

基于可见光成像的单株水稻植株地上部分 生物量无损预测方法研究

方伟¹, 冯慧¹, 杨万能^{1,2}, 刘谦^{1*}

(1. 华中科技大学生命科学与技术学院, 武汉光电国家实验室, Britton Chance 生物医学光子学研究中心, 武汉 430074; 2. 华中农业大学工程学院, 武汉 430070)

摘要:地上部分生物量是水稻生长研究中的重要参数,传统的测量方法主要依靠人工剪取称重,不仅具有破坏性,而且费时费力。提出了一种改进的基于图像特征参数的生物量预测模型,并比较了其在分蘖期和拔节期的效果。优于使用单幅图像投影面积预测的方法,该模型使用多幅侧视图投影平均值和顶视图图像来降低植株不对称带来的影响。基于分蘖期和拔节期的两批数据,新模型的预测平均相对误差(MAPE)达到9.26%,决定系数(R^2)为0.93,优于其他模型。实验结果还显示出,当水稻生育期跨度较大时会造成植株结构差别较大,进而影响生物量的预测效果。

关键词:生物量;无损;生育期;多视角;图像处理;回归分析

doi:10.13304/j.nykjdb.2015.125

中图分类号:S126,TP274

文献标识码:A

文章编号:1008-0864(2015)03-0063-07

Studies on Non-destructive optical Method for Predicting Above-ground Biomass of Individual Rice Plant based on Visible Light Imaging

FANG Wei¹, FENG Hui¹, YANG Wan-neng^{1,2}, LIU Qian^{1*}

(1. Wuhan National Laboratory for Optoelectronics; Britton Chance Center for Biomedical Photonics;
College of Life Science and Technology, Huazhong University of Science and Technology, Wuhan 430074;

2. College of Engineering, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China)

Abstract: Above-ground biomass is an important parameter for studying rice growth. The traditional measuring method is labor-intensive and time-consuming. This paper proposed a modified method based on biomass estimating model by image analysis, and compared its performance at tillering stage and elongation stage. This proposed model using the average of multiple side views projected area and top view projected area had a better prediction performance than the models using single side view projected area. With the determination coefficient (R^2) of 0.93 and mean relative error (MAPE) of 9.26%, the new model was better than the others. The result also showed that the biomass predictive effects depended on the length of rice plant growth stage.

Key words: biomass; non-destructive; growth-stage; multi-view; image processing; regression analysis

水稻是亚洲地区的主要粮食作物,随着人口日益增长,为了满足巨大的粮食需求,水稻研究主要以提高产量和收获指数为目标^[1]。在对水稻研究中,生物量作为植株的重要参数不仅是评估初级产物、生长速率^[2]和产量^[3]的基础,而且还

表征了植物种间竞争的能力和植物对环境变化的生理反应^[4,5],另外,生物量还是研究异速生长关系的重要参数^[6,7]。因此,准确无损的测定水稻植株生物量在农业研究中是十分有必要的。

传统的单株生物量测定方法是破坏性的,通

收稿日期:2015-03-10; 接受日期:2015-03-27

基金项目:国家 863 计划项目(2013AA102403);新世纪优秀人才支持计划项目(NCET-10-0386)资助。

作者简介:方伟,博士研究生,主要从事植物表型检测的研究。E-mail:190322538@qq.com。*通信作者:刘谦,教授,博士生导师。E-mail:qianliu@mail.hust.edu.cn

常直接剪下植物体并在烘干后进行称量^[8],这种方法固然能直接准确的获得生物量数据,但是不能在植物的不同生长阶段进行重复测定,获取动态变化的数据。另外,这种人工方法也耗时费力,并不适用于大批量表型参数的获取。而无损估计生物量的方法,多通过遥感技术区域采样来预测大面积植物群落的生物量,这类方法既不能准确的得到单株植物的生物量信息,也不能反应不同种类以及植株个体样本间的差异。而基于异速生长关系的无损生物量估计方法则偏向于单株植物,并广泛应用于林业、生态学、植物学以及农业作物研究中^[9-12],这些方法通过建立生物量与植株的某些特征之间的关系来进行生物量预测,例如通过植物的株高和密度以及枝干的直径来进行预测。当然,这些方法都需要人工测量植株的一些参数作为前提,因此效率并不理想。

