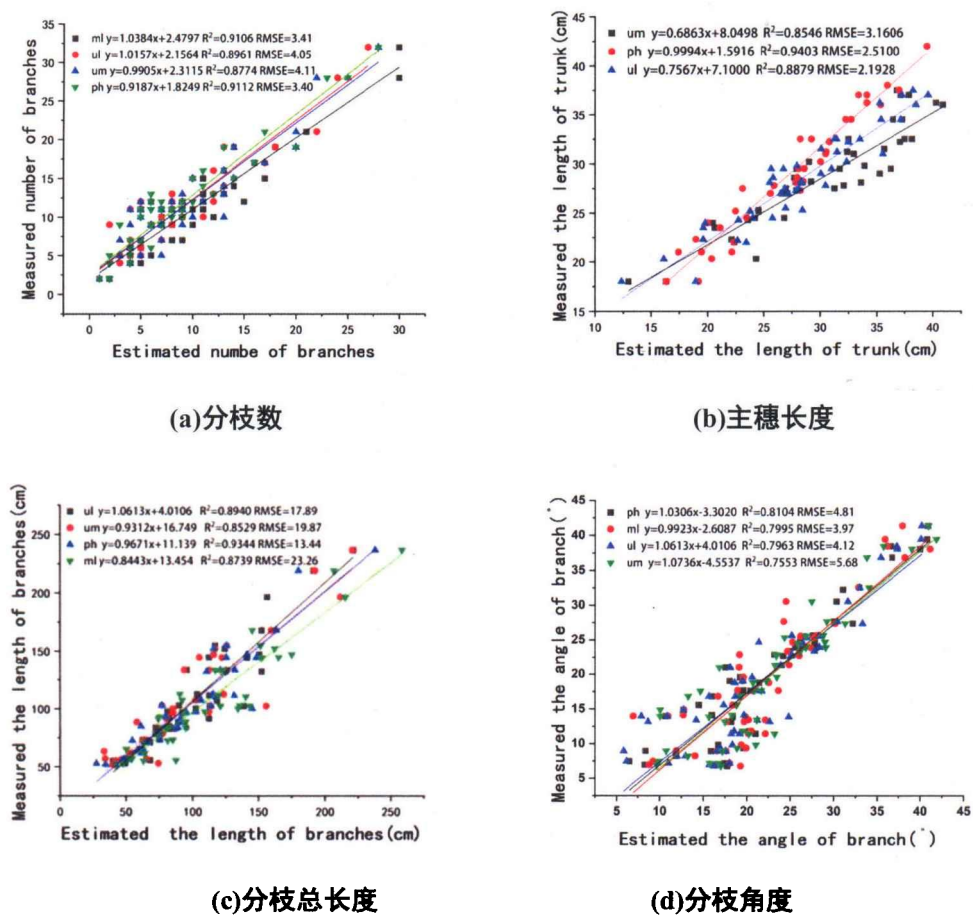


图 4-21 基于不同图像组合的表型参数提取性能

Fig.4-21 Phenotypic parameter extraction performance based on different image combinations

4.3.5 雄穗穗型对拓扑结构重建的影响

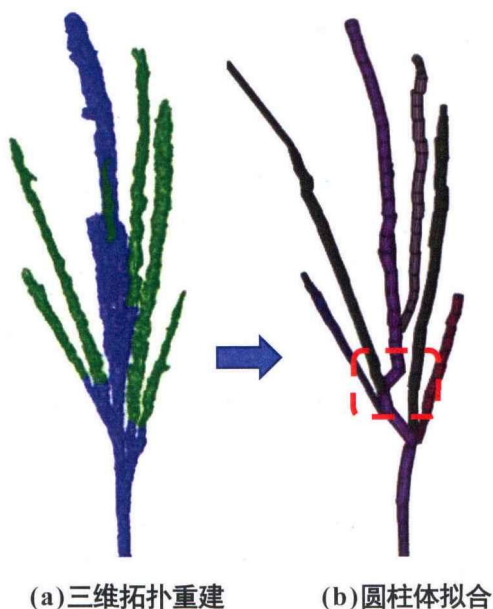
对于紧凑的雄穗,严重的遮挡将导致重建的 3D 点云质量较差(图 4-22),这反过来又导致玉米雄穗的 3D 拓扑重建效果不佳,因此,它无法正确识别主干和分枝,导致表型参数的提取不准确。



图 4-22 紧凑型玉米雄穗的点云重建

Fig.4-22 Point cloud reconstruction of compact maize tassels

如图 4-23 所示,分枝角度提取精度低的主要原因是雄穗分枝角度太小,特别是对于紧凑型的,因此,这导致了对主穗长度的高估和对分枝长度的低估,与大于 20 度的分枝角度的提取结果相比,小于 20 度的提取精度要差得多(表 4-16)。



(a) 三维拓扑重建

(b) 圆柱体拟合

图 4-23 雄穗分枝拓扑结构

Fig.4-23 The topological structure of maize tassel branches

表 4-16 分枝角度提取精度

Tab. 4-16 The extraction accuracy of the branching angle

名称	R ²	RMSE	MAE	MAPE
分枝角度(>20°)	0.8778	6.761	1.29	4.74
分枝角度(<20°)	0.4139	4.37	3.73	35.98

4.4 本章小结

目前,玉米雄穗的高通量数据采集和分析系统仍然缺乏,本研究设计并开发了一个基于 TreeQSM 算法(TIPS)的玉米单株雄穗 3D 表型测量系统,TIPS 可以自动获取玉米雄穗的图像,然后提取关键的结构表型参数,本研究首次应用 TreeQSM 模型来提取主穗长度、分枝长度、分枝数和分枝角度等精细表型参数,证明了 TIPS 的可靠性、适用性和局限性,与现有的方法和系统相比,TIPS 在成本投资、操作效率、可移植性和数据采集分析的准确性方面具有优势,该系统为玉米育种表型参数测量提供了新的思路,TIPS 特别适用于测量难度大的表型参数的测量,例如雄穗分枝角度和总分枝长度,另外它还是一些无法手动测量的表型参数提供了可行的解决方案,如雄穗投影面积和体积等。TIPS 中使用的 TreeQSM 仅适用于提取单个植物的表型参数,不支持群体分析。这在一定程度上限制了 TIPS 的应用。

目前,TIPS 系统尚未完全自动化,玉米雄穗的替换在很大程度上仍然依赖于人工,几何校准尚未完全自动化,这将导致效率降低,限制了在育种工作中对大量材料的表型参数快速获取。数据分析工作仍有潜力,可以根据提取的表型参数进行雄穗分类,筛选出最适合玉米生产的雄穗形态,为育种材料的筛选提供有力支撑。

5 基于玉米雄穗三维表型的分型鉴定研究

雄穗结构表型参数通常用作候选基因挖掘，本章内容主要是通过提取的玉米雄穗结构表型大数据，将其与玉米材料分型信息进行聚类分析，解决传统利用多态性分析标记方法过程复杂的问题，表型结构参数提取利用的是第四章中 TIPS 系统完成的，最后利用高斯模糊聚类的方法实现了对材料分型的预测。

5.1 材料与方法

5.1.1 数据获取

图像数据的获取以及点云的生成使用的是第四章 TIPS 的装置和方法，这里不再赘述。如表 5-1 所示，研究总共采集了 409 组样本，获得了授粉后拍摄的 1227 张玉米雄穗图像（每个样本包含三组图像，每组 72 张图像），其中 398 组 1194 个样本成功重建三维拓扑结构。这 398 组玉米材料的分型是依据贝叶斯马尔可夫链蒙特卡洛（BMCMC）程序利用 STRUCTURE 软件分析的结果^[158,159]来划分的。这些结果将玉米材料划分为四个类型：热带和亚热带（TST）玉米种质资源适应热带和亚热带气候，具备使其能在炎热潮湿环境中良好生长的核心性状，并且这种分型的种质资源抗旱和抗病虫害能力强，非硬秆（NSS）和硬秆（SS）玉米种质资源是美国先锋公司的 Duvick 博士依据亲本不同需求对玉米杂交种进行分类的方式，NSS 被归类为父本，其特点是散粉质量高，茎秆相对柔软，穗位较高，与 SS 群配合力好，而 SS 被归类为亲本，其特点是茎秆坚硬、抗倒伏性强，穗位较低，通常与 NSS 群材料杂交以产生高产组合。此种分类方式是通过分析多态性分子标记数据来推断群体结构和个体的遗传归属，其中，硬秆(SS)分型有 28 个，非硬秆(NSS)分型有 175 个，热带和亚热带（TST）分型有 140 个。其余 55 个样本的分型概率低于 0.60，被归类为混合型（MIXED）。

表 5-1 玉米雄穗材料

Tab. 5-1 Maize tassel materials

材料分型	材料数量	特点
TST	420	热带/亚热带种质，抗旱性、抗病虫害、抗倒伏能力强
NSS	525	温带种质、散粉质量高，茎秆相对柔软
SS	84	温带种质、穗位较高、茎秆坚硬、抗倒伏性强
MIXED	165	混合型

如表 5-2 所示，本研究的测量数据包括雄穗的主穗长度 L_t 、分枝长度 L_b 、分枝数量 Branchnum、穗直径 L_a 、柄直径 L_c 、柄长度 L_d 、冠幅最大直径 L_m 以及冠高 L_p 。柄长度指的是从雄穗主柄上最低花丝到玉米茎秆顶部第一节的部分。最大冠幅直径和冠高分别指的是最大冠幅直径和最大冠高。所有长度的测量都是在拉直状态下，使用分辨率为 1 毫米的尺子进行的。 L_a 的直径是主穗上五个等间距区域直径的平均值，而 L_d 指的是从雄穗第一个分枝起点到雄穗下方玉米植株最高节的长度，其直径 L_c 也是五个等间距直径的平均值，实测数据分布情况如表 5-3 所示。

表 5-2 表型参量测量示意图

Tab. 5-2 Schematic diagram of phenotypic parameter measurement

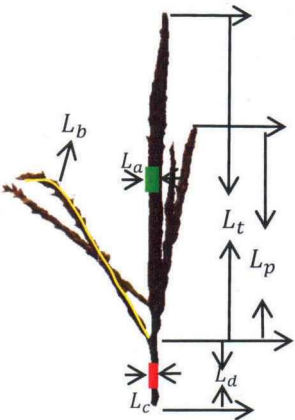
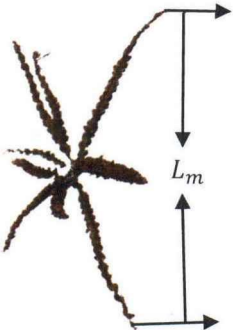
描述	名称（单位：cm 或者 °）	备注
	主穗长(Trunk length)	L_t
	分枝长(Branch length)	L_b
	分枝数(Branch number)	Number of all L_b
	柄直径(Stalk diameter)	L_c
	主穗直径(Main spike diameter)	L_a
	柄长度(Stalk Length)	L_d
	最大冠层直径(Maximum canopy width)	L_m
	冠层高度(Canopy height)	L_p

表 5-3 实测数据基本情况

Tab. 5-3 Basic information of measured data

名称	最大值(cm)	最小值(cm)	平均值(cm)	变异系数	备注
主穗长度	56.50	14.50	30.50	5.25	L_t
分枝长度	40.6	16.90	28.73	4.01	L_b
分枝数	38.00	2.00	12.37	6.22	Number of all L_b
柄直径	6.15	0.14	0.73	0.66	L_c
主穗直径	10.00	0.35	1.00	1.03	L_a
柄长度	50.00	6.00	19.44	5.55	L_d
最大冠层直径	38.50	1.80	10.37	6.70	L_m
最大冠层高度	36.30	3.00	18.32	4.50	L_p

5.1.2 原始点云的预处理

在点云数据处理过程中，由于点云参数的精准提取高度依赖于仅涵盖感兴趣对象的数据，所以，针对点云实施更为深入的过滤与聚类操作显得尤为必要。以玉米雄穗点云数据处理为例，如图 5-1 所示，对原始点云开展了一系列关键处理步骤，其中包括高斯滤波中的统计离群点移除（SOR）算法与 DBSCAN（即基于密度的空间聚类应用算法）算法聚类，其目的在于精准获取仅包含雄穗本身的纯净点云数据。具体而言，高斯滤波过程借助 MATLAB2017b 平台来实现。在该平台中，通过调用“`pcdenoise (noisyData,'NumComponents',numComponents)`”函数完成滤波任务。此函数中的“`numComponents`”参数起着关键作用，经过多次试验与优化，最终将其设定为 0.1，以确保在有效去除噪声的同时，最大程度保留点云数据的关键特征。

经过高斯滤波处理后，紧接着运用基于密度的“DBSCAN (`eps=0.5,min_samples=150`)”聚类函数。该函数依据数据点的密度分布特征，将密度相连的数据点划分为不同的簇，从而实现从复杂的点云数据中精准提取出单个雄穗的点云。这一完整的数据处理流程在图 5-1 中以直观、清晰的方式进行了展示。

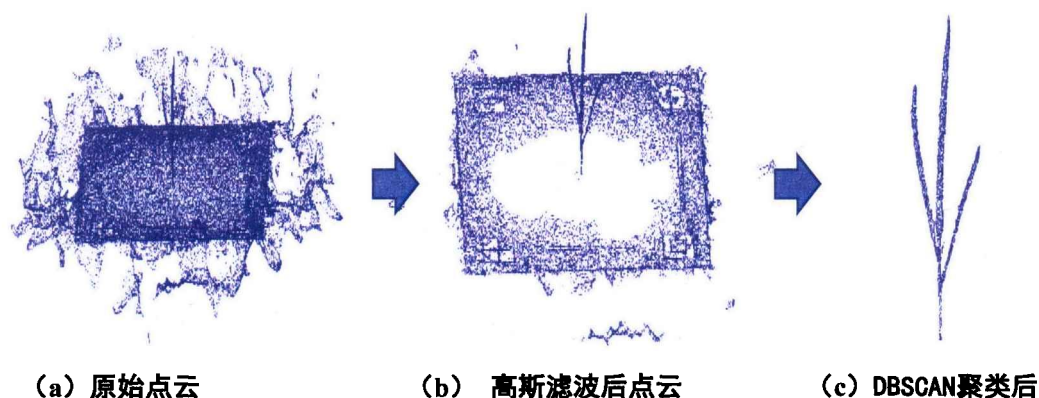


图 5-1 玉米雄穗点云分离

Fig.5-1 Point cloud separation of maize tassels

5.1.3 表型参数的测量和提取

表型信息提取利用了 TreeQSM 算法和凸包 (Convexhull) 算法。通过这些方法提取的指标列于表 5-4 中。TreeQSM 算法已被广泛应用于提取树木的三维结构,并取得了出色的成果,目前,该算法有多个软件版本可供使用。

先前的研究表明,利用 TreeQSM 算法以及由该系统获取的图像所重建的玉米雄穗拓扑结构点云在沿 x、y、z 轴方向的空间变异性是稳定的,这证明了原始点云的高精度。此外,多个表型参数的预测值与测量值之间的相关系数的平均绝对系数 >0.9 ^[160]。在获取主穗长度时,有必要去除柄的长度,TreeQSM 能够在拓扑结构重建过程中记录最低点(通常是柄的最低点坐标)、第一个分枝的坐标以及所有圆柱拟合段的类别、长度和半径等信息。用第一个分枝的坐标减去最低点的坐标就能得到柄的长度,进而得到主穗的长度。对于主穗直径和柄直径,它们是主穗和柄上所有拟合圆柱直径的平均值。本研究使用的是 TreeQSM2.4.1 版本。TreeQSM 有五个输入参数: PatchDiam1、PatchDiam2Min、PatchDiam2Max、BallRad1 和 BallRad2。在本研究中,对 PatchDiam1、PatchDiam2Min 和 PatchDiam2Max 进行了调整,以获取玉米雄穗的三维拓扑结构并提取相关表型参数^[161]。详细的参数调整规则可在参考文档^[162]中找到。使用 TreeQSM 算法提取的点云空间尺度结果是非物理值,需要进行尺度校正,以确保提取的表型参数结果是具有标量化单位的物理值。

如表 5-3 所示,凸包方法被用于提取雄穗在 XOY 投影平面上的凹包冠幅投影面积(图 5-2a)和凸包体积(图 5-2b)。冠幅面积和体积是通过 MATLAB (2017b 版本)中的边界函数直接提取的,其中代表松散程度的第三个参数被设置为 1。

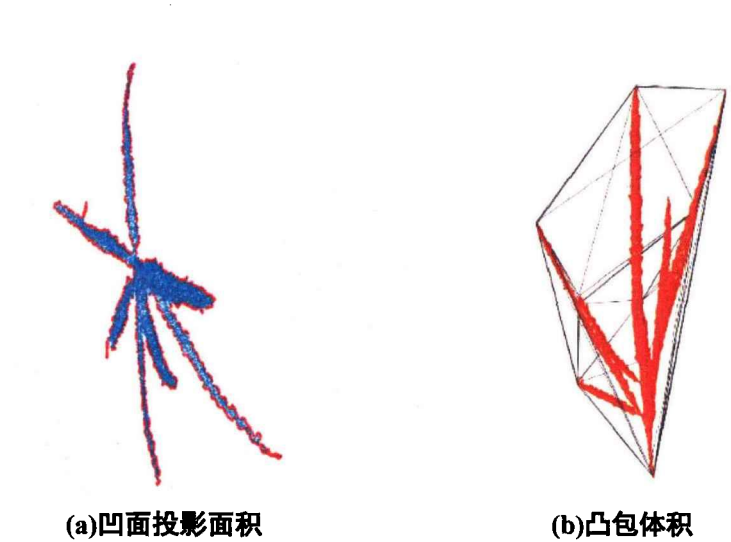


图 5-2 雄穗的凸包体积与凸包冠层面积

Fig.5-2.Convex hull volume and convex hull crown area of mazie tassel

表 5-4 不同算法提取的表型参数

Tab. 5-4 Phenotypic parameters extracted by different algorithms

算法名称	提取指标
TreeQSM	主穗长(Lt)
	分枝总长(Lb(all))
	分枝数(Branchnum)
	柄直径(Lc)
	主穗直径(La)
	柄长度(Ld)
	最大冠层直径(Lm)
	冠层高度(Lp)
Convexhull	平均冠幅(Crowndiam(AVG))
	投影面积(Crownarea)
	凸包体积(CrownVolume)

5.1.4 分类方法

5.1.1 节中提到，本研究的对象是来自三种玉米材料分型（NSS、TST、SS），这些玉米材料的分类是 STRUCTURE 软件通过分析多态性分子标记数据来推断其所属的群体结构的。如果任意一种分型（NSS、TST 或 SS）的预测概率超过 60%，该材料就被归类到相应的分型类别中，如果各比例均未超过 60%，则该材料被归

类到“混合”(MIXED)类别中。由于此种分类方法是基于概率进行的,因此本研究使用高斯模糊聚类(GFC)算法,研究利用 TIPS 系统提取了 1194 组玉米雄穗的结构表型参数,并通过聚类的方法来预测材料所属分型,旨在识别不同玉米分型之间雄穗结构表型的差异性以及通过雄穗表型参数来预测材料分型的可行性。

本研究采用高斯模糊聚类(GFC)算法对玉米雄穗表型参数进行聚类并预测材料所属的分型。高斯模糊聚类(GFC)是一种概率模型,已广泛应用于模式识别、计算机视觉、机器学习、数据挖掘以及生物信息学等诸多领域^[163-165]。高斯模糊聚类(GFC)允许数据点以不同的隶属度属于多个聚类,而非硬性地被分配到单个聚类中。高斯模糊聚类(GFC)利用高斯函数来定义隶属函数,从而产生模糊隶属关系。具体针对本研究而言,聚类过程及关键变量如下以及见表 5-5。

