

陈子涵, 黄亮, 温志强, 等. 基于高光谱成像技术的双孢蘑菇病害早期诊断 [J]. 福建农业学报, 2021, 36 (11): 1365–1372.

CHEN Z H, HUANG L, WEN Z Q, et al. Hyperspectral Imaging Technology-based Early Diagnosis of a Serious *Agaricus Bisporus* Disease [J].

Fujian Journal of Agricultural Sciences, 2021, 36 (11): 1365–1372.

基于高光谱成像技术的双孢蘑菇病害早期诊断

陈子涵^{1,2}, 黄亮¹, 温志强³, 温蝶³, 王胜楠⁴, 廖小玲¹, 魏萱^{1,4*}

(1. 福建农林大学机电工程学院, 福建 福州 350002; 2. 福建水利电力职业技术学院, 福建 永安 366000;

3. 福建农林大学生命科学学院, 福建 福州 350002; 4. 福建农林大学食品科学学院, 福建 福州 350002)

摘要:【目的】有害疣孢霉菌 (*Mycogone perniciosa*) 引起的双孢蘑菇疣孢霉病, 是破坏性极强的真菌类病害, 本研究拟基于高光谱成像技术, 建立双孢蘑菇疣孢霉病早期快速检测方法。【方法】对 200 个健康双孢蘑菇样本与 200 个染病双孢蘑菇样本采集全波段 (401~1046 nm) 可见/近红外高光谱图像信息, 利用 Savitzky-Golay 卷积一阶求导、Savitzky-Golay 卷积平滑 (SG 平滑)、多元散射校正 (MSC) 分别对 360 个波段 (全波段) 的高光谱图像信息进行预处理后, 对比随机森林 (Random forest, RF)、支持向量机 (Support vector machine, SVM) 和极限学习机 (Extreme learning machine, ELM) 3 种模型对健康和染病双孢蘑菇鉴别准确度进行分析。【结果】3 种鉴别模型的结果接近, 其中, MSC-SVM 模型检测效果最优, 将原始测试集和预测集总体样本鉴别准确度分别由 85.02% 和 87.38% 提升至 92.21% 和 91.04%。【结论】本研究建立的 MSC-SVM 模型可以有效提高基于全波段的双孢蘑菇疣孢霉病早期的鉴别准确度, 同时, 为进一步开发双孢蘑菇病害早期的快速无损鉴别设备提供了理论依据和方法。

关键词: 双孢蘑菇; 高光谱成像技术; 病害早期检测

中图分类号: S 123

文献标志码: A

文章编号: 1008-0384 (2021) 11-1365-08

Hyperspectral Imaging Technology-based Early Diagnosis of a Serious *Agaricus Bisporus* Disease

CHEN Zihan^{1,2}, HUANG Liang¹, WEN Zhiqiang³, WANG Die³, WANG Shengnan⁴, LIAO Xiaoling¹, WEI Xuan^{1,4*}

(1. College of Mechanical and Electronic Engineering, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou, Fujian 350002,

China; 2. Fujian College of Water Conservancy and Electric Power, Yong'an, Fujian 366000, China; 3. College of Life Science,

Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou, Fujian 350002, China; 4. College of Food Science,

Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou, Fujian 350002, China)

Abstract:【Objective】A nondestructive, effective method was developed based on the hyperspectral imaging technology for early diagnosis of the highly destructive wet bubble disease on *Agaricus Bisporus* caused by *Mycogone perniciosa*.

【Method】Information on the full band (401-1046nm) visible/near-infrared hyperspectral images on 200 healthy and 200 infected *A. bisporus* specimens was collected. After a preprocess using Savitzky-Golay 1st order derivative, Savitzky-Golay smoothing, or multiple scattering correction (MSC) on the obtained information of the 360 full bands, accuracy of the methodology in separating the healthy from the infected samples was scrutinized by using the Random Forest (RF), Support Vector Machine (SVM), and Extreme Learning Machine (ELM) models. 【Result】The 3 models yielded similar results and the MSC-SVM combination had the best detection effect with the identification accuracy on the test set increased from 85.02% to 92.21%, and on the prediction set, from 87.38% to 91.04%. 【Conclusion】The MSC-SVM model appeared to significantly improve the identification accuracy using the full band. It provided a basis for the development of rapid, nondestructive diagnostic device on the devastating disease of *A. bisporus* at early stage which has been conventionally conducted by expert visual examination, PCR analysis on the internal transcribed spacer gene, or traditional Koch's postulation.