数字图像处理技术的快速发展使其在植物研究中也得到了广泛应用,基于图像分析的单株植物生物量无损预测方法也因此发展起来。Tackenberg^[13]通过获取植株图像中的信息,并建立与生物量之间的线性关系模型来预测单株植物生物量。而 Golzarian 等^[14]则通过计算三个正交视角(两个侧视、一个顶视)下植株投影面积之和来预测小麦与大麦的生物量。在上述提到的文献中,并没有对植株的不同生育期进行讨论,而某些植株在不同的生育期会有截然不同的生长特性,例如水稻和小麦的分蘖期和拔节期,而这些特性会对生物量预测效果产生较大的影响。

水稻属于多分蘖植物,且在不同的生育期生长特性差异大,针对上述方法的不足,结合水稻植株多生育期的特性,本研究提出一种基于图像特征参数的水稻单株植株生物量预测模型,并就其在水稻的两个重要生育期的预测效果与其他常见模型进行比较和讨论。

1 材料与方法

1.1 实验材料

供试材料为籼稻品种晚半山-98,为实验用水稻突变体培育材料,由华中农业大学作物遗传改良国家重点实验室盆栽水稻培育基地提供。实验材料于2012年5月12日播种,6月2日移栽到直径为20 cm的塑料花盆中,每个花盆中盛5 kg

等量土壤,水稻在相同的生长条件下种植。水稻在分蘖期和拔节期进行数据采集(6月21日即发芽后40 d和7月11日即发芽后60 d)。

1.2 图像采集

图像采集的工作在 H-SMART 系统上完成, H-SMART 系统是为实现高通量水稻分蘖识别由本研究团队于2011年自主设计开发的表型检测系统^[15],可用于水稻及其他作物的全生育期表型数据获取。这套系统由一套传送线、旋转平台、两个工业相机(DH-SV1410FC,中国大恒有限公司)、伺服电机控制器(MBDDT2210, Panasonic Corporation)和一台工作站(HP xw6400, Hewlett-Packard Development Company)组成。盆栽水稻通过传送线被送到旋转台上,由伺服电机驱动旋转,在盆栽水稻旋转的过程中,位于水稻顶部和侧面的相机会拍摄下水稻的顶视图像以及12幅角度等间隔侧视图像,如图1所示:

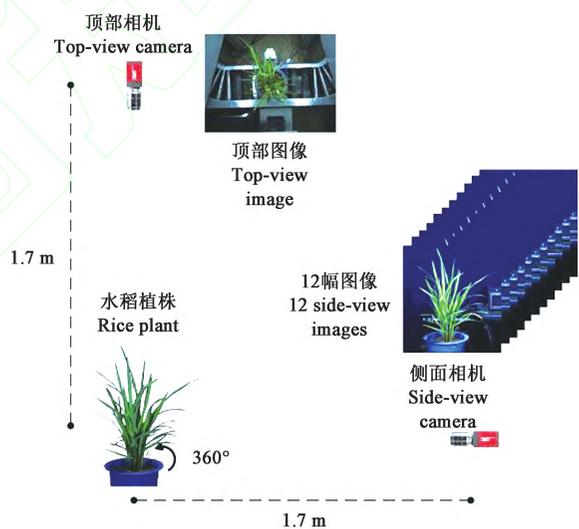


图1 图像采集系统示意图

Fig.1 Schematic diagram of the system for image acquisition.

