



## 作物潜育期病状可见光图像三通道识别模型\*

庞浩<sup>1)</sup> 张艳<sup>1,2)\*\*</sup>

(<sup>1)</sup> 贵州大学大数据与信息工程学院, 贵阳 550025; (<sup>2)</sup> 贵阳学院贵州省教育厅农产品无损检测工程研究中心, 贵阳 550005)

**摘要** 目的 常规可见光图像对作物病害检测主要集中在发病期的显著特征进行识别, 而病害潜育期由于症状尚不明显, 相关识别方法较为匮乏, 因此利用可见光图像对作物病害潜育期症前特征进行识别具有重要的意义。本文提出一种用于识别作物潜育期可见光图像三通道识别模型。**方法** 以茄科作物辣椒和番茄为例, 通过连续拍摄健康与接种早疫病病株的叶片可见光图像并划分出病斑区域, 提取出病斑区域颜色特征的一阶矩、二阶矩、三阶矩。通过对颜色矩变化率的分析, 将最能反映早疫病病斑像素变化情况的S通道一阶矩作为特征, 划分出健康、早疫病潜育期、早疫病早期、早疫病晚期四种类别, 并结合颜色空间三通道信息构建用于识别早疫病潜育期病状的三通道识别模型。**结果** 实验以1 258张可见光图像进行测试, 基于L-a-b颜色空间建立的三通道模型对辣椒早疫病潜育期的识别准确率达到94.44%, 基于H-S-V颜色空间建立的三通道模型对番茄早疫病潜育期病状的识别准确率达到100%。**结论** 本文提出的三通道识别模型实现了对辣椒和番茄早疫病潜育期病状的有效检测, 这为农作物病害的早期监测和科学防控提供了新的技术路径, 亦可推广应用于其他作物病害潜育期的可见光图像识别研究。

**关键词** 深度学习, 颜色特征, 可见光图像, 潜育期, 早疫病

**中图分类号** TP18, S432, O657.32

**DOI:** 10.3724/j.pibb.2025.0209

**CSTR:** 32369.14.pibb.20250209

可见光成像技术作为一种低成本、高通量、非破坏性的检测手段, 近年来在农产品品种鉴定与病害识别等领域得到了广泛应用<sup>[1]</sup>。目前常见的可见光图像用于作物病害检测时, 如传感器、摄像头等, 具有方便、快捷等特点, 已成为当前农作物病害检测中最常用的成像方式之一。传统使用深度学习技术检测作物病害的方法主要依赖于可见光图像对发病中后期明显病征的识别<sup>[2-5]</sup>, 但在病害的早期甚至潜育期, 由于作物外观尚未出现显著症状, 检测难度显著增加。如何基于可见光图像构建深度学习识别模型, 实现对作物病害早期甚至潜育期的检测识别, 对及时指导病害防治的作物生产安全具有重大指导意义。

近年来, 基于深度学习的作物病害检测对象已由发病中后期的明显病状转为病斑尚不明显的早期阶段。Masood等<sup>[6]</sup>通过对水稻图像中的病斑区域进行拆分与局部分类, 探索了早期病害检测的可行性; Nandhini等<sup>[7]</sup>通过连续采集芭蕉树图像, 捕捉图像潜在的空间特征与时间特征, 创建识别芭蕉

树早期病害的深度学习模型; Iftikhar等<sup>[8]</sup>强调了超参数调优与数据增强在早期病害识别中的关键作用, 通过参数微调显著提升了模型性能。针对现有模型对作物病害早期识别种类单一等问题, Alzahrani等<sup>[9]</sup>评估了多种现代算法在不同环境条件下的识别鲁棒性与适应性, 进一步增强了早期病害检测的实用性; Rastogi等<sup>[10]</sup>利用卷积神经网络(convolutional neural network, CNN)实现对多种作物及其早期病害图像的分类识别; Bouacida等<sup>[11]</sup>将一张可见光图像划分为多个区域, 仅对患病叶片区域进行识别, 也能实现多种作物健康与患病状态的准确区分。此外, 张艳团队<sup>[12]</sup>借助可见光图像采集装置, 对番茄叶片进行连续拍摄, 成功监测到早疫病感染后的最早显症时间, 为基于可见光图像的早疫病潜育期识别提供了技术支撑。然

\* 国家自然科学基金(62265003, 62141501)资助项目。

\*\* 通讯联系人。

Tel: 15180800851, E-mail: Eileen\_zy001@sohu.com

收稿日期: 2025-05-07, 接收日期: 2025-08-07

而, 现有作物病害早期识别模型主要集中在对红绿蓝 (red, green, blue, RGB) 图像的直接识别, 没有挖掘在不同颜色空间下的不同颜色通道对病斑像素的敏感程度, 故对潜育期微弱病状特征的感知存在明显不足。

为深入研究作物病害潜育期的病状特征, 本文选取接种茄链格孢菌后的辣椒和番茄为研究对象, 从颜色特征角度进行辣椒和番茄早疫病潜育期病状的研究。将连续时间采集的可见光图像分解为各颜色通道, 利用不同通道的颜色矩变化率, 确定对辣椒和番茄早疫病最敏感的颜色通道, 并基于该颜色通道将病害病程演变划分为“健康、潜育期、早

期、晚期”4种类别。利用颜色空间三通道信息, 在R-G-B、L-a-b (明度-绿色到红色范围-蓝色到黄色范围)、H-S-V (色相-饱和度-明度) 颜色空间下建立用于识别作物病害潜育期病状的三通道识别模型。

## 1 材料与方法

### 1.1 实验方案

选择接种后的辣椒和番茄叶片作为研究对象, 在不同颜色空间下建立早疫病潜育期病状三通道识别模型。本研究的实验方案由3个部分组成, 分别为图像采集、图像预处理和图像建模 (图1)。

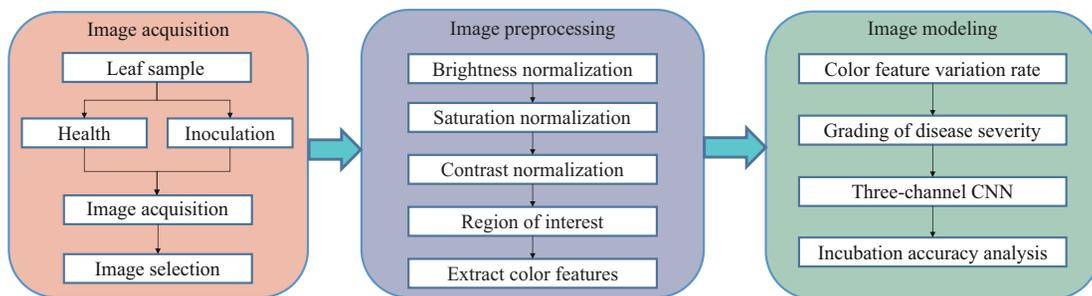


Fig. 1 The diagram of image processing

a. 图像获取: 将叶片样品分为健康与接种样品, 分别获取可见光图像, 并根据对应的红外热图像完成筛选, 制成本文数据集。

b. 图像预处理: 将图像的亮度、饱和度、对比度标准化后, 选取病斑区域提取各颜色通道下的颜色矩特征。

c. 图像建模: 利用病斑图像颜色矩的变化率, 划分早疫病病害演变的不同时期, 在多种颜色空间下建立三通道识别模型, 以识别潜育期病状。

### 1.2 图像采集

本研究选取对早疫病高度敏感, 病害发展迅速, 且症状明显的辣椒和番茄作物作为研究对象。为避免杂菌干扰, 将幼苗在实验室条件下进行培育。待生长至最易感染病害的开花期时, 采摘辣椒和番茄健康叶片各70张, 将50张辣椒叶片和50张番茄叶片喷洒茄链格孢菌作为接种组, 其余健康叶片作为对照组。为维持叶片正常的生理活性, 将温度控制在24~28℃, 并保持相对湿度在50%~80%。

