

基于骨架和最优传输距离的玉米点云茎叶分割和表型提取

朱超, 苗腾*, 许童羽, 李娜, 邓寒冰, 周云成

(1. 沈阳农业大学信息与电气工程学院, 沈阳 110866; 2. 辽宁省农业信息化工程技术研究中心, 沈阳 110866)

摘要: 针对当前三维点云分割方法难以精确分割玉米植株顶部新叶的问题, 该研究提出一种基于点云骨架和最优传输距离的玉米点云茎叶分割方法。首先利用拉普拉斯骨架提取算法获得植株骨架; 其次根据玉米形态结构特征将植株骨架分解成器官子骨架, 并实现器官粗分割; 再以最优传输距离作为点云距离度量, 采用从上到下的顺序对未分割点云进行精细分割; 最后自动提取株高、冠幅、茎高、茎粗、叶长和叶宽 6 种表型参数。研究结果表明, 茎叶分割的平均精确度、平均召回率、平均微 F1 分数和平均总体准确率分别为 0.967、0.961、0.964 和 0.967; 6 个表型参数的提取值与实测值具有较强的相关性, 决定系数分别为 0.99、0.99、0.96、0.97、0.93 和 0.96。该研究方法能对茎叶器官进行精确分割, 为玉米高通量表型检测、三维几何重建等提供了一种有效技术手段。

关键词: 植物; 表型; 机器视觉; 玉米; 点云分割; 骨架提取; 最优传输距离

doi: 10.11975/j.issn.1002-6819.2021.04.023

中图分类号: TP391.4

文献标志码: A

文章编号: 1002-6819(2021)-04-0188-11

朱超, 苗腾, 许童羽, 等. 基于骨架和最优传输距离的玉米点云茎叶分割和表型提取[J]. 农业工程学报, 2021, 37(4): 188-198. doi: 10.11975/j.issn.1002-6819.2021.04.023 http://www.tcsae.org

Zhu Chao, Miao Teng, Xu Tongyu, et al. Segmentation and phenotypic trait extraction of maize point cloud stem-leaf based on skeleton and optimal transportation distances[J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering (Transactions of the CSAE), 2021, 37(4): 188-198. (in Chinese with English abstract) doi: 10.11975/j.issn.1002-6819.2021.04.023 http://www.tcsae.org

0 引言

玉米 (*Zea mays* L.) 是世界上重要的粮食作物, 其产量对保障全球粮食供应至关重要。表型分析可辅助玉米育种, 提高玉米产量^[1]。传统表型参数获取方法主要是人工测量, 效率低、主观性强、破坏性强^[2]。近年来, 计算机视觉技术的发展为作物表型参数的自动测量提供了条件^[3-4]。

基于二维数字图像的视觉技术率先被应用于植物表型参数的提取^[5-7]。Granier 等^[8]设计了 Phonopsis 成像系统, 通过图像提取叶片和根的生长信息来监测植物对土壤水分的响应。Pan 等^[9]使用高分辨率的数码相机图像来估计作物覆盖率。Tanabata 等^[10]利用图像分析方法识别水稻种子轮廓并计算种子长、宽、周长等性状参数。

随着三维激光扫描仪^[11]、飞行时间相机^[12]以及激光雷达^[13]等三维传感器的普及, 基于三维点云的视觉技术被用于作物表型研究, 如作物识别^[14]、长势监测^[15]、冠层重建^[16-17]以及各类表型参数的测量^[18-21]等, 这些研究证明了从三维空间提取植物表型具有更高的稳健性和准确性^[22-23]。为了提取器官尺度的表型参数, 需要在植株点

云上进行器官分割。Wu 等^[24]提取玉米植株的三维骨架, 并在骨架上实现器官分割, 进而提取叶、茎尺度的表型参数。Elnashef 等^[25]提出了一种基于张量的三维点云分类与分割算法, 利用一阶和二阶张量分析实现茎、叶点云分类, 再采用基于密度的空间聚类算法^[26]对叶片进行分割, 但这种聚类方法不能处理顶部新叶点云紧密挨在一起的情况。Jin 等^[27]开发了基于中值归一化向量的区域生长茎叶分割算法, 该算法首先手动标记出茎底部的点云, 然后通过中值归一化向量计算区域生长方向, 从叶基到叶尖依次对每个叶片进行分割。该方法简单有效, 对中部叶片的分割效果很好, 但对于新叶, 容易出现误分割现象。

目前, 玉米植株点云的茎叶分割方法对于完全展开的叶片是有效的, 但是对于间距小或相互包裹在一起的新生叶, 分割效果仍然较差。针对该问题, 本研究提出一种基于骨架和最优传输距离的茎叶点云分割方法, 尝试自动对植株顶部的新生叶进行准确分割, 为玉米高通量表型检测、三维几何重建提供技术手段。

1 材料与方法

1.1 点云数据获取与预处理

田间试验于 2019 年 5 月至 7 月在沈阳农业大学玉米试验田进行。选取种植行距 60 cm、株距 25 cm 的苗期、拔节期玉米为研究对象, 使用 FreeScan X3 手持激光扫描仪进行三维点云获取, 该激光扫描仪的主要参数如表 1 所示。

数据采集时, 为防止玉米叶片萎蔫, 将植株移植到

收稿日期: 2020-09-21 修订日期: 2020-11-23

基金项目: 国家自然科学基金 (31901399); 辽宁省重点研发计划项目 (2019JH2/10200002); 中国博士后基金 (2018M631821)

作者简介: 朱超, 博士生, 研究方向为作物表型检测技术。

Email: 20161008@stu.syau.edu.cn

*通信作者: 苗腾, 博士, 副教授, 研究方向为数字植物技术和表型检测技术。Email: miaoteng@syau.edu.cn

盆中后立即浇水，随即将玉米转移到室内进行点云数据采集。由于 FreeScan X3 扫描仪需要借助激光感光片进行三维定位，因此数据采集时，将粘贴有感光片的多个支架围在植株四周，保证激光线能同时扫描到植株和感光片。为提高数据获取质量，采集时将扫描仪与玉米植株之间的距离控制在 300 mm 之内。整个数据获取过程如图 1a 所示。扫描得到的原始点云数据中除了植株外，还包含了部分支架和花盆的点云（图 1b）。使用三维点云处理软件 CloudCompare 将支架点和花盆点云手动去除，并进行下采样处理，得到最终的玉米植株点云（图 1c）。

下采样后，每个植株点云包含 5 000~8 000 个点，该数量的点云即可保留玉米植株的形态特征，也能对骨架进行高效提取。

表 1 FreeScan X3 激光扫描仪主要参数
Table 1 Main parameters of FreeScan X3 laser scanner

参数 Parameters	数值 Values
测量速率 Measuring rate/MHz	0.24
测距误差 Range error/mm	<0.3
最大测程 Maximum range/m	<6
分辨率 Resolution/mm	0.1

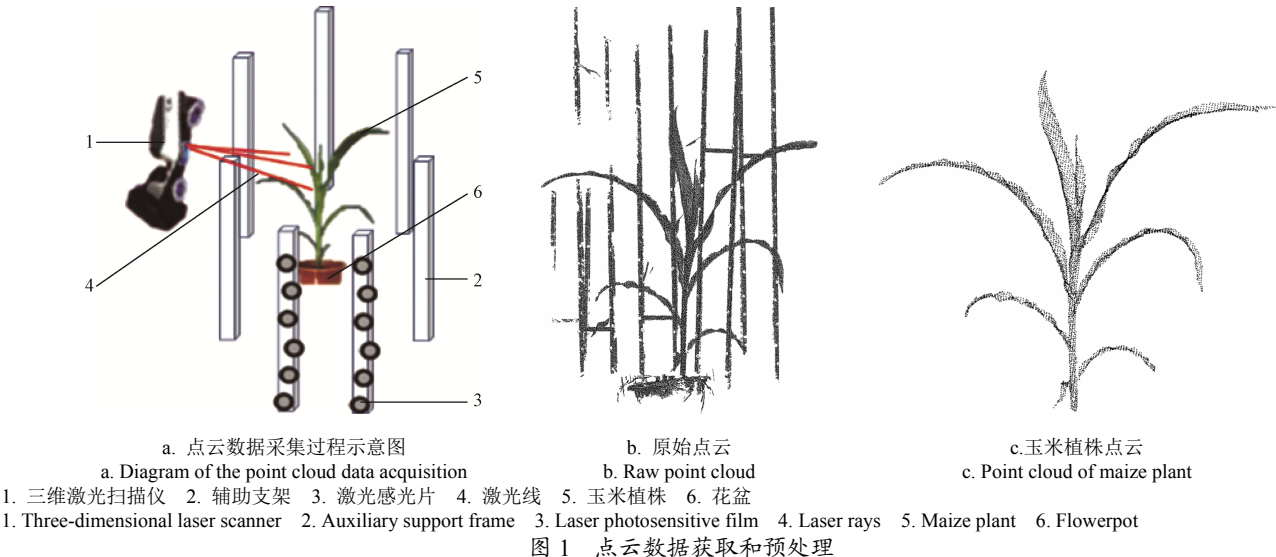


Fig.1 Point cloud data acquisition and preprocessing

1.2 茎叶分割方法

本研究提出的茎叶分割方法以植株散乱点云为输入，通过骨架提取、骨架分解、点云坐标系变换、粗分割、精细分割和表型参数提取 6 个主要步骤，实现对茎叶器官的准确分割和表型参数的自动测量。