1.3 图像处理和特征值计算

图像处理的目的是分割出图像中的植株部分,植株部分最大的特征是颜色,在实验中植物之间叶片之间的颜色差异很大,都是绿色但是却不相同。图像分割使用的HSL模型,HSL是一种直观的颜色模型,其中H为色调,表示颜色主属性,S和L分别为饱和度与亮度。图像分割的过程为:将图像转换为HSL模式,设置阈值H分量为65~110(该阈值可覆盖可视范围里大部分绿色)

将图像中的植株部分分割出来。S 为 40~250, L 为 20~180, 用于去除图像中因为照明关系太暗或太亮的噪声点。然后通过形态学闭操作和去除小区域操作得到最终的分割结果。操作过程与效果如图 2 所示:

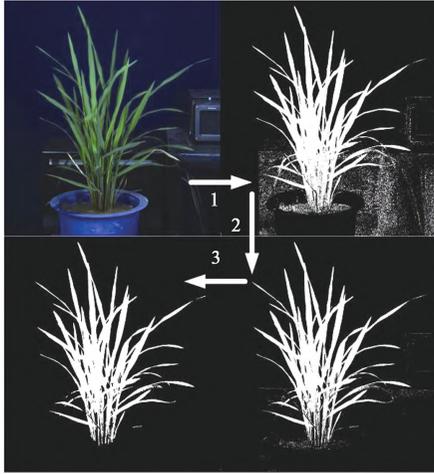


图 2 图像分割流程

Fig.2 Image segmentation process.

1: H (65~110); 2: S (40~250) , L (20~180) 3: 去除小区域操作和形态学闭操作。

1: H (65~110); 2: S (40~250) , L (20~180) 3: Remove small objects and closeoperation.

图像分割完成后计算每株植株的特征: 株高 (H), 植株最顶端像素到底端像素点的距离, 12 幅图像中的最大值; 顶视投影面积 ($AREA_T$); 每张侧视图图像投影面积 ($AREA_{Si}$); 12 幅侧视图图像投影面积平均值 ($AREA_{SM}$); 按照表达式 (1) 计算三个正交视角投影面积之和 ($AREA_{SST}$);

$$AREA_{SST} = AREA_T + AREA_{S4} + AREA_{S7} \quad (1)$$

式中 $AREA_{S4}$ 与 $AREA_{S7}$ 为序号为 4 和 7 的两幅成 90° 的侧视图图像投影面积。

1.4 人工测量

所有的水稻都在经过图像采集之后会通过人工测量的方法获取生物量人工测量值 B_D , 并以此作为真实值进行模型建立和预测。生物量表示生物体所含物质的总量, 在生物学上通常以生物体干重作为表征。人工测量的方法是传统的破坏性方法, 需要将植株整株剪下, 洗净泥土后放置于烘箱, 在 105°C 下灭活 2 h, 并于 80°C 下烘干至恒重, 然后用精度为 0.01 g 的电子称量水稻植株干

重, 用以表征生物量真实值 B_D 。一般单人操作, 一株水稻的植株采集过程在 1~2 min, 而烘干过程则需要 3~5 d。

1.5 模型建立和验证

经过系统采集和人工测量的步骤后, 每株水稻会得到一组图像特征值和一个人工测量值, 每个生育期的数据都会被随机分成训练集和测试集两组, 分别用于模型建立和模型验证。分蘖期一共 294 份数据, 其中 147 份用于模型建立, 另外 147 份用于模型验证; 拔节期一共 278 份数据, 其中 140 份用于模型建立, 剩下 138 份用于模型验证。基于训练集数据, 以人工方法生物量测量值对数变换 $\ln(B_D)$ 为因变量, 以从图像所获取的特征值对数变换为自变量进行回归分析, 确定因变量与自变量之间的依赖关系, 确定拟合系数, 并建立模型。

模型效果的验证, 通过两个方面来评价, 一是通过 SPSS 软件计算出的模型统计评价参数, 二是使用测试集数据进行生物量预测的结果误差, 估计误差由平均相对误差 ($MAPE$) 和误差均方根 ($RMSE$) 衡量, 按下列表达式计算:

$$MAPE = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \frac{|B_{Ei} - B_{Di}|}{B_{Di}} \times 100\% \quad (2)$$

$$RMSE = \sqrt{\frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^n (B_{Ei} - B_{Di})^2} \quad (3)$$