使用RGB相机采集可见光图像, 图像分辨率为2304×4096像素。叶片接种前, 先对所有辣椒和番茄叶片正面进行一次可见光图像采集, 接种后

12 h进行第二次拍摄, 此后每隔8 h拍摄一次, 直至60%以上叶片出现明显病斑后, 调整拍摄时间间隔为12 h拍摄4~5次后结束实验监测。

本研究利用实验采集的辣椒和番茄叶片红外热图像中的表征实现对可见光图像的初筛, 初筛按照健康样品叶片的红外热图像未出现低温点, 接种样品叶片的红外热图像出现低温点, 共筛选出1258张可见光图像。其中, 番茄样品34个, 包含健康样品19个, 接种样品15个, 共计323张健康叶片可见光图像和255张接种后叶片的可见光图像, 辣椒样品40个, 包含健康样品有19个, 接种样品21个, 总计323张健康叶片可见光图像和357张接种后叶片的可见光图像。

### 1.3 图像预处理

为深入研究早疫病潜育期病状的演变规律, 在对图像进行标准化后, 将健康叶片做背景分割处理, 接种叶片提取病斑区域 (图2)。

由于不同时间段拍照时的光照强度存在差异, 该变化会显著影响可见光图像中叶片的明暗程度、亮暗区域的对比以及色彩的鲜艳程度, 从而对后续微弱病变信号的识别与分析造成干扰, 本研究对可

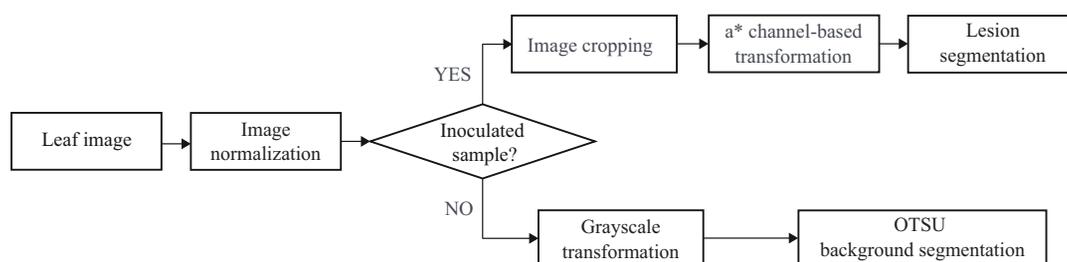


Fig. 2 The diagram of image preprocessing

a\*: Channel of the CIELAB color space.

见光图像进行了亮度、对比度和饱和度的标准化处理。

对于接种叶片，由于在接种后 76 h，所有接种样品的病斑均已完全形成，选取 76 h 时刻的图像分割出能完全覆盖病斑区域的 224×224 像素图像，并将病斑图像转换至 Lab 色彩空间。以 a 通道作为病斑提取的关键特征，设置能够准确地实现病斑区域与背景的分割的最小阈值，使用最小外接矩形包裹病斑掩膜图像，裁剪出准确的病斑区域图像。利用同一样品在 76 h 图像中获得的最小矩形框，手动提取其他时刻图像下的相同病变区域。

对于健康叶片，将 RGB 图像转换为灰度图像，利用最大类间方差法 (Otsu's method, OTSU)<sup>[13]</sup> 得到灰度图像的掩膜，将掩膜图像与 RGB 图像相乘即可分割 RGB 图像中的背景，得到目标图像。背景分割后图像中的噪声得到降低，使后续提取的颜色特征更为准确。

## 2 识别模型的建立

### 2.1 颜色矩特征提取

由于茄科作物在受茄链格孢菌侵染后，叶片表面会逐渐形成典型的轮纹状病斑，随着时间的推移，病斑区域与非病斑区域在颜色特征上的差异愈加显著。为了精细化揭示病斑区域和非病斑区域在可见光图像各个颜色通道下的差异，分别提取图像预处理的健康和接种叶片可见光图像在不同颜色通道下的一阶矩、二阶矩、三阶矩特征并计算其变化率，步骤如下。

a. 计算在各个颜色通道下的一阶矩  $C_{ij}x_1$ 、二阶矩  $C_{ij}x_2$ 、三阶矩  $C_{ij}x_3$ 。

记第  $i$  个样品的第  $j$  次采集图像在 (R, G, B)、(L, a, b)、(H, S, V) 颜色通道下的颜色矩为  $C_{ij}x_1$  ( $x = R, G, B, L, a, b, H, S, V$ )。

一阶矩  $C_{ij}x_1$  计算公式如下：

$$C_{ij}x_1 = \frac{1}{MN} \sum_{a=1}^M \sum_{b=1}^N I(a,b) \quad (1)$$

其中， $M$  为图像高度， $N$  为图像宽度， $I(a, b)$  表示图像在  $(a, b)$  位置处的像素值。一阶矩表示颜色通道的均值，用于描述通道像素值的整体亮度水平。

二阶矩  $C_{ij}x_2$  计算公式为：

$$C_{ij}x_2 = \frac{1}{MN} \sum_{a=1}^M \sum_{b=1}^N [I(a,b) - C_{ij}x_1]^2 \quad (2)$$

二阶矩表示该颜色通道的方差，用于描述像素值分布的离散程度。

三阶矩  $C_{ij}x_3$  表示如下：

$$C_{ij}x_3 = \frac{1}{MN} \sum_{a=1}^M \sum_{b=1}^N \left[ \frac{I(a,b) - C_{ij}x_1}{\sqrt{C_{ij}x_2}} \right]^3 \quad (3)$$

三阶矩表示颜色通道的偏度，描述像素值分布的对称性。

b. 计算颜色通道下各阶矩的变化率  $P_{x_k}$ ：

$$P_{x_k} = \frac{\overline{C_j x_k} - \overline{C_{j-1} x_k}}{\Delta t} \quad (4)$$

其中， $\overline{C_j x_k} = \sum_{i=1}^{22} C_{ij} x_k$  表示在第  $j$  次采样下所有样品图像在该颜色通道下各阶矩的均值，用于消除个体差异， $\Delta t$  表示时间间隔，由于本文计算相同采样间隔下的各阶矩变化量， $\Delta t$  恒为 1，变化率  $P_{x_k}$  用于衡量颜色矩随时间的变化情况。

c. 以健康叶片图像在 Lab 色彩空间中 a 通道的一阶矩特征的变化率为例，其计算流程如图 3 所示。

### 2.2 三通道识别模型架构

传统的 CNN 架构模型<sup>[14]</sup> (图 4a) 将输入的 RGB 图像直接训练，由于 RGB 三通道间存在较强相关性<sup>[15]</sup>，模型对于特定任务 (如多种类作物病