Key words: *Agaricus bisporus*; hyperspectral imaging technology; early disease detection

收稿日期: 2021-04-16 初稿; 2021-10-25 修改稿

作者简介: 陈子涵 (1996-), 女, 硕士研究生, 主要从事生物图像智能化识别与计算机视觉技术应用研究 (E-mail: chenzh1996xs@163.com)

* 通信作者: 魏萱 (1987-), 女, 博士, 主要从事农业信息监测及其智能装备研究 (E-mail: xuanweixuan@126.com)

基金项目: 国家自然科学基金项目 (61705037)

0 引言

【研究意义】2019 年我国食用菌总产量达 3934 万 t, 总产值高达 3127 亿元。双孢蘑菇 (*Agaricus bisporus*) 是食用菌最主要的栽培品种之一, 在全球 60 多个国家和地区都有种植生产^[1]。双孢蘑菇的短生长周期、快繁殖、大数量等特点使得其经济价值广受菇农认可。但在菇房种植过程中, 由于机械化程度低、管理欠妥等问题, 双孢蘑菇不可避免会遭受病害的侵袭。双孢蘑菇真菌病疣孢霉病, 又称褐腐病、湿泡病, 是危害双孢蘑菇的世界性病害。有害疣孢霉菌 (*Mycogone perniciosa*) 是该病的致病真菌, 在我国长江以南的种植区域广为流行, 严重影响着我国双孢蘑菇菇房的生产效益^[2]。由于双孢蘑菇疣孢霉病与寄主、病原菌、传播媒介及菇房培养环境条件均有关系, 且发病潜伏期长、传染快, 存在使健康菇无法正常成长的问题, 有经验的菇农最快也要在双孢蘑菇子实体小菇期后才能鉴别染病与否; 或者采用内源转录间隔区 (ITS) 基因片段的聚合酶链式反应 (PCR) 鉴定^[3] 以及传统的柯赫氏法则^[4] 待菇体出现损耗后进行检测。这些方法往往因为时效性差导致病菇传染速度大于遏制速度。因此, 在早期对双孢蘑菇疣孢霉病进行快速、无损的检测识别, 能够帮助菇农及时发现菇房染病双孢蘑菇, 提醒菇农及时采取止损措施, 阻止病害继续扩散, 从而保证菇房的双孢蘑菇产量与品质, 保障菇农的正常经济收益。【前人研究进展】国内外学者采用无损检测技术对双孢蘑菇内部品质开展了不同研究, 高光谱成像技术能同时获取双孢蘑菇的光谱和图像信息, 具有信息量丰富^[5]、检测便捷^[6]、无损^[7]等优点, 被广泛应用于农作物病害检测。例如 Parrag 等^[8] 利用高光谱成像技术检测双孢蘑菇子实体成熟期的蜘蛛网病 (由树枝状真菌引起), 利用 SVM 建模成功分离出蜘蛛网病感染样本, 每组样本的正确率均在 80% 以上; Gaston 等^[9] 利用可见-近红外高光谱成像技术对双孢蘑菇子实体成熟期菌盖上的褐斑病 (细菌性病, 无害) 进行识别研究, 对正常、机械损伤及在运输或储存时被微生物腐败后的双孢蘑菇建立识别模型, 使用决策树将双孢蘑菇分类, 分类的准确度能在 95% 以上。结果表明高光谱可以用于检测并对蘑菇不同类型的损伤进行快速、自动的分类。