初始化原始数据点矩阵 X ,并随机生成初始隶属度矩阵 U 。需要注意的是,初始化后的隶属度矩阵必须满足 $\sum_{k=1}^{11} u_{ik}=1$ (其中 i 为行数, k 为列数,取值范围从 1 到 11)。使用公式 $\frac{u_{ik}}{\sum_{j=1}^{11} u_{jk}}$ 对每个数据点的隶属度进行归一化处理,使得其对所有聚类的隶属度之和等于 1。经过这样的归一化操作后,依然得到矩阵 U 。

$$X = \begin{bmatrix} 7.5 & 26.0 & \dots & 16.9 & 254.9 \\ 8.0 & 34.3 & \dots & 81.7 & 1243.4 \\ \dots & \dots & \dots & \dots & \dots \\ 11.5 & 33.5 & \dots & 51.7 & 4615.8 \\ 11.6 & 26.0 & \dots & 48.5 & 1361.4 \end{bmatrix}$$

$$U = \begin{bmatrix} 0.11 & 0.07 & \dots & 0.04 & 0.04 \\ 0.04 & 0.17 & \dots & 0.06 & 0.11 \\ \dots & \dots & \dots & \dots & \dots \\ 0.05 & 0.07 & \dots & 0.15 & 0.03 \\ 0.10 & 0.07 & \dots & 0.13 & 0.08 \end{bmatrix}$$

下一步是计算每个表型参数的聚类中心 v_k 。其中, k 表示特征数量,在此处为 11,模糊系数通常取值为 2。

$$v_k = \frac{\sum_{i=1}^{1194} u_{ik}^m \cdot x_i}{\sum_{i=1}^{1194} u_{ik}^m}$$

聚类中心(簇心)是通过以下计算方式获得的:

$$v_1 = \begin{bmatrix} 0.99 \\ 2.86 \\ 0.81 \\ 0.46 \\ 1.60 \\ 0.05 \\ 0.09 \\ 14.53 \\ 0.20 \\ 1.14 \\ 110.52 \end{bmatrix} \quad v_2 = \begin{bmatrix} 0.77 \\ 2.54 \\ 1.19 \\ 0.56 \\ 1.57 \\ 0.05 \\ 0.07 \\ 16.14 \\ 0.24 \\ 1.77 \\ 136.21 \end{bmatrix} \quad \dots \quad v_{10} = \begin{bmatrix} 1.04 \\ 2.91 \\ 1.04 \\ 0.88 \\ 1.34 \\ 0.06 \\ 0.10 \\ 16.84 \\ 0.38 \\ 3.97 \\ 305.34 \end{bmatrix} \quad v_{11} = \begin{bmatrix} 0.36 \\ 1.20 \\ 0.41 \\ 0.22 \\ 0.73 \\ 0.02 \\ 0.03 \\ 6.45 \\ 0.09 \\ 1.65 \\ 49.42 \end{bmatrix}$$

计算每个数据点 x_i 到每个聚类中心 v_1 的欧几里得距离,其计算过程和结果如下:

$$d_{i1} = \|x_i - v_1\|_{d_{11}} = \sqrt{(7.5 - 0.99)^2 + (26.0 - 2.86)^2 + \dots + (254.9 - 110.52)^2} = 185.6$$

$$d_{21} = \sqrt{(8.0 - 0.77)^2 + (34.3 - 2.54)^2 + \dots (1243.4 - 136.21)^2} = 1257.4$$

.....

$$d_{1194-10} = \sqrt{(11.5 - 1.04)^2 + (33.5 - 2.91)^2 + \dots (46.15.8 - 305.34)^2} = 4385.3$$

$$d_{1194-11} = \sqrt{(11.6 - 0.36)^2 + (26.0 - 1.20)^2 + \dots (1361.4 - 49.42)^2} = 1142.5$$

根据距离和模糊系数来更新隶属度矩阵 U，矩阵 U 中的每个元素按如下方式计算：

$$u_{ik} = \frac{1}{\sum_{j=1}^4 \left(\frac{d_{jk}}{d_{ij}} \right)^{\frac{2}{m-1}}}$$

其中 i 和 k 分别表示行数和列数，j 表示分类的数量，是模糊系数 m，在此处其取值依然为 2。

$$u_{11} = \frac{1}{1 + \left(\frac{185.6}{175.3} \right) + \left(\frac{185.6}{134.2} \right) + \left(\frac{185.6}{212.6} \right)} = 0.23$$

使用新得到的 $U_{11} \dots U_{1194-11}$ 来更新隶属度矩阵 U。重复步骤 2)到 4)，直至隶属度矩阵 U 收敛或者达到设定的最大迭代次数 2000。

表 5-5 高斯模糊聚类（GFC）中主要变量的定义

Tab. 5-5 Definitions of main variables in gaussian fuzzy clustering (GFC)

变量名称	符号	描述
样本数据集	X	由 n 个 d 维样本点组成，即 $X = \{x_1, x_2, \dots, x_n\}$ ，其中 d 是一个代表样本点的 d 维向量
聚类中心	v_k	代表第 k 个聚类的中心，它是一个 d 维向量，用于表示该聚类在特征空间中的典型位置
隶属度矩阵	U	它是一个 $n \times c$ 的矩阵，元素 u_{ik} 表示样本点 X_i 属于第类的隶属度，满足 $0 \leq u_{ik} \leq 1$ ，并且对于任意的 i
模糊指数	d_{ik}	计算每个数据点 x_i 到每个聚类中心 v_i 的距离，当距离小于设定阈值时，该点被分配到当前类别

5.1.5 精度评价方法

本研究使用准确度（Accuracy）、精确度（Precision）、召回率（Recall）和 F1（精确度和召回率的调和平均数，位于 0-1 之间，值越大说明分类效果越好）值来

评判模型聚类的准确性和有效性，其计算方式如下：

$$\text{Accuracy} = (\text{Tp} + \text{Tn}) / (\text{Tp} + \text{Tn} + \text{Fp} + \text{Fn}) \quad (5-1)$$

$$\text{Precision} = \text{Tp} / (\text{Tp} + \text{Fp}) \quad (5-2)$$

$$\text{Recall} = \text{Tp} / (\text{Tp} + \text{Fn}) \quad (5-3)$$

$$\text{F1} = (2 * \text{Precision} * \text{Recall}) / (\text{Precision} + \text{Recall}) \quad (5-4)$$

其中，Tp：预测为 1，实际也为 1；FP：预测为 1，但实际为 0；Fn：预测为 0，但实际为 1；Tn：预测为 0，实际也为 0。

5.2 结果与分析

5.2.1 雄穗三维拓扑结构的重建结果

在本研究中，设置三个参数(PatchDiam1、PatchDiam2Min 和 PatchDiam2Max)的值分别为 0.005、0.0005 和 0.005 最终，986 个样本成功实现了三维拓扑重建，成功率为 80.3%。通过进一步调整参数，成功重建的雄穗数量增加到 1194 个，最终成功率达到 97.3%。重建失败主要是由于雄穗形状过于紧凑，使得主穗与分枝难以正确分离，此类数据被排除在后续统计分析之外。

图 5-3 展示了部分雄穗拓扑结构的 TreeQSM 重建结果。结果表明，TreeQSM 模型在紧凑度较高的雄穗上效果欠佳。主要有两种情况：一种是识别出了主穗，但无法与分枝清晰区分；另一种是完全未能识别出主穗。这两种情况都被视为不理想的提取结果。相比之下，对于紧凑度较低的雄穗，TreeQSM 模型能够有效地识别主穗和分枝，这也是进一步提取雄穗结构表型参数的必要条件。

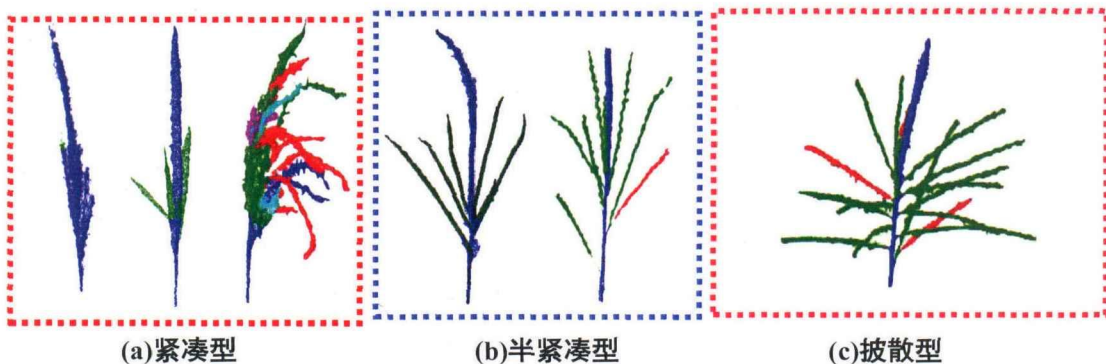


图 5-3 TreeQSM 拓扑结构重建结果

Fig.5-3 Reconstruction results of TreeQSM topological structure

5.2.2 点云空间变异性分析与提取结果

使用 TreeQSM 模型提取的参数仍基于欧几里得距离，需要进行校正。校正过程及结果的准确性已得到验证^[140]。本研究中数据集的绝对校正系数 P 在 34 到 39 之间，但超过 84% 的样本校正系数在 36 到 38 之间，这表明在相同条件下获得的点云空间变异性相对较小。

本研究分析了所提取的 11 个参数的数据分布情况，如图 5-4 所示。除了分枝数量没有物理单位外，其他均有物理单位。图 5-4(A)中每个参数由 2 组数据表示实测数据和模型提取数据的分布，其中，每组对比数据的左侧为测量值，右侧为模型提取值，5-4 (B) 图中右侧两个参数柄直径 Lc 和主穗直径 La 以及 5-4 (B) 图中右侧凸包体积 CrownVolumeConv 参数的数值为图右侧蓝色坐标数值，单位均为厘米。从图 5-4 中可以明显看出，柄长 Ld 和主穗长 Lt 的中位数、平均值、最小值和最大值均大于测量值。这主要是因为 TreeQSM 模型提供了更详细的长度计算，而测量数据虽然尽量拉直，但为避免损坏雄穗无法完全伸直。此外，最大冠幅直径 Lm、冠高 Lp、柄直径 Lc 和主穗直径 La 的测量值与提取值之间存在较大差异。这主要是由于最大冠幅直径和冠高难以精确测量，且柄和主穗直径数值较小，容易产生较大的测量误差。图 5-4 (B) 中，平均冠幅直径 Crowndiam(AVG)、总分枝长度 Lb(all)、冠面积 Crownarea 和凸包体积 CrownVolumeConv 均是使用 TreeQSM 提取的结果。值得注意的是，平均冠幅直径显示为其提取值的十倍。左侧的垂直轴代表红色箱线图数据刻度，平均冠幅直径和总分枝长度的单位为厘米，冠面积的单位为平方厘米。右侧蓝色的垂直轴代表凸包体积，单位为立方厘米。如图 5-4 所示，这四个表型参数的平均值明显高于中位数，表明超过 50% 的样本值分布在平均值以下。

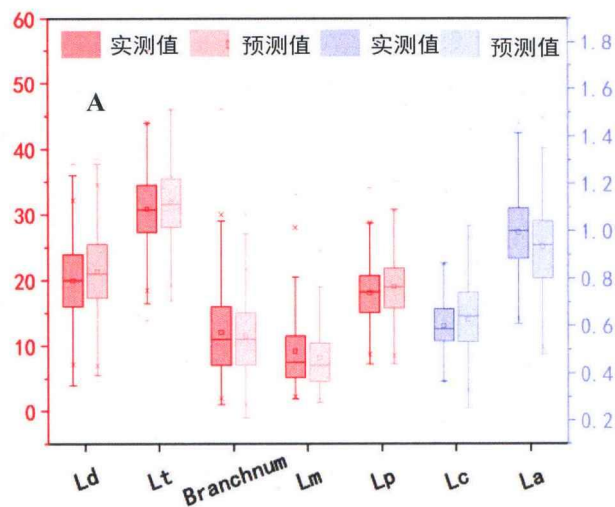


图 5-4 雄穗表型结构参数预测值与实测值分布

Fig.5-4 Data distribution

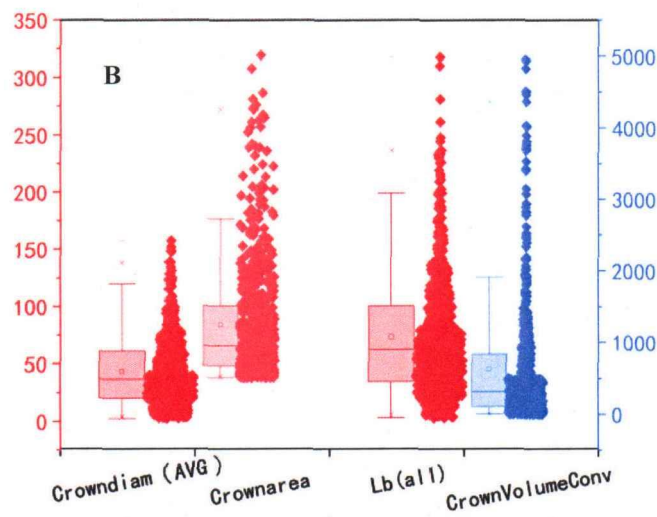


图 5-4 续

Fig.5-4 Cont

此外，本研究分析了所提取的 11 个参数的变异性，结果如表 5-6 所示。分析结果表明，所提取的表型参数呈现出较大的变异性，这反映出数据分布并不集中，从而为研究结果提供了更具代表性的依据。

表 5-6 提取的表型参数变异性结果

Tab. 5-6 Results of the variability of the extracted phenotypic parameters

表型参数	变异系数(CV)
柄长度 (Ld)	26.8%
主穗长 (Lt)	16.9%
分枝数 (Branchnum)	55.6%
最大冠层直径 (Lm)	63.4%
主穗直径 (La)	18.3%
平均冠幅 (Crowndiam (AVG))	64.6%
投影面 (Crownarea)	58.2%
分枝总长 (Lb(all))	67.1%
冠层高度 (Lp)	23.7%
柄直径 (Lc)	16.9%
凸包体积 (CrownVolume)	82.9%

注：变异系数 (CV) 是样本标准差与均值的比值。

5.2.3 表型参数相关性及其重要性分析结果

本研究运用 Pasternack 相关系数法，构建了由 TreeQSM 提取的玉米雄穗 11 个表型参数之间的相关性。如图 5-5 所示，雄穗分枝数量与总分枝长度之间，以及冠面积与凸包体积之间的相关性最高，均超过 0.9。平均冠幅直径与冠部投影面积和凸包体积的相关性次之，但均高于 0.8。相比之下，主穗直径、柄直径和柄长度之间的相关性相对较低。

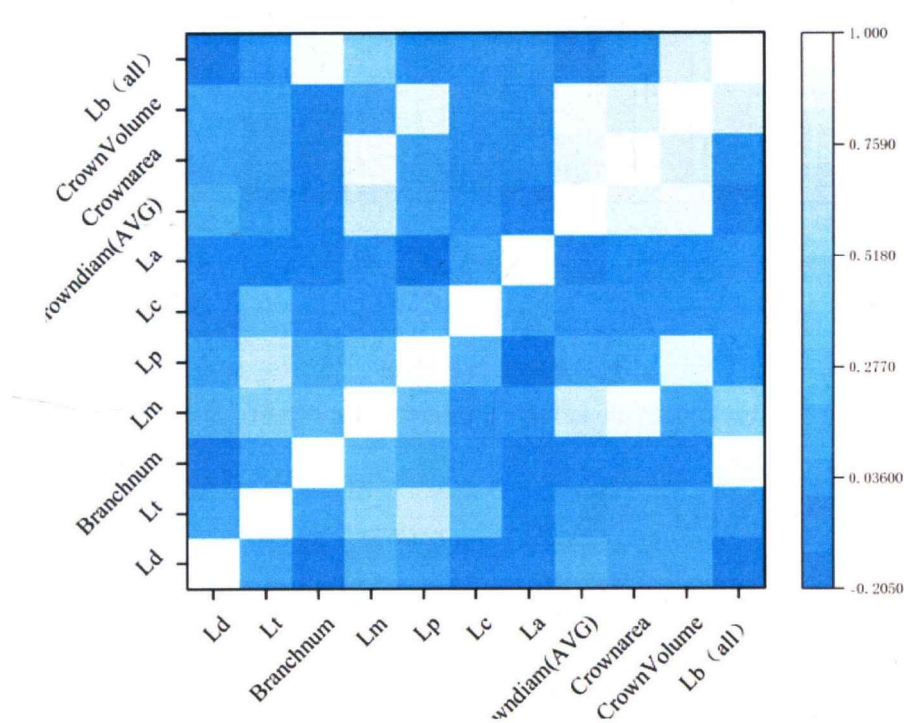


图 5-5 表型参数的相关性
Fig.5-5 Correlation of phenotypic parameters

使用随机森林算法计算出的 11 个玉米表型参数的重要性如图 5-6 所示。可以看出，对于玉米材料的分类，最重要的前三个表型参数分别是分枝数量（即 Branchnum）、总分枝长度（即 Lb(all)）和主穗长度（即 Lt）。最不重要的参数是冠部的凸包体积（即 CrownVolume）、冠部平均直径（即 Crowndiam(AVG)）以及冠部投影面积（即 Crownarea）。

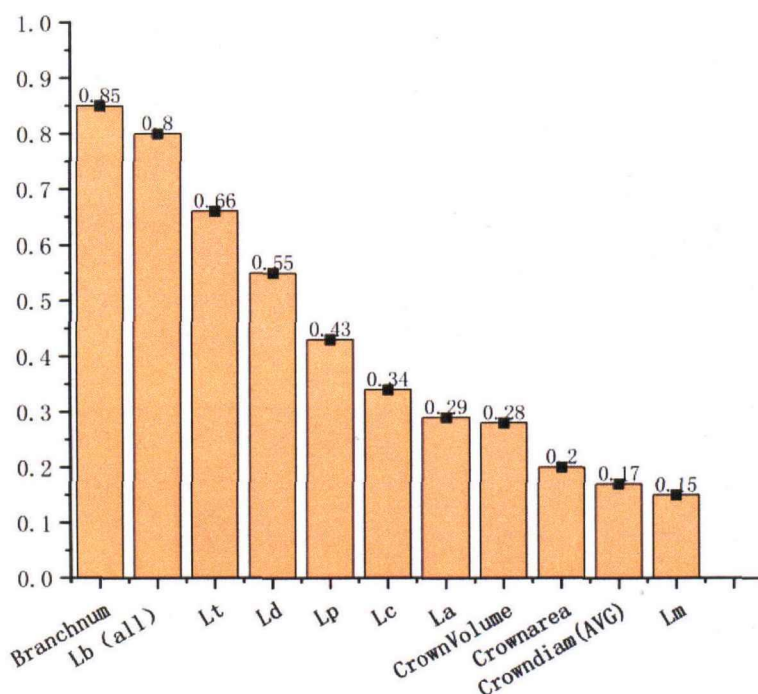


图 5-6 表型参数重要性排序

Fig.5-6 Ranking of phenotypic parameter importance

5.2.4 不同种质材料分型鉴定结果

本研究运用高斯模糊聚类 (GFC) 算法, 对所提取的玉米雄穗 11 个表型参数中的 10 个 (不包括凸包体积) 进行概率聚类。将聚类数设置为 4, 迭代次数设置为 2000, 计算每个样本属于各个类别的概率。为每个样本赋予属于特定类别的概率, 当概率 ≥ 0.6 时, 将样本分类到 NSS、SS、TST 或 MIXED 类别中。结果如表 5-7 所示。列表示 GFC 的 4 种聚类结果, 行表示实际聚类结果中每个分型的样本数量, 表中四种类别的数据量顺序也与样本量一致, 从大到小依次为 NSS、TST、MIXED 和 SS。在第三和第四个聚类中, NSS 和 TST 的分类准确度分别为 67.7% 和 78.5%, 召回率为 70.86% 和 74.05%, F1 的值分别为 0.69 和 0.76, 精确率、召回率、F1 的值均较高, NSS 的聚类准确度低于 TST, 其中一个重要原因是, NSS 分型材料的表型性状变异性比 TST 材料更大^[109], 此外, 在分类结果中存在 MIXED 类别, NSS 和 TST 的概率彼此接近, 且均未超过 0.6, 这给 NSS 和 TST 的真值分布带来了一定程度的随机性, 从而影响了当前分类方法进一步提高 NSS 和 TST 分类准确度的能力。