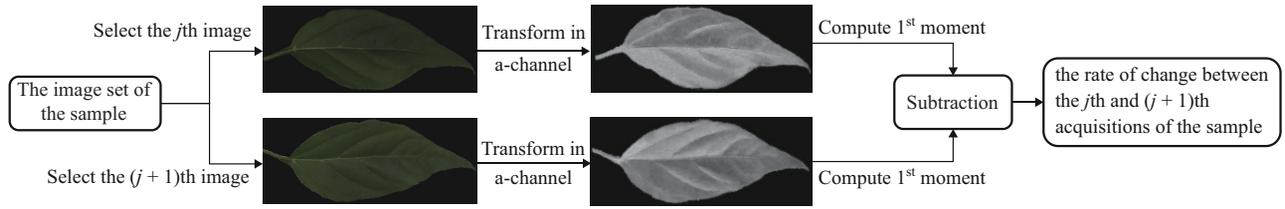


Fig. 3 Computation of the first-order moment variation rate of the a-channel in the Lab color space

害识别、作物病害病状程度识别等)难以有效提取判别特征,识别和泛化能力不足。Schwarz Schuler等<sup>[16]</sup>利用Lab颜色空间下表征亮度的L通道和表征颜色的ab通道相互独立特性,将输入的RGB图

像转化为Lab图像,并在表层特征提取中分别设置L和a、b通道的权重,创建出L-ab双分支通道识别模型(图4b),有效提高了多类作物病害识别性能。

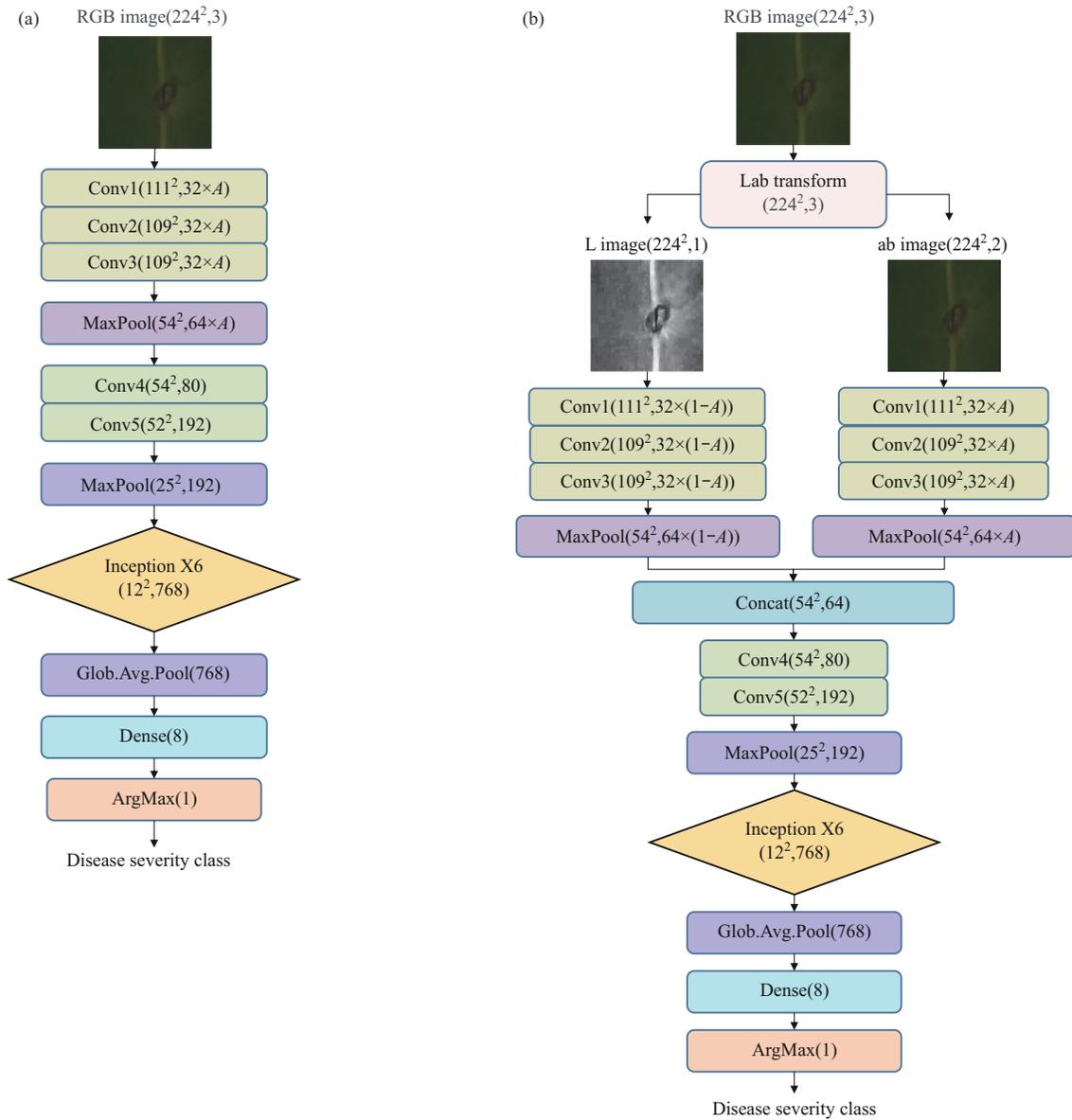


Fig. 4 Architecture of the conventional deep learning model

(a) Conventional visible light image recognition model. (b) Two-branch visible light image recognition model.

本文对病斑一阶矩特征分析发现，a通道的一阶矩在病状加重过程中逐渐增大，而b通道的一阶矩则逐渐减小，二者呈相反趋势，且变化剧烈程度不同，合并ab通道的分支结构不能精确检测病害发展阶段，尤其是特征信号微弱的潜育期阶段。相比Lab颜色空间，HSV空间中的各通道信息相对独立<sup>[17]</sup>，双分支通道模型不利于通道间的信息分离，

难以推广至其他颜色空间中。

本研究利用颜色空间三通道的特点，提出了三通道识别模型（图5）。针对每个颜色通道分别提取独立的特征，充分挖掘不同通道在病斑区域中对病害状态所呈现的差异性和敏感特征，使模型能够从多维角度提取病状的判别信息，实现对特征信号微弱的潜育期病状有效识别。