【本研究切入点】现已有很多基于高光谱成像技术对双孢蘑菇子实体成熟期时含水率^[10]、新鲜度^[11]和损伤情况^[12]的预测研究, 但目前针对双孢蘑菇病害

研究都是在子实体生长的中后期, 原基期至小菇期时的早期双孢蘑菇可能处在菌丝生长阶段, 其菌盖无法用肉眼辨别。故采用高光谱成像技术获取早期双孢蘑菇各个生长周期的病害光谱信息, 以实现双孢蘑菇病害的早期诊断。【拟解决的关键问题】本研究拟基于高光谱成像技术, 在双孢蘑菇生长早期 (小菇期之前) 对双孢蘑菇疣孢霉病进行检测识别, 能够发现染病双孢蘑菇的同时, 还能够减少农药使用、农药超标、土壤污染等环境问题。为消除高光谱图像数据在采集过程中, 可能存在光谱曲线错误旋转、基线漂移和图像变形等不利因素造成的噪声信号大而过拟合, 本研究对采集的高光谱数据进行预处理, 并选择最优预处理算法。对比不同建模方法结合预处理方法, 通过定性评价标准选择最终的病害鉴别模型, 为开发双孢蘑菇疣孢霉病早期鉴别设备提供参考。

1 材料与方法

1.1 试验材料

双孢蘑菇菌菌种为 W192, 疣孢霉菌种为 My.p0012, 均由福建省农业科学院食用菌研究所提供。

1.2 方法

1.2.1 双孢蘑菇的培养 将播种、装袋后的双孢蘑菇放入人工气候培养箱中培养, 初始设置温度 22 ℃, 相对湿度 90%, 无光照。待菌丝能够长满 90% 栽培料时 (约两周) 进行覆土处理^[13], 以福建省农业科学院食用菌研究所的土料覆盖栽培料约 2.5 cm 为覆土层高。参考郭倩等^[14] 研究的成果, 此时调整人工气候培养箱内的环境为温度 20 ℃, 湿度 85%, 无光照。待菌丝长到 2/3 覆土层时 (约覆土后 7~10 d), 调整人工气候培养箱内的环境为温度 20 ℃, 相对湿度 90%, 无光照, 等待出菇。培养期间每天早晚通风 1 h。

1.2.2 双孢蘑菇染病接种 将有害疣孢霉菌在马铃薯葡萄糖琼脂培养基 (PDA) 上, 于 25 ℃ 恒温暗箱中培养 7 d。于无菌操作台内用超纯水将 PDA 培养基上的有害疣孢霉菌孢子洗下, 制作成孢子悬液, 并用血球计数板检查有害疣孢霉菌孢子悬液为 1.0×10^5 个·mL⁻¹。待双孢蘑菇菌丝长到 2/3 覆土层时, 将 5 mL 有害疣孢霉菌孢子悬液均匀喷洒在覆土层表面。

1.2.3 病菇鉴定 在无菌台内将病菇上的褐色液滴和病菇切片分别放置在 PDA 平板培养基内并封口后, 于 25 ℃ 恒温培养箱中培养。5 d 后, 在显微镜下挑出菌丝并纯化, 观察是否有发黄、凋零现象。

也可通过菌盖大小来判断, 处在同一时期的双孢蘑菇, 与健康样本的菌盖直径相比, 染病样本的菌盖直径较短。

1.2.4 高光谱图像获取 高光谱成像系统(见图1)主要包括内置推扫高光谱成像仪、4个50 W卤钨灯光源、样品升降台及平板电脑等。为保证采集的高光谱图像清晰, 避免失真现象, 调试确定物镜距离、CCD相机曝光时间和推扫移动速度。经过反复调试, 最终确定物镜高度为30 cm, CCD相机曝光时间为70 ms, 相机推扫移动速度为1.30 mm·s⁻¹。分别采集健康双孢蘑菇早期子实体菌盖的可见/近红外高光谱图像(401~1 046 nm, 分辨率2.8 nm)后提取感兴趣区域(Region of interest, ROI)的平均光谱数据。由于感兴趣区域为菌盖周围部分, 故感兴趣区域提取形状选择椭圆形, 逐一选取图像样本的ROI后利用新区域(New Region)叠加待提取数据的样本图像区域, 最后在401~1 046 nm波段下提取所有图像感兴趣区域的光谱数据。