表 5-7 高斯模糊聚类（GFC）结果
Tab. 5-7 Results of Gaussian Fuzzy Clustering (GFC)

实际结果									
	材料 分型	MIXED	NSS	SS	TST	准确度 (%)	精确度 (%)	召回率 (%)	F1
算法分 类结果	SS	10	76	21	26	85.34	15.79	25.00	0.19
	MIXED	23	49	13	20	81.24	21.90	13.94	0.17
	NSS	82	372	34	63	72.19	67.71	70.86	0.69
	TST	50	18	16	311	83.84	78.53	74.05	0.76
	总数	165	525	84	420				

5.2.5 不同表型参数组合下的聚类结果

在本研究中，将提取的 11 个表型参数进行随机组合，然后开展聚类分析。参数组合如表 5-8 所示，总共有 7 种不同组合，标记为 A 到 G。后续每种组合比前一种组合少一个参数。再次使用高斯模糊聚类（GFC）算法进行概率聚类，将样本分为 4 类，并依据概率 ≥ 0.6 进行分类。值得注意的是，参数较少的组合 F 和 G 被排除在外，因为使用这两种组合时，GFC 算法无法再进行聚类。从不同参数的聚类结果（表 5-9）可以明显看出，SS 和 MIXED 类别的精确度和召回率仍然相对较低。NSS 和 TST 的聚类精确度随着参数数量的减少而逐渐降低。特别是从组合 C 到组合 D，准确度出现显著下降，这表明分枝长度对材料分型预测的贡献显著，且其变异性较大。随着聚类参数数量的进一步减少，精确度进一步下降。

表 5-8 不同参数组合
Tab. 5-8 Different parameter combinations and classification results

组别	参数组合
A	Ld,Lt,Branchnum,Lm,Lp,Lc,La,Lb(all),Crowndiam(AVG),Crownarea,CrownVolume
B	Ld,Lt,Branchnum,Lm,Lp,Lc,La,Lb(all),Crowndiam(AVG)
C	Ld,Lt,Branchnum,Lm,Lp,Lc,La,Lb(all)
D	Ld,Lt,Branchnum,Lm,Lp,Lc,La
E	Ld,Lt,Branchnum,Lm,Lp,Lc
F	Branchnum,Lm,Lp
G	Lt,Lm,Lp

表 5-9 不同参数组合下的分类结果
Tab. 5-9 Different parameter classification results

参数组合 A		实际结果							
分类结果	分型	MIXED	NSS	SS	TST	准确度 (%)	精确度 (%)	召回率 (%)	F1
	SS	3	63	22	28	86.93	18.97	26.19	0.22
	MIXED	8	18	19	85	76.63	6.15	4.85	0.05
	NSS	148	305	30	23	64.74	60.28	58.10	0.59
	TST	6	139	13	284	75.38	64.25	67.62	0.66
	总数	165	525	84	420				
参数组合 B		实际结果							
分类结果	分型	MIXED	NSS	SS	TST	准确度 (%)	精确度 (%)	召回率 (%)	F1
	SS	11	51	0	29	85.34	0.00	0.00	
	MIXED	23	74	0	36	78.89	17.29	13.94	0.15
	NSS	99	271	64	57	60.30	55.19	51.62	0.53
	TST	32	129	20	288	73.79	61.41	68.57	0.65
	总数	165	525	84	420				
参数组合 C		实际结果							
分类结果	分型	MIXED	NSS	SS	TST	准确度 (%)	精确度 (%)	召回率 (%)	F1
	SS	27	54	0	20	84.51	0.00	0.00	
	MIXED	35	86	0	34	79.06	22.58	21.21	0.22
	NSS	94	264	68	76	58.21	52.59	50.29	0.51
	TST	9	101	16	290	78.56	63.71	69.05	0.69
	总数	165	525	84	420				

表 5-9 续
Tab. 5-9 Cont

参数组合 D		实际结果							
分类 结果	分型	MIXED	NSS	SS	TST	准确度 (%)	精确度 (%)	召回率 (%)	F1
	SS	27	92	15	34	81.41	8.93	17.86	0.12
	MIXED	21	61	0	45	79.06	16.54	12.73	0.14
	NSS	70	230	69	157	50.50	43.73	43.81	0.44
	TST	47	142	0	181	64.15	48.92	43.10	0.46
总数		165	525	84	420				

参数组合 E		实际结果							
分类 结果	分型	MIXED	NSS	SS	TST	准确度 (%)	精确度 (%)	召回率 (%)	F1
	SS	33	86	0	30	80.49	0.00	0.00	
	MIXED	6	108	15	50	72.19	3.35	3.64	0.03
	NSS	82	217	31	156	51.68	44.65	41.33	0.43
	TST	64	114	38	184	62.14	46.00	43.81	0.45
总数		165	525	84	420				

参数组合 F		实际结果							
分类 结果	分型	MIXED	NSS	SS	TST	准确度 (%)	精确度 (%)	召回率 (%)	F1
	SS	43	104	0	49	76.55	0.00	0.00	
	MIXED	23	116	0	14	77.22	15.03	13.94	0.14
	NSS	72	215	66	193	46.31	39.38	40.95	0.40
	TST	27	90	18	92	61.22	40.53	21.90	0.28
总数		165	525	84	420				

表 5-9 续
Tab. 5-9 Cont

参数组合 G		实际结果							
分类结果	分型	MIXED	NSS	SS	TST	准确度 (%)	精确度 (%)	召回率 (%)	F1
	SS	11	126	8	86	74.96	3.46	9.52	0.05
	MIXED	12	63	0	35	78.98	10.91	7.27	0.09
	NSS	89	209	61	168	46.90	39.66	39.81	0.40
	TST	53	127	15	131	59.46	40.18	31.19	0.35
总数		165	525	84	420				

5.3 讨论

5.3.1 不同分类方法结果的比较

不同分类方法得到的结果存在差异。在本研究中，对比了三种常见机器学习方法，即支持向量机（SVM）、随机森林以及反向传播（BP）神经网络，还有三种另外分类算法，即 k-均值聚类、层次聚类（HCM）和模糊 C 均值聚类（FCM）的聚类效果。如先前研究所得出的结论，使用 10 个表型参数聚为 4 类可达到最高准确度，因此，本研究使用相同的 10 个表型参数来比较结果。样本数据以 7: 3 的比例随机分为 20 组训练集和验证集，聚类精度根据正确分类样本占总数的比例计算得出。聚类结果如表 5-10 所示，在比较这三种机器学习算法时，随机森林在训练集和验证集上的预测精度最高，但其优势并不显著，其预测精度在 50%到 60%之间，训练集上相对较高的准确度也是由于过拟合现象导致的。从预测精度结果来看，这三种方法的预测精度都不高，它们之间的差异也不显著。这是因为这三种方法均为监督分类方法，并不适用于玉米表型参数对材料分型预测的非线性问题。

表 5-10 基于不同机器学习方法的分类结果

Tab. 5-10 Classification results based on different machine learning methods

数据集 编号	RF		SVM		BPNN	
	训练集精	验证集精	训练集	验证集	训练集	验证集
	度(%)	度(%)	精度(%)	精度(%)	精度(%)	精度(%)
1	93.24	46.48	61.90	57.7	54.17	53.52

表 5-10 续
Tab. 5-10 Cont

数据集 编号	RF		SVM		BPNN	
	训练集精 度(%)	验证集精 度(%)	训练集 精度(%)	训练集精度 (%)	验证集精度 (%)	训练集精 度(%)
2	88.49	53.52	54.76	49.30	61.90	53.52
3	90.10	54.93	57.14	50.70	60.71	56.34
4	97.11	50.70	52.98	47.89	60.12	46.48
5	86.99	49.30	60.71	49.30	55.36	49.30
6	88.24	57.75	62.50	50.7	47.62	57.75
7	96.75	56.34	57.74	42.25	59.52	43.66
8	96.81	57.75	64.29	39.40	55.95	56.34
9	95.49	57.75	60.12	46.48	55.36	60.56
10	88.24	59.15	56.55	53.52	56.55	52.11
11	96.11	52.11	58.33	45.07	53.57	45.07
12	91.05	54.93	61.90	52.11	60.12	46.48
13	86.92	52.11	61.30	45.07	41.67	42.25
14	90.73	54.93	60.71	50.70	59.93	52.64
15	92.94	47.89	57.14	49.30	57.14	49.30
16	85.61	47.89	60.71	39.44	51.79	52.11
17	93.67	50.71	63.11	52.10	52.38	53.52
18	92.68	52.11	55.36	45.07	62.55	52.11
19	88.35	49.30	53.57	56.34	55.90	38.03
20	92.94	50.71	64.29	57.75	56.55	43.66
平均值	91.73	52.82	59.26	49.01	55.94	50.24
标准方差	3.67	3.75	3.46	5.32	5.03	5.81

通过对比表 5-11 中另外三种聚类方法的分类结果, 可以发现它们的分类精度都比高斯模糊聚类 (GFC) 低 6%-13%。可能的原因是 GFC 具有模糊性、概率性以及为正态分布数据敏感的特点, 而本研究中用于玉米材料分型的分类规则也是基于概率的, 并且样本数据也呈现出近似正态分布的特征。

表 5-11 基于不同聚类方法的分类结果

Tab. 5-11 Classification results based on different clustering methods

实际结果									
算法	分型	MIXED	NSS	SS	TST	准确度 (%)	精确度 (%)	召回率 (%)	F1
K-means	SS	11	24	0	16	88.72	0.00	0.00	
	MIXED	65	109	15	68	75.53	25.25	39.34	0.31
	NSS	72	229	46	184	49.95	43.16	43.62	0.43
	TST	18	163	23	152	60.48	42.72	36.19	0.39
HCM	SS	24	30	0	5	88.02	0.00	0.00	
	MIXED	22	24	0	16	84.67	35.48	13.33	0.19
	NSS	84	302	61	252	53.10	47.26	57.52	0.52
	TST	35	169	23	147	63.15	47.70	49.29	0.48
FCM	SS	3	42	0	11	88.27	0.00	0.00	
	MIXED	54	109	15	89	72.86	20.22	32.73	0.25
	NSS	76	302	46	68	65.41	61.38	57.52	0.59
	TST	32	72	23	252	75.29	66.49	60.00	0.63
总数		165	525	84	420				

5.3.2 不同分类方式下的结果

前面的研究将数据聚为四类，然而，“混合（MIXED）”类型并不属于玉米材料明确的基因类型。本研究探索去除“混合（MIXED）”类别，根据最高概率将原本属于 MIXED 的样本重新分配到 SS、NSS 或 TST 类别中，结果如表 5-12 所示。

重新分配后的样本数量为：NSS：605 个，SS：133 个，TST：456 个，然后使用这 10 个参数对新样本进行高斯模糊聚类（GFC）。在第一个聚类结中,NSS 的分类精确度为 55.67%，召回率 64.96%，F1 值 0.60；在第二个聚类结果中,TST 的精确度为 52.92%，召回率 35.75%，F1 值 0.43；在第三个聚类结果中, SS 的精确度为 18.89%，召回率 18.89%，F1 值为 0.22。与四类分类方式相比，聚类精确度和召回率以及 F1 值均显著下降。

表 5-12 不同分类方式的结果
Tab. 5-12 Results of different classification methods

实际结果								
	分型	NSS	SS	TST	准确度 (%)	精确度(%)	召回率(%)	F1
分 类 结 果	NSS	393	76	237	56.03	55.67	64.96	0.60
	TST	122	23	163	63.31	52.92	35.75	0.43
	SS	90	34	56	79.48	18.89	25.56	0.22
	总数	605	133	456				

5.3.3 预测值与实测值聚类结果的比较

在本研究中，针对除玉米雄穗冠面积、凸包体积和平均冠幅直径（无法实际测量的数据）之外的 8 个实际测量的定量表型性状进行聚类分析。数据样本仍与 GFC 算法所使用的 1194 组样本相同，分析结果如表 5-13 所示，与预测结果的分类精度相比，实测数据的分类准确度均有所提高，其中，NSS 的分类准确度提高了 9.54%，TST 的分类准确度提高了 10.86%（预测值对 NSS 和 TST 的分类精确度分别为 55.19%和 61.41%），召回率也分别提高了 13.11%和 10.24%（预测值的结果分别是 51.62%和 68.57%），提高幅度比较显著，但是由于实测数据获取难度较大，因此使用本研究方法对玉米材料分型预测的方法更具应用价值，且分类的结果有较高的可靠性，具有一定的参考价值。

表 5-13 预测值与测量值分类结果的比较
Tab. 5-13 Comparison of classification results between predicted and measured values

数据 类型	实际结果					数据 类型	实际结果					
	分型	MIXED	NSS	SS	TST		MIXED	NSS	SS	TST	精确度(%)	召回率
预测 数据 结果	SS	11	51	0	29	实测 数据 结果	13	43	0	19	0.00	0
	MIXED	23	74	0	36		20	62	1	29	17.86	12.12
	NSS	99	271	64	57		108	334	66	41	64.73	64.73
	TST	32	129	20	288		24	86	17	331	72.27	78.81
	总数	165	525	84	420		165	525	84	420		

5.4 本章小结

本研究聚焦于玉米雄穗，从三维结构表型参数提取以及分型鉴定这两个关键角度出发，深入探究不同分型玉米材料的雄穗表型参数提取分析，研究不仅明确了各参数的变异性顺序，还评估了这些参数对材料分型的预测能力。本章利用上一章研发的 TIPS 系统实现 1194 组玉米雄穗样本 11 个表型参数的获取，同时通过 GFC 聚类算法，将提取的结构表型参数进行聚类，并预测了玉米材料所属的分型，实现了从表型参数提取到材料分类预测的整套技术流程的实现。主要贡献包括：

(1)本研究开发的系统在高精度提取玉米雄穗结构表型方面具有较高的效率和准确性，特别是高斯滤波与 DBSCAN 算法相结合实现单株雄穗点云分离的方法，效果显著。

(2)对于玉米材料分型的预测，参数重要性排序为：分枝数量 (Branchnum) > 总分枝长度 (Lb(all)) > 主穗长度 (Lt) > 柄直径 (Ld) > 主穗直径 (Lp) > 冠高 (Lc) > 平均冠幅直径 (La) > 柄长度 (Lm) > 冠面积 (Crownarea) > 冠层平均直径 (crowndiam(AVG)) > 凸包体积 (crownVolume)，这揭示了不同分型玉米材料雄穗表型参数的变异程度。

(3)与基于监督分类的传统随机森林 (RF)、支持向量机 (SVM) 和反向传播神经网络 (BPNN) 方法和基于 k-均值聚类 (K-means)、层次聚类 (HCM) 和模糊 C 均值聚类 (FCM) 算法相比，无监督分类的 GFC 算法能更有效地分离 NSS 和 TST 等分型，精确度分别达到 67.7% 和 78.5%，召唤率达到 70.86% 和 74.05%。

(4)通过比较实测数据和预测数据的分类结果，尽管测量数据的分类精确度比预测数据高 10% 左右，但一方面实测数据获取难度大，另一方面通过继续优化本研究方法还能提高提取数据精度，因此本研究方法具有更高的经济和实用价值。

(5)传统利用分子标记数据对玉米材料进行分类的过程复杂、操作难度大且成本高。本研究首次开创性地利用玉米雄穗表型参数对玉米材料分型进行预测，并证明其结果更高效、经济、易操作且准确度高。高斯模糊聚类算法的模糊性、概率性以及对于正态分布数据的敏感性，与本研究玉米材料分型的分类规则以及样本数据的特征相符，因此具有较好的预测准确度。

(6)表型是基因作用的结果。本研究中分枝数量、分枝长度和主穗长度的变异性以及聚类准确度结果充分表明，不同玉米材料分型的雄穗表型性状遗传性变异性较强。

6 玉米雄穗三维表型关键性状基因挖掘分析

6.1 材料和方法

6.1.1 雄穗结构表型数据

在第五章中利用 TIPS 系统获取了 398 组包括玉米雄穗分枝数、穗长度(主穗长度)、柄长度等在内的 11 个表型结构参数(获取的玉米材料是来自严建兵教授团队 2010-2023 年构建的玉米关联分析群体,部分材料与 CIMMYT(国际玉米小麦改良中心)合作引进),而且从第四章对不同类型的结构参数提取精度分析结果来看,对于长度和分枝数量等类型参数的提取结果达到了一个很高的精度,因此使用实测数据和预测数据来进行候选基因挖掘结果相差不大,本章为了更精确的筛选出控制雄穗穗型结构候选基因,选用了雄穗分枝数、穗长度、柄长度等三个结构参数实测数据作为表型参数输入。

首先,对获得的柄长度、穗长度、分枝数表型数据进行统计学分析,分析结果如表 6-1 所示。柄长度变异范围为 4-32.5 cm,偏度-0.07,峰度-0.02;穗长度变异范围为 16-59.83 cm,偏度 0.75,峰度 2.75;分枝数变异范围为 2-38 cm,偏度 0.97,峰度 1.97。上述统计结果表明雄穗发育相关表型性状分布偏度区间在-1~1,峰度小于 3,具有广泛的表型变异和遗传稳定性,符合正态分布和数量性状相关特征,适用于进行全基因组关联分析(图 6-1)。

表 6-1 柄长度、穗长度、分枝数表型统计学分析
Tab. 6-1 Descriptive statistical analysis of TL,PL,BN

性状	平均数	标准差	中位数	截尾均值	绝对中位差	最小值	最大值	偏度	峰度
柄长度	18.88	4.86	19.12	18.91	4.63	4	32.5	-0.07	-0.02
穗长度	30.78	5.42	30.42	30.61	4.72	16	59.83	0.75	2.75
分枝数	11.87	5.83	11.67	11.45	5.44	2	38	0.97	1.97