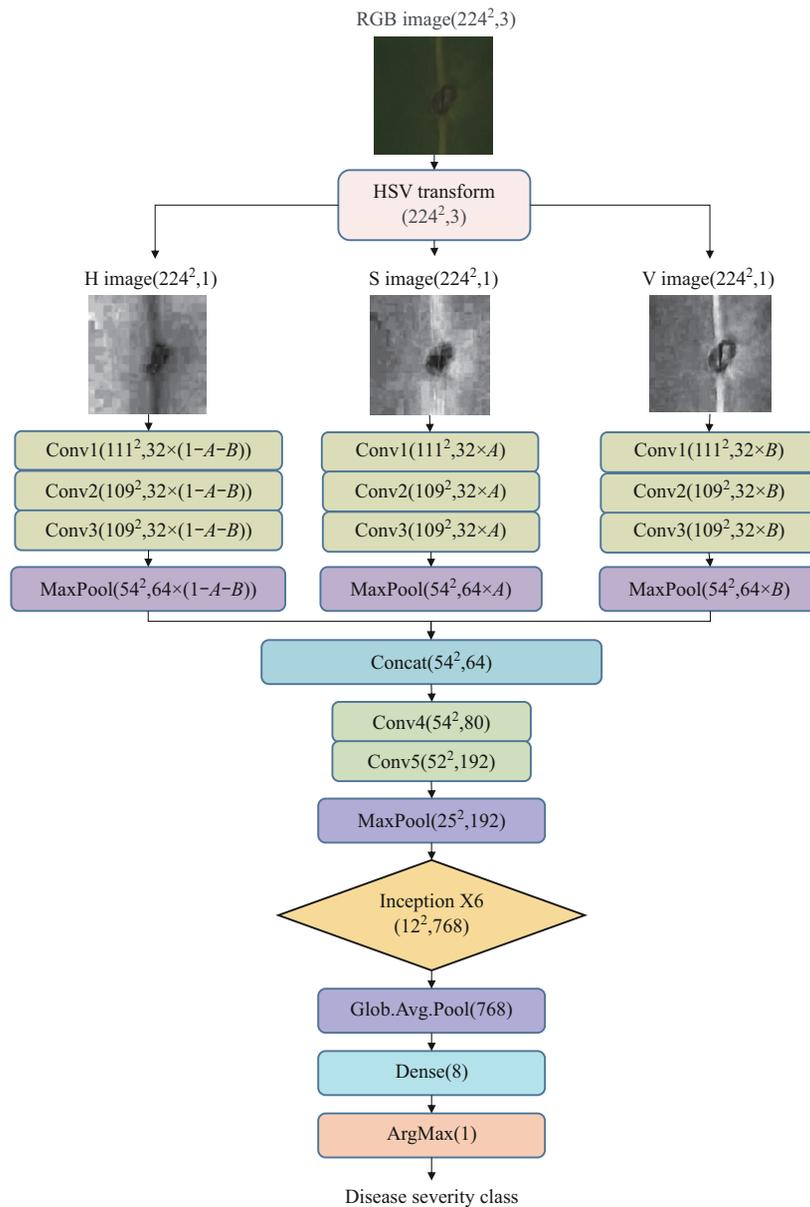


Fig. 5 Three-channel visible light image recognition model (using HSV color space as an example)

以 HSV 色彩空间为例，将 RGB 图像转换为 HSV 图像后，使用 3 个独立的卷积层分别提取 H、S、V 通道的浅层特征，每个卷积层中滤波器数量（即参数 A 和 B）以各通道在病害阶段识别任务中

的重要性分配权重，并利用 Concat 层融合三通道特征，进一步整合颜色信息。随后，使用两个卷积层提取特征图深层特征，引入 Inception X6 模块提取并融合高层次特征，提升模型的感知和多尺度表

达能力。最后, 利用全局平均池化 (global average pooling) 压缩特征图空间维度, 降低模型参数量, 提取全局特征, 实现对番茄和辣椒早疫病病状程度的分类识别。

本研究使用准确率对分类结果进行评估, 如下所示:

$$A = \frac{\sum_{i=1}^4 TP_i}{N} \quad (5)$$

$TP_i$  为类别  $i$  上被正确分类的样本个数,  $N$  为样本总数,  $A$  为准确率, 用于衡量分类模型整体预测的正确程度。

### 3 结果与讨论

本研究针对早疫病病程阶段划分不明确的问题, 利用病斑图像的颜色矩变化率, 划分出辣椒和番茄早疫病病程的演变阶段, 针对潜育期病状识别困难的问题, 利用三通道识别模型训练识别本数据集在 R-G-B、L-a-b、H-S-V 3 种颜色空间的准确率, 分析得出辣椒和番茄早疫病潜育期病状最敏感的颜色空间及颜色通道, 通过比较传统模型, 凸显出本模型在潜育期病状识别任务中的优势性。

#### 3.1 利用颜色矩特征划分早疫病病程演变阶段

为揭示番茄和辣椒在感染早疫病前后, 不同颜色通道 (R, G, B)、(L, a, b)、(H, S, V) 下颜色特征的一阶矩、二阶矩和三阶矩的变化规律, 本文针对 36 个接种样本, 共计 612 张可见光图像, 分别计算辣椒和番茄病斑像素图像在 3 个颜色空间 9 个通道颜色矩随时间的变化率。以 Lab 颜色空间为例 (RGB 和 HSV 颜色空间详见图 S1、S2), 分别研究辣椒和番茄在 L、a、b 通道颜色矩随时间变化的情况 (图 6)。

由图 6 可见, 一阶矩能较好的反映病斑随时间的变化规律, 二阶矩和三阶矩特征均不能较好反应病斑像素的变化情况。原因在于当病斑区域与健康区域颜色相近时, 二阶矩和三阶矩特征难以捕捉病斑与健康区域间的细微颜色差异。本实验表明, 在 RGB 颜色空间、HSV 颜色空间中相应颜色通道的一阶矩、二阶矩和三阶矩具有类似的变化规律。

为定量分析 (R, G, B)、(L, a, b)、(H, S, V) 颜色通道的一阶矩特征, 本研究针对所有健康和接种共 74 个样本, 共 1 258 张可见光图像, 分别计算了番茄和辣椒健康与接种叶片的可见光图像在一阶矩下的颜色特征值间的差异 (表 1)。

由表 1 可见, HSV 颜色空间相较于 RGB、Lab

颜色空间的  $D_{xn}$  更大, 表明在 HSV 颜色空间下, 番茄和辣椒叶片早疫病病状的颜色特征变化更为显著。在上述 9 种颜色通道中, S 通道的  $D_{xn}$  最大, 说明该通道对早疫病病状变化的敏感性最强, 能够较好地表征病斑的发展过程。