式中 n 为样本数量, i 为样本序号, B_{Ei} 为 i 样本预测值, B_{Di} 为 i 样本人工测量值。

2 结果和分析

2.1 建立模型

一共采集了 572 株盆栽水稻的数据, 其中分蘖期 294 株, 干重分布范围 0.71~17.31 g; 拔节期 278 株, 干重分布范围 10.15~37.81 g。基于由图像中获取的特征, 株高 (H); 顶视投影面积 ($AREA_T$); 侧视图图像投影面积 ($AREAS_i$); 投影面积平均值 ($AREA_{SM}$); 三个正交视角投影面积之和 ($AREA_{SST}$) 共建立了如下 7 个模型:

$$\ln(B_D) = a_0 \times \ln(H) + a_1 \quad (\text{模型 1})$$

$$\ln(B_D) = a_0 \times \ln(AREA_T) + a_1 \quad (\text{模型 2})$$

$$\ln(B_D) = a_0 \times \ln(AREA_S) + a_1 \quad (\text{模型 3})$$

$$\ln(B_D) = a_0 \times \ln(AREA_{SM}) + a_1 \quad (\text{模型 4})$$

$$B_D = a_0 \times AREA_{SST} + a_1 \quad (\text{模型 5})$$

$$\ln(B_D) = a_0 \times \ln(AREA_{SST}) + a_1 \quad (\text{模型 6})$$

$$\ln(B_D) = a_0 \times \ln(AREA_{SM}) + a_1 \times \ln(AREA_T) + a_2 \quad (\text{模型 7})$$

其中模型 4 和模型 7 为本研究提出的改进模型,模型 4 为针对模型 3 提出的改进模型,而模型 7 为模型 4 的扩展,其他为根据文献所述建立的模型,模型 3 是 Tackenberg^[13] 提出的生物量预测模型,而模型 5 由 Golzarian 等^[14] 提出,由于其他模型均为对数变换后的模型,为了便于参考比较,模型 5 的对数变换也添加到其中,为模型 6。

2.2 模型验证

2.2.1 分蘖期和拔节期模型参数评估 表 1 和表 2 分别显示了分蘖期和拔节期的各个模型评估参数,其中包括回归系数、系数估计标准差(SE)、决定系数(R^2)、残差平方和(R-SS)、 F 值和 P 值。基于测试集数据,MAPE 和 RMSE 也被计算出来用于评估模型的效果。

如表 1 和表 2 所示,对所有的模型而言,分蘖期的 R^2 都要高于拔节期;而生物量人工值(B_D)与株高(H)之间的相关性在分蘖期较为显著,拔节期则并不显著。在分蘖期,生物量人工值(B_D)与株高(H)、顶视投影面积($AREA_T$)、侧视图像投影面积($AREA_S$)、投影面积平均值($AREA_{SM}$)以及三个正交视角投影面积之和($AREA_{SST}$)都表现出了

较强的相关性,模型 1、模型 2、模型 3、模型 4 和模型 5 相关系数(R^2)分别为 0.72、0.90、0.86、0.92 和 0.89。其中,由于平均侧视面积比单张侧视投影面积包含了更多的信息,因此模型 4 的效果($R^2=0.92$)更优于模型 3($R^2=0.86$)。而模型 7 因为在侧视平均面积的基础上添加了顶视图像的信息,以最高的相关系数($R^2=0.93$),和最低的误差成为 7 个模型中最好的一个。在拔节期,因为植株生长出更多叶片,且茎秆与叶片的密度差异也更大,因此,7 个模型的效果都较分蘖期差,模型相关系数(R^2)都低于 0.81。其中株高(H)和顶视投影面积($AREA_T$)两者受影响最为显著,模型 7 仍然优于其他模型。

2.2.2 模型预测结果分析 经过训练集模型估计参数的初步评价,由于模型 1 和模型 2 对不同时期的适应性较差,不做进一步的讨论,而模型 7 是对模型 4 的进一步扩展,因此测试集验证,只针对模型 3、模型 5 和模型 7 进行。模型验证是在测试集数据上进行的,用于比较新模型(模型 7)与其他研究者提出的模型(模型 3 和模型 5)。使用这三个模型分别做生物量的预测,预测结果误差用 MAPE 和 RMSE 表示,结果如表 3 所示。在分蘖期,模型 7 的预测 RMSE 为 0.93 g,低于模型 322%,低于模型 5 的 7%。说明模型 7 在测试集数据,具有比模型 3、模型 5 更高的预测精度,拔节期的预测结果也得到了相同的结论。

表 1 分蘖期训练集模型统计和评估参数值

Table 1 Statistics and estimated parameter values for the models at tillering stage.