注:表格中单位为 cm。

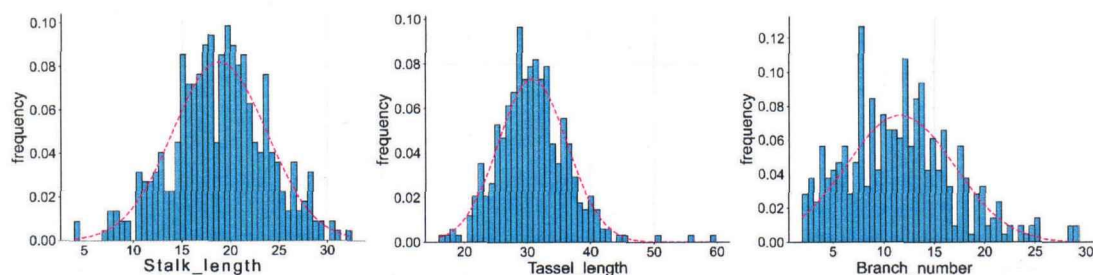


图 6-1 柄长度、穗长度、分枝数直方图

Fig. 6-1 Histogram of TL, PL and BN

6.1.2 全基因组关联分析

在获得整理好的玉米自交系关联群体的雄穗相关性状表型数据后，结合严建兵教授团队基于 B73 参考基因组（version 5b.60）通过质控、过滤和去除杂合位点所构建的 264 万个高质量 SNP 标记集^[166]，采用 GAPIT 软件^[167]中的混合线性模型（MLM）对上述性状进行了全基因组关联分析（GWAS）。

考虑到 Bonferroni 在校正中的具体情况以及基因型体量，本实验以 P 小于 $1E-5$ 作为阈值，进行潜在关联位点的筛选。CMplot、ggplot2、psych 等 R 包绘制相关图示与数据分析。

6.1.3 GWAS 候选基因功能注释

在筛选获得显著关联的 SNP 位点后，以连锁不平衡（LD）范围 ± 50 kb 的上下游区域内挖掘潜在候选基因。候选基因的初步注释通过 MaizeGDB 数据库（<https://maizegdb.org/>）获取功能信息，使用 ID translate 功能进行基因 id 版本转化。使用 omicshare 在线平台进行 GO/KEGG 功能注释，用于进一步解析其生物信息学功能。

此外，为深入了解候选基因在雄穗发育过程中的作用，进一步整合了玉米不同组织和发育时期的转录组数据，使用 qteller 工具^[168]分析候选基因在雄穗不同发育时期、成熟花粉组织、雄蕊不同发育时期、花序小穗分生组织等相关组织中的时空表达特征。

6.1.4 候选基因的单倍型分析

通过上述候选基因功能注释、时空表达特征等数据分析，我们获取到多个对表型具有显著影响的候选基因，基于此对这些候选基因进行深入解析。通过提取重测

序数据中的基因型，对候选基因进行单倍型分析，确定 SNP 的多态性差异对表型的影响。

6.2 结果与分析

6.2.1 全基因组关联分析

使为更加全面的挖掘玉米雄穗发育相关表型性状的遗传位点，本研究利用 264 万个高质量 SNP 进行全基因组关联分析，使用 GAPIT 软件中的 MLM 模型对柄长度、穗长度、分枝数分别进行分析，以 P 小于 $1E-5$ 作为显著性阈值进行显著关联位点的筛选，利用 LD 衰减距离 50 kb 作为区间筛选显著 SNP 位点上下游的基因，用来作为候选基因进行进一步数据挖掘。

根据 GWAS 分析结果，穗分枝数表型共计筛选到 215 个显著位点，显著位点的分布如图 6-2 所示，其中 1、2、3、4、5 号染色体分别有 22、33、22、17、22 个显著位点，6、7、8、9、10 号染色体分别有 7、11、4、13、64 个显著位点。值得注意的是，部分区间内显著 SNP 密集分布，如 1 号染色体 23.110-23.264 Mb 区间内，存在多个极显著位点、分别为 chr1.S_231181901、chr1.S_231182001、chr1.S_231182050， $P.value < 1E-8$ 极显著；10 号染色体 1.08-2.01 Mb 区间内，存在 chr10.S_1677960、chr10.S_2011750、chr10.S_2011769 等位点， $P.value < 1E-7$ 极显著。上述极显著位点的聚集表明该区间内可能存在穗分枝数显著相关基因。

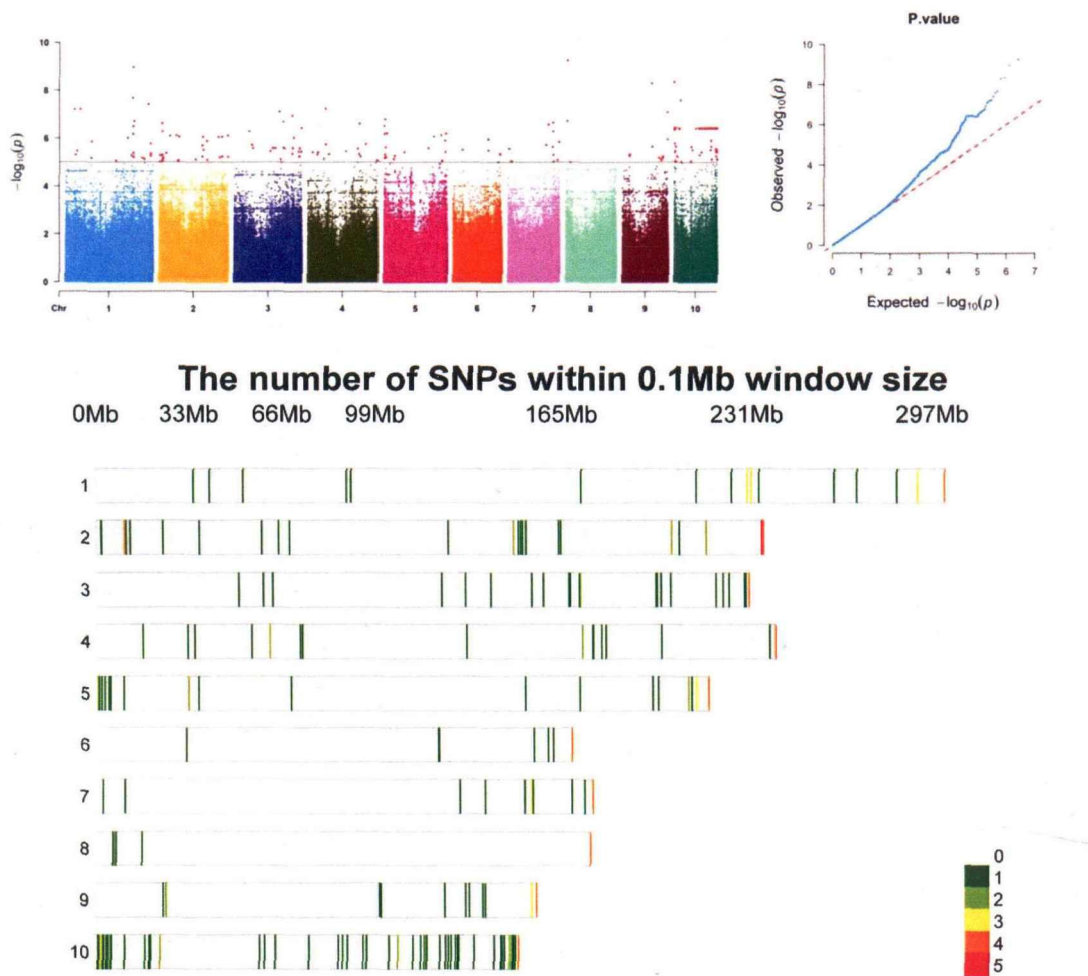


图 6-2 分枝数的 GWAS 曼哈顿图、QQ 图和显著位点密度图

Fig.6-2 GWAS Manhattan plots, QQ plots and salient point density plots of BN

根据 GWAS 分析结果，穗长度表型共计筛选到 277 个显著位点，显著位点的分布如图 6-3 所示，其中 1、2、3、4、5 号染色体分别有 58、22、24、25、53 个显著位点，6、7、8、9、10 号染色体分别有 35、16、22、12、10 个显著位点。值得注意的是，部分区间内显著 SNP 密集分布，如 1 号染色体 12.209-13.690 Mb 区间内，存在多个极显著位点、分别为 chr1.S_12209833、chr1.S_13362950、chr1.S_13690126、chr1.S_34114605， $P\text{-value} < 1\text{E-}8$ 极显著；7 号染色体 102.17-163.51 Mb 区间内，存在 chr7.S_102170705、chr7.S_106493122、chr7.S_111197200、chr7.S_127971002、chr7.S_145215029、chr7.S_160815886、chr7.S_162952194、chr7.S_163512576 等位点， $P\text{-value} < 1\text{E-}8$ 极显著。上述极显著位点的聚集表明该区间内可能存在穗长度显著相关基因。

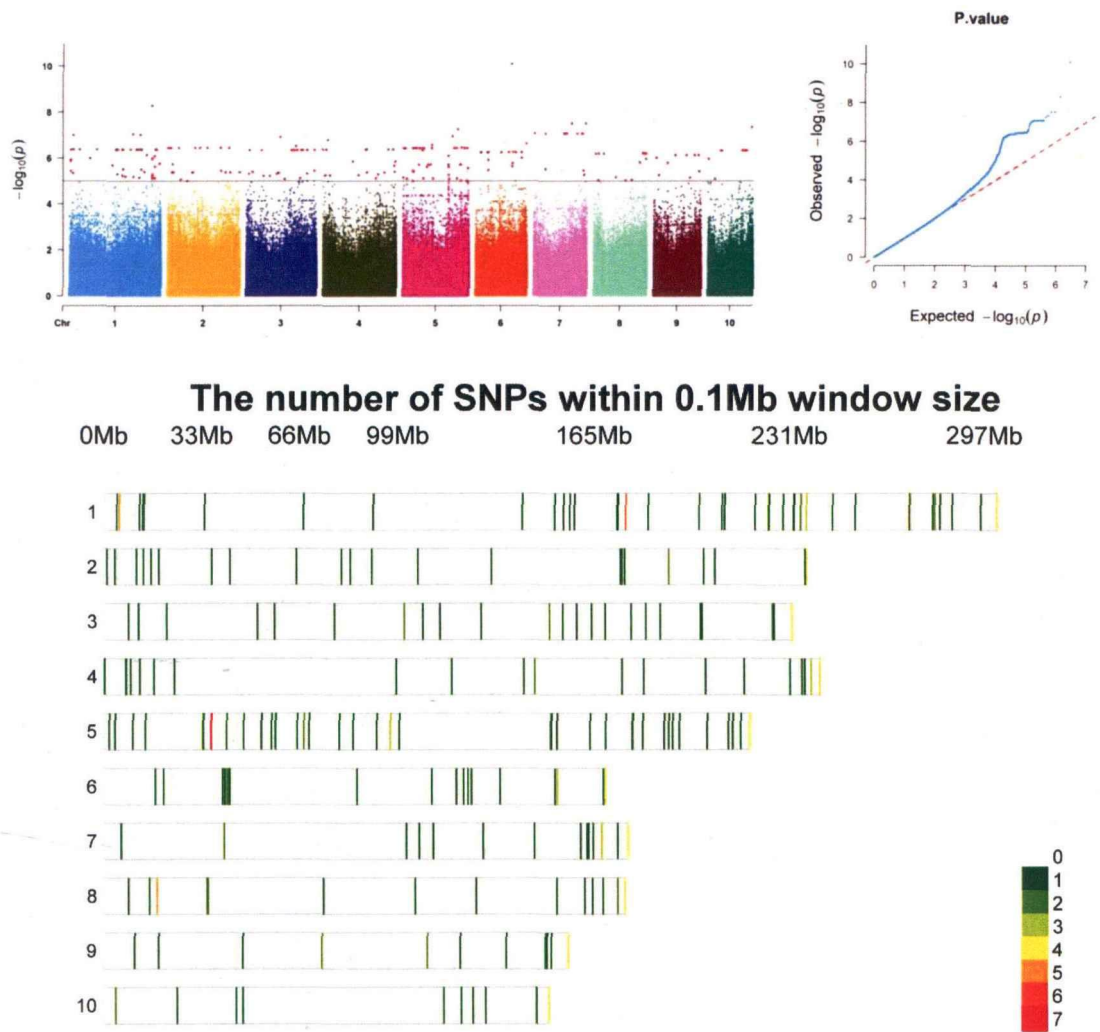


图 6-3 穗长度的 GWAS 曼哈顿图、QQ 图和显著位点密度图

Fig.6-3 GWAS Manhattan plots, QQ plots and salient point density plots of TL

根据 GWAS 分析结果，柄长度表型共计筛选到 11 个显著位点，显著位点的分布如图 6-4 所示，其中 1、3、4、5 号染色体分别有 3、2、1、1、个显著位点，7、9、10 号染色体分别有 1、1、2 个显著位点。值得注意的是，chr3.S_187644545、chr4.S_10656623、chr10.S_10446652 等位点为极显著位点，这些位点范围内可能存在柄长度显著相关基因。

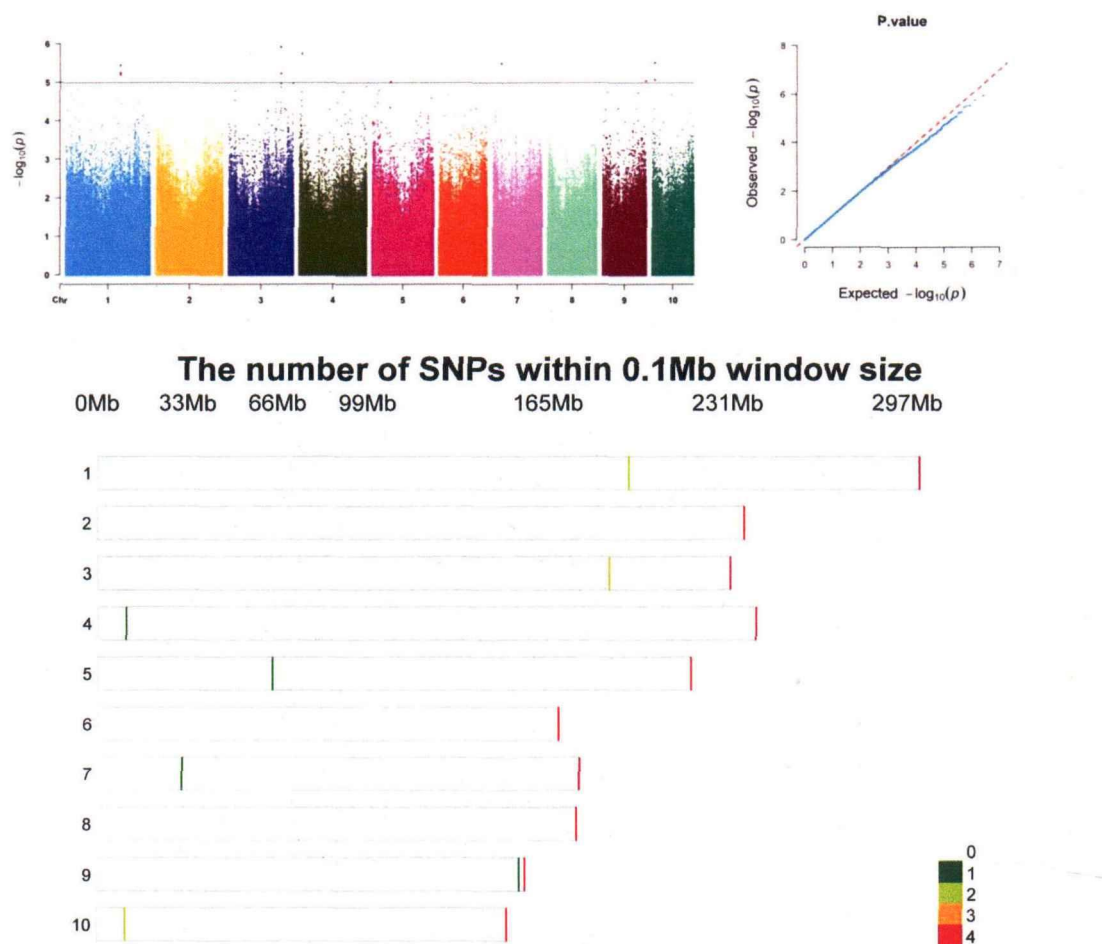


图 6-4 柄长度的 GWAS 曼哈顿图、QQ 图和显著位点密度图

Fig.6-4 GWAS Manhattan plots, QQ plots and salient point density plots of PL

6.2.2 GWAS 候选基因功能注释

基于上述全基因组关联分析结果,我们分别获得柄长度 11 个、穗长度 277 个、分枝数 215 个,共计 503 个显著 SNP 位点,以连锁不平衡(LD)范围 ± 50 kb 的上下游区域内挖掘潜在候选基因,利用 maize ID tranlate 功能将基因 ID 统一转化为 B73 RefV5 版本进行功能注释与数据挖掘,区域内共计筛选到 962 个候选基因,对上述候选基因进行功能注释。

如图 6-5 所示,对候选基因进行 GO 富集分析。在本研究的 GO 富集分析中,多个与玉米雄穗发育密切相关的功能通路被显著富集,涵盖了从器官形成、细胞活动到信号调控等多个层面。growth 与 developmental process 分别反映了雄穗在发育过程中细胞增殖与组织分化的动态变化,提示这些基因可能参与了穗轴伸长、分生组织分化等关键生物学过程。reproductive process 和 reproduction 等通路的显著富集,进一步表明这些基因与花药及花粉的发育密切相关,尤其是在减数分裂、花

粉母细胞分化与成熟阶段发挥重要作用。

值得注意的是,在 GO 富集分析中我们发现信号通路、转录因子、能量代谢也被富集。transcription regulator activity 和 signaling 等 GO 条目的显著性,暗示了雄穗发育过程中复杂的基因表达调控网络和激素信号通路的协同作用。已有研究表明,ARF、bHLH、MYB 等转录因子通过调控下游发育基因,参与花器官发育与激素响应过程,而生长素、赤霉素等激素信号则通过 ZmIAA 等核心调控元件介导花药细胞分化及花粉形成。此外,metabolic process 和 ATP-dependent activity 等通路的参与,反映了雄穗发育过程中对能量代谢与物质合成的高度需求,可能涉及糖代谢、脂类代谢及细胞骨架重塑等基础代谢活动。

为进一步解析候选基因在玉米雄穗发育过程中的潜在功能,对候选基因进行了 GO 富集分析,并筛选出 top 20 的显著富集条目。结果显示,这些基因主要富集于转录后修饰、核酸代谢、信号转导与激素代谢等多个功能类别。

其中,多个与核酸代谢相关的分子功能条目被显著富集,如 rRNA (adenine-N 6,N6-)-dimethyltransferase activity(GO:0000179)、rRNA (adenine) methyltransferase activity(GO:0016433)、endonuclease activity(GO:0004519),提示部分候选基因可能参与核糖体生物合成与 RNA 加工过程,这对于高活性细胞如分生组织及花药发育早期细胞至关重要。

同时,显著富集的 ATP 相关结合活性(ATP binding, GO:0005524; purine ribonucleotide binding, GO:0032555; ATPase binding, GO:0051117)以及 protein kinase activity(GO:0004672)和 phosphorelay response regulator activity(GO:0000156),揭示了候选基因可能参与多个能量依赖性反应与激酶级联信号通路。这些功能对于雄穗中细胞分裂、细胞命运决定以及激素介导的信号转导至关重要。特别是蛋白激酶与响应调控因子的富集,暗示其可能参与类似细胞激素(如赤霉素)或生长素信号的磷酸化应答系统,调控雄穗发育与形态建成。calmodulin binding(GO:0005516)提示钙信号通路在雄穗发育中可能具有调控作用,已知钙调素参与植物生长素与应激反应的信号传递,可能调节花药或花粉的细胞行为。