以 HSV 颜色空间中的 S 通道为依据, 分别绘制了番茄和辣椒接种叶片在 0~152 h 期间一阶矩特征的绝对变化率曲线 (图 7) 所示。

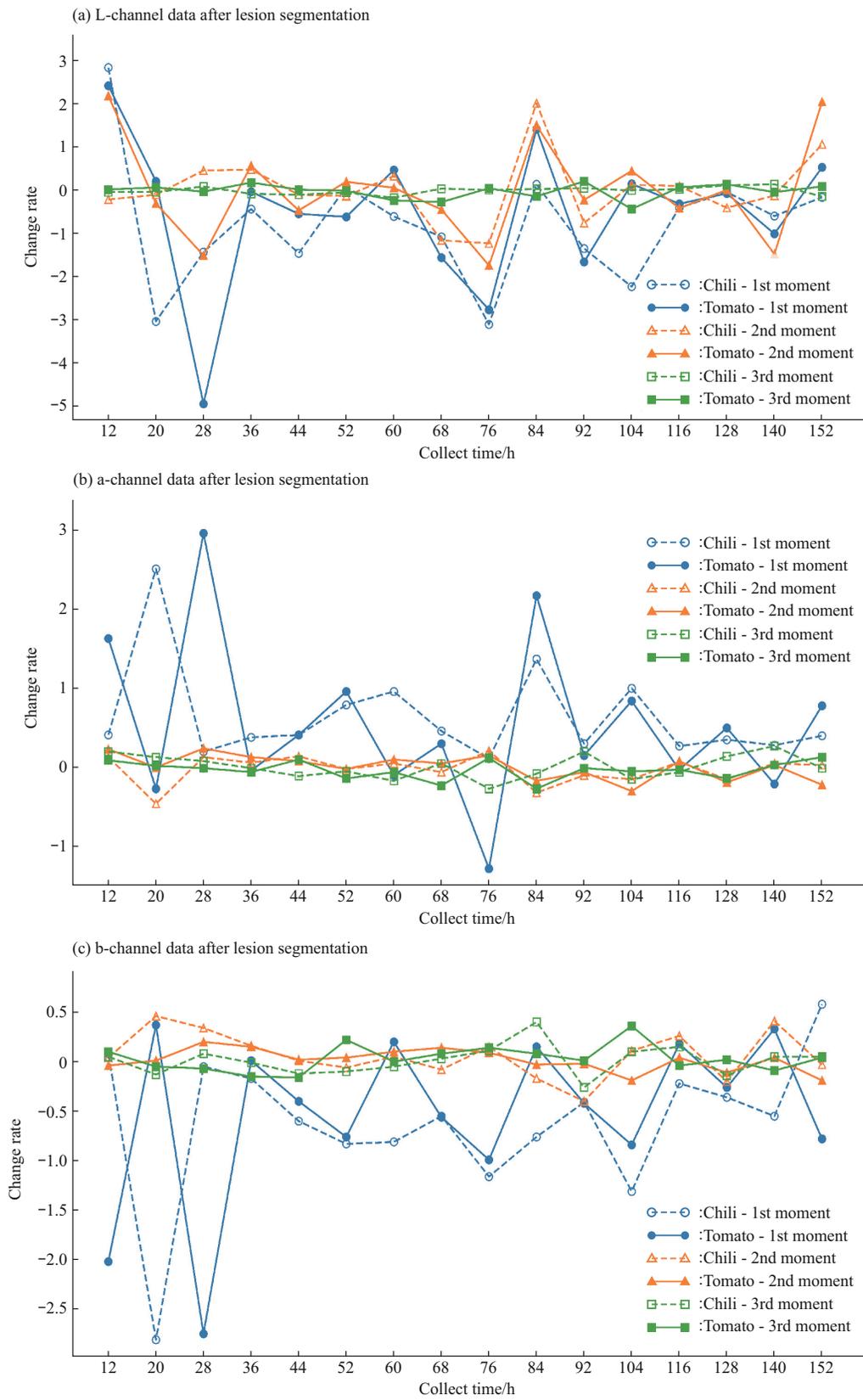
由图 7 可见, 在 36 h 和 92 h 时分别出现了两个变化率极小值点。基于 S 通道一阶矩变化率的最小绝对值所对应的关键时间节点, 将病害发展过程划分为 3 个阶段: 病害潜育期 (0~36 h)、病害早期 (36~92 h)、病害晚期 (92~152 h)。

#### 3.2 三通道模型识别结果分析

本实验在一台配备 Intel (R) i7-7700HQ CPU (4 核, 8 线程)、NVIDIA GeForce GTX 1050 (8GB 显存)、16GB DDR4 内存的计算机上进行。三通道模型如图 6 所示, 模型中各颜色通道所占滤波器的比例 (即 A 和 B 的值) 由表 1 中该颜色空间下的比值  $P_x$  确定。对于接种样品, 使用预处理并病斑切割后的番茄和辣椒的可见光图像作为输入, 并用双线性插值的方法将所有病斑图像调整为  $224 \times 224$  像素大小; 对于健康样品, 以图像中心点为基准, 切割出  $224 \times 224$  像素大小作为输入。数据集以 6:2:2 的比例分为训练集、测试集与验证集, 批量大小 (batchsize) 设置为 32, 迭代次数 (epoch) 设置为 40 次, 病害分类类别为健康、潜育期、发病早期、发病晚期 4 种, 并根据各类别图像的数量自动分配对应的权重, 以解决类不平衡问题。

实验结果如表 2 所示, 基于 R-G-B 颜色空间构建的三通道识别模型在训练集和测试集上的准确率分别为 79.18% 和 69.96%, 基于 L-a-b 颜色空间构建的模型的准确率分别为 74.14% 和 69.57%, 基于 H-S-V 颜色空间构建的模型的准确率分别为 83.82% 和 74.31%, 3 个模型均在不同程度上出现了过拟合现象。为改善这一问题, 本研究通过随机旋转、缩放等数据增强手段将训练集扩展至 3 000 张图像, 同时将训练轮数 (epoch) 增加至 120 次。优化后, 过拟合现象得以缓解, 模型性能显著提升。

鉴于实际应用中难以对病斑区域进行精确分割, 本研究进一步使用未分割的原始图像进行训练与分类实验。训练集拓展到 3 000 张, epoch 设置为 120 次, 识别准确率如表 3 所示。模型在 R-G-B 颜色空间下测试集识别准确率分别为 81.65% 和



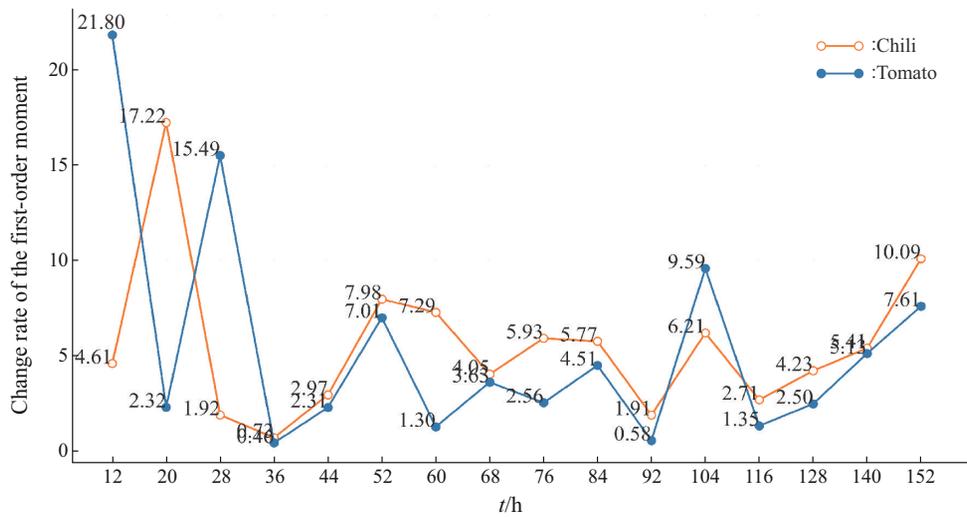
**Fig. 6** Temporal variation of Lab color moments in inoculated chili and tomato leaves

The sampling interval ( $\Delta t$ ) was 12 h for the periods 0–12 h and 92–152 h, and 8 h for the period 12–92 h. Change rates are expressed in units of value per  $\Delta t$ .

**Table 1 Mean first-order moment change rate across color channels in tomato and chili leaf images**

Rate of change	RGB color space			Lab color space			HSV color space		
	R	G	B	L	a	b	H	S	V
$H_{x1}$	0.28	0.22	0.20	0.26	0.03	0.01	-0.06	-0.46	0.22
$I_{x1}$	0.32	-0.92	-0.03	-0.82	0.64	-0.62	-1.00	-3.97	-0.76
$D_{x1}$	0.04	1.14	0.23	1.08	0.61	0.63	0.94	<b>3.51</b>	0.98
$H_{x2}$	0.33	0.37	-0.04	0.40	-0.06	0.19	-0.11	0.83	0.37
$I_{x2}$	0.43	-0.63	0.16	-0.53	0.55	-0.53	-0.70	-4.25	-0.62
$D_{x2}$	0.10	1.00	0.20	0.93	0.61	0.74	0.59	<b>5.08</b>	0.99
$P_x$	0.05	0.80	0.15	0.44	0.26	0.30	0.10	0.70	0.20

$H_{xn}$  and  $I_{xn}$  represent the average rate of change in color features for healthy and inoculated leaves of chili ( $n=1$ ) and tomato ( $n=2$ ), respectively, across color channels  $x = (R, G, B, L, a, b, H, S, V)$ .  $D_{xn} = |H_{xn} - I_{xn}|$  denotes the absolute difference between healthy and inoculated leaves.  $P_x$  indicates the proportion of each channel's  $D_{xn}$  in the corresponding color space, e.g.,  $P_R = (D_{R1} + D_{R2}) / (D_{R1} + D_{R2} + D_{G1} + D_{G2} + D_{B1} + D_{B2})$ .