模型编号 No.	拟合系数 Coefficient	系数标准差 SE	决定系数 R^2	残差平方和 R-SS	F 值 F value	P 值 P value	平均相对误差 (%) MAPE(%)	误差均方根(g) RMSE(g)
1	$a_0 = 3.334$ $a_1 = -21.362$	0.174 1.222	0.72	9.45	365.51	<0.000 1	20.60	2.09
2	$a_0 = 1.205$ $a_1 = -11.045$	0.034 0.370	0.90	3.48	1 240.4	<0.000 1	12.34	1.28
3	$a_0 = 1.385$ $a_1 = -14.788$	0.046 0.556	0.86	4.57	910.39	<0.000 1	14.30	1.28
4	$a_0 = 1.431$ $a_1 = -15.347$	0.036 0.433	0.92	2.76	1 602.23	<0.000 1	10.86	1.01
5	$a_0 = 2.438E-5$ $a_1 = -2.571$	7.0E-7 0.317	0.89	155.44	1 211.22	<0.000 1	12.47	1.03
6	$a_0 = 1.413$ $a_1 = -16.289$	0.033 0.465	0.91	2.85	1 549.9	<0.000 1	11.18	1.03
7	$a_0 = 0.881$ $a_1 = 0.497$ $a_2 = -14.061$	0.096 0.082 0.442	0.93	2.20	1017.53	<0.000 1	10.15	0.97

表 2 拔节期训练集模型统计和评估参数值

Table 2 Statistics and estimated parameter values for the models at atelongation stage.

模型编号 No.	拟合系数 Coefficient	系数标准差 SE	决定系数 R^2	残差平方和 R-SS	F 值 F value	P 值 P value	MAPE(%)	RMSE(g)
1	$a_0 = 1.331$ $a_1 = -7.017$	0.282 2.120	0.14	9.50	22.36	<0.001	21.05	5.34
2	$a_0 = 0.498$ $a_1 = -2.962$	0.051 0.612	0.41	6.53	95.29	<0.000 1	15.99	4.20
3	$a_0 = 1.264$ $a_1 = -13.892$	0.063 0.840	0.75	2.81	404.75	<0.000 1	11.19	3.08
4	$a_0 = 1.33$ $a_1 = -14.767$	0.055 0.734	0.81	2.10	586.28	<0.000 1	9.87	2.64
5	$a_0 = 1.742E-5$ $a_1 = -4.644$	8.57E-7 1.285	0.75	1 095.58	413.23	<0.000 1	10.49	2.81
6	$a_0 = 1.248$ $a_1 = -14.699$	0.056 0.788	0.79	2.37	505.51	<0.000 1	10.35	2.82
7	$a_0 = 1.436$ $a_1 = -0.074$ $a_2 = -15.3$	0.083 0.044 0.794	0.81	2.06	298.53	<0.000 1	9.85	2.62

表 3 模型预测结果的 MAPE 和 RMSE 值

Table 3 The MAPE and RMSE of the prediction.

模型 Model	MAPE(%)		RMSE(g)	
	分蘖期 Tillering	拔节期 Elongation	分蘖期 Tillering	拔节期 Elongation
3	13.15	11.00	1.18	3.30
5	10.71	10.62	1.00	3.07
7	9.26	9.82	0.93	3.01