1.2.1 骨架提取

采用拉普拉斯骨架提取算法^[28]生成玉米植株骨架。给定一个玉米植株点云集合 P ，首先找到 P 中每个点的 K 近邻点计算拉普拉斯坐标，并利用拉普拉斯收缩操作将 P 收缩成零体积点云集合 C ， K 为用户设定的最近邻参数；其次，使用最远距离采样策略从 C 中采样得到骨架顶点集合 U ；然后将 U 中所有相邻的骨架顶点相连，任意 2 个相邻顶点均会生成 1 条边，所有边形成的边集合用符号 E' 表示；最后，使用边塌缩操作从边集合 E' 中去除冗余边，形成最终的边集合 E 。由骨架顶点集合 U 和边集合 E 表示的无向图 $G=(U,E)$ ，即为提取出的植株骨架。该骨架提取算法还为 U 中的每个骨架顶点保存了一个对应的点云集合。使用 u_i 表示 U 中第 i 个 ($i>0$) 骨架顶点，其对应的点云集合用 C_i 表示， u_i 由 C_i 中的点云通过拉普拉斯收缩和最远距离采样操作获得。每个对应点云集合 C_i 都是植株点云集合 P 的子集，且 $C_1 \cup C_2 \cup \dots \cup C_N = P$ ， N 为骨架顶点的个数。拉普拉斯骨架提取算法生成的玉米植株骨架如图 2 所示，整个骨架由边和骨架顶点构成。称 1 条边上的 2 个顶点互为邻居，根据顶点邻居数量的

不同，可将骨架顶点分为 3 类：

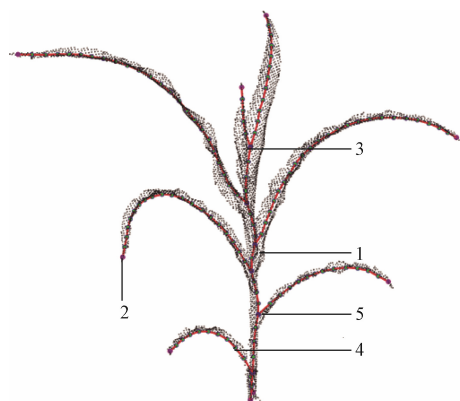
- 1) 根顶点：仅有 1 个邻居的骨架顶点。
- 2) 连接顶点：有 2 个以上邻居的骨架顶点。
- 3) 分支顶点：只有 2 个邻居的骨架顶点。

拉普拉斯骨架提取算法中的最近邻参数 K 会显著影响植株骨架的提取结果。 K 值越大，骨架越光滑，抗噪声能力越强，但对顶部新生叶局部骨架的提取能力减弱。但过小的 K 值会增加冗余边，需要更多次的边塌缩操作来进行删除，从而减慢骨架提取算法的处理速度。通过试验，本研究明确了对参数 K 的 2 种设定方案。第一种方案针对顶部叶片间距较大的植株， K 参数设为 16；第二种针对顶部叶片间距较小的植株， K 参数设为 6。2 种 K 参数设定方案对玉米植株骨架提取效果的影响如图 3 所示。植株顶部 2 个叶片间距较小时，如果采用第一种 K 参数设定方案，则其中 1 个叶片的骨架丢失（图 3a），而采用第二种方案，新叶上半部的局部骨架被正确提取（图 3b）。植株顶部叶片间距较大时，无论采用哪种方案，顶部叶片骨架均能正确提取（图 3c 和图 3d）。

1.2.2 骨架分解

得到植株骨架之后，需将其分解为茎子骨架和叶片子骨架。从图 2 中的植株骨架拓扑结构可以看出，在根顶点中，存在唯一一根顶点由茎点云生成（称为茎根顶点），其余根顶点均由叶尖点云生成（称为叶根顶点）。只需找到茎根顶点，即可较容易地识别出茎子骨架，进而提

取叶子骨架, 因此茎根顶点是后续骨架分解的基础。



1. 植株点云 2. 根顶点 3. 连接顶点 4. 分支顶点 5. 边
1. Plant cloud point 2. Root vertex 3. Joint vertex 4. Branch vertex 5. Edge
图 2 植株骨架

Fig.2 Plant skeleton

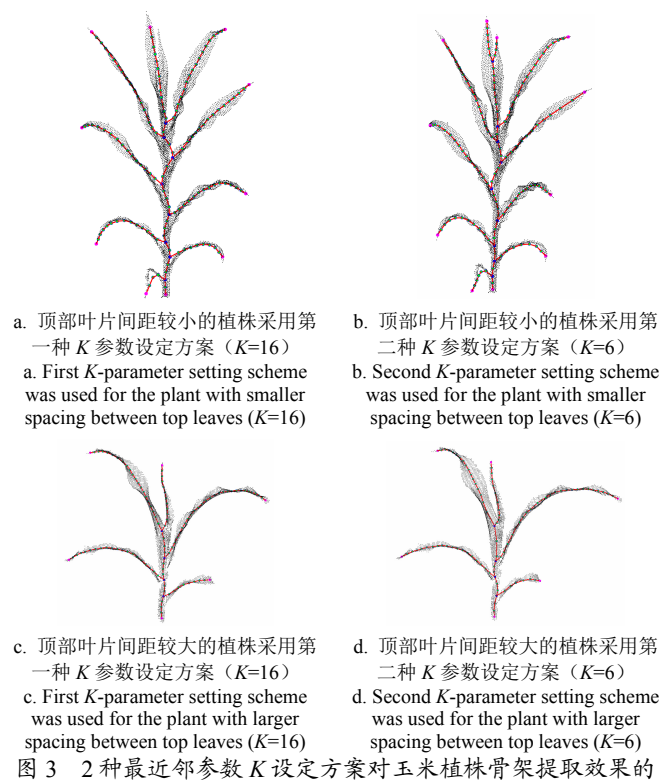


图 3 2 种最近邻参数 K 设定方案对玉米植株骨架提取效果的影响

Fig.3 Effects of two setting schemes of nearest neighbor parameter K on maize plant skeleton extraction

很多研究利用深度相机获取植株点云数据。在数据获取时可通过调整相机位置使植株点云所在坐标系的某个坐标轴与植株生长方向重合, 因此通过坐标值即可较容易地确定茎点云的位置^[29-30]。但是手持激光三维扫描仪获取的点云数据属于散乱点云, 点云与所在空间坐标系间的关系是随机的, 因此植株生长方向并未与某个坐标轴重合, 这增大了茎根顶点的识别难度。本研究利用叶片形态特征对茎根顶点进行识别, 具体步骤如下:

1) 提取根连子骨架

采用迪杰斯特拉算法^[31]提取每个根顶点到其拓扑距离最近的连接顶点间的最短路径, 将最短路径形成的局

部骨架称为根连子骨架。随后对每个根连子骨架中的顶点进行重排序。排序时, 以根顶点作为子骨架的第一个顶点, 并按边的连接顺序依次排列剩余顶点。

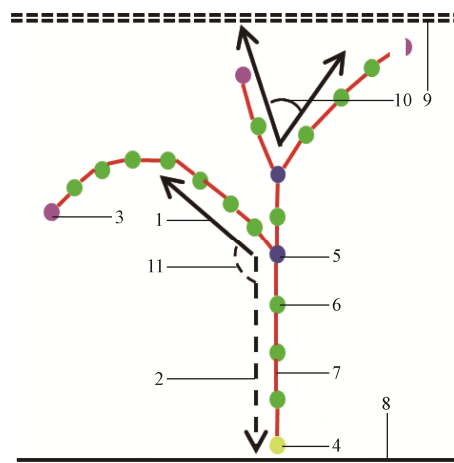
2) 计算根连子骨架的单位方向向量

对于排序后的任一根连子骨架, 选择中间位置的顶点和末端顶点, 两者的空间坐标分别用符号 v_1 和 v_2 表示。利用上述 2 个顶点计算根连子骨架的单位方向向量空间坐标 V , 计算如式 (1) 所示

$$V = \frac{v_1 - v_2}{\|v_1 - v_2\|} \quad (1)$$

3) 利用叶片形态特征识别茎根顶点

观察发现, 正常玉米叶片中间到叶基的区域均朝向天空方向, 因此叶片根连子骨架的方向向量也会朝向天空, 相反茎根连子骨架的方向向量会朝向地面, 2 类子骨架方向向量的示意图如图 4 所示。其中, 2 个叶片根连子骨架的方向向量间的夹角会小于 $\pi/2$; 而茎根连子骨架的方向向量与叶片根连子骨架的方向向量的夹角会大于 $\pi/2$ 。因此通过计算不同根连子骨架方向向量之间的夹角即可识别茎根顶点, 具体计算方法如下。