为清除由于传感器暗电流等原因产生图像中的噪音, 将采集到的原始高光谱图像利用标准反射白板和黑暗背景下高光谱图像数据校正, 如公式1所示

$$I = \frac{I_0 - B}{W - B} \quad (1)$$

式中:

I —校正之后的高光谱图像数据;

I_0 —原始的高光谱图像数据;

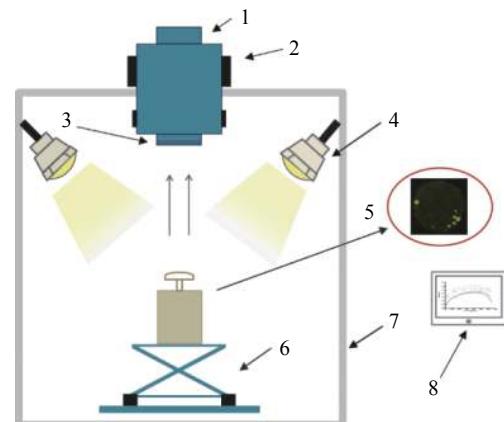
B —黑暗背景下的高光谱图像数据;

W —标准反射白板的高光谱图像数据。

1.2.5 诊断模型 随机森林分类器(RF)是一种集成分类器, 对于异常值和噪声有良好的容忍度, 随机选择的训练样本子集和变量后, 生成多个决策树, 其具体执行步骤见参考文献^[15]。本研究随机森林通过设定500颗决策树对分类结果进行投票, 例如, 当对健康样本的投票数高于对染病样本的投票数时, 随机森林就将这个变量确定为健康样本。

支持向量机(SVM)的基本原理是将原始特征空间映射到更高维度的空间, 使得数据线性可分, 这种转换是通过对原始数据应用内核函数来隐式执行的^[16]。本研究采用径向基函数(RBF)核函数结合网格法优化参数, 使建模结果最佳。对于二分类的分类目标是寻找最优超平面, 得到正确分类结果并使分类间隔最大。

极限学习机(ELM)由Huang等^[17]提出, 优化了传统的单隐含层前馈神经网络。不同于传统的神经网络, ELM无需迭代调整参数, 能够自动实现参



注: 1: CCD相机和扫描结构; 2: 便携式地物光谱成像仪; 3: 成像镜头; 4: 光源; 5: 样品; 6: 样品升降台; 7: 多功能暗箱; 8: 平板电脑。

Note: 1: CCD camera and scanning structures; 2: portable ground object spectral imager; 3: imaging lens; 4: light source; 5: sample; 6: sample lifting table; 7: multifunctional dark box; 8: iPad.

图1 可见/近红外高光谱成像系统

Fig. 1 Visible/near-infrared hyperspectral imaging system

数调优^[18]。ELM随机分配隐含层的权值 ω_i 和偏差值, 通过解简单的方程式确定最终的输出权值 β_j , 计算速度快。可以由算法随机设定输入层和隐含层的连接权值以及隐含层的阈值, 在设定完成后, 不需要反向调整。在保证学习精度的前提下, 泛化性能满足需求。

利用ENVI 5.3(美国Exelis Visual Information Solutions公司)、Unscrambler X10.1(挪威CAMO AS公司)和MATLAB R2016b(美国Mathwork公司)软件对采集到的双孢蘑菇高光谱图像信息进行数据处理。通过定性评价指标: 样本识别准确度(见公式2), 针对分类问题判断所建模型对样本分类的效果。准确度越高, 该模型对输入样本的分类完成的越好。

$$\text{样本识别准确度} = \frac{\text{正确分类样本数}}{\text{输入样本总数}} \times 100\% \quad (2)$$

2 结果与分析

2.1 平均光谱曲线分析

采集原基期、菇蕾期、幼菇期、小菇期的健康、染病双孢蘑菇高光谱图像, 各个生长周期约1~2 d。小菇期后染病双孢蘑菇病害特征较为明显, 菌盖表面出现褐变等患病症状, 因此将接种后7~11 d内的样本认定为早期。获取菌盖部分的ROI高光谱图像, 最终获得共400个高光谱图像的ROI光谱数据样本, 具体见表1。