值得注意的是,与植物激素代谢密切相关的多个酯酶活性条目如 methyl jasmonate esterase activity(GO:0080032)、methyl salicylate esterase activity(GO:0080031)和 methyl indole-3-acetate esterase activity(GO:0080030)也被显著富集。这些功能暗示候选基因可能调节植物体内茉莉酸(JA)、水杨酸(SA)与生长素(IAA)的活性形式转化,从而精细调控激素平衡,进而影响雄穗中花药的发育与花粉形成。综上,GO 富集结果表明,候选基因不仅在核酸修饰与转录调控中具有重要作用,还可能通过能量代谢、信号转导及激素调控通路共同参与雄穗发育的精细调控。这些结果为后续筛选核心功能基因和解析其作用机制提供了理论依据和靶标资源。

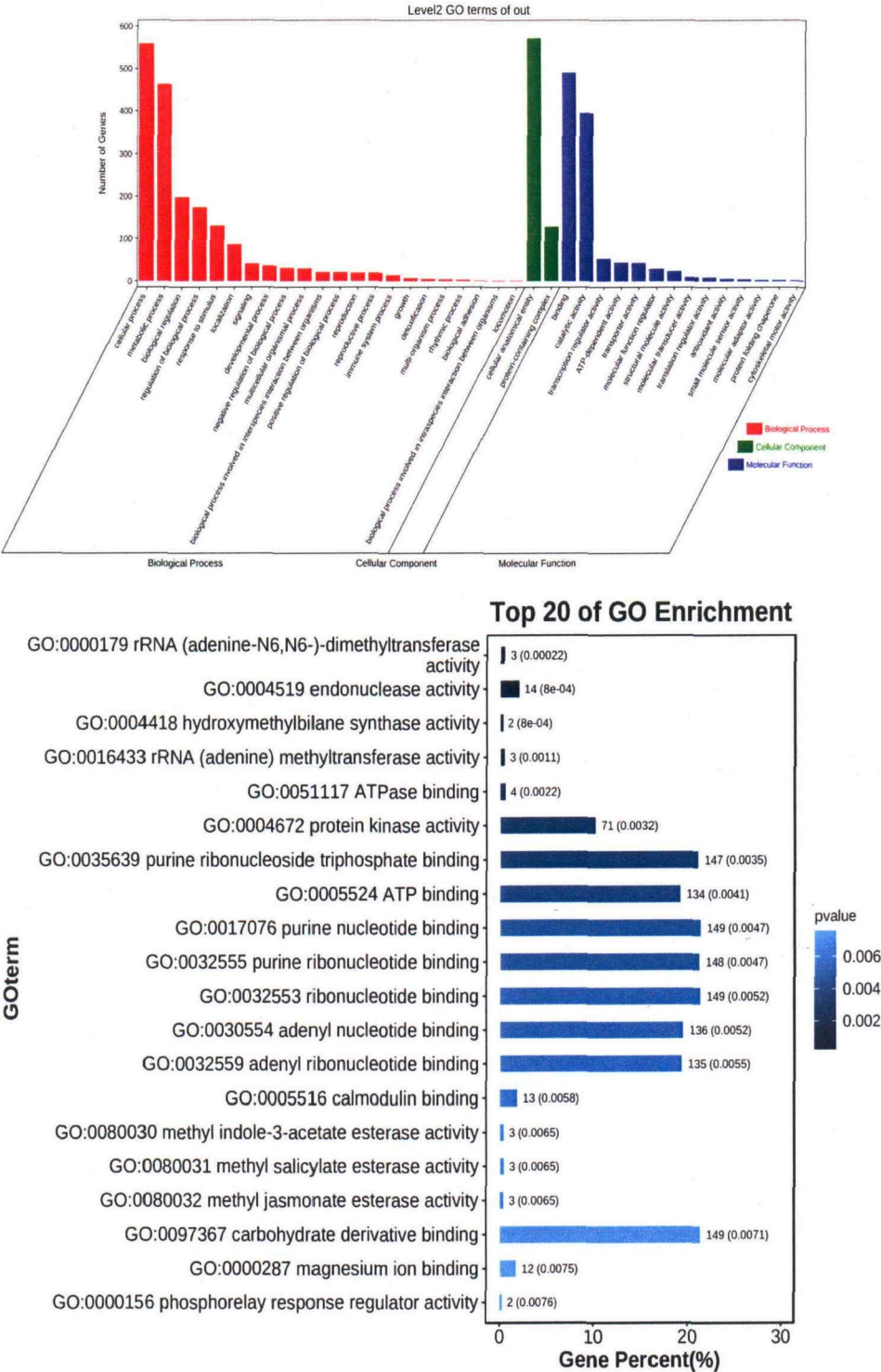


图 6-5 候选基因的 GO 富集分析

Fig.6-5 GO enrichment analysis of candidate genes

为进一步探究候选基因在玉米雄穗发育中的潜在生物学功能，对其进行了 KEGG 通路注释分析，结果如图 6-6 所示。富集结果表明这些基因涉及多个关键代

谢通路及信号传导模块，主要分布于代谢类通路、遗传信息处理、环境信息处理以及细胞过程等四大类。

在代谢相关通路中，候选基因显著富集于碳水化合物代谢、氨基酸代谢、脂质代谢、能量代谢、核苷酸代谢及辅酶与维生素代谢等多个核心模块。这些代谢活动为雄穗快速生长与细胞分化提供了必需的营养物质和能量支持。特别是在花药发育及花粉形成过程中，糖类代谢不仅为有丝分裂与减数分裂提供能量，还参与细胞壁组分和信号分子的合成。氨基酸和脂质代谢则与蛋白质合成、膜结构稳定及激素前体合成密切相关。

同时，多个与次级代谢产物合成（如萜类、多酚类等）相关的通路如 *Metabolism of terpenoids and polyketides* 和 *Biosynthesis of other secondary metabolites* 也被注释到，提示某些候选基因可能参与雄穗中花粉保护层、花药结构及信号物质的生物合成。

在遗传信息处理（*Genetic Information Processing*）模块中，候选基因参与了包括转录、翻译、DNA 复制与修复、蛋白质折叠与降解等多个过程。这表明雄穗发育过程中存在高强度的遗传信息表达与蛋白质动态调控，尤其是在花药形成和减数分裂高峰期，对蛋白质质量控制和遗传信息稳定性的要求显著提升。

环境信息处理（*Environmental Information Processing*）方面，多个候选基因涉及信号转导（*Signal transduction*）与膜转运（*Membrane transport*）通路，提示其可能通过激素感应、受体激酶等信号模块介导细胞间通讯、激素调控及环境应答，进而调节花药发育中的细胞命运决定、营养运输及发育时序。

为进一步解析候选基因在玉米雄穗发育过程中的潜在功能，对 KEGG 富集分析 Top 20 的显著富集条目进行深入注释。

在筛选出的 Top 20 显著富集通路中，既包括基础代谢路径，也涵盖了激素合成、环境响应与遗传调控等多个层面，显示出候选基因在雄性器官发育中可能具有多层次、多途径的功能调控作用。

在代谢相关通路中，多个氨基酸代谢与生物合成通路被显著富集，如 *Valine, leucine and isoleucine biosynthesis*、*Lysine biosynthesis*、*Cysteine and methionine metabolism* 和 *D-Amino acid metabolism*，表明候选基因可能调控花药细胞的蛋白质合成和氮素代谢平衡，进而影响花粉母细胞的分化与成熟。此外，*Carbon metabolism* 与 *Glyoxylate and dicarboxylate metabolism* 等基础碳代谢通路的富集，提示雄穗发育过程对碳源的持续供给和能量转换具有较高需求。

候选基因还被注释到多个与植物激素及次级代谢相关的通路，例如 *Terpenoid backbone biosynthesis*、*Sesquiterpenoid and triterpenoid biosynthesis* 以及 *Biosynthesis of secondary metabolites*。这些通路产物包括植物激素（如赤霉素、茉莉酸前体）及

挥发性化合物，对雄性器官发育中的细胞信号、组织分化及花粉成熟具有重要作用。特别是萜类代谢通路与雄性不育调控密切相关，可能参与细胞程序性死亡（PCD）与花药层解体的调节。

值得注意的是，富集通路中还包含 Circadian rhythm – plant，提示昼夜节律可能通过调控时间信号的方式影响雄穗发育的时序性，已有研究表明植物的生殖器官发育对光周期极为敏感，相关昼夜节律基因可能介导发育与环境同步。

在遗传信息与细胞调控层面，通路如 mRNA surveillance pathway、Base excision repair 以及 N-Glycan biosynthesis 的显著富集，表明候选基因可能参与 RNA 质量控制、DNA 修复与蛋白质翻译后修饰等分子过程，对于确保有丝分裂与减数分裂过程中基因表达的准确性、蛋白质功能的稳定性具有关键意义。ABC transporters 的富集提示基因产物可能调控激素、营养物质或次生代谢产物的跨膜运输，间接影响花药发育及花粉的生理活性。

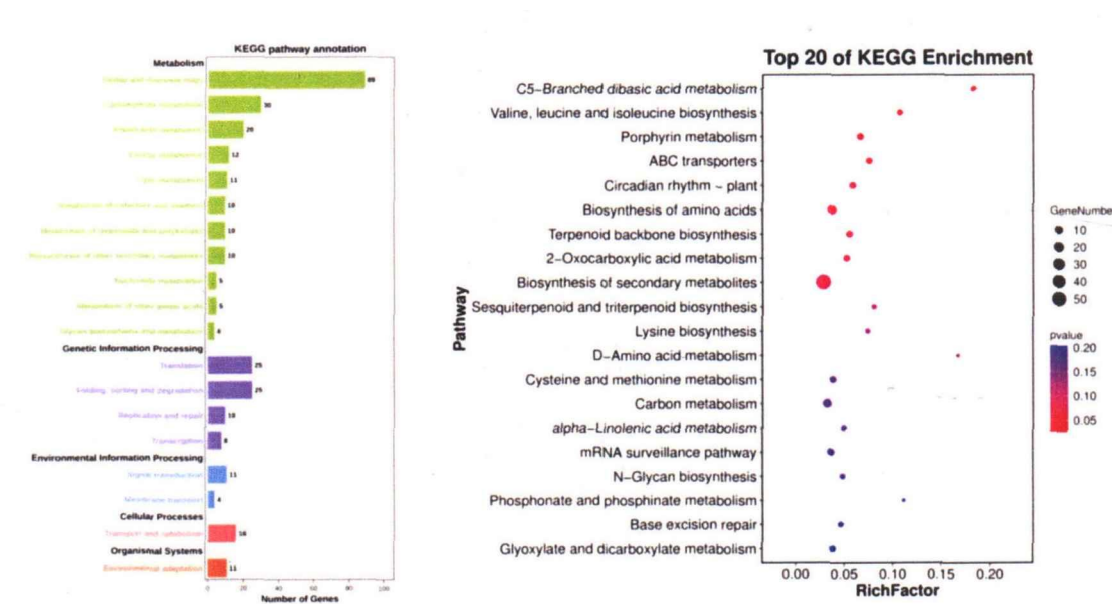


图 6-6 候选基因的 KEGG 富集分析
Fig.6-6 KEGG enrichment analysis of candidate genes

综上所述，KEGG 富集分析表明候选基因在玉米雄穗发育过程中可能通过调控氨基酸与碳代谢、次级代谢合成、光周期响应、遗传信息处理以及跨膜转运等一系列关键通路，协同参与了花药分化、营养供应、组织形态建成与环境适应等多个发育环节。这些结果为进一步解析雄穗发育的调控机制提供了坚实的理论基础与功能基因资源。

6.2.3 不同种质材料分型鉴定结果

为进一步确定雄穗发育相关表型候选基因，我们对候选基因进行单倍型分析，通过确定基因 SNP 多态性与表型之间的关系，进而确定候选基因与优势单倍型。

GRMZM2G471529 作为候选基因，是由雄穗分枝数性状位点 BN_3.S_158891243 显著性位点所确定。为进一步解析 GRMZM2G471529 基因在玉米雄穗发育中的遗传作用，我们利用 GeneHapR 对该基因在自然群体中的单倍型结构与表型变异进行了系统分析。结果如图 6-7 所示。

首先，在 GRMZM2G471529 基因及其上游调控区域共检测到多个具有多态性的 SNP 位点。这些 SNP 位点分布在启动子及编码区内，共同构建出 10 种主要的单倍型 (Hap01–Hap10)，并在自然群体中具有不同的频率分布。通过对各单倍型的等位基因组成进行可视化，发现不同单倍型在多个 SNP 位点上存在显著的碱基差异，提示该基因在自然群体中具有较强的遗传多样性。

在此基础上，我们进一步分析了各单倍型与两项雄穗关键表型性状——雄穗长度与分枝数之间的关系。结果显示，GRMZM2G471529 的不同单倍型在这两个性状上均存在显著性差异。其中，Hap02 单倍型的材料表现出更长的雄穗长度和更多的分枝数，明显优于 Hap07、Hap08 等单倍型。这一结果表明，GRMZM2G471529 的自然变异与雄穗主要农艺性状具有紧密的遗传关联，可能参与调控雄性生殖器官的发育过程。

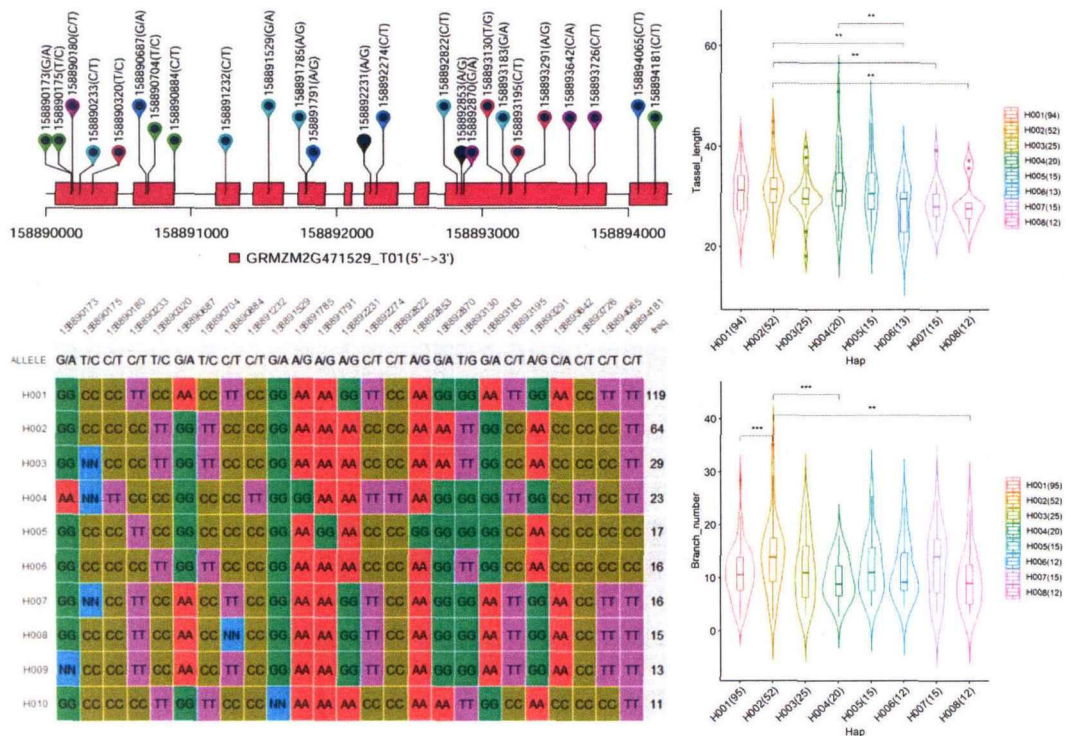


图 6-7 GRMZM2G471529 基因结构分析

Fig.6-7 Structural analysis of GRMZM2G471529

为了进一步验证上述结论，我们对构成单倍型的若干关键 SNP 位点进行了单独的关联分析（图 6-8）。分析结果表明，多个位点（如 158892079、158892133、158893039 等）在不同等位基因之间的分枝数表型存在高度显著差异。

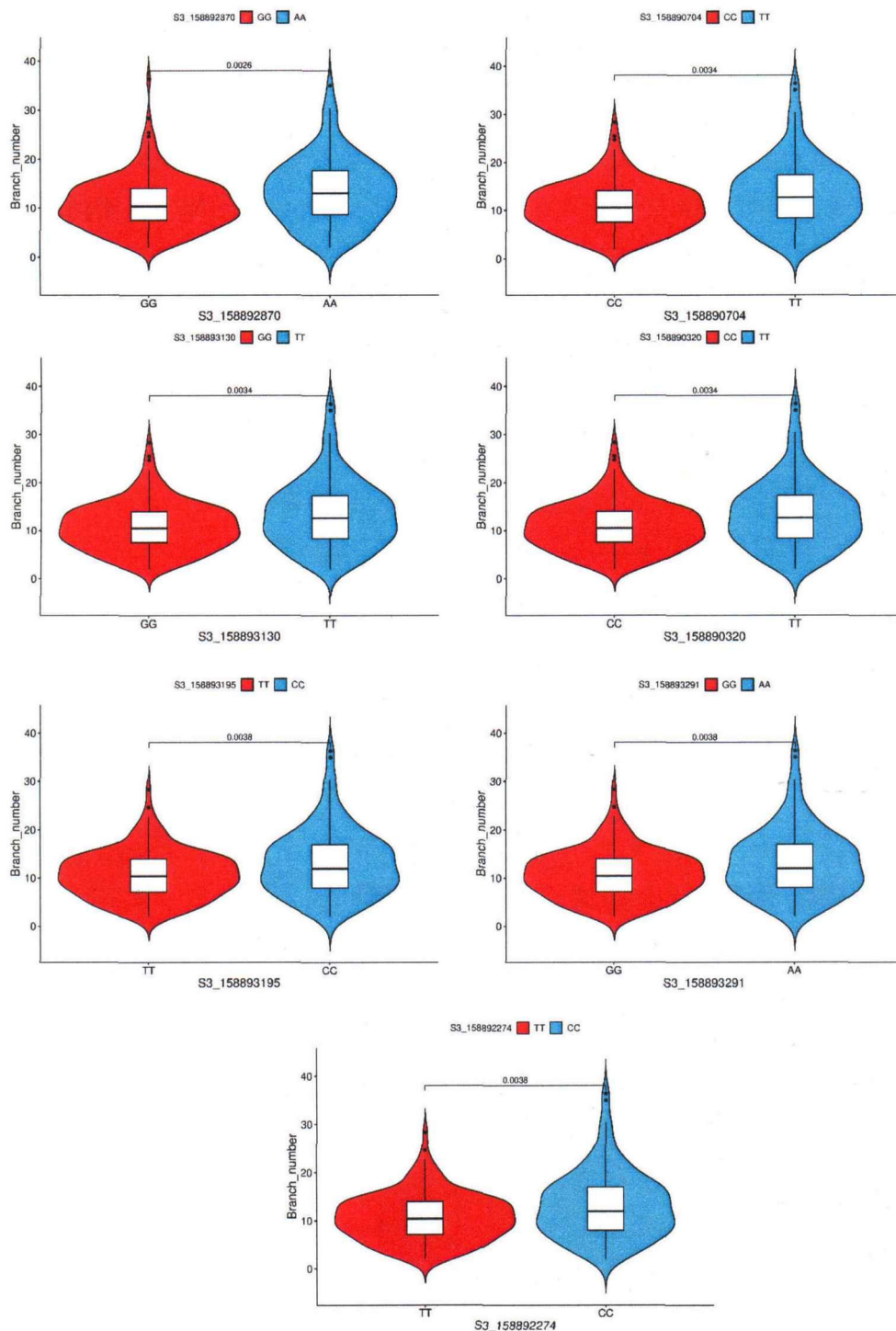


图 6-8 GRMZM2G471529 优势单倍型

Fig.6-8 The dominant haplotype in GRMZM2G471529

例如，在位点 158892079 处，携带 TT 等位基因的材料比 CC 等位基因具有更高的分枝数 ($P < 0.01$)；类似地，其他多个位点也呈现出等位基因对分枝性状的显著影响，进一步验证了 GRMZM2G471529 基因变异对雄穗发育的潜在调控作用。