1. 叶片根连子骨架的方向向量 2. 茎根连子骨架的方向向量 3. 叶根顶点 4. 茎根顶点 5. 连接顶点 6. 分支顶点 7. 边 8. 地面 9. 天空 10. 2 个叶片根连子骨架方向向量间的夹角 11. 茎根连子骨架方向向量与叶片根连子骨架方向向量的夹角

1. Direction vector of leaf root-joint sub-skeleton 2. Direction vector of stem root-joint sub-skeleton 3. Leaf root vertex 4. Stem root vertex 5. Joint vertex 6. Branch vertex 7. Edge 8. Ground 9. Sky 10. The angle between the direction vectors of two leaf root-joint sub-skeletons 11. The angle between the direction vector of stem root-joint sub-skeleton and the direction vector of leaf root-joint sub-skeleton

图 4 茎、叶根连子骨架方向向量示意图

Fig.4 Schematic diagram of direction vectors of stem root-joint sub-skeleton and leaf root-joint sub-skeleton

用符号 V_τ 表示第 τ 个根连子骨架的单位方向向量, 用符号 V_φ 表示第 φ 个根连子骨架的单位方向向量, 则 2 个子骨架之间的夹角 ($\theta_{\tau\varphi}$, rad) 可通过式 (2) 计算。

$$\theta_{\tau\varphi} = \arccos(V_\tau \cdot V_\varphi) \quad (2)$$

利用式 (2) 计算每个根连子骨架与其他所有根连子骨架的夹角, 并求其平均值, 平均值大于 $\pi/2$ 的子骨架即为茎根连子骨架, 该子骨架中的根顶点即为茎根顶点, 其余根连子骨架的根顶点均为叶根顶点。

识别出根顶点的类型后, 将植物骨架分解成多个叶

片子骨架和1个茎子骨架。在植物骨架无向图 G 中, 叶片根连子骨架直接作为叶片子骨架; 采用迪杰斯特拉算法^[31]提取茎根顶点到其最远连接顶点的最短路径作为茎子骨架, 并对茎子骨架的顶点进行排序, 以茎根顶点作为子骨架的第1个顶点, 并按边的连接顺序依次排列剩余顶点。

1.2.3 点云坐标系变换

三维扫描仪获取的散乱点云数据与所在空间坐标系间的关系是随机的, 不利于通过空间坐标值来判断点在植株上的相对位置, 因此本研究构建了一个更符合玉米形态特征的植株坐标系, 并将点云坐标从原始坐标系转换到植株坐标系中。利用骨架分解得到的茎子骨架构建植株坐标系, 具体包含以下3个步骤:

1) 采用随机抽样一致算法^[32]对茎子骨架中的骨架顶点进行单位方向向量拟合, 该向量用符号 L_1 表示, L_1 的负方向指向茎根顶点。

2) 将植株点云投影到与 L_1 垂直的二维平面获得二维投影点, 采用主成分分析算法^[33]计算投影点的第一主成分向量和第二主成分向量, 分别用符号 L_2 和 L_3 表示。

3) 构建植株坐标系: 茎根顶点作为植株坐标系的原点 O ; 方向向量 L_2 、 L_3 和 L_1 分别作为植株坐标系的 X 轴、 Y 轴和 Z 轴。

得到植株坐标系后, 将植株点云和骨架顶点的坐标值从原始坐标系转换到植株坐标系。对于任意三维点 p , 设其在原始坐标系下的三维坐标为 $(p(x)', p(y)', p(z)')$, 在植株坐标系下的坐标为 $(p(x), p(y), p(z))$, 2组坐标值的转换可通过式(3)计算得到。

$$\begin{bmatrix} p(x) \\ p(y) \\ p(z) \\ 1 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} L_3(x) & L_3(y) & L_3(z) & 0 \\ L_2(x) & L_2(y) & L_2(z) & 0 \\ L_1(x) & L_1(y) & L_1(z) & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & -O(x) \\ 0 & 1 & 0 & -O(y) \\ 0 & 0 & 1 & -O(z) \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} p(x)' \\ p(y)' \\ p(z)' \\ 1 \end{bmatrix} \quad (3)$$

式中 $L_1(x)$ 、 $L_1(y)$ 、 $L_1(z)$ 分别表示原始坐标系下, 方向向量 L_1 的 X 、 Y 、 Z 轴坐标值; 同理, $L_2(x)$ 、 $L_2(y)$ 、 $L_2(z)$ 表示 L_2 在原始坐标系下的 X 、 Y 、 Z 轴坐标值; $L_3(x)$ 、 $L_3(y)$ 、 $L_3(z)$ 表示 L_3 在原始坐标系下的 X 、 Y 、 Z 轴坐标值; $O(x)$ 、 $O(y)$ 、 $O(z)$ 表示植株坐标系原点 O 在原始坐标系下的 X 、 Y 、 Z 轴坐标值。

在植株坐标系下, 可通过 Z 轴坐标来明确一个点在植株上的高度, Z 坐标越大, 该点在植株上所处的位置越高。本研究后续的分割算法均在植株坐标系中进行。

1.2.4 粗分割

为了便于描述后续点云分割过程, 定义 $\mathcal{O}_u$ 表示未分割的点云集合; 定义 A_0 表示已分割的茎点云集合; 定义 $A_k(1 \leq k \leq m)$ 表示已分割的叶片点云集合, 其中 m 表示叶片子骨架的数量。将茎点云集合和叶片点云集合统称为器官点云集合。

利用分解出的茎、叶子骨架进行粗分割。在骨架提取时, 已为每个骨架顶点 u_i 均保存了一个对应点云集合 C_i , 借助这些对应点云集合可以实现茎叶器官的粗分割。粗分割的具体步骤如下:

1) 叶片点云粗分割

对于每个叶片子骨架, 提取该子骨架中的所有骨架顶点, 并将这些骨架顶点的对应点云集合合并, 形成一个叶片点云集合。每个叶片子骨架均会分割出一个叶片点云集合, 因此当叶片子骨架个数为 m 时, 最终分割得到的叶片点云集合数量也为 m 。

2) 茎点云粗分割

将茎子骨架中骨架顶点的对应点云集合合并, 形成唯一的茎点云集合 A_0 。

茎叶粗分割结果如图 5a 所示, 其中, 大量叶基部的点云被误分割到茎中, 因此需要进行精细分割将这些误分割点从茎中移除, 并分割到正确的叶片中。

1.2.5 精细分割

首先通过3个约束操作从茎点云集合 A_0 中提取非茎点云, 具体步骤如下:

1) 高度约束

高度约束要求茎点云高度不能过高, 超过一定高度的点大概率属于叶片。在茎子骨架中, 按照骨架顶点排列顺序, 倒序遍历顶点, 找到第二个出现的连接顶点, 将该连接顶点的 Z 坐标值作为阈值, 与 A_0 中点云的 Z 坐标进行比较, 高于阈值的点从 A_0 中移除, 并加入未分割点云集合 $\mathcal{O}_u$ 中。

2) 半径约束

半径约束要求茎点云与茎中轴的距离不能过大, 超过一定距离的点大概率属于叶片。首先计算 A_0 集合中所有点 Z 坐标的中值 z_1 ; 再从 A_0 中选出 Z 坐标小于 $z_1/2$ 的点拟合茎中轴, 并计算这些点到茎中轴距离的平均值 r_c 。如果 A_0 中某个点到茎中轴的距离大于 αr_c (α 为用户设定的半径参数, $\alpha > 0$), 则将其从 A_0 中移除, 并加入集合 $\mathcal{O}_u$ 中。