本研究采用401~1 046 nm波长范围, 共360个

波段做进一步研究。健康和染病双孢蘑菇高光谱平均光谱曲线如图 2 所示, 健康和染病双孢蘑菇的高光谱曲线轮廓在原基期和菇蕾期较为相似, 随着蘑菇的生长, 在幼菇期后健康双孢蘑菇能够长出光滑白净的子实体, 其对应反射率逐渐提高, 而染病双孢蘑菇从小菇期开始发病症状显现, 菌盖表面由于有害疣孢霉菌的侵染产生不规则褐斑。染病双孢蘑菇光谱反射率与健康双孢蘑菇光谱反射率的差异主要体现在 401~450 nm 的紫光波段附近和 800~1046 nm 的近红外波段范围。400~500 nm 是紫光波段范围, 此时物质反射率越高, 则对紫光的吸收就越多, 呈现出的黄色就越深, 发病症状越显著。由于水的 O-H 在 960 nm 处的合频吸收, C-H 在 800~900 nm 区域的第三倍频吸收, N-H 在 1000~1100 nm 区域的第二倍频在这个区域的吸收比较弱^[19], 表明有害疣孢霉菌对双孢蘑菇的侵染还使得其内部含水率发生了变化。

2.2 预处理

如图 3 可见 SG 卷积一阶求导 (SG 1st order derivative) 处理后, 消除干扰的同时在 1000~1100 nm 范围内引入了一定噪声; SG 卷积平滑 (SG smoothing) 处理后, 光谱曲线较为平滑, 噪声信号有所降低; 多元散射校正 (MSC) 处理后, 光散射和基线漂移等问题得到明消除。

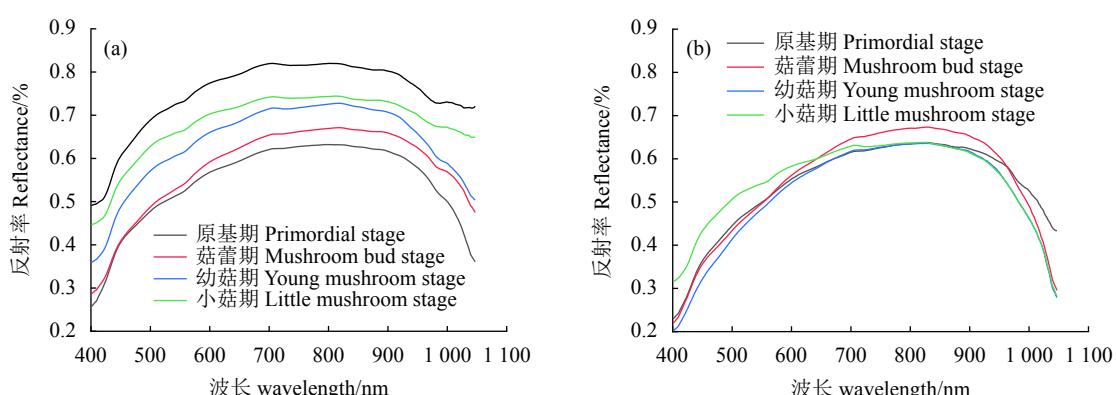
2.3 鉴别模型

将预处理后的高光谱数据用于建立基于高光谱成像技术的双孢蘑菇疣孢霉病早期检测模型, 将样本按 2:1 的比例划分为测试集和预测集, 得到测试集样本共 267 个, 预测集样本共 133 个, 最终定性评价的结果如表 2 所示。其中, 结果最好的为 MSC-