2.2.3 生物量模型预测与人工测量比较分析

测试集的生物量预测值(B_E)与生物量人工测量值(B_D)之间的散点图结果如图 3 所示。图 3A-C 分别为模型 3、模型 5、模型 7 在分蘖期的预测结果,而图 3D-F 则为模型 3、模型 5、模型 7 在拔节期的预测结果,在分蘖期拟合直线斜率分别为 1.011, 1.001 和 1.014,可以看到散点图的拟合直线斜率很接近于 1,在拔节期则分别为 1.028, 1.02 和 1.024。决定系数(R^2)则表明了预测结果与真实值之间可靠的相关性,可以看到分蘖期三个模型预测结果的决定系数分别为 0.87, 0.91 和 0.92,而拔节期则为 0.69, 0.72 和 0.74,在两个时期的数据中,模型 7 的预测效果都会略优于模型 3 和模型 5。同时,从图中也可以看到,与分蘖期结果相比,拔节期的预测效果依然逊于分蘖

期,这一点与之前的结论一致。

2.3 植株投影面积比较

图 4 所示为所有水稻样品各个角度下侧视投影面积最大值与最小值之差,从图中可以看出,在所有的水稻样本中,不同角度下侧视投影面积的最大差别在一个相当高的水平,在分蘖期,最大差别可达 62.21%,拔节期则为 39.43%,而平均的差别也有分蘖期的 22.45%和拔节期的 18.25%。

3 讨论

本文介绍了如何通过图像处理分析手段获取特征参数,并进行水稻植株生物的预测。受限于模型的不完善,已有研究者所使用的一些方法并不适合单株水稻植株生物的准确预测。Tackenberg^[13]所提出的方法(本文中的模型 3),基于植株是轴对称的假设,用单幅植株侧视图像进行生物量的预测。但是事实上,对水稻植株而言,两个不同角度下的侧视投影面积有着很大的差别。

使用随机角度下拍摄的单幅图像进行预测的方法,会因为不同角度下侧视投影面积的显著差异,而给预测带来很大的误差。这也是使用单幅图像进行预测的方法效果较差的原因之一。本

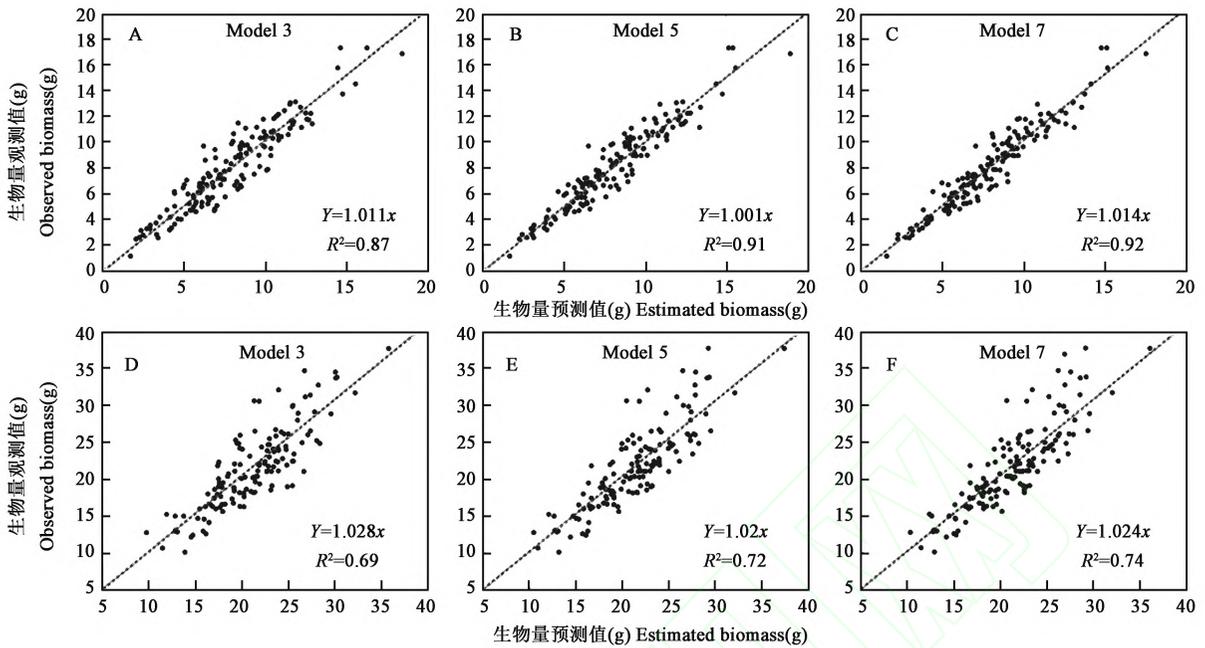


图 3 生物量预测值与观测值关系

Fig.3 The relationship between estimated and observed biomass for rice plant.