3) 距离约束

距离约束要求茎点云彼此之间的距离不能过大, 超过一定范围的点大概率属于叶片。首先采用 K-dTree 搜索方法找到 A_0 中每个点的 32 个空间邻近点, 并计算该点到其所有邻近点的平均距离; 随后估算所有平均距离的平均值 d 和方差 s 。如果某个点到其 32 个空间邻近点的平均距离大于 $d+s$, 则将该点从 A_0 中移除, 并加入集合 $\mathcal{O}_u$ 中。

通过上述3个约束操作, 将 A_0 中可能属于叶片的点转移到 $\mathcal{O}_u$ 中, 转移之后的结果如图 5b 所示。

接下来, 采用基于最优传输距离的茎叶分割算法, 将 $\mathcal{O}_u$ 中的未分割点依次分割到对应的器官点云集合中, 实现精细分割。茎叶分割算法的具体步骤如下:

1) 计算植株点云的最优传输距离矩阵

本研究采用最优传输距离作为两点之间的距离度量。假设植株点云 P 共有 n 个点, $p_h(1 \leq h \leq n)$ 表示 P 中第 h 个点的三维坐标, $p_l(1 \leq l \leq n)$ 表示 P 中第 l 个点的三

维坐标。 p_h 与 p_l 之间的最优传输距离 d_{hl} 可通过基于 Sinkhorn 散度的最优传输算法^[34]计算得到。该算法构建的约束方程如式 (4) 所示。

$$\arg \min_{d_{hl}} \sum_{h=1}^n \sum_{l=1}^n \frac{\|p_h - p_l\|}{d_{hl}} + \frac{1}{\varepsilon} \sum_{h=1}^n \sum_{l=1}^n \frac{1}{d_{hl}} \lg \frac{1}{d_{hl}}$$

$$s.t. \quad d_{hl} > 0; \quad \sum_{l=1}^n \frac{1}{d_{hl}} = \frac{1}{n}; \quad \sum_{h=1}^n \frac{1}{d_{hl}} = \frac{1}{n} \quad (4)$$

式中 ε 为用户设定的光滑参数。

通过 Sinkhorn 固定迭代法^[35]对式 (4) 进行求解, 得到一个最优传输距离矩阵 $\mathbf{D}$, 该矩阵为 $n \times n$ 方阵, 矩阵中的元素为 2 个点之间最优传输距离的倒数, 例如, $\mathbf{D}$ 中第 h 行、第 l 列的数值即为点 p_h 和点 p_l 之间的最优传输距离的倒数 $1/d_{hl}$ 。因此, 得到矩阵 $\mathbf{D}$ 后, 即可获得任意 2 个点之间的最优传输距离。光滑参数 ε 的设定会影响矩阵 $\mathbf{D}$ 的结果, ε 越大, $\mathbf{D}$ 矩阵对角线上的元素值越接近 $1/n$, 其余位置元素值越接近 0; ε 越小, $\mathbf{D}$ 矩阵对角线上的元素值越小于 $1/n$, 其余位置元素值越大于 0。

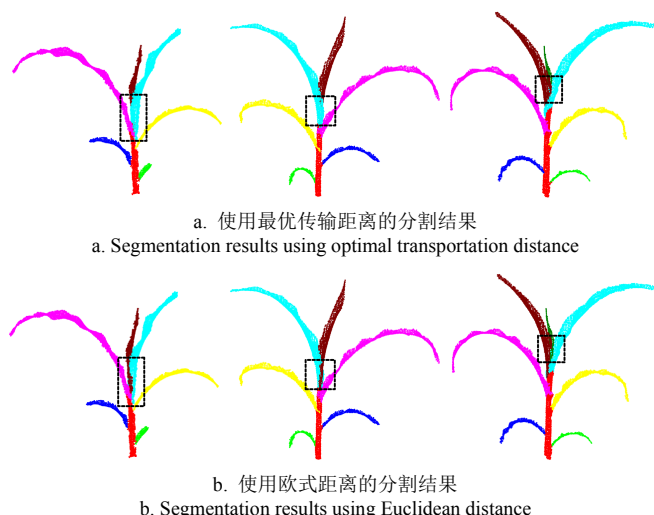
2) 未分割点云排序

为提高新生叶的分割精度, 本研究采用从植株上部到下部的顺序对 $\mathcal{O}_u$ 中的未分割点依次进行分割。将 $\mathcal{O}_u$ 中的点根据 Z 坐标值按从大到小的顺序进行排序, 之后依次取出, 执行步骤 3。

3) 点分割

从 $\mathcal{O}_u$ 中取出 1 三维点 p , 计算其到每个器官点云集合的距离。三维点 p 到一个器官点云集合的距离被定义为 p 与集合中所有点的最优传输距离的最小值。比较点 p 与所有器官点云集合之间的距离, 将点 p 加入到距离最小的器官集合中。循环执行步骤 3, 直到 $\mathcal{O}_u$ 集合为空。精细分割的结果如图 5c 所示。

本研究采用了最优传输距离作为两点之间的距离度量。相比于欧氏距离, 在本研究的分割流程中, 使用最优传输距离能够更好地处理顶部大叶包裹小叶的情况。采用 2 种距离的顶部叶片分割效果对比如图 6 所示, 其中, 在含有大叶包裹小叶情况的点云区域, 采用最优传输距离能够将最外部的大叶点云正确分割出来, 而欧式距离会将大叶点云误分割为小叶点云。



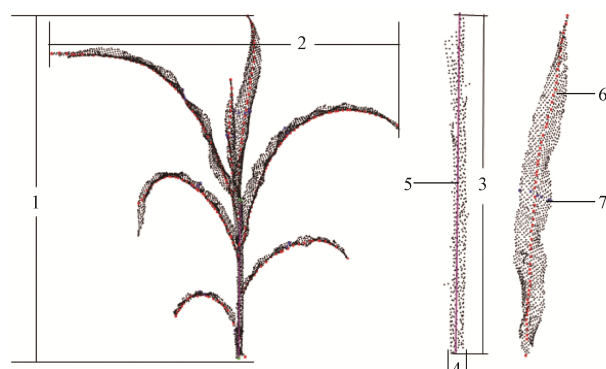
注: 虚线框内标注了存在大叶包裹小叶情况的点云区域。
Note: Dotted line box indicates the point cloud area where the big leaves wrap the small leaves.

图 6 使用最优传输距离和欧式距离的新叶分割效果的对比

Fig.6 Effect comparison of new leaf segmentation using optimal transportation distance and Euclidean distance

1.2.6 表型参数提取

利用分割出的叶、茎器官点云提取表型参数, 表型参数提取方法如图 7 所示。



1.株高, cm; 2.冠幅, cm; 3.茎高, cm; 4.茎粗, cm; 5.茎中轴;
6.叶长路径; 7.叶宽路径
1.Plant height, cm; 2.Crown diameter, cm; 3.Stem height, cm; 4.Stem diameter, cm; 5.Central axis of stem; 6.Leaf length path; 7.Leaf width path

图 7 表型参数提取方法示意图

Fig.7 Schematic diagram of phenotypic parameters extraction method

株高参数 (cm) 提取值为植株点云 Z 坐标最大值和最小值的差值; 冠幅参数 (cm) 提取值为植株点云 X 坐标最大值和最小值的差值。

利用茎点云提取茎高 (cm) 和茎粗 (cm) 参数。首先使用随机抽样一致算法拟合茎点云的中轴线段, 该线段的长度作为茎高参数; 之后计算每个茎点云到中轴的距离, 所有距离的中值的 2 倍作为茎粗参数。

利用叶片点云提取叶长 (cm) 和叶宽 (cm) 参数。首先采用主成分分析方法计算叶片点云的 3 个主成分轴。其中第 1 主成分轴的 2 个端点之间的最短路径称为叶长路径, 将该路径的长度作为提取的叶长参数。为了提取叶宽参数, 首先沿叶长路径将叶点云切分成 11 个区间; 然后在中间区间的点云中找到沿第 2 主成分轴的 2 个端点, 并提取两者

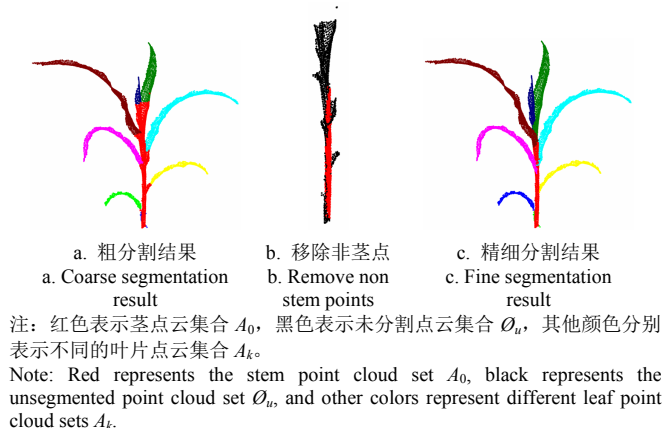


图 5 茎叶分割示意图

Fig.5 Schematic diagram of stem-leaf segmentation

之间的最短路径 T_1 ，同时在这些点云中找到第3主分量轴的2个端点，并提取两者之间的最短路径 T_2 ，将 T_1 和 T_2 中的最长路径作为叶宽路径，其长度即为叶宽参数。