表 1 样本信息
Table 1 List of samples

接种时间 Processed time/d	生长期 Stage	健康/染病 Healthy/Infected	数量 Number
7	原基期 Primordial stage	健康 Healthy	50
7	原基期 Primordial stage	染病 Infected	50
9	菇蕾期 Mushroom bud stage	健康 Healthy	50
9	菇蕾期 Mushroom bud stage	染病 Infected	50
10	幼菇期 Young mushroom stage	健康 Healthy	50
10	幼菇期 Young mushroom stage	染病 Infected	50
11	小菇期 Little mushroom stage	健康 Healthy	50
11	小菇期 Little mushroom stage	染病 Infected	50
总计 Total			400

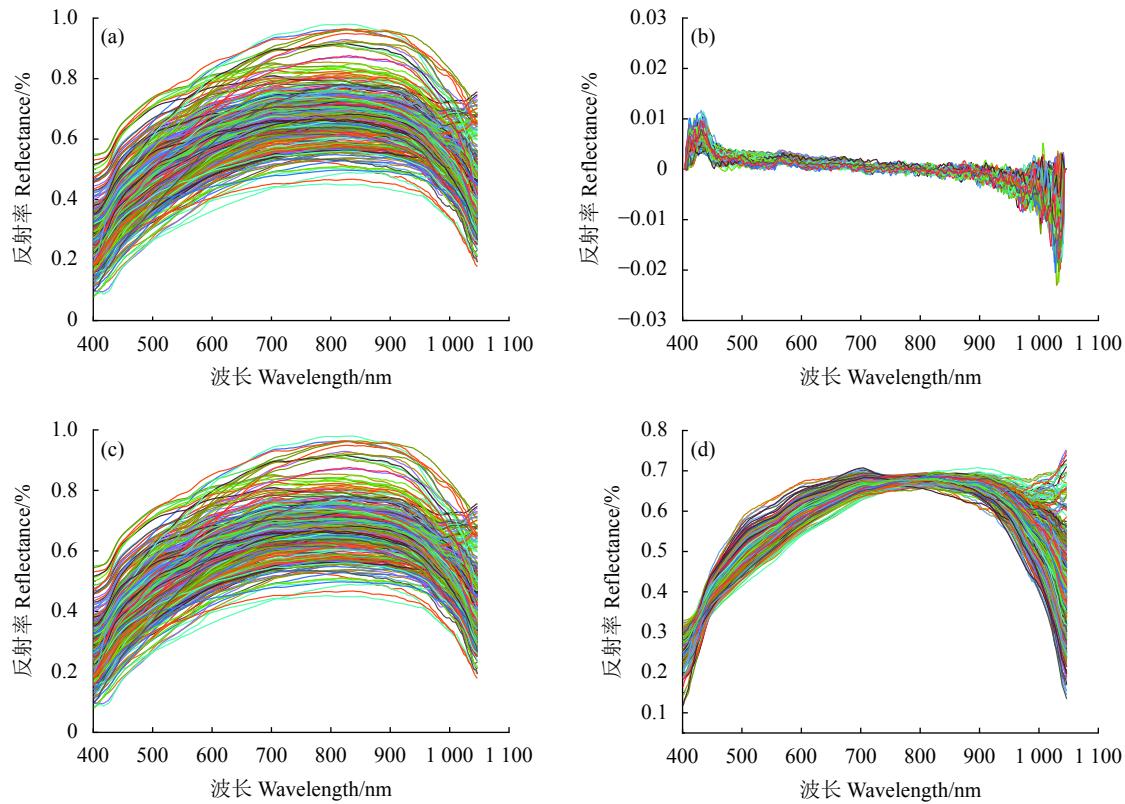
SVM 模型, 测试集和预测集总体样本识别准确度为 92.21% 和 91.04%。在无预处理的全波段建模结果中, 测试集样本总体识别准确度在 85% 以上, 预测集样本总体识别准确度在 87% 以上。在经过 MSC 法对原始光谱数据进行预处理后 RF 建模预测集准确度由 88.06% 提升至 89.34%, SVM 建模预测集准确度由 87.38% 提升至 91.04%, SG 卷积一阶求导后 ELM 建模预测集准确度由 89.62% 提升至 90.93%。表明 MSC 能够有效去除冗余信息, 提高检测准确度。经过 MSC 预处理后, SVM 建模的测试集和预测集染病样本识别准确度较 RF 和 ELM 建模结果好, 分别提



注: (a): 健康双孢蘑菇高光谱平均光谱曲线; (b): 染病双孢蘑菇高光谱平均光谱曲线。
Note: (a): Average hyperspectral curve on healthy mushrooms; (b): Average hyperspectral curve on infected mushrooms.