**Fig. 7 Absolute change rate of S channel in inoculated leaves over time**

The sampling interval ( $\Delta t$ ) was 12 hours for the periods 0–12 h and 92–152 h, and 8 hours for the period 12–92 h. Change rates are expressed in units of value per  $\Delta t$ .

**Table 2 Performance comparison of early blight recognition models for tomato and chili (pre- and post-optimization)**

	Model	Training set		Test set	
		Sample size	Accuracy/%	Sample size	Accuracy/%
Before optimization	0.05R+0.8G+0.15B	754	79.18	253	69.96
	0.44L+0.26a+0.3b	754	74.14	253	69.57
	0.1H+0.7S+0.2V	754	83.82	253	74.31
After optimization	0.05R+0.8G+0.15B	3 000	80.63	253	80.24
	0.44L+0.26a+0.3b	3 000	84.06	253	85.77
	0.1H+0.7S+0.2V	3 000	84.13	253	84.98

80.86%, 在 L-a-b 颜色空间下输入病斑图像和原始图像得到的测试集识别准确率分别为 85.77% 和 85.16%, 在 H-S-V 颜色空间下测试集识别准确率分别为 84.98% 和 83.98%, 说明病斑分割对本模型最终识别结果的影响较为有限。

为进一步评估三通道识别模型对番茄和辣椒早疫病潜育期病状与整个发病周期的识别性能, 分别对基于单通道模型和不同权重下的 R-G-B 颜色空间、L-a-b 颜色空间和 H-S-V 颜色空间三通道识别模型在测试集上的分类结果进行了分析 (表 4)。

**Table 3 Performance comparison of early blight recognition models for tomato and chili under different datasets**

	Model	Training set		Test set	
		Sample size	Accuracy/%	Sample size	Accuracy/%
Lesion images	0.05R+0.8G+0.15B	3 000	80.63	253	81.65
	0.44L+0.26a+0.3b	3 000	84.06	253	85.77
	0.1H+0.7S+0.2V	3 000	84.13	253	84.98
Original image	0.05R+0.8G+0.15B	3 000	75.33	253	80.86
	0.44L+0.26a+0.3b	3 000	82.37	253	85.16
	0.1H+0.7S+0.2V	3 000	82.33	253	83.98

**Table 4 Testing accuracy with different color channel combinations**

Color space	Channel	Architecture	Tomato incubation/%	Tomato pathogenesis/%	Chili incubation/%	Chili pathogenesis/%
R-G-B	Single	R	25.00	81.03	50.00	65.71
		G	83.33	92.24	72.22	71.43
		B	33.33	70.69	44.44	67.14
	Three	0.05R+0.8G+0.15B	91.67	90.52	83.33	72.86
		0.3R+0.4G+0.3B	83.33	87.07	33.33	66.43
		0.33R+0.33G+0.34B	41.67	84.48	77.78	65.00
		0.2R+0.6G+0.2B	50.00	85.34	72.22	72.86
L-a-b	Single	L	58.33	80.17	50.00	68.57
		a	66.67	81.90	72.22	73.67
		b	58.33	81.90	77.78	74.29
	Three	0.44L+0.26a+0.3b	91.67	<b>96.55</b>	<b>94.44</b>	75.71
		0.33L+0.33a+0.34b	58.33	89.66	88.89	75.71
		0.6L+0.2a+0.2b	66.67	87.93	83.33	72.86
		0.8L+0.1a+0.1b	33.33	83.62	77.78	71.43
H-S-V	Single	H	41.67	87.07	61.11	61.43
		S	83.33	88.79	66.67	68.57
		V	66.67	85.34	66.67	67.14
	Three	0.1H+0.7S+0.2V	<b>100.00</b>	93.10	88.89	<b>76.43</b>
		0.3H+0.4S+0.3V	83.33	87.93	61.11	68.57
		0.33H+0.33S+0.34V	83.33	92.24	72.22	65.00
		0.2H+0.6S+0.2V	66.67	92.24	77.78	75.00

由表4可见,单一颜色通道下的识别模型对番茄和辣椒早疫病潜育期病状和整个病程阶段的识别准确率普遍低于三通道识别模型,说明在病害识别任务中,多维度的颜色信息有利于模型的识别。由不同通道权重构建的三通道模型对早疫病潜育期病状和整个病程阶段的识别准确率存在差异,说明不同的颜色通道对病害特征的敏感性存在差异。本文通过定量分析健康与接种叶片在各颜色下的差异(表1),得到的通道权重在R-G-B、L-a-b、H-S-V空间下对早疫病潜育期病状识别任务均取得最高准确率。

另外,基于不同颜色空间构建的三通道识别模型对番茄和辣椒早疫病潜育期病状识别准确率亦有

不同。基于H-S-V颜色空间的三通道识别模型对番茄早疫病潜育期病状识别准确率达到最高,为100%;基于L-a-b颜色空间的三通道识别模型对辣椒早疫病潜育期病状识别准确率最高,为94.44%;而基于R-G-B颜色空间的三通道识别模型对番茄和辣椒早疫病潜育期病状识别准确率普遍低于基于L-a-b和H-S-V颜色空间的三通道识别模型。

由于RGB颜色空间的红色通道R、绿色通道G和蓝色通道B间具有高度相关性,潜育期病状所表现出的微弱颜色变化在高相关性的通道中难以有效分离,从而影响特征提取与病状识别的准确性。Lab颜色空间的亮度通道L与色度通道a、b相互独立,HSV颜色空间的色调通道H、饱和度通道S和

亮度通道V也具有相对独立性,能更有效地分离亮度信息与颜色变化,特别适用于对早期病斑中亮度轻微改变和色彩偏移的识别。Lab和HSV颜色空间是番茄和辣椒早疫病潜育期病状的识别任务中最佳颜色空间,为可见光图像检测识别作物病害潜育期病状提供了优选颜色空间。

### 3.3 三通道识别模型与传统模型识别效果比较

本研究将所提出的三通道识别模型与参数量相

近的主流深度学习模型进行了对比实验,对本数据集的番茄和辣椒早疫病潜育期病状进行分类识别。为保证对比的公平性,所有模型均在同一条件下从头训练(训练集均扩展至3 000张图像,训练轮数统一为120轮),未采用迁移学习策略。各模型在番茄和辣椒早疫病潜育期病状识别任务中的分类准确率,以及对早疫病整个病程中各阶段病状的整体识别性能(表5)。