1.3 评价指标

本研究选取30株不同形态的玉米植株点云对茎叶分割和表型提取方法进行定量评估。

使用精确度 (Precision)、召回率 (Recall)、微 F1 分数 (Micro F1-score) 和总体准确率 (Overall accuracy) 对单个植株点云的茎叶分割精度进行评估^[27]。利用 CloudCompare 软件手动分割植株点云获得分割真实值。假设1个玉米植株点云共有 n_1 个点、 M_1 个器官，对于其中第 λ 个器官点云集合，用 TP_λ 表示属于该器官的点云被正确分割为该器官的点数量，用 FP_λ 表示不属于该器官的点云被误分割为该器官的点数量，用 FN_λ 表示属于该器官的点云被误分割为其他器官的点数量，则该器官点云的器官精确度 P_λ 和器官召回率 R_λ 可通过式 (5) 和式 (6) 计算得出。

$$P_\lambda = \frac{TP_\lambda}{TP_\lambda + FP_\lambda} \quad (5)$$

$$R_\lambda = \frac{TP_\lambda}{TP_\lambda + FN_\lambda} \quad (6)$$

玉米植株茎叶分割的精确度、召回率、微 F1 分数和可通过式 (7) ~ 式 (10) 进行计算。

$$\text{Precision} = \frac{1}{M_1} \sum_{\lambda=1}^{M_1} P_\lambda \quad (7)$$

$$\text{Recall} = \frac{1}{M_1} \sum_{\lambda=1}^{M_1} R_\lambda \quad (8)$$

$$\text{Micro F1-score} = 2 \times \frac{\text{Precision} \times \text{Recall}}{\text{Precision} + \text{Recall}} \quad (9)$$

$$\text{Overall accuracy} = \frac{\sum_{\lambda=1}^{M_1} TP_\lambda}{n_1} \quad (10)$$

采用线性回归分析评估表型参数的人工实测值与本研究方法提取值之间的关系，并使用决定系数 R^2 (Coefficient of determination) 和均方根误差 (Root Mean Square Error, RMSE) 进行量化评估，计算如式 (11) 和式 (12) 所示

$$R^2 = \frac{\sum_{\eta=1}^{M_2} (q_\eta - \bar{q}_\eta)^2 (\bar{Q}_\eta - \bar{Q}_\eta)^2}{\sum_{\eta=1}^{M_2} (q_\eta - \bar{q}_\eta)^2 \sum_{\eta=1}^{M_2} (\bar{Q}_\eta - \bar{Q}_\eta)^2} \quad (11)$$

$$\text{RMSE} = \sqrt{\frac{1}{M_2} \sum_{\eta=1}^{M_2} (q_\eta - \bar{Q}_\eta)^2} \quad (12)$$

式中 M_2 为表型数据样本个数； η 为表型数据样本标号； q_η 为表型参数提取值； $\bar{q}_\eta$ 为表型参数提取值的平均值； Q_η 为参数人工实测值； $\bar{Q}_\eta$ 为参数实测值的平均值。

2 结果与讨论

2.1 茎叶点云分割

算法在配置为 2.2 GHz CPU、DDR 32 G 内存的笔记

本工作站上进行了测试。算法处理 8 000 个点左右玉米植株，平均处理时间在 16 s，其中 70% 的时间用于骨架提取。

2.1.1 算法参数

影响本研究分割效果的参数主要为半径参数 α 和光滑参数 ε 。

半径参数 α 影响茎点云分割结果，该值越大，分割得到的茎越粗越高； α 值越小，茎越细越短 (图 8)。通过多次试验发现，针对苗期植株点云， $\alpha=1.0$ 能够取得较好的效果；针对拔节期植株， $\alpha=0.8$ 效果较好。

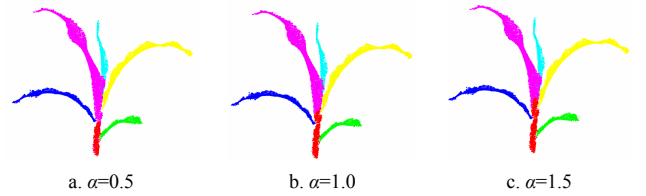


图 8 不同半径参数 (α) 的茎点云分割效果
Fig.8 Segmentation effects of stem point cloud with different radius parameters (α)

光滑参数 ε 会影响最优传输距离矩阵的计算，进而影响精细分割的结果。在本研究的精细分割流程中，相比于欧式距离，采用最优传输距离可以更好地处理大叶包裹小叶的情况。但随着光滑参数 ε 的增大，采用最优传输距离的分割结果会逐渐趋向于采用欧式距离的结果，当 $\varepsilon > 50$ 后，两者效果基本相同。通过试验发现，在本研究中 $\varepsilon=5$ 时分割结果最好。不同光滑参数 ε 值下的分割效果如图 9 所示，当 $\varepsilon=5$ 时，算法对顶部新叶的分割结果要远远好于 $\varepsilon=50$ 和 $\varepsilon=100$ 的情况； $\varepsilon=50$ 和 $\varepsilon=100$ 时的分割结果基本相同，这是因为当 ε 较大时，采用最优传输距离的效果已经等同于欧式距离。

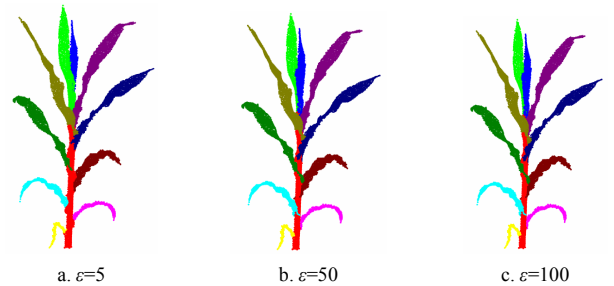


图 9 不同光滑参数 (ε) 的点云分割效果
Fig.9 Segmentation effects of point cloud with different smooth parameters (ε)

2.1.2 茎叶分割精度

将本研究茎叶分割方法与现有常用的点云分割方法进行对比，包括区域增长法^[36]、法线差分法^[37]和基于近似凹凸性分析的方法^[38]。使用其他方法对玉米植株点云进行分割时，针对每个植株数据，均采用穷举策略来调整这些方法中的参数值，选取总体精度值最大的结果作为分割结果参与评估。除了对比上述 3 个方法外，还在本研究的茎叶分割流程中，将最优传输距离替换为欧式距离，形成基于骨架和欧式距离的方法参与结果评估。5 种方法的分割精度对比结果如表 2 所示，本研究提出的基于骨架和最优传输距离的方法结果最好，30 个样本的

平均精确率、平均召回率、平均微 F1 分数和平均总体精度分别为 0.967、0.961、0.964 和 0.967，略高于本研究提出的基于骨架和欧式距离的方法，远远高于另外 3 种方法的各类指标。结果说明，本研究构建的茎叶分割方法流程更加适合进行玉米植株点云分割，而最优传输距离作为点的距离度量要好于欧式距离。