A~C: 分蘖期; D~F: 拔节期。图中虚线为预测值与人工测量值的零截距线性拟合方程。

A~C: Tilling stage; D~F: Elongation stage. The dotted line is zero intercept linear fitting equation of the estimated and observed value.

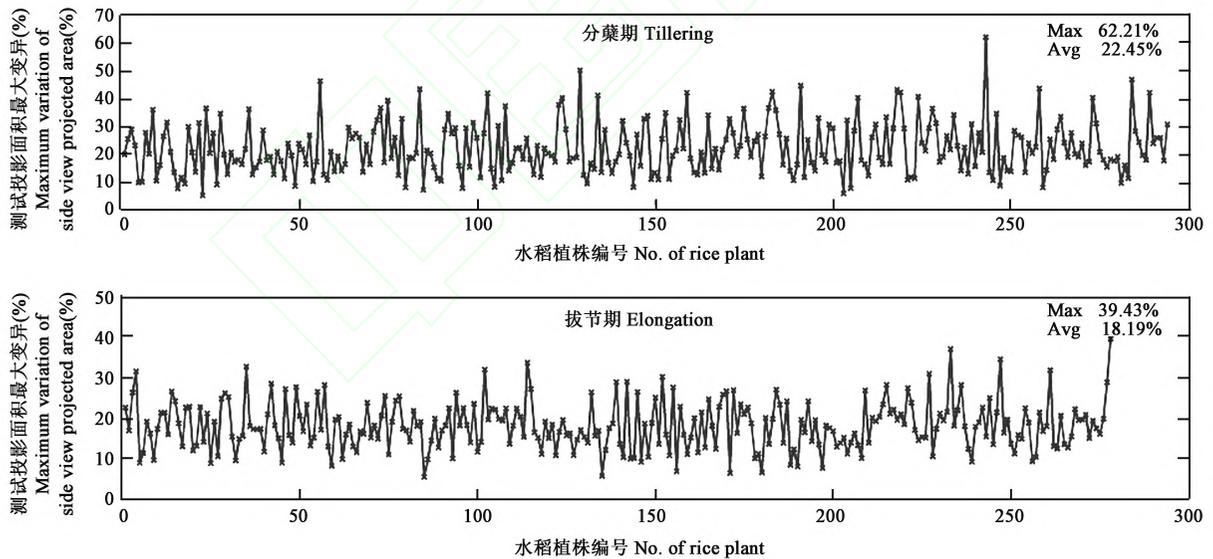


图 4 植株投影面最大与最小值比较

Fig.4 The differences of the maximum and the minimum projected area for each plant.

研究而 Golzarian 等^[14] 预测小麦和大麦植株生物量的方法(模型 5), 对之前的方法有所改进, 使用了包括顶视和两张侧视图像的投影面积总和来对生物量进行线性关系拟合。本研究参考了更多的信息, 因此该模型在预测效果上会优于

Tackenberg 的模型(模型 3)。但是植物在不同的生育期, 植株特征可能会发生变化, 植株幼小时, 叶片茎秆相对简单, 而当植株生长的茂盛, 叶片相互遮挡, 简单的相加就不再能反映图像面积与体积之间的关系了, 当然也就不再能准确的对生物

量进行预测。根据上述问题,本文提出的模型 7 不仅兼顾了多幅图像的信息,同时也考虑到了植株不同生育期可能存在的特性差异,进行多变量回归分析,而不是根据先验知识指定模型。