**Table 5 Test accuracy of several deep-learning models on our dataset classification**

Color space	Architecture	Parameters	Tomato incubation/%	Tomato pathogenesis/%	Chili incubation/%	Chili pathogenesis/%
R-G-B	0.05R+0.8G+0.15B	5.1M	91.67	90.52	83.33	72.86
L-a-b	0.44L+0.26a+0.3b	5.1M	91.67	<b>96.55</b>	<b>94.44</b>	75.71
H-S-V	0.1H+0.7S+0.2V	5.1M	<b>100.00</b>	93.10	88.89	<b>76.43</b>
L-ab	0.44L+0.56ab <sup>[16]</sup>	5.1M	91.67	93.10	88.89	75.71
RGB	InceptionV3 <sup>[14]</sup>	5.0M	33.33	80.17	66.67	58.57
RGB	MobileNetV3 <sup>[18]</sup>	4.2M	83.33	88.79	77.88	70.71
RGB	EfficientNetB0 <sup>[19]</sup>	4.1M	16.67	66.38	16.67	60.71
RGB	EfficientNetB1 <sup>[19]</sup>	6.6M	33.33	65.52	44.44	52.86
RGB	DenseNet121 <sup>[20]</sup>	4.0M	33.33	81.90	88.89	56.43
RGB	ResNet9 <sup>[21]</sup>	8.1M	41.67	72.41	11.11	57.86
RGB	NASNetMobile <sup>[22]</sup>	4.3M	0.00	41.38	0.00	57.86

由表5可知,传统深度学习分类模型<sup>[14, 18-22]</sup>对颜色信息提取方面表现受限,模型的鲁棒性和区分能力不足,通常直接利用RGB图像不能检测识别早疫病病害潜育期病状特征。而本文创建的R-G-B颜色空间三通道识别模型可以有效识别早疫病潜育期病状特征,说明在潜育期识别任务中,传统模型并不能充分表征作物在患病早期阶段的微弱颜色变化。通过引入多分支结构<sup>[16]</sup>,尤其是双通道和三通道的通道融合模型,显著增强了模型对颜色细节的敏感性,从而在潜育期病状的微弱视觉特征提取中展现出更强的判别能力。

由于RGB颜色空间具有高度相关性,传统模型直接利用RGB图像难以识别作物病害潜育期病状特征。本文提出的三通道识别模型分别提取L-a-b和H-S-V颜色空间中的不同通道特征,独立建模、最终融合,进一步降低了通道间冗余信息的干扰,同时保留了各通道在病斑早期变化中的关键特征。构建的模型在番茄与辣椒潜育期病状识别任务中最高达到了100.00%和94.44%的准确率,实现了对番茄和辣椒早疫病潜育期病状的有效识别。

## 4 结 论

本研究以番茄和辣椒早疫病为研究对象,提出三通道识别模型,实现了基于可见光图像的早疫病潜育期病状的识别。主要研究结论与创新点如下:

a. 提出基于多阶矩特征分析的可见光图像病害演变阶段划分方法。本文按时序采集了0~152 h的健康和接种叶片的可见光图像,对可见光图像进行预处理后提取出颜色特征,发现HSV颜色空间下S通道的一阶矩最能反映早疫病病斑像素的变化规律。进一步基于变化最显著的S通道一阶矩,划分出0~36 h为早疫病潜育期,36~92 h为早疫病早期、92~152 h为早疫病晚期,为早疫病潜育期病状检测提供量化依据。

b. 建立三通道识别模型。通过分配R-G-B、L-a-b、H-S-V颜色空间下各通道的权重,加强了模型对潜育期病状微弱特征的提取能力。实验结果表明,基于颜色空间构建的三通道识别模型在L-a-b颜色空间下识别准确率分别为91.67%和94.44%,在H-S-V颜色空间下识别准确率分别为100%和88.89%,能有效识别出番茄和辣椒早疫病潜育期

病状的可见光图像。

综上所述,本研究通过连续采集叶片接种后的可见光图像,首次系统性地将颜色矩分析与可见光图像结合,提出用于检测潜育期病状的三通道识别模型,突破了传统方法仅识别显症期的限制,为低成本高精度的作物病害早期监测提供了新的思路和可行路径。本研究方法可推广至其他作物病害潜育期病状检测。

附件 见本文网络版 (<http://www.pibb.ac.cn>, <http://www.cnki.net>):

PIBB\_20250209\_Figure\_S1.pdf

PIBB\_20250209\_Figure\_S2.pdf

### 参 考 文 献

- [1] Thangaraj R, Anandamurugan S, Kaliappan V K. Automated tomato leaf disease classification using transfer learning-based deep convolution neural network. *J Plant Dis Prot*, 2021, **128**(1): 73-86
- [2] Kulkarni O. Crop disease detection using deep learning//Shinde S, Thakare A. 2018 Fourth International Conference on Computing Communication Control and Automation (ICCUBEA). Pune, India: IEEE, 2018: 1-4
- [3] JA, Eunice J, Popescu D E, *et al.* Deep learning-based leaf disease detection in crops using images for agricultural applications. *Agronomy*, 2022, **12**(10): 2395
- [4] Chamli Deshan L A, Hans Thisanke M K, Herath D. Transfer learning for accurate and efficient tomato plant disease classification using leaf images//Wijayakulasooriya J V. 2021 IEEE 16th International Conference on Industrial and Information Systems (ICIIS). Kandy, Sri Lanka: IEEE, 2021: 168-173
- [5] Chakravarthy A S, Raman S. Early blight identification in tomato leaves using deep learning//Dutta M K. 2020 International Conference on Contemporary Computing and Applications (IC3A). Lucknow, India: IEEE, 2020: 154-158
- [6] Masood M H, Saim H, Taj M, *et al.* Early disease diagnosis for rice crop. *arXiv*, 2020:2004.04775. <https://arxiv.org/abs/2004.04775>
- [7] Nandhini M, Kala K U, Thangadarshini M, *et al.* Deep Learning model of sequential image classifier for crop disease detection in plantain tree cultivation. *Comput Electron Agric*, 2022, **197**: 106915
- [8] Iftikhar M, Ali Kandhro I, Kausar N, *et al.* Plant disease management: a fine-tuned enhanced CNN approach with mobile app integration for early detection and classification. *Artif Intell Rev*, 2024, **57**(7): 167
- [9] Alzahrani M S, Alsaade F W. Transform and deep learning algorithms for the early detection and recognition of tomato leaf disease. *Agronomy*, 2023, **13**(5): 1184
- [10] Rastogi P, Dua S, Dagar V. Early disease detection in plants using CNN. *Procedia Comput Sci*, 2024, **235**: 3468-3478
- [11] Bouacida I, Farou B, Djakhdjakha L, *et al.* Innovative deep learning approach for cross-crop plant disease detection: a generalized method for identifying unhealthy leaves. *Inf Process Agric*, 2025, **12**(1): 54-67
- [12] 赵坚, 鲍浩, 张艳. 番茄早疫病可见光图像识别模型研究. *江苏农业科学*, 2024, **52**(12): 209-217  
Zhao J, Bao H, Zhang Y. *Jiangsu Agric Sci*, 2024, **52**(12): 209-217
- [13] Otsu N. A threshold selection method from gray-level histograms. *IEEE Trans Syst Man Cybern*, 1979, **9**(1): 62-66
- [14] Toda Y, Okura F. How convolutional neural networks diagnose plant disease. *Plant Phenomics*, 2019, **2019**: 9237136
- [15] Rebollo-Neira L, Inacio A. Enhancing sparse representation of color images by cross channel transformation. *PLoS One*, 2023, **18**(1): e0279917
- [16] Schwarz Schuler J P, Romani S, Abdel-Nasser M, *et al.* Color-aware two-branch DCNN for efficient plant disease classification. *Mendel*, 2022, **28**(1): 55-62
- [17] Tsouri G R, Li Z. On the benefits of alternative color spaces for noncontact heart rate measurements using standard red-green-blue cameras. *J Biomed Opt*, 2015, **20**(4): 048002
- [18] Howard A, Sandler M, Chen B, *et al.* Searching for MobileNetV3// Lee K M, Forsyth D, Pollefeys M, *et al.* 2019 IEEE/CVF International Conference on Computer Vision (ICCV). Seoul, Korea: IEEE, 2019: 1314-1324
- [19] Tan M, Le Q V. EfficientNet: rethinking model scaling for convolutional neural networks//Chaudhuri K, Salakhutdinov R. Proceedings of the 36th International Conference on Machine Learning (ICML). Long Beach, CA, USA: PMLR, 2019: 6105-6114
- [20] Huang G, Liu Z, Van Der Maaten L, *et al.* Densely connected convolutional networks//Liu Y, Rehg J M, Taylor C J, *et al.* 2017 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). Honolulu, HI, USA: IEEE, 2017: 2261-2269
- [21] He K, Zhang X, Ren S, *et al.* Deep residual learning for image recognition//Bajcsy R, Li F, Tuytelaars T. 2016 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). Las Vegas, NV, USA: IEEE, 2016: 770-778
- [22] Zoph B, Vasudevan V, Shlens J, *et al.* Learning transferable architectures for scalable image recognition//Brown M S, Morse B, Peleg S. 2018 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition. Salt Lake City, UT, USA: IEEE, 2018: 8697-8710