值得注意的是，Cao et al. (2024) 在基于全基因组关联分析 (GWAS) 解析玉米雄穗主轴长度的研究中，也鉴定出 GRMZM2G471529 为雄穗发育的候选基因之一，并指出该基因在雄穗发育与形态建成过程中可能发挥重要的调控作用^[169]。本研究的结果不仅与其结论高度一致，而且进一步提供了单倍型和位点水平的精细化证据，增强了 GRMZM2G471529 作为雄穗性状候选基因的可信度。

GRMZM2G140763 作为候选基因，是由雄穗分枝数性状位点 BN_6.S_155632443 显著性位点所确定。为进一步解析 GRMZM2G140763 基因在玉米雄穗发育中的遗传作用，我们利用 GeneHapR 对该基因在自然群体中的单倍型结构与表型变异进行了系统分析，结果如图 6-9 所示。

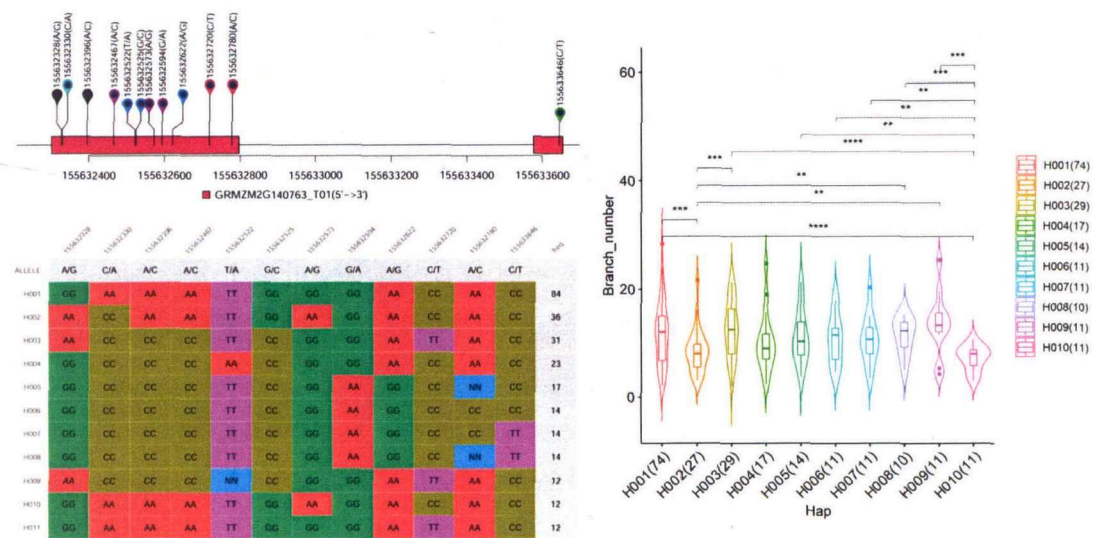


图 6-9 GRMZM2G140763 基因结构分析

Fig.6-9 Structural analysis of GRMZM2G140763

GRMZM2G140763 基因所在区域共识别出多个 SNP 位点，这些 SNP 构建出 11 种主要单倍型 (Hap01-Hap11)，各单倍型在群体中的样本数从 10 至 84 个。在分析单倍型与雄穗分枝数表型之间的关联性时，我们发现不同单倍型之间在该性状上的表现存在极显著差异。其中，Hap01 对应的材料表现出最高的平均分枝数，显著高于包括 Hap07、Hap08、Hap10 等多个单倍型组 ($P < 0.001$)。此外，Hap03、Hap04 等中频单倍型也表现出中等以上的分枝能力，进一步支持 GRMZM2G140763 区域对分枝数表型的调控作用。

为进一步确定优势单倍型，我们对多个关键 SNP 位点进行了单独的等位基因

关联分析（图 6-10）。例如，在位点 155632573 处，携带 GG 等位基因的材料显著高于 AA 型材料的分枝数（ $P = 2.4e-06$ ）；而在位点 155632720 处，TT 等位基因也显著高于 CC 型（ $P = 0.0033$ ）。这些结果显示，GRMZM2G140763 区内的功能性变异对玉米雄穗分枝结构具有直接影响，可能通过转录调控或信号传导机制参与分枝发育过程。

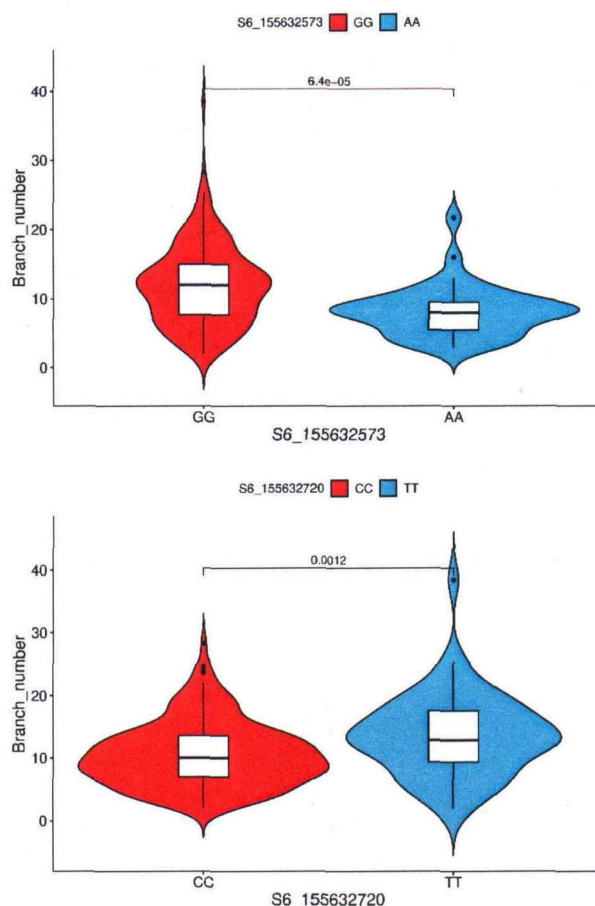


图 6-10 GRMZM2G140763 优势单倍型

Fig.6-01 The dominant haplotype in GRMZM2G140763

值得注意的是，Sun et al. (2023)在其对玉米 F_2 群体开展的 QTL 定位与转录组联合分析中，也鉴定出 GRMZM2G140763 为与雄穗分枝数密切相关的候选基因，并指出该基因在雄穗生长发育与形态建成中具有潜在的调控作用^[170]。

6.3 讨论

6.3.1 全基因组关联分析

本研究基于 TIPS 系统对玉米关联群体中 398 份材料的雄穗结构性状进行高通量表型测定,并结合 264 万个高质量 SNP 位点,采用混合线性模型 (MLM) 进行全基因组关联分析 (GWAS),旨在解析雄穗分枝数、穗长度和柄长度等关键雄穗表型性状的遗传基础。表型数据呈正态分布,变异丰富,适于开展数量性状的遗传研究。GWAS 结果显示,三个性状均检测到显著关联信号,其中穗分枝数和穗长度的显著位点在多个染色体上呈聚集分布,部分区域显著位点密集、P 值极显著,提示这些区段可能富集调控关键基因。通过高精度表型与高密度基因型数据的联合分析,在雄穗穗型性状的遗传基础研究中获得了多个具有潜力的关键区域和候选基因,为后续功能验证和分子育种提供了有力支撑。但仍需指出,柄长度等性状的信号相对较弱,后续应进一步通过多模型策略优化 GWAS 解析能力,辅助其他手段提高对复杂性状的遗传解释精度。

6.3.2 GWAS 候选基因功能注释

利用全基因组关联分析中共识别到 503 个与雄穗性状显著相关的 SNP 位点,结合连锁不平衡范围 (± 50 kb) 共定位到 962 个候选基因。基于 B73 RefV5 参考基因组对其功能进行了系统注释,并开展 GO 与 KEGG 富集分析以探讨其在雄穗发育过程中的潜在作用。在 GO 富集分析中,候选基因显著聚集于生长、发育、繁殖和信号调控等多个条目,提示其在雄穗发育过程中可能参与穗轴伸长、组织分化及花粉母细胞形成等关键过程。KEGG 分析表明候选基因主要富集于碳、氮和脂质代谢、核苷酸及辅酶合成等通路,为雄穗快速分化提供能量和结构物质支持。同时,部分基因涉及植物激素合成、次级代谢产物合成、昼夜节律调控和膜转运,暗示其在激素调控、信号转导与环境应答中发挥作用。

本研究通过富集分析揭示,候选基因可能通过协调转录调控、代谢活动、激素信号及遗传信息处理等多层次机制,参与雄穗发育与功能建成,为解析其复杂的分子调控网络提供了理论基础。然而,进一步明确关键基因的具体功能及其在发育过程中的作用,仍需结合基因表达量、基因编辑和遗传功能验证等实验进行深入研究。

6.3.3 不同种质材料分型鉴定结果

本研究通过系统的单倍型分析,结合关键 SNP 位点的关联验证,提供了高分辨率的遗传证据,有力支持了 GRMZM2G471529 和 GRMZM2G140763 在雄穗性状调控中的潜在功能。相比传统 GWAS 方法,单倍型分析不仅揭示了多个 SNP 位点之间的协同作用,更贴近实际育种中对“优势等位基因组合”的需求,具有更高的

生物学解释力和应用价值。关键 SNP 的逐一关联分析进一步增强了候选基因的功能可信度，与已有研究结果相互印证，也提升了本研究的科学性和说服力。

然而，目前的分析主要基于自然群体中的关联关系，仍缺乏转录水平和功能验证的直接证据。未来可通过 CRISPR-Cas9 等基因编辑技术构建突变体，并结合转录组分析，深入解析这些候选基因在雄穗发育过程中的具体调控作用。综上，本研究为雄穗发育关键基因的精细定位和功能研究提供了坚实基础，也为玉米优异等位基因的发掘与利用提供了理论依据和候选靶标。

6.4 本章小结

本研究通过全基因组关联分析 (GWAS) 系统解析了玉米雄穗发育关键表型性状 (柄长度、穗长度、分枝数) 的遗传基础。基于 264 万个高质量 SNP，采用混合线性模型 (MLM) 进行关联分析 (显著性阈值 $*P < 1E-8$)，共鉴定出 503 个显著 SNP 位点。值得注意的是，多个染色体区间存在显著 SNP 密集分布，提示其为调控性状的关键基因组区域。

以连锁不平衡 (LD) 衰减距离 (50 kb) 筛选候选基因，共获得 962 个基因。功能注释表明候选基因显著富集于生长发育、生殖过程、转录调控、信号转导及能量代谢等通路。其中，核酸修饰、激酶活性、钙调素结合及植物激素酯酶活性 (茉莉酸、水杨酸、生长素酯酶) 的富集，表明候选基因通过激素平衡、信号磷酸化级联及 RNA 加工精密调控雄穗发育。KEGG 富集分析同样揭示了候选基因广泛参与碳水化合物/氨基酸/脂质代谢、遗传信息处理 (转录、翻译、DNA 修复)、环境响应 (信号转导、膜转运) 及次级代谢产物合成 (萜类、多酚类)。

进一步的，通过单倍型分析验证关键候选基因的功能。筛选到两个与雄穗发育和形态建成显著相关的候选基因 GRMZM2G471529 和 GRMZM2G140763。GRMZM2G471529 编码一种组氨酸激酶，数据分析结果表明其 SNP 多态性与分枝数性状显著关联，群体单倍型 Hap02 表现出更长的雄穗与更多分枝。关键位点 158892079 中，TT 等位基因的出现能够显著提升分枝数，与前人报道一致。GRMZM2G140763 被分枝数性状关联，在群体单倍型分析中，Hap01 的雄穗分枝数显著高于其他单倍型。关键位点 155632573 碱基变化会导致表型显著变化，与已发表 QTL 定位结果相互印证。

综上，本研究通过多组学整合策略，挖掘了玉米雄穗发育的遗传位点与候选基因，并揭示其通过代谢调控、信号转导及激素动态平衡介导雄穗形态建成的分子机制，为玉米雄穗发育和形态建成提供了重要靶点。

7 结论与展望

7.1 结论

玉米是世界三大谷类作物之一,其产量对确保粮食安全至关重要。在我国,玉米被广泛种植,是农业增产和农民增收的重要推动力。种子是农业芯片,其对玉米产量的贡献率达 45%以上,提高育种水平和效率对提升我国良种率具有重要意义。现代分子育种技术中对材料基因的测定技术相对成熟,而基因定位需要大量的表型信息作为辅助。在玉米育种工作中,高通量的表型测定是发展的瓶颈,急需高效准确的技术手段作为支撑。雄穗作为玉米重要生殖器官,其抽雄进度及形态结构都对授粉效果起到决定性作用,因此及时、准确、高效掌握玉米雄穗的生长动态信息及结构信息对挖掘玉米优良性状基因具有重要意义。本研究以玉米育种为研究背景,以北京市昌平区小汤山基地和北京科技大学平谷区玉米实验地为研究区,在研究区获取玉米材料雄穗高清无人机、地面数码图像的获取以及地面实测结构表型参数,并利用深度学习的算法对玉米雄穗进行识别,同时针对玉米雄穗三维结构表型的提取问题,开发一套自动化雄穗图像获取装置,并利用雄穗的图像序列构建三维点云及提取多个雄穗三维结构参数,然后基于提取的结构表型参数进行聚类并预测玉米材料所属的分型。最后利用提取的玉米雄穗关键结构性状参数进行 GWAS 分析,利用生物信息学工具对候选基因进行功能注释,构建雄穗发育与形态建成相关调控网络。在此基础上,利用单倍型分析筛选到两个关键雄穗发育关键基因,单倍型差异与表型显著相关。本研究的目的是通过对玉米雄穗多维表型参数的高通量提取分析研究,为玉米优良性状基因挖掘和育种过程中材料的筛选提供数据和技术支撑,本研究的主要研究结论如下:

(1)针对使用深度学习方法对玉米雄穗识别过程中获取大数据量样本训练集的问题,使用迁移学习的方法有效提升了 Faster R-CNN、SSD、YOLO_X 模型的识别精度,特别是迁移学习后 YOLO_X 的精确度最高,平均精度为 92.79%,精确度为 96.15%,准确率为 98.83%,召回率为 85.18%,对玉米雄穗的识别效果最好。同时,针对抽穗早期小玉米雄穗检测难的问题,采用对 RetinaNet 模型进行特征金字塔网络(FPN)结构优化并引入注意力机制的方式显著提升了玉米雄穗的检测精度,平均精度为 98.83%,精确度为 99.01%,召回率为 92.89%,并且该方法对不同种植密度、品种及光照条件均表现较好,本部分研究从迁移学习和模型优化改进等 2 个维度对玉米雄穗检测进行了探索,证明了方法的有效性,研究结论为玉米育种过程中对抽雄进度的高效调查提供了一种新的技术手段。

(2)本研究基于 TreeQSM (TIPS) 设计并开发了一套针对单株玉米雄穗的三维表型自动测量系统。TIPS 能够自动采集玉米雄穗图像,提取关键的结构表型参数,同时首次应用 TreeQSM 算法来提取多种玉米雄穗结构表型参数,并论证了 TIPS 的可靠性、适用性及局限性。与现有方法和系统相比, TIPS 在成本投入、操作效率、便携性以及数据采集与分析的准确性等方面具有优势。该系统为玉米育种中表型的高通量提取提供了新的思路。TIPS 尤其适用于测量工作量大的表型参数,如雄穗分枝角度和总分枝长度。它还是一些无法手动测量的表型参数,如雄穗投影面积和体积,提供了可行的解决方案。

(3)基于 TIPS 系统实现了玉米雄穗图像的自动采集、点云重构、表型参数提取等工作,并通过 GFC 聚类算法,将提取的结构表型参数进行聚类并预测玉米材料的分型,结果表明,不同分型材料其雄穗结构表型参数变异性顺序分别为:分枝数量 (Branchnum) > 总分枝长度 (Lb(all)) > 主穗长度 (Lt) > 柄直径 (Ld) > 主穗直径 (Lp) > 冠高 (Lc) > 平均冠幅直径 (La) > 柄长度 (Lm) > 冠面积 (Crownarea) > 冠层平均直径 (crowndiam(AVG)) > 凸包体积 (crownVolume), GFC 聚类方法对于 NSS 和 TST 两种分型材料的聚类精确度分别达到 67.7%和 78.5%,召回率达到 70.86%和 74.05%,相比于利用多态性分子标记的方式进行玉米材料分型的划分的方法,该方法高效、简单、低成本,对预测玉米材料分型具有很高的参考价值。

(4)基于玉米多源材料的表型与基因组数据积累,采用混合线性模型(MLM)对 264 万个高质量 SNP 进行全基因组关联分析 (GWAS),系统解析了雄穗关键表型性状(主穗长度、柄长与分枝数)的遗传基础。共检测到 503 个显著 SNP 位点,其在多个染色体区间呈现高密度聚集,指示这些区域可能富含调控雄穗形态建成的重要基因组片段。基于约 50 kb 的连锁不平衡衰减距离,筛选出 962 个候选基因,功能注释及 GO/KEGG 富集分析显示其主要参与生长发育、生殖过程、转录调控、信号传导与能量代谢等途径。进一步的单倍型分析验证了两个核心基因 GRMZM2G471529 和 GRMZM2G140763 与雄穗性状高度相关,且与既往 QTL 定位结果相互印证。通过多组学整合,本研究不仅明确了雄穗发育的关键遗传位点与候选基因,还初步揭示了其通过代谢调控、激素平衡与信号网络协同作用来介导雄穗三维形态建成的分子机制,为后续功能验证与分子育种提供了重要靶标与理论依据。

7.2 创新点

创新点一:小目标雄穗检测的理论范式创新

针对农业场景下玉米小目标雄穗检测的共性难题(数据稀缺、精度不足),本

研究突破传统深度学习框架的局限性,提出“跨域迁移-结构优化-注意力增强”三位一体理论模型。通过迁移学习构建跨作物、跨生长阶段的通用特征表达,解决小样本学习瓶颈;重构 RetinaNet 特征金字塔网络(FPN),融合多尺度上下文信息以增强小目标特征提取能力;引入动态注意力机制,实现复杂背景下小尺度雄穗的精准聚焦。该模型不仅将小雄穗检测精度提升至行业领先水平,更为农业低空遥感中的小目标检测提供了可迁移的理论框架,推动农业人工智能从“场景适配”向“通用智能”的跃迁。

创新点二: 三维表型解析技术体系重构

直面传统表型技术“高成本-低通量-二维局限”的核心痛点,首创“多模态感知-智能重建-参数泛化”三维表型技术体系。自主研发的 TIPS 平台集成多视图几何、运动恢复结构(SFM)与树状结构定量模型(TreeQSM),突破性地实现玉米雄穗三维点云的亚毫米级重建与11类结构参数的自动化提取,采集效率较传统方法大幅度提升。该技术体系将作物表型研究从“二维表型”推向“三维表型时代”,为智慧育种提供了高精度、高通量、低成本的标准化工具,奠定“材料分型-表型-环境型”多维关联研究的软硬件基础。