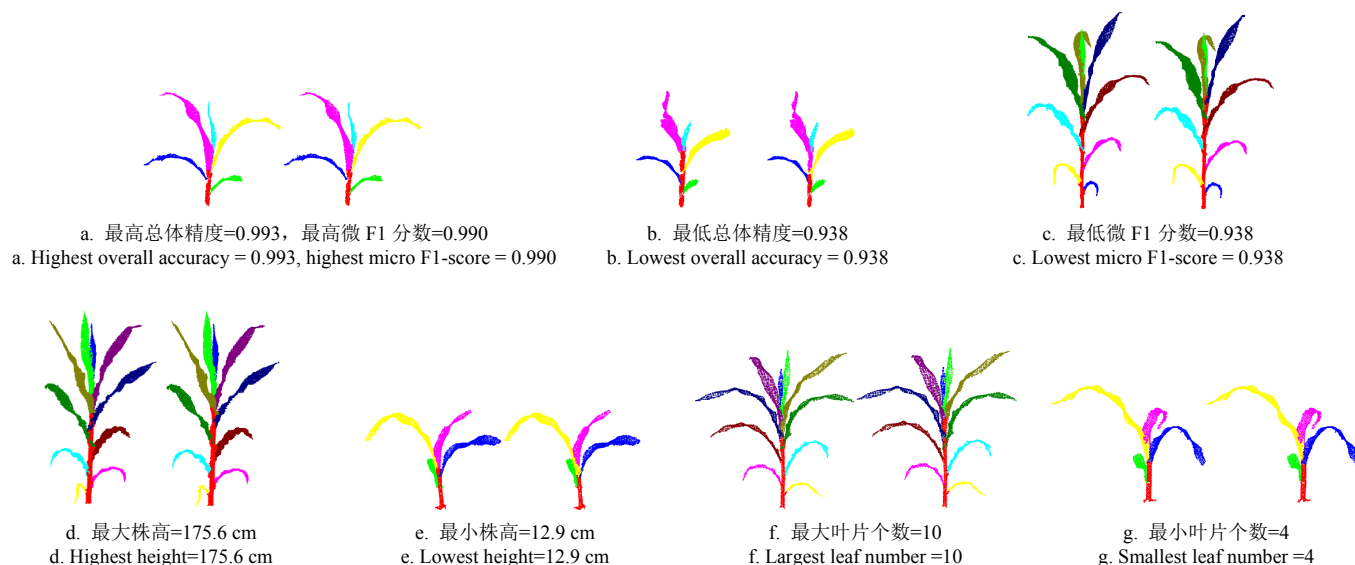
表 2 5 种方法分割精度的对比

Table 2 Comparison of segmentation accuracy of five methods

方法 Methods	平均微 F1 分数 Average of micro F1-scores	平均精 确率 Average of precision	平均召 回率 Average of recall rates	平均总体 准确率 Average of overall accuracy
基于骨架和最优传输距离的分割方法（本研究提出） Segmentation method based on skeleton and optimal transportation distances (Proposed in this study)	0.964	0.967	0.961	0.967
基于骨架和欧式距离的分割方法（本研究提出） Segmentation method based on skeleton and Euclidean distances (Proposed in this study)	0.954	0.953	0.956	0.960
区域增长法 Regional growth method	0.739	0.750	0.731	0.807
法线差分法 Difference of normals operator method	0.765	0.625	0.648	0.753
基于近似凹凸性分析的分割方法 Segmentation method based on approximate convexity analysis	0.674	0.667	0.682	0.731

本研究分割结果的可视化示例图如图 10 所示，分别给出了总体精度最高、最低，微 F1 分数最高、最低，叶片数量最多、最少，植株高度最高、最低的可视化效果，从可视化结果也可以看出，本研究分割的结果与真实值非常相近。

一些点云茎叶分割算法在去除茎点云之后，采用基于欧式距离的聚类方法^[39]或基于密度的空间聚类方法^[25]进行叶片分割。测试了本研究提出的基于骨架和最优传输距离的茎叶分割方法和上述 2 种聚类方法对新叶的分割效果。测试时，将植株的完全展开叶点云删除，只保留最上部的 4 片新叶点云和茎点云，以便更加清晰地对新叶分割结果进行评估。由于 2 种聚类方法不能分割茎，因此在测试时删除茎点云，只对叶片进行分割；但运行基于骨架和最优传输距离的茎叶分割方法时，则保留茎点云。3 种方法对新叶分割精度的对比如表 3 所示，基于骨架和最优传输距离的茎叶分割方法对新叶点云的分割能力要优于其他 2 种聚类方法，其平均微 F1 分数、平均精确率、平均召回率和平均总体准确率达到 0.956、0.957、0.957 和 0.964。由 3 种方法对新叶分割结果的可视化图可知，与手动分割的真实值相比（图 11a），本研究提出的基于骨架和最优传输距离的茎叶分割方法较好地分割出了 4 个新叶（图 11b），而基于欧式距离的聚类方法（图 11c）和基于密度的空间聚类方法（图 11d）均将最外侧的 2 个叶片误分割成同一个叶片，这是由于 2 个叶片的叶基部点云紧密相连导致的。



注：每个子图中，左侧为手动分割的真实值，右侧为本研究方法的分割结果。相同的叶或茎在真实值和本研究方法的分割结果中以相同的颜色表示。
Note: In each subgraph, the left side is the ground truth segmented manually, the right side is the segmentation result proposed in this study. The same leaf or stem is represented by the same color in ground truth and the segmentation result proposed in this study.

图 10 茎叶分割结果可视化图

Fig.10 Visualization images of stem-leaf segmentation results

2.2 表型参数提取

各表型参数提取值与人工实测值的对比如图 12 所示，对比结果表明，株高提取值和实测值之间具有较强的相关性，决定系数 R^2 和均方根误差 RMSE 分别为 0.99 和 1.71 cm；冠幅的 R^2 和 RMSE 分别为 0.99 和 3.44 cm；

茎高的 R^2 和 RMSE 分别为 0.96 和 7.07 cm；茎粗的 R^2 和 RMSE 分别为 0.97 和 0.41 cm；叶宽的 R^2 和 RMSE 分别为 0.93 和 0.85 cm；叶长的 R^2 和 RMSE 分别为 0.96 和 5.28 cm。

株高和冠幅 2 个表型参数的提取结果与人工实测值非常接近，反映出本研究构建的植株坐标系适合用来表

示植物的形态结构。

表 3 3 种方法新叶分割精度的对比

Table 3 Comparison of new leaf segmentation accuracy of three methods

方法 Methods	平均微 F1 分数 Average of micro F1-scores	平均精 确率 Average of precision	平均召 回率 Average of recall rates	平均总体 准确率 Average of overall accuracy
基于骨架和最优传输距离的 分割方法（本研究提出） Segmentation method based on skeleton and optimal transportation distances (Proposed in this study)	0.956	0.957	0.957	0.964
基于欧式距离的聚类方法 Clustering method based on Euclidean distance	0.634	0.678	0.711	0.672
基于密度的空间聚类方法 Density-based spatial clustering method	0.685	0.701	0.732	0.687

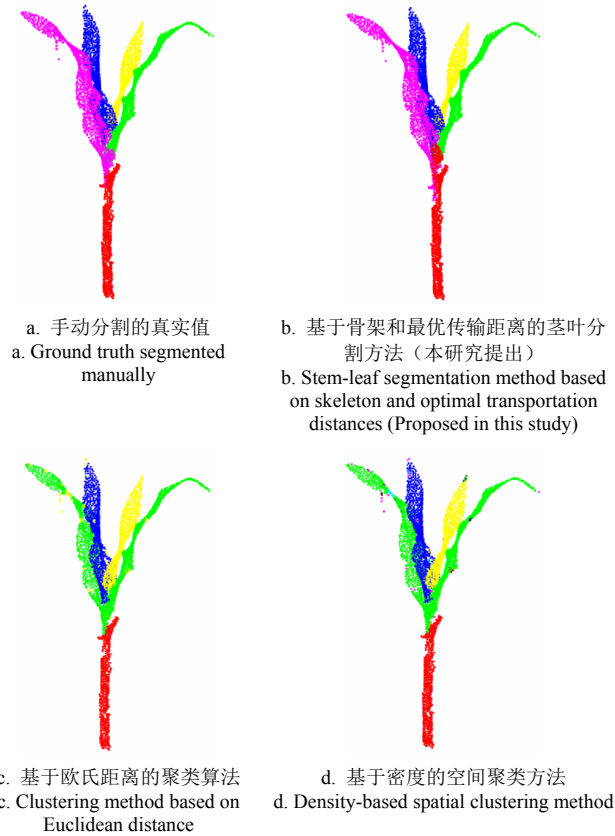


图 11 3 种方法对新叶的分割结果可视化图

Fig.11 Visualization images of new leaf segmentation results by three methods

叶宽参数的误差主要由下述 2 个因素造成：1）如果叶宽路径的 2 个端点未沿叶脉对称，会导致叶宽路径与叶脉不垂直，造成提取的叶宽参数偏大；2）本研究使用叶片中部的点云提取叶宽，但某些叶片最宽的区域并不在叶片中部，导致提取的叶宽参数偏小。

叶长的误差是由于提取的叶长路径与叶脉不重合导致的。下述 3 个因素会导致该问题：1）如果叶片的叶尖区域下垂严重，其第一主成分轴的端点就不会落在叶尖区域，导致叶长路径中缺失叶尖部分的叶脉点云；2）本

研究方法对部分叶片的叶领区域分割精度低，导致叶长路径中缺失叶领点；3）如果茎叶分割算法将茎上的点误分割为叶片点云，则叶长路径中会包含茎点云。前 2 个因素会导致提取的叶长参数偏低，而第 3 个因素会使提取的叶长参数偏大。