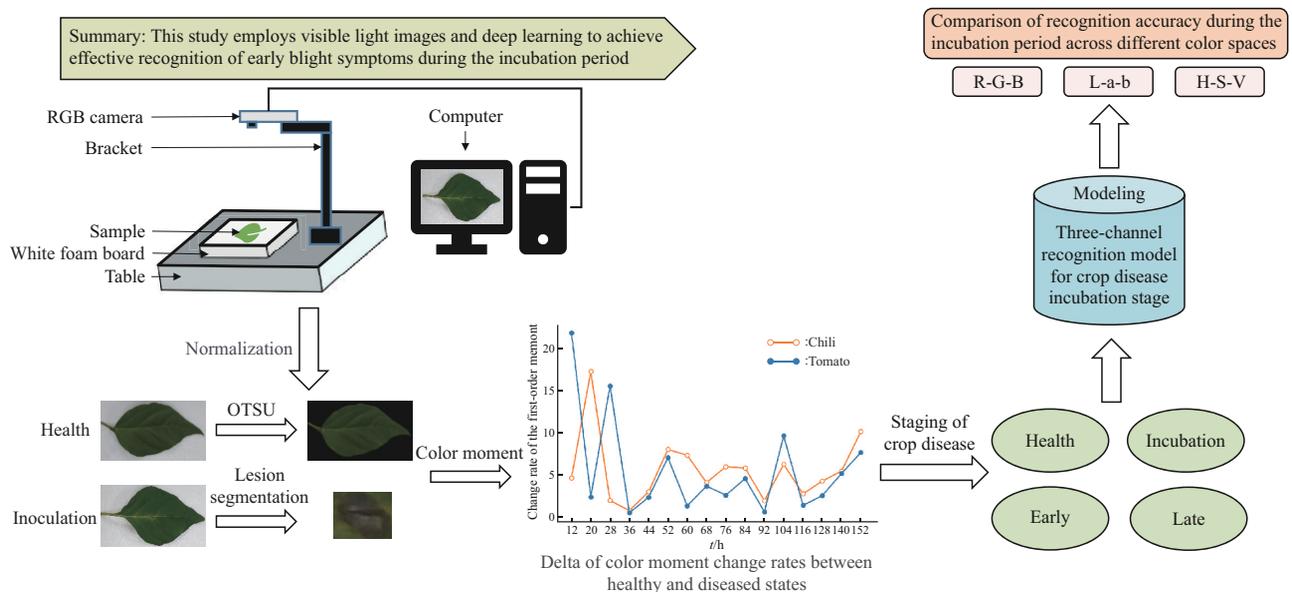
## Three-channel Recognition Model Based on Visible Light Images for Crop Disease Incubation Stage\*

PANG Hao<sup>1)</sup>, ZHANG Yan<sup>1,2)\*\*</sup>

<sup>1)</sup>College of Big Data and Information Engineering, Guizhou University, Guiyang 550025, China;

<sup>2)</sup>Nondestructive Testing Engineering Research Center for Agricultural Products of Department Education in Guizhou Province, Guiyang University, Guiyang 550005, China)

### Graphical abstract



**Abstract Objective** Early detection of crop diseases is crucial for effective agricultural management and yield protection. While visible light imaging has been widely applied for disease detection due to its accessibility and non-destructive nature, most existing methods primarily focus on identifying diseases during the symptomatic phase, when visual symptoms are already prominent. However, detecting plant diseases during the incubation period—when symptoms are still subtle or invisible—remains a major challenge due to the lack of distinctive visual cues and limited research methodologies. This study aims to address this gap by proposing a novel three-channel recognition model to accurately identify early blight symptoms during the incubation stage in Solanaceae crops, particularly in chili and tomato, using only visible light images. **Methods** We established a controlled experimental setup in which healthy leaves and leaves inoculated with early blight pathogens were photographed continuously over time. A total of 1 258 visible light images were collected, capturing various stages of disease

\* This work was supported by grants from The National Natural Science Foundation of China (62265003, 62141501).

\*\* Corresponding author.

Tel: 86-15180800851, E-mail: Eileen\_zy001@sohu.com

Received: May 7, 2025 Accepted: August 7, 2025

progression. From these images, lesion regions were manually annotated. To quantitatively characterize early and subtle color changes within the lesion areas, we extracted color moments—first-order (mean), second-order (standard deviation), and third-order (skewness)—from multiple color spaces, including Lab and HSV. By analyzing the temporal variation of these color moments across disease progression stages, we identified the first-order moment of the saturation (S) channel in the HSV color space as the most sensitive indicator of lesion development on inoculated leaves. Using this insight, we defined four disease categories: healthy, incubation stage, early stage, and late stage. Subsequently, a three-channel classification model was constructed by integrating features from three color channels that provided complementary information. Three-channel models were constructed based on R-G-B, L-a-b, and H-S-V color spaces, respectively, to evaluate performance across different crops and to determine which color representation provides the most discriminative power for identifying disease symptoms during the incubation period. **Results** The proposed models demonstrated strong classification performance. The three-channel model built using the Lab color space achieved a 94.44% accuracy in recognizing the incubation stage of early blight in pepper, effectively distinguishing subtle pre-symptomatic features from healthy tissue. The model based on the HSV color space achieved 100% accuracy in detecting incubation-stage symptoms in tomato, underscoring the discriminative power of S-channel variations in this context. These results confirm the model's capability to identify early blight before visible lesions become pronounced, which is essential for timely disease intervention. **Conclusion** This study presents a new technical pathway for early-stage disease detection using visible light images by focusing on subtle color feature changes during the incubation period. The proposed three-channel recognition model effectively identifies early blight in both chili and tomato, offering a non-destructive, low-cost, and easily deployable solution for early warning and precision agriculture. Furthermore, this framework can be generalized to other crops and diseases where early detection plays a critical role in minimizing yield losses and ensuring sustainable production. The method lays a solid foundation for future research in pre-symptomatic plant disease recognition and provides valuable tools for intelligent crop monitoring and precision management systems.

**Key words** deep learning, color features, visible light images, incubation period, early blight

**DOI:** 10.3724/j.pibb.2025.0209

**CSTR:** 32369.14.pibb.20250209