创新点三: 玉米材料分型-表型关联研究的方法论突破

首次建立“三维表型指纹-材料分型预测”跨尺度关联模型,开创性地将雄穗三维结构参数作为材料分型鉴别的生物标记。通过高斯模糊聚类(GFC)算法,揭示NSS/TST等分型材料与雄穗分枝数量、空间拓扑等参数的强相关性,构建首个玉米雄穗表型变异谱系图谱,量化表型参数变异顺序。该成果不仅破解了传统分子标记依赖基因测序的高成本难题,更提出了“以表型预测材料分型”的全新研究范式,为作物功能基因组学与表型组学的深度融合开辟新的路径,推动育种技术从“经验筛选”向“数据驱动”的跨越。

创新点四: 基于玉米雄穗结构表型信息的深层次挖掘

本研究通过高通量提取量化雄穗的复杂结构参数(分枝数、主穗长度、柄长度),构建高维表型组数据库,从复杂表型切入,通过GWAS分析策略,解析雄穗结构表型的候选基因,并将成果直接转化为育种技术,为作物株型改良提供新思路。

7.3 研究展望

本文充分利用遥感分析技术,提出利用迁移学习和改进深度学习网络的方式实现玉米雄穗的识别和检测,很好的解决了数据量小和目标较小、干扰大的情况,另外针对目前玉米育种过程中玉米雄穗表型的调查工作难度大、成本高、调查周期

较短而导致的通量无法保证的问题,研发了成本低、自动化程度高的玉米雄穗表型分析平台,并实现了多个玉米雄穗多个结构表型参数的高效获取,而且该技术实现了从软件、硬件以及模型分析等方面的高度集成,达到很高的成熟度,具有推广应用价值;再然后是基于提取的玉米雄穗结构表型参数获取的基础上,对玉米材料的分型进行预测分析,并成功预测了NSS和TST两种分型材料,同时对不同分型材料进行了雄穗结构表型参数的变异性排序,这对育种工作起到了很好的参考作用。最后基于本研究提取的玉米雄穗三维结构表型关键参数实现对控制雄穗主穗长、分枝数、柄长度的候选基因进行了GWAS分析,筛选到多个与雄穗发育和形态建成显著关联的基因,但是,受限于作者本人的研究能力,本研究还存在一定的局限性,需要进一步的研究:

(1)在雄穗识别手段方面,当下基于单张图的识别方式存在明显不足。单张图识别不仅实时性欠佳,难以满足快速变化的实际场景需求,而且在复杂环境下,极易受到光照、遮挡等因素干扰,导致识别准确度大幅下降。在实际应用中,如农业无人机对大面积玉米田进行巡查时,需要能够对较低分辨率的视频进行实时、准确的雄穗识别,这要求我们研发全新的图像识别算法,融合深度学习、计算机视觉等前沿技术,提升算法对视频流中动态信息的处理能力,实现对不同分辨率视频的高效实时识别,从而为精准农业提供更为及时、可靠的数据支持。

(2)对于现有的TIPS系统,其局限性也较为突出。目前该系统仅适用于单株雄穗分析,极大地限制了其在大规模农业生产中的应用效率,难以满足高通量信息获取的需求。为解决这一问题,需要开发一种基于群体玉米雄穗表型的高通量获取手段,利用多传感器融合技术,结合无人机航拍、地面传感器网络等,实现对整片玉米田的雄穗表型快速采集。此外,TIPS系统所采用的TreeQSM算法在处理结构紧凑的玉米雄穗时,会出现拓扑重构错误,影响表型参数提取的准确性。后续将深入研究算法原理,优化算法流程,引入更先进的拓扑分析方法,提高算法对复杂结构雄穗的适应性,确保表型参数提取的精准性。

(3)从表型参数提取角度来看,目前TIPS系统主要聚焦于数量性状的提取,且对NSS和TST的预测精度有待提高。这在基因定位和作物育种工作中存在一定局限性,无法为精准育种提供全面的数据支撑。因此,未来需要拓展表型参数的提取范围,除了数量性状,还应深入挖掘生理生化表型性状(光合、水分、抗逆、营养物质含量等)、产量性状((单株穗数、穗粒数、籽粒产量、收获指数))等多维度表型信息,建立更为完善的玉米雄穗表型数据库。通过对多维度表型数据的深度分析算法,例如光谱分析、机器学习、深度学习等方法,提高对不同育种材料分型的预测精度,为分子育种提供更有力的技术保障,推动玉米育种工作向精准化、高效化方向发展。

(4) 本研究通过雄穗主穗长度、分枝数、柄长度等 3 个关键性状参数对候选基因进行了初步的挖掘分析, 无论是从候选基因的数量、精度方面还比较有限, 未来利用玉米表型信息结合 GWAS 进行基因定位的发展方向将聚焦于: 1) 创新高通量三维表型采集技术, 获取更多关于雄穗结构表型参数 2) 深度融合多组学数据, 通过 eQTL、表观组和代谢组等多维信息提升候选基因筛选精度; 3) 开发机器学习模型解析非加性遗传效应和环境互作, 优化基因定位算法。最终实现从基因挖掘到育种应用的闭环研究。

参考文献

- [1] Gage J L, Miller N D, Spalding E P, et al. TIPS: a system for automated image-based phenotyping of maize tassels[J]. *Plant Methods*, 2017, 13(1):1-12.
- [2] Huang J, Gomez-Dans J, Huang H, et al. Assimilation of remote sensing into crop growth models: Current status and perspectives[J]. *Agricultural and Forest Meteorology*, 2019, 276(277):107609.
- [3] Su Y, Wu F, Ao Z, et al. Evaluating maize phenotype dynamics under drought stress using terrestrial lidar[J]. *Plant Methods*, 2019, 15(1):11-26.
- [4] 韩东, 杨贵军, 杨浩, 等. 基于立体视觉的玉米雄穗三维信息提取[J]. *农业工程学报*. 2018, 11(34):166-173.
- [5] Geraldi I, Filho J B, Vencovsky R. Estimates of genetic parameters for tassel characters in maize (*Zea mays* L.) and breeding responses[J]. *Maydica*, 1985, 30:1-14.
- [6] Liu J Y, Bai Z A, Wu W H. Evolution of main ear traits of maize hybrids and their effects on breeding objectives[J]. *Maize Science*, 2004, 12 (2): 3-4.
- [7] Gebbers R, Adamchuk V I. Precision Agriculture and Food Security[J]. *Science*, 2010, 327(5967):828-831.
- [8] 王敏. 10 个夏玉米品种的农艺性状与水分利用率的研究[D]. 陕西:西北农林科技大学, 2012.
- [9] Wang Y, Chen J, Guan Z, et al. Combination of multi-locus genome-wide association study and QTL mapping reveals genetic basis of tassel architecture in maize[J]. *Molecular genetics and genomics : MGG*, 2019, 294(6):1421-1440.
- [10] Xie Y, Wang X, Ren X Z R. A SNP-Based High-Density Genetic Map Reveals Reproducible QTLs for Tassel-Related Traits in Maize (*Zea mays* L.)[J]. *Tropical plant biology*, 2019, 12(4):244-254.
- [11] Rice B R, Fernandes S B, Lipka A E. Multi-Trait Genome-Wide Association Studies Reveal Loci Associated with Maize Inflorescence and Leaf Architecture [J]. *Plant and cell physiology*, 2020, 61(8):1427-1434.
- [12] Wang B, Lin Z, Li X, et al. Genome-wide selection and genetic improvement during modern maize breeding[J]. *Nature Genetics*, 2020, 52:565-571.

- [13] Xu G H, Wang X F, Huang C, et al. Complex genetic architecture underlies maize tassel domestication.[J]. *New Phytologist*, 2017, 214(2): 852-864.
- [14] FEI J, LU J, JIANG Q, et al. Maize plant architecture trait QTL mapping and candidate gene identification based on multiple environments and double populations [J]. *BMC Plant Biology*, 2022, 22(1): 1-15.
- [15] ERTIRO B T, OLSEN M, DAS B, et al. Genetic Dissection of Grain Yield and Agronomic Traits in Maize under Optimum and Low-Nitrogen Stressed Environments [J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 2020, 21(2): 543.
- [16] WANG B, LIU H, LIU Z, et al. Identification of minor effect QTLs for plant architecture related traits using super high density genotyping and large recombinant inbred population in maize (*Zea mays*) [J]. *BMC Plant Biology*, 2018, 18(1): 1.
- [17] LI X, ZHOU Z, DING J, et al. Combined Linkage and Association Mapping Reveals QTL and Candidate Genes for Plant and Ear Height in Maize [J]. *PhytoKeys*, 2016, 7: 833.
- [18] LI H, PENG Z, YANG X, et al. Genome-wide association study dissects the genetic architecture of oil biosynthesis in maize kernels [J]. *Nature Genetics*, 2012, 45(1): 43-50.
- [19] FEI J, LU J, JIANG Q, et al. Maize plant architecture trait QTL mapping and candidate gene identification based on multiple environments and double populations [J]. *BMC Plant Biology*, 2022, 22(1): 1-15.
- [20] Berke T G, Rocheford T R. Quantitative Trait Loci for Tassel Traits in Maize [J]. *Crop Science*, 1999, 39(5): 1439-1443.
- [21] Upadyayula N, Silva H S D, Bohn M O, et al. Genetic and QTL analysis of maize tassel and ear inflorescence architecture [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2006, 112(4): 592-606.
- [22] Yang W, Guo Z, Huang C, et al. Combining high-throughput phenotyping and genome-wide association studies to reveal natural genetic variation in rice [J]. *Nature Communications*, 2014, 5: 5087.
- [23] Pritchard J K, Stephens M, Donnelly P, et al. Association Mapping in Structured Populations. [J]. *American Journal of Human Genetics*, 2000, 67(1): 170-181.
- [24] Falush D, Stephens M, Pritchard J K. Inference of population structure using multilocus genotype data: Linked loci and correlated allele frequencies [J]. *Genetics*,

- 2003, 164(4):1567-1587.
- [25] Lu H, Cao Z , Xiao Y ,et al. Region-based colour modelling for joint crop and maize tassel segmentation[J].Biosystems Engineering, 2016, 147:139-150.
- [26] Chernov V , Alander J , Bochko V .Integer-based accurate conversion between RGB and HSV color spaces[J].Computers & Electrical Engineering, 2015, 46:328-337.
- [27] Tang W B,Zhang Y E, Zhang D X. Research on maize tassel detection system based on machine vision[C]// Proceedings of Academic Conference of China Agricultural Engineering Society. Chong Qing, Southwest University Press, 2011, 1309-1314.
- [28] Kurtulmuş F, Kavdir I. Detecting maize tassels using computer vision and support vector machines. Expert Systems with Applications, 2014, 41(16): 7390-7397.
- [29] Zheng C M, Ya H S. Algorithm of male tassel recognition based on HSI space. Transducer Microcyst Technol. 2018, 37, 117–119.
- [30] Qi, Z,The Research on Extraction of Maize Phenotypic Information Based on Unmanned Aerial Vehicle[D]. Harbin :Northeast Agricultural University, 2017.
- [31] Niu Y, Zhang L, Zhang H ,et al.Estimating Above-Ground Biomass of Maize Using Features Derived from UAV-Based RGB Imagery[J].Remote Sensing, 2019, 11(11):1261.
- [32] Yeom J, Jung J, Chang A ,et al.Automated Open Cotton Boll Detection for Yield Estimation Using Unmanned Aircraft Vehicle (UAV) Data[J].Remote Sensing, 2018, 10(12):1895-1914.
- [33] Zaman A M,Vergara, O,Araus J. Unmanned aerial platform-based multi-spectral imaging for field phenotyping of maize[J].Plant Methods,2015, 11(1):1-10.
- [34] Centeno T M ,Heitor S L, Felisberto M K ,et al.Object Detection for Computer Vision Using a Robust Genetic Algorithm[J].Springer-Verlag, 2005,3449:284-293.
- [35] Papageorgiou C P; Oren M; Poggio T. A general framework for object detection[C]//Sixth International Conference on Computer Vision. IEEE. 1998: 555-562.
- [36] Smirnov E A , Timoshenko D M , Andrianov S N .Comparison of Regularization Methods for ImageNet Classification with Deep Convolutional Neural Networks[J].AASRI Procedia, 2014.6:89-94.
- [37] Zou Z , Chen K , Shi Z ,et al.Object Detection in 20 Years: A Survey[J].Proceedings

- of the IEEE, 2023, 111(3):20
- [38] Lecun Y, Bengio Y, Hinton G .Deep learning[J].Nature, 2015, 521(7553):436.
 - [39] Deng L,Yu D. Deep learning: methods and applications[J]. Foundations and trends in signal processing. 2014, 7(3):197-387.
 - [40] Lu H,Cao Z,Xiao Y, et al. TasselNet: Counting maize tassels in the wild via local counts regression network[J]. Plant Methods. 2017, 13(1), 1-17.
 - [41] Liang Y H, Chen Q, Dong C X, et al. Application of Deep-learning and UAV for Field Surveying Corn Tassel [J]. Fujian Journal of Agricultural Sciences,2020,35(4):456-464.
 - [42] Yang S Q, Liu J C,Xu K K,et al. Improved centerNet based tassel recognition for UAV remote sensing image[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery. 2021, 52(9), 206-212.
 - [43] Mao R , Zhang Y, Wang S H X .DAE-Mask: a novel deep-learning-based automatic detection model for in-field wheat diseases[J].Precision Agriculture, 2024, 25(2):785-810.
 - [44] Liu Y, Cen C, Che Y, et al. Detection of maize tassels from UAV RGB imagery with faster R-CNN[J]. Remote Sensing. 2020, 12(2): 338.
 - [45] He K,Zhang X,Ren S,et al. Deep residual learning for image recognition[C]//Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition. 2016:770-778.
 - [46] Simonyan K, Zisserman A.Very Deep Convolutional Networks for Large-Scale Image Recognition[J].Computer Science, 2014:1-14.
 - [47] Maepa C E, Jayaramudu J, Okonkwo J O, et al. Extraction and characterization of natural cellulose fibers from maize tassel[J]. International Journal of Polymer Analysis and Characterization, 2015, 20: 99-109.
 - [48] Ye M, Cao Z, Yu Z. An image-based approach for automatic detecting tasseling stage of maize using spatio-temporal saliency[C]//MIPPR 2013: Remote Sensing Image Processing, Geographic Information Systems, and Other Applications. Wuhan, China: Society of Photo-Optical Instrumentation Engineers, 2013: 235-242.
 - [49] Scharr H, Pridmore T, Tsaftaris S A .Editorial: Computer Vision Problems in Plant Phenotyping, CVPPP 2017 Introduction to the CVPPP 2017 workshop papers[C]//IEEE International Conference on Computer Vision Workshop.IEEE

Computer Society, 2017:2020-2021.

- [50] Kurtulmuş F, Kavdir I. Detecting maize tassels using computer vision and support vector machines[J]. Expert Systems with Applications, 2014, 41(16): 7390-7397.
- [51] Kumar A, Taparia M, Rajalakshmi P, et al. UAV based remote sensing for tassel detection and growth stage estimation of maize crop using faster-R-CNN[J]. Computer Vision Problems in Plant Phenotyping, 2019, 3: 4321-4323.
- [52] Lu J, Behbood V, Hao P, et al. Transfer learning using computational intelligence: A survey[J]. Knowledge-Based Systems, 2015, 80: 14-23.
- [53] 王东方,汪军. 基于迁移学习和残差网络的农作物病害分类[J]. 农业工程学报,2021,37(4):199-207.
- [54] 张瑞青,李张威,郝建军,等. 基于迁移学习的卷积神经网络花生荚果等级图像识别[J]. 农业工程学报,2020,36(23):171-180.
- [55] Li J, Li C, Fei S, et al. Wheat ear recognition based on retinaNet and transfer learning[J]. Sensors, 2021, 21(14): 4845.
- [56] 万军杰,祁力钧,卢中奥,等. 基于迁移学习的 GoogLeNet 果园病虫害识别与分级[J]. 中国农业大学学报,2021,26(11):209-221.
- [57] 袁培森,申成吉,徐焕良. 基于迁移学习和双线性 CNN 的细粒度菌菇表型识别[J]. 农业机械学报,2021,52(7):151-158.
- [58] Zou H, Lu H, Li Y, et al. Maize tassels detection: A benchmark of the state of the art[J]. Plant Methods. 2020, 16(1):108.
- [59] Lu H, Cao Z, Xiao Y, et al. TasselNet: Counting maize tassels in the wild via local counts regression network[J]. Plant Methods, 2017, 13(1): 1-17.
- [60] Wei Y, You X, Li H. Multiscale patch-based contrast measure for small infrared target detection[J]. Pattern Recognition. 2016, 58:216-226.
- [61] Jiang Y, Dong L, Chen Y, et al. An infrared small target detection algorithm based on peak aggregation and Gaussian discrimination[J]. IEEE Access. 2020, 8:106214-106225.
- [62] Chen Y, Song B, Wang, D, et al. An effective infrared small target detection method based on the human visual attention[J]. Infrared Physics & Technology, 2018, 95:128-135.
- [63] Liu W, Anguelov D, Erhan D, et al. SSD: Single shot multibox detector[C]// European conference on computer vision. Springer. 2016, 21-37.
- [64] Redmon J, Divvala S, Girshick R, et al. You only look once: Unified, real-time

- object detection[C]//Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition,2016:779-788.
- [65] Redmon J, Farhadi A.YOLO9000:better, faster, stronger[C]//Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition,2017:7263-7271.
- [66] Redmon J , Farhadi A .YOLOv3: An Incremental Improvement[R].arXiv e-prints, 2018,4(15).DOI: <https://arxiv.org/abs/1804.02767>.
- [67] Bochkovskiy A , Wang C Y , Liao H Y M .YOLOv4: Optimal Speed and Accuracy of Object Detection[R]. arXiv e-print. 2020. DOI:10.48550/arXiv.2004.10934.
- [68] Ge Z, Liu S, Wang F ,et al.YOLOX: Exceeding YOLO Series in 2021[J].arXiv e-prints, 2021. DOI:10.48550/arXiv.2107.08430.
- [69] Lin T Y,Goyal P,Girshick R, et al. Focal loss for dense object detection[C]//Proceedings of the IEEE international conference on computer vision. 2017, 2980-2988.
- [70] Ren S, He K,Girshick R, et al. Faster R-CNN: Towards Real-Time Object Detection with Region Proposal Networks. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence,2015, 39(6):1137–1149.
- [71] Lin T Y,Dollár P,Girshick R, et al. Feature pyramid networks for object detection[C]//Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition. 2017, 2117-2125.
- [72] Li J, Li C, Fei S, et al. Wheat ear recognition based on retinaNet and transfer learning[J]. Sensors, 2021, 21(14):4845.
- [73] Chen Y, Zhang X, Chen W, et al. Research on recognition of fly species based on improved RetinaNet and CBAM[J]. IEEE Access, 2020, 8:102907-102919.
- [74] 霍仕平.玉米雄穗的遗传和相关性研究[J].作物学报, 1993, 19(6):515-519.
- [75] Liu J Y, Bai Z A, Wu W H.The Main Ear 's Character Evolution of Hybrid Corn Variety and Its Effect on Breeding Goal[J].Journal of Maize Sciences, 2004(S2).
- [76] Lambert, R, Johnson R. (1978). Leaf angle, tassel morphology, and the performance of maize hybrids. Crop Science, 18(3), 499-502.
- [77] Panjvani K, Dinh A V, Wahid K A.LiDARPheno – A low-cost LiDAR-based 3D scanning system for leaf morphological trait extraction[J].Frontiers in Plant Science, 2019,4:31.
- [78] Xu Q, Cao L, Xue L, et al.Extraction of Leaf Biophysical Attributes Based on a Computer Graphic-based Algorithm Using Terrestrial Laser Scanning