当然,基于图像投影面积来进行植株的生物量预测,还有一个假设前提,那就是植株的各个部分组织有着近似的密度。但是实际上,在生长后期,水稻组织分化日益明显,密度差异也会变大,这会对预测效果产生一定的影响,从本文的结果中也可以看出,与分蘖期相比,拔节期的预测效果普遍较差。而很多的文献中使用苗期的植株作为实验样本,就是因为植株结构简单,茎叶相似组织,遮挡和密度差异可以忽略。

针对前人所提出模型的不足,本文提出了一个改进模型,使用多幅图像来消除植株生长的不对称性对模型带来的影响。同时,由于水稻植株在拔节期比分蘖期更加复杂,使得所有模型的预测效果都受到影响。本文的研究结果同样适用于其他种类的植物,进一步的研究中,可在模型中添加其他能反映植株结构和组织密度的特征,有希望提高模型在这种情况下效果。另外,相比较而言,研究者对大田环境下的表型更有兴趣,但是目前的单株植株生物量预测方法都还不能作用于大田环境下的作物,研究目标主要还是以盆栽作物为主,大田环境下的表型研究是当前表型检测所遇到的最大挑战,也是将来需要突破的方向。

参 考 文 献

- [1] Zhang Q F. Strategies for developing green super rice [J]. Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 2007, 104(42): 16402-16409.
- [2] Poschlöd P, Kleyer M, Tackenberg O. Databases on life history traits as a tool for risk assessment in plant species [J]. Zeitschrift für Ökologie und Naturschutz, 2000, 9: 3-18.
- [3] Takai T, Matsuura S, Nishio T, *et al.*. Rice yield potential is closely related to crop growth rate during late reproductive period [J]. Field Crop Res., 2006, 96: 328-335.
- [4] Schwinning S, Weiner J. Mechanisms determining the degree of size asymmetry in competition among plants [J]. Oecologia, 1998, 113: 447-455.
- [5] Tilman D. Plant Strategies and the Dynamics and Structure of Plant Communities [M]. USA Princeton: Princeton University Press, 1988.
- [6] Niklas K J, Enquist B J. On the vegetative biomass partitioning of seed plant leaves, stems, and roots [J]. Am. Nat., 2002, 159: 482-497.
- [7] West G B, Brown J H, Enquist B J. A general model for the structure and allometry of plant vascular systems [J]. Nature, 1999, 400: 664-667.
- [8] Cornelissen J H C, Lavorel S, Garnier E, *et al.*. A handbook of protocols for standardised and easy measurement of plant functional traits worldwide [J]. Aus. J. Bot., 2003, 51(4): 335-380.
- [9] Thursby G B, Chintala M M, Stetson D, *et al.*. A rapid, non-destructive method for estimating aboveground biomass of salt marsh grasses [J]. Wetlands, 2002, 22: 626-630.
- [10] Castelan-estrada M, Vivin P, Gaudillere J P. Allometric relationships to estimate seasonal above-ground vegetative and reproductive biomass in *Vitis vinifera* L. [J]. Ann. Bot., 2002, 89(4): 401-408.
- [11] Telenius B, Verwijst T. The influence of allometric variation, vertical biomass distribution and sampling procedure on biomass estimates in commercial short-rotation forests [J]. Bioresour. Technol., 1995, 51(2-3): 247-253.
- [12] Vann D R, Palmiotto P A, Strimbeck G R. Allometric equations for two South American conifers: Test of a non-destructive method [J]. Forest Ecol. Manag., 1998, 106(2-3): 55-71.
- [13] Tackenberg O. A new method for non-destructive measurement of biomass, growth rates, vertical biomass distribution and dry matter content based on digital image analysis [J]. Ann. Bot., 2007, 99(4): 777-783.
- [14] Golzarian M R, Frick R A, Rajendran K, *et al.*. Accurate inference of shoot biomass from high-throughput images of cereal plants [J]. Plant Methods, 2011, 7: 2.
- [15] Yang W N, Xu X C, Duan L F, *et al.*. High-throughput measurement of rice tillers using a conveyor equipped with x-ray computed tomography [J]. Rev. Sci. Instrum., 2011, 82(2): 0251021-0251027.