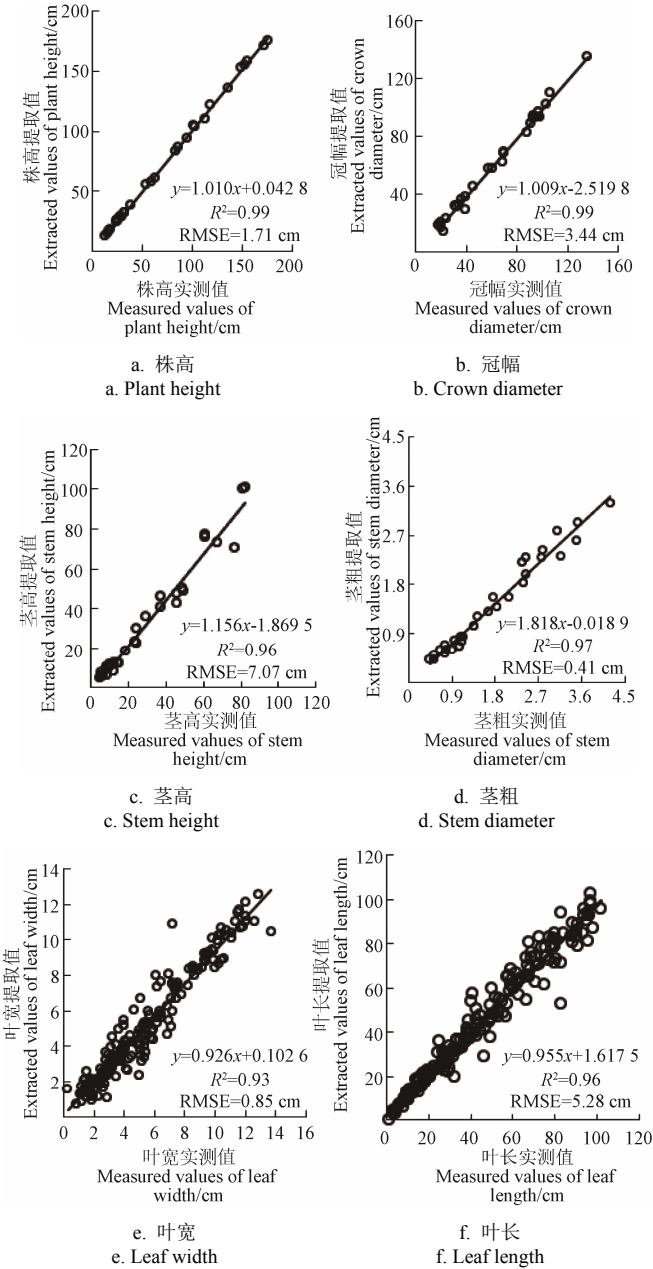


图 12 玉米单株表型参数自动提取值与人工实测值对比

Fig.12 Comparisons between automatically extracted values and manually measured values of maize single plant's phenotypic parameters

茎高的误差来自于新叶叶基与茎连接区域点云的误分割。茎粗的误差主要来自以下 2 个因素：1）本研究以茎点云到茎中轴距离的中值作为茎半径，这种计算方法将茎的横截面看作是圆，但一些玉米植株的茎横截面更接近椭圆，导致茎粗的提取值偏低；2）如果茎叶分割算法将完全展开叶的叶领点云误分割为茎点云，会导致茎粗提取值偏高。

总体上看，虽然提取的表型参数存在高估或低估，

但与手工测量值具有非常高的相关性, 因此一定程度上也验证了本研究表型参数提取方法的稳定性和实用性。

3 结 论

本研究提出了基于点云骨架和最优传输距离的玉米茎叶自动分割方法。该方法先通过植株点云骨架的提取和分解实现对器官位置、类别的识别, 再采用基于最优传输距离的精细分割算法实现对茎叶器官的精确分割, 最后利用分割出的茎叶点云自动提取株高、冠幅、茎高、茎粗、叶长和叶宽 6 种表型参数。通过分析试验结果, 得出以下结论:

1) 本研究可以对苗期、拔节期玉米植株进行精准的茎叶分割, 平均精确率、召回率、微 F1 分数和总体精准度分别为 0.967、0.961、0.964 和 0.967, 高于区域增长法、法线差分法和基于近似凹凸性分析的分割方法。

2) 本研究对新生叶的分割效果较好, 平均微 F1 分数、平均精确率、平均召回率和平均总体精度为 0.956、0.957、0.957 和 0.964, 高于基于欧式距离的聚类方法和基于密度的空间聚类方法。

3) 本研究可自动提取 6 个表型参数, 株高参数的决定系数 R^2 (Coefficient of determination) 和均方根误差 (Root Mean Square Error, RMSE) 分别为 0.99 和 1.71 cm; 冠幅的 R^2 和 RMSE 分别为 0.99 和 3.44 cm; 茎高的 R^2 和 RMSE 分别为 0.96 和 7.07 cm; 茎粗的 R^2 和 RMSE 分别为 0.97 和 0.41 cm; 叶宽的 R^2 和 RMSE 分别为 0.93 和 0.85 cm; 叶长的 R^2 和 RMSE 分别为 0.96 和 5.28 cm。

本研究为玉米表型高通量测量、玉米植株三维重建提供了一种有效技术手段。下一步将研究对长有雄穗、果穗的玉米植株点云进行分割, 以实现玉米全生育期表型信息的自动提取。

[参 考 文 献]

- [1] Furbank R T. Plant phenomics: From gene to form and function[J]. Functional Plant Biology, 2009, 36(11): 5-6.
- [2] Chen Dijun, Neumann K, Friedel S, et al. Dissecting the phenotypic components of crop plant growth and drought responses based on high-throughput image analysis[J]. The Plant Cell, 2014, 26(12): 4636-4655.
- [3] Zhang Yong, Zhang Naiqian. Imaging technologies for plant high-throughput phenotyping: A review[J]. Frontiers of Agricultural Science and Engineering, 2018, 5(4): 406-419.
- [4] Fernanda D M, Gemma M, Carolina R A, et al. Yielding to the image: How phenotyping reproductive growth can assist crop improvement and production[J]. Plant Science, 2018, 282: 73-82.
- [5] Fernando P S, Navarro P J, Marcos E C. Plant phenomics: An overview of image acquisition technologies and image data analysis algorithms[J]. Gigascience, 2017, 6(11): 1-18.
- [6] Ubbens J R, Ian S. Deep plant phenomics: A deep learning platform for complex plant phenotyping tasks[J/OL]. Frontiers in Plant Science, 2017, 8, [2017-07-05], https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01190.
- [7] Shyu C R, Green J M, Lun D P K, et al. Image analysis for mapping immeasurable phenotypes in maize[J]. IEEE Signal Processing Magazine, 2007, 24(3): 115-118.
- [8] Granier C, Aguirrezabal L, Chenu K, et al. PHENOPSIS, an automated platform for reproducible phenotyping of plant responses to soil water deficit in *Arabidopsis thaliana* permitted the identification of an accession with low sensitivity to soil water deficit[J]. New Phytologist, 2006, 169(3): 623-635.
- [9] Pan Gang, Li Fengmin, Sun Guojun. Digital camera based measurement of crop cover for wheat yield prediction[C]//IEEE International Geoscience and Remote Sensing Symposium, Barcelona: IEEE, 2007.
- [10] Tanabata T, Shibaya T, Hori K, et al. SmartGrain: High-throughput phenotyping software for measuring seed shape through image analysis[J]. Plant Physiology, 2012, 160(4): 1871-1880.
- [11] 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.
- [12] Chéné Y, Rousseau D, Lucidarme P, et al. On the use of depth camera for 3D phenotyping of entire plants[J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2012, 82: 122-127.
- [13] Lin Yi. 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.
- [14] Li Ji, Tang Lie. Crop recognition under weedy conditions based on 3D imaging for robotic weed control[J]. Journal of Field Robotics, 2017, 35(4): 596-611.
- [15] Jiang Yu, Li Changying, Paterson A H. High throughput phenotyping of cotton plant height using depth images under field conditions[J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2016, 130: 57-68.
- [16] Garrido M, Paraforos D, Reiser D, et al. 3D maize plant reconstruction based on georeferenced overlapping LiDAR point clouds[J]. Remote Sensor, 2015, 7(12): 17077-17096.
- [17] 胡鹏程, 郭焱, 李保国, 等. 基于多视角立体视觉的植株三维重建与精度评估[J]. 农业工程学报, 2015, 31(11): 209-214.
- [18] Hu Pengcheng, Guo Yan, Li Baoguo, et al. Three-dimensional reconstruction and its precision evaluation of plant architecture based on multiple view stereo method[J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering (Transactions of the CSAE), 2015, 31(11): 209-214. (in Chinese with English abstract)