- Data[J].Remote Sensing, 2018, 11(1):1-23.
- [79] Yang W N,Feng H,Zhang X H, et al.Crop Phenomics and High-Throughput Phenotyping:Past Decades,Current Challenges,and Future Perspectives[J].Molecular Plant, 2020, 13:187–214.
- [80] Choudhury S D, Samal A, Awada T.Leveraging Image Analysis for High-Throughput Plant Phenotyping[J]. Frontiers in Plant Science, 2019, 12(10):508-515.
- [81] Gibbs J, Pound M P , French A P , et al.Three-Dimensional Reconstruction of Plant Shoots from Multiple Images using an Active Vision System[C]//Proceedings of the IROS Workshop on Agri-Food Robotics.2015.
- [82] Fernando,Perez-Sanz,Pedro,et al.Plant phenomics: an overview of image acquisition technologies and image data analysis algorithms[J].GigaScience, 2017,6:1-18.
- [83] Li Y L, Wen W L, Miao T, et alAutomatic organ-level point cloud segmentation of maize shoots by integrating high-throughput data acquisition and deep learning[J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2022, 193.
- [84] Zhang X , Huang C , Wu D , et al.High-Throughput Phenotyping and QTL Mapping Reveals the Genetic Architecture of Maize Plant Growth[J].Plant Physiology, 2017, 173(3):1554-1564.
- [85] Gage J L,Miller N D,Spalding E P, et al..TIPS: a system for automated image-based phenotyping of maize tassels[J].Plant Method,13(21):1-12.
- [86] Hartmann,Czauderna,Hoffmann,et al.HTPheno:An image analysis pipeline for high-throughput plant phenotyping[J].BMC BIOINFORMATICS,2011,12-AR 148.
- [87] Klukas, Chen, DJ, et al.Integrated Analysis Platform: An Open-Source Information System for High-Throughput Plant Phenotyping[J].Plant physiol, 2014,165(2):506-518.
- [88] Li J, Tang L. Developing a low-cost 3D plant morphological traits characterization system[J]. Computers & Electronics in Agriculture, 2017, 143: 1-13.
- [89] Paulus S , Schumann H , Kuhlmann H ,et al.High-precision laser scanning system for capturing 3D plant architecture and analysing growth of cereal plants.[J].Biosystems Engineering, 2014,121:1-11.
- [90] Yan D M,Wintz J, Mourrain B ,et al.Efficient and robust reconstruction of botanical

- branching structure from laser scanned points efficient and robust tree model reconstruction from laser scanned data points[C]//IEEE International Conference on Computer-Aided Design and Computer Graphics, Huangshan, China, 2019.
- [91] Lei L, Qiu C, Li Z, et al.Effect of leaf occlusion on leaf area index inversion of maize using UAV-LiDAR data[J].Remote Sensing, 2019,11(9):1067.
- [92] Suresh T ,Feiyu Z, Harkamal W ,et al.A Novel LiDAR-Based Instrument for High-Throughput, 3D Measurement of Morphological Traits in Maize and Sorghum[J].Sensors, 2018, 18(4):1187.
- [93] Chaivivatrakul S, Tang L, Dailey M N, et al. Automatic morphological trait characterization for maize plants via 3D holographic reconstruction[J]. Computers & Electronics in Agriculture,2014, 109(C): 109-123.
- [94] Zhang Y, Zhang H Z, Liu X Y, et al.An Automatic Method for Measuring Plant Height from RGB-D Data. Sensors, 2018,18(4): 1187.
- [95] Lin Y .LiDAR: An important tool for next-generation phenotyping technology of high potential for plant phenomics?[J].Computers and Electronics in Agriculture, 2015, 119:61-73.
- [96] Wang Y, Wen W, Wu S, et al.Maize Plant Phenotyping: Comparing 3D Laser Scanning, Multi-View Stereo Reconstruction, and 3D Digitizing Estimates[J].Remote Sensing, 2018, 11(1):63.
- [97] Stefan, Paulus, Jan, et al.Low-Cost 3D Systems: SuiTab. Tools for Plant Phenotyping [J].Sensors, 2014, 14(2):3001-3018.
- [98] Christian J , Rose, Stefan, et al.Accuracy analysis of a multi-view stereo approach for phenotyping of tomato plants at the organ level.[J].Sensors,2015, 15(5): 9651-9665.
- [99] Xiang L, Bao Y, Tang L, et al.Automated morphological traits extraction for sorghum plants via 3D point cloud data analysis[J].Computers and Electronics in Agriculture, 2019, 162:951-961.
- [100] Lopez L D, Ding Y, Yu J .Modeling Complex Unfoliated Trees from a Sparse Set of Images[J].Computer Graphics Forum, 2010, 29(7):2075-2082.
- [101] Stava O , Pirk S , Kratt J ,et al.Inverse Procedural Modelling of Trees[J].Computer Graphics Forum, 2015, 33(6):118-131.
- [102] Zhang X , Huang C , Wu D ,et al.High-Throughput Phenotyping and QTL Mapping Reveals the Genetic Architecture of Maize Plant Growth[J].Plant Physiology, 2017,

173(3):1554.

- [103] Lu H, Cao Z, Xiao Y, et al. Fine-grained maize tassel trait characterization with multi-view representations[J]. *Computers and Electronics in Agriculture*, 2015, 118:143-158.
- [104] Wu S, Wen W, Gou W, et al. A miniaturized phenotyping platform for individual plants using multi-view stereo 3D reconstruction[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13:897746.
- [105] Wu S, Wen W, Xiao B, et al. An Accurate Skeleton Extraction Approach From 3D Point Clouds of Maize Plants[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2019, 10.
- [106] Wang X, Li J, Han L, et al. QTG-Miner aids rapid dissection of the genetic base of tassel branch number in maize[J]. *Nature Communications*. 2023, 14:5232.
- [107] Song D. Clustering Study of Gene Expression Data Based on Gaussian Mixture Model [D]. Jiangsu: Jiangsu University, 2015.
- [108] LI K, YAN J, LI J, et al. Genetic architecture of rind penetrometer resistance in two maize recombinant inbred line populations [J]. *BMC plant biology*, 2014, 14(1): 152.
- [109] LI K, WANG H, HU X, et al. Genome-Wide Association Study Reveals the Genetic Basis of Stalk Cell Wall Components in Maize [J]. *PLoS One*, 2016, 11(8): e0158906.
- [110] PRITCHARD K, STEPHENS M, DONNELLY P. Inference of population structure using multilocus genotype data [J]. *Genetics*, 2000, 155(2): 945-959.
- [111] MAZAHERI M, HECKWOLF M, VAILLANCOURT B, et al. Genome-wide association analysis of stalk biomass and anatomical traits in maize [J]. *BMC plant biology*, 2019, 19(1): 45.
- [112] Upadyayula N, Silva H S D, Bohn M O, et al. Genetic and QTL analysis of maize tassel and ear inflorescence architecture[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2006, 112(4):592-606.
- [113] WANG X, WANG H, LIU S, et al. Genetic variation in ZmVPP1 contributes to drought tolerance in maize seedlings [J]. *Nature Genetics*, 2016, 48(10): 1233-1241.
- [114] 贾波, 崔敏, 印志同, 等. 基于 SNP 标记的玉米雄穗主要性状 QTL 定位分析[J]. *西南农业学报*, 2019, 32(7):5.
- [115] 杨钊钊, 李永祥, 刘成, 等. 基于多个相关群体的玉米雄穗相关性状 QTL 分析[J].

- 作物学报,2012,38(8):8.
- [116] BUCKLER E S, HOLLAND J B, BRADBURY P J, et al. The genetic architecture of maize flowering time [J]. *Science*, 2009, 325(5941): 714-718.
 - [117] TIAN F, BRADBURY P J, BROWN P J, et al. Genome-wide association study of leaf architecture in the maize nested association mapping population [J]. *Nature Genetics*, 2011, 43(2): 159-162.
 - [118] KUMP K L, BRADBURY P J, WISSER R J, et al. Genome-wide association study of quantitative resistance to southern leaf blight in the maize nested association mapping population [J]. *Nature Genetics*, 2011, 43(2): 163-168.
 - [119] POLAND J A, BRADBURY P J, BUCKLER E S, et al. Genome-wide nested association mapping of quantitative resistance to northern leaf blight in maize [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2011, 108(17): 6893-6898.
 - [120] LI H, PENG Z, YANG X, et al. Genome-wide association study dissects the genetic architecture of oil biosynthesis in maize kernels [J]. *Nature Genetics*, 2012, 45(1): 43-50.
 - [121] LIU S, WANG X, WANG H, et al. Genome-wide analysis of ZmDREB genes and their association with natural variation in drought tolerance at seedling stage of *Zea mays* L. [J]. *PLoS genetics*, 2013, 9(9): e1003790.
 - [122] MAO H, WANG H, LIU S, et al. A transposable element in a NAC gene is associated with drought tolerance in maize seedlings [J]. *Nature Communications*, 2015, 6: 8326.
 - [123] TIAN F, BRADBURY P J, BROWN P J, et al. Genome-wide association study of leaf architecture in the maize nested association mapping population [J]. *Nature Genetics*, 2011, 43(2): 159-162.
 - [124] PEIFFER J A, ROMAY M C, GORE M A, et al. The genetic architecture of maize height [J]. *Genetics*, 2014, 196(4): 1337-1356.
 - [125] Yan Z, Aaron K, Vahid M S, et al. Identification and utilization of genetic determinants of trait measurement errors in image-based, high-throughput phenotyping [J]. *The Plant Cell*, 2021.33(8):2562–2582.
 - [126] Song D. Clustering Study of Gene Expression Data Based on Gaussian Mixture Model [D]. Jiangsu University, 2015.
 - [127] Minton R L . Morphometrics Suggest Reduced Diversity in the Freshwater Snail

- Genus *Gyrotoma* Shuttleworth, 1845 (Gastropoda: Pleuroceridae)[J]. *Annals of the Carnegie Museum*, 2021(1):87(1):79-88.
- [128] Yang M S, Chang C S, Nataliani Y. Unsupervised fuzzy model-based Gaussian clustering[J]. *Information Sciences*, 2019, 481:1-23.
- [129] Fuchs R, Pommeret D, Viroli C. Mixed Deep Gaussian Mixture Model: a clustering model for mixed datasets[J]. *Advances in Data Analysis and Classification*, 2022, 16(1):31-53.
- [130] Yang X, Gao S, Xu S, et al. Characterization of a global germplasm collection and its potential utilization for analysis of complex quantitative traits in maize[J]. *Molecular Breeding*, 2011, 28(4):511-526.
- [131] Pan C X, Xu Y, Ji H B, et al. Phenotypic Diversity and Clustering Analysis of Watermelon Germplasm[J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2015, 16(1):59-63.
- [132] Xie Z, Chen S, Gao G, et al. Evaluation of rapeseed flowering dynamics for different genotypes with UAV platform and machine learning algorithm[J]. *Precision Agriculture*, 2022, 23(5):1688-1706.
- [133] Han L, Yang G, Dai H, et al. Fuzzy Clustering of Maize Plant-Height Patterns Using Time Series of UAV Remote-Sensing Images and Variety Traits[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2019, 10:926-943.
- [134] Rincon F, Johnson B, Crossa J, et al. Cluster analysis, an approach to sampling variability in maize accessions[J]. *Maydica*, 1996, 41(4):307-316.
- [135] Mustafa H, Farooq J, Ejaz-Ul-Hasan E, et al. Cluster and principle component analyses of maize accessions under normal and water stress conditions[J]. *Journal of Agricultural Sciences*, 2015, 60(1):33-48.
- [136] Jiban S. Cluster Analysis of Maize Inbred Lines[J]. *Journal of Nepal Agricultural Research Council*, 2016, 2(1):33-36.
- [137] Jing L I, Shan H, University S, et al. YOLOv3 Based Object Tracking Method[J]. *Electronics Optics & Control*, 2019.10:91-97.
- [138] Liu D, Gao S. Aircraft Detection in Remote Sensing Imagery Based on Improved YOLOv4[J]. 2022, 15:9355-9368.
- [139] Woo S, Park J, Lee J Y, et al. CBAM: Convolutional Block Attention Module[J]. *Springer Cham*, 2018, 11211:3-19.
- [140] Zhuang F, Qi Z, Duan K, et al. A comprehensive survey on transfer learning[J]. *Proceedings of the IEEE*, 2020, 109(1): 43-76.

- [141] Zhu W, Braun B, Chiang L H, et al. Investigation of transfer learning for image classification and impact on training sample size[J]. *Chemometrics and Intelligent Laboratory Systems*, 2021, 211: 104269.
- [142] Puliti C S. Structure from Motion Photogrammetry in Forestry: a Review[J]. *Current Forestry Reports*, 2019, 5(3):155-168.
- [143] Liu R, Yao L, Yan L, et al. Research on Real Scene 3D Modelling Based on Multi-view[J]. *Journal of Physics: Conference Series*, 2021, 1852(2):022080.
- [144] Zhang Y, Onda Y, Kato H, et al. Understory biomass measurement in a dense plantation forest based on drone-SfM data by a manual low-flying drone under the canopy[J]. *Journal of Environmental Management*, 2022, 312:114862.
- [145] Sun G, Wang X. Three-Dimensional Point Cloud Reconstruction and Morphology Measurement Method for Greenhouse Plants Based on the Kinect Sensor Self-Calibration[J]. *Agronomy*, 2019, 9(10):596.
- [146] Zermas D, Morellas V, Mulla D, et al. 3D model processing for high throughput phenotype extraction – the case of corn[J]. *Computers and Electronics in Agriculture*, 2019, 172:105047.
- [147] Furukawa Y, Ponce J. Accurate, Dense, and Robust Multiview Stereopsis[J]. *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, 2010, 32(8):1362-1376.
- [148] 吴从中,张凌华,詹曙.融合 Gabor 特征的 SFM 算法三维人脸建模[J].*合肥工业大学学报(自然科学版)*, 2017, 040(002):180-185.
- [149] Marzulli M.I, Raunonen P, Gre R, et al. Estimating tree stem diameters and volume from smartphone photogram metric point clouds[J]. 2020, 93:411–429.
- [150] Zhang C, Yang G, Jiang Y, et al. Apple Tree Branch Information Extraction from Terrestrial Laser Scanning and Backpack-LiDAR[J]. *Remote Sensing*, 2020, 12(21):1-17.
- [151] Calders K, Newnham G, Burt A, et al. Nondestructive estimates of above-ground biomass using terrestrial laser scanning[J]. *Methods in Ecology & Evolution*, 2015, 6(2):198-208.
- [152] Dassot M, Colin, Aurélie, Santenoise P, et al. Terrestrial laser scanning for measuring the solid wood volume, including branches, of adult standing trees in the forest environment[J]. *Computers & Electronics in Agriculture*, 2012, 89:86-93.
- [153] Delagrangé S, Jauvin C, Rochon P. PyreTree: A Tool for Reconstructing Tree

Perennial Tissues from Point Clouds[J].Sensors, 2014, 14(3):4271-4289.

- [154] Jan H, Heinrich S, Kim C, et al.SimpleTree —An Efficient Open Source Tool to Build Tree Models from TLS Clouds[J].Forests, 2015, 6(11):4245-4294.
- [155] Raunonen, Pasi, Kaasalainen, et al.Fast Automatic Precision Tree Models from Terrestrial Laser Scanner Data.[J].Remote Sensing, 2013,5(2):491-520.
- [156] Raunonen P , Casella E , Calders K ,et al.Massive-scale tree modelling from TLS data[C]//PIA15+HRIGI15 – Joint ISPRS conference 2015.189–196.
- [157] Ao Z, Wang W, Li Y, et al.Structured Generation Method of 3D Synthetic Tree Models for Precision Assessment[J].International Archives of the Photogrammetry, Remote Sensing & Spatial Information Sciences, 2024, 48(1):937-943.
- [158] Xie Z, Chen S, Gao G, et al.Evaluation of rapeseed flowering dynamics for different genotypes with UAV platform and machine learning algorithm[J].Precision Agriculture, 2022, 23(5):1688-1706.
- [159] Liu Y A, Hou J H, Gao Z J, et al.Principal Component Analysis and Cluster Analysis of Maize Introduced Varieties[J].Journal of Maize Sciences, 2006, 14(2):16-18.
- [160] Xu B, Wan X, Yang H, et al.TIPS: A three-dimensional phenotypic measurement system for individual maize tassel based on TreeQSM[J].Computers and Electronics in Agriculture, 2023,212:108150.
- [161] Moorthy S M K, Raunonen P, Bulcke J V D, et al.Terrestrial laser scanning for non-destructive estimates of liana stem biomass[J].Forest Ecology and Management, 2020, 456:117751.
- [162] Jan H , Christopher M , Jonathan S ,et al.Highly Accurate Tree Models Derived from Terrestrial Laser Scan Data: A Method Description[J].Forests, 2014, 5(5):1069-1105.
- [163] Xiao W. EM algorithm and its initialization research for parameter estimation of Gaussian mixture models[J].Electronic Test, 2011,6:26-30.
- [164] Xing C Z, Zhao Q Y, Wang X, et al. Accelerated EM Algorithm Research Based on Robust Gaussian Mixture Model[J]. Application Research of Computers, 2017, 34(4): 1042-1046.
- [165] 陶志勇,刘晓芳,王和章.融合密度峰值的高斯混合模型聚类算法[J].计算机应用,2018,38(12):3433-3437,3443.
- [166] Genome-wide association study dissects the genetic architecture of oil biosynthesis

- in maize kernels[J].*Nature Genetics*, 2013, 45(1):43-U72.
- [167] Wang J , Zhang Z . GAPIT Version 3: Boosting Power and Accuracy for Genomic Association and Prediction[J]. 2021,19:1-12.
- [168] Stelpflug S C , Sekhon R S , Vaillancourt B ,et al.An Expanded Maize Gene Expression Atlas based on RNA Sequencing and its Use to Explore Root Development[J].*The Plant Genome*, 2016, 9(1):1-16.
- [169] Xudong Cao, Han Lu, Zhiwen Zhao,et al. Mining candidate genes for maize tassel spindle length based on a genome-wide association analysis. *Genes*, 2024, 15: 1413.
- [170] Sun Ruidong, He Shijin, Qi Yuwei, et al. Identification of QTLs and their candidate genes for the number of maize tassel branches in F2 from two higher generation sister lines using QTL mapping and RNA-seq analysis, *Frontiers in Plant Science*, 2023, 14(1202755).

学位论文数据集

关键词*	密级*	中图分类号*	UDC	论文资助
玉米雄穗; 表型; 识别; GWAS; 基因定位	公开	Q943 / S126		
学位授予单位名称*		学位授予单位代码*	学位类别*	学位级别*
北京科技大学		10008	理学	博士研究生
论文题名*		并列题名		论文语种*
玉米雄穗三维表型信息精准解析及关键性状基因挖掘分析				中文
作者姓名*	徐波		学号*	D202110469
培养单位名称*		培养单位代码*	培养单位地址	邮编
北京科技大学		10008	北京市海淀区学院路 30 号	100083
学科专业*		研究方向*	学制*	学位授予年*
化学		作物育种表型信息提取与基因挖掘	4	2025
论文提交日期*	2025.5.30			
导师姓名*	赵春江		职称*	教授
评阅人	答辩委员会主席*		答辩委员会成员	
	安学丽			
电子版论文提交格式 文本 (✓) 图像 () 视频 () 音频 () 多媒体 () 其他 ()				
推荐格式: application/msword; application/pdf				
电子版论文出版 (发布) 者		电子版论文出版 (发布) 地		权限声明
论文总页数*	153			