- [18] 柴宏红, 邵科, 于超, 等. 基于三维点云的甜菜根表型参数提取与根型判别[J]. 农业工程学报, 2020, 36(10): 181-188.
Chai Honghong, Shao Ke, Yu Chao, et al. Extraction of phenotypic parameters and discrimination of beet root types based on 3D point cloud[J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering (Transactions of the CSAE), 2020, 36(10): 181-188. (in Chinese with English abstract)
- [19] Tang Hao, Brolly M, Zhao Feng, et al. Deriving and validating Leaf Area Index (LAI) at multiple spatial scales through lidar remote sensing: A case study in Sierra national forest, CA[J]. Remote Sensing of Environment, 2014, 143: 131-141.
- [20] Eitel J U H, Magney T S, Vierling L A, et al. LiDAR based biomass and crop nitrogen estimates for rapid, non-destructive assessment of wheat nitrogen status[J]. Field Crops Research, 2014, 159: 21-32.
- [21] Polo J R R, Sanz R, Llorens J, et al. A tractor-mounted scanning LIDAR for the non-destructive measurement of vegetative volume and surface area of tree-row plantations: A comparison with conventional destructive measurements[J]. Biosystems Engineering, 2009, 102(2): 128-134.
- [22] An N, Welch S M, Markelz R J C, et al. Quantifying time-series of leaf morphology using 2D and 3D photogrammetry methods for high-throughput plant phenotyping[J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2017, 135: 222-232.
- [23] Apelt F, Breuer D, Nikoloski Z, et al. Phytotyping 4D: A light-field imaging system for non-invasive and accurate monitoring of spatio-temporal plant growth[J]. The Plant Journal, 2015, 82(4): 693-706.
- [24] Wu Sheng, Wen Weiliang, Xiao Boxiang, et al. An accurate skeleton extraction approach from 3D point clouds of maize plants[J/OL]. Frontiers in Plant Science, 2019, 10, [2019-03-07], <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.00248>.
- [25] Elnashef B, Filin S, Lati R N. Tensor-based classification and segmentation of three-dimensional point clouds for organ-level plant phenotyping and growth analysis[J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2019, 156: 51-61.
- [26] Ester M. A density-based algorithm for discovering clusters in large spatial databases with noise[C]//International Conference on Knowledge Discovery and Data Mining, Portland, USA, 1996.
- [27] Jin Shichao, Su Yanjun, Wu Fangfang, et al. Stem-leaf segmentation and phenotypic trait extraction of individual maize using terrestrial LiDAR data[J]. IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing, 2019, 57(3): 1336-1346.
- [28] Cao Junjie, Tagliasacchi A, Olson M, et al. Point cloud skeletons via Laplacian based contraction[C]//IEEE International Conference on Shape Modeling and Applications, Aix-en-Provence, France, 2010.
- [29] Xiang Lirong, Bao Yin, Tang Lie, 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.
- [30] 仇瑞承, 张漫, 魏爽, 等. 基于 RGB-D 相机的玉米茎粗测量方法[J]. 农业工程学报, 2017, 33(增刊 1): 170-176.
Qiu Ruicheng, Zhang Man, Wei Shuang, et al. Method for measurement of maize stem diameters based on RGB-D camera[J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering (Transactions of the CSAE), 2017, 33(Supp. 1): 170-176. (in Chinese with English abstract)
- [31] Dijkstra E W. A note on two problems in connexion with graphs[J]. Numerische Mathematik, 1959, 1(1): 269-271.
- [32] Fischler M A, Bolles R C. Random sample consensus: A paradigm for model fitting with applications to image analysis and automated cartography[J]. Communications of the ACM, 1981, 24(6): 381-395.
- [33] Whitlark D, Duntelman G H. Principal components analysis[J]. Journal of Marketing Research, 1990, 27(2): 243.
- [34] Cuturi M. Sinkhorn distances: Light speed computation of optimal transportation distances[J]. Advances in Neural Information Processing Systems, 2013, 26: 2292-2300.
- [35] Sinkhorn R. A relationship between arbitrary positive matrices and doubly stochastic matrices[J]. Annals of Mathematical Stats, 1964, 35(2): 876-879.
- [36] Rusu R B, Cousins S. 3D is here: Point Cloud Library (PCL)[C]// IEEE International Conference on Robotics & Automation, Shanghai, China, 2011.
- [37] Ioannou Y, Taati B, Harrap R, et al. Difference of normals as a multi-scale operator in unorganized point clouds[C]// International Conference on 3D Imaging, Modeling, Processing, Visualization & Transmission, Zurich, Switzerland, 2012.
- [38] Kaick O V, Fish N, Kleiman Y, et al. Shape segmentation by approximate convexity analysis[J]. ACM Transactions on Graphics, 2014, 34(1): 1-11.
- [39] Zermas D, Morellas V, Mulla D, et al. 3D model processing for high throughput phenotype extraction - the case of corn[J/OL]. Computers and Electronics in Agriculture, 2019, 172, [2019-11-06], <https://doi.org/10.1016/j.compag.2019.105047>.

Segmentation and phenotypic trait extraction of maize point cloud stem-leaf based on skeleton and optimal transportation distances

Zhu Chao, Miao Teng^{*}, Xu Tongyu, Li Na, Deng Hanbing, Zhou Yuncheng

(1. College of Information and Electrical Engineering, Shenyang Agricultural University, Shenyang 110866, China; 2. Liaoning Engineering Research Center for Information Technology in Agriculture, Shenyang 110866, China)

Abstract: Accurate and high-throughput maize plant phenotyping is vital for crop breeding and cultivation research. However, fully automatic and fine stem-leaf segmentation of maize shoots from three-dimensional point clouds is still challenging, especially for the newly emerging leaves that are close to each other during the seedling stage. To address this issue, this study proposed an automatic segmentation method consisting of six main steps, including skeleton extraction, skeleton decomposition, point cloud coordinate system transformation, coarse segmentation, fine segmentation, and phenotypic parameter extraction. The Laplacian-based skeleton extraction algorithm was used to extract the maize plant skeleton in the skeleton extraction step. In the process of skeleton decomposition, the plant skeleton was decomposed into a stem sub-skeleton and some leaf sub-skeletons based on the morphological characteristics of leaves. A plant spatial coordinate system was constructed. The Z-axis of this coordinate system coincided with the stem axis, which could be better to represent the morphology of maize plants. The plant point cloud and skeleton vertices were transformed from the original coordinate system to the plant spatial coordinate system, and the subsequent point cloud segmentation steps were carried out in the plant spatial coordinate system. In the coarse segmentation step, using the decomposed organ sub-skeletons, the plant point cloud was roughly segmented into stem and leaf instances. However, the stem instance contained some wrongly segmented points, and these points should belong to the leaf instances. In the fine segmentation step, firstly, the wrong points were identified and removed from the stem instance, and then the stem-leaf classification algorithm based on the optimal transportation distance was used to segment these points into the correct organ instance. The classification algorithm used top-down order to classify points based on optimal transportation distances, which was equivalent to adopting a segmentation strategy from the leaf tip to the stem. The top-down order was critical as it facilitated the complete utilization of the segmented point cloud information in the new leaf while classifying the points. At the same time, it also ensured that the points belonging to the new leaves were determined first. Compared with the Euclidean distance, the optimal transportation distances described the local geometric characteristics of the point cloud more accurately, which helped to deal with the case of new leaves wrapping each other. Based on the segmented organ instances, six phenotypic parameters were accurately and automatically measured, including plant height, crown diameter, stem height and diameter, leaf width, and length. The segmentation method was tested on 30 maize plants and compared with manually obtained ground truth. Average precision, average recall rates, average micro F1-scores, and average overall accuracy of the stem-leaf segmentation algorithm were 0.967, 0.961, 0.964, and 0.967, respectively. To compare the phenotypic parameters obtained by the proposed method in this study and those obtained by manual measurement, the regression analysis was done with the root mean square error. Results showed that the determination coefficients of plant height, crown diameter, stem height, stem diameter, leaf width and leaf length were 0.99, 0.99, 0.96, 0.97, 0.93, and 0.96, respectively; the root mean square errors were 1.71, 3.44, 7.07, 0.41, 0.85, and 5.28 cm, respectively. The results indicated that the proposed algorithm could automatically and precisely segment not only the fully expanded leaves but also the new leaves wrapped together and closed together. The proposed approach might play an important role in further maize research and applications, such as genotype-to-phenotype study and geometric reconstruction.

Keywords: plant; phenotype; computer vision; maize; point cloud segmentation; skeleton extraction; optimal transportation distances