图 2 健康和染病双孢蘑菇高光谱平均光谱曲线

Fig. 2 Average hyperspectral curves on healthy and infected mushrooms



注: (a): 原始高光谱曲线; (b): SG 卷积一阶求导处理后高光谱曲线; (c): SG 卷积平滑处理后高光谱曲线; (d): MSC 处理后高光谱曲线。

Note: (a): Original hyperspectral spectra curve; (b): Hyperspectral spectra curve after SG 1st order derivative preprocessing; (c): Hyperspectral spectra curve after SG smoothing preprocessing; (d): Hyperspectral spectra curve after MSC preprocessing.

图3 双孢蘑菇高光谱曲线

Fig. 3 Hyperspectral curve of mushroom

表2 不同预处理与不同建模方法结果

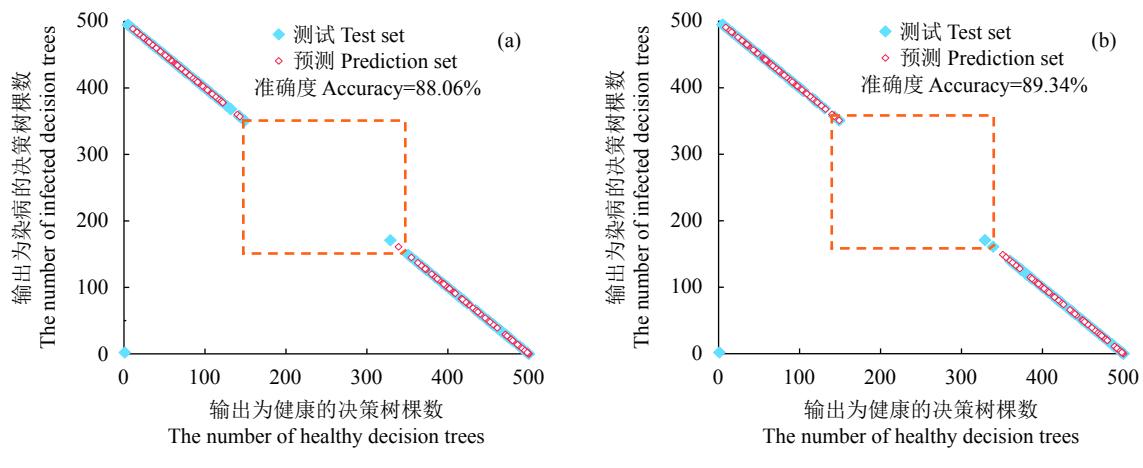
Table 2 Results of different preprocessing and modeling methods

方法 Methods	识别准确度 Identification accuracy/%			预测集 Prediction set		
	测试集 Test set	健康样本 Healthy samples	染病样本 Infected samples	总体样本 All samples	健康样本 Healthy samples	染病样本 Infected samples
NONE-RF	93.99	96.27	95.13	89.71	87.22	88.06
NONE-SVM	82.84	87.22	85.02	89.69	85.07	87.38
NONE-ELM	89.39	84.63	87.01	92.54	86.69	89.62
MSC-RF	92.24	90.86	91.55	91.25	87.42	89.34
MSC-SVM	92.71	91.71	92.21	90.56	91.52	91.04
MSC-ELM	91.77	89.18	90.48	89.48	92.26	90.87
SG smoothing--RF	92.88	93.34	93.11	87.68	88.81	88.25
SG smoothing--SVM	93.00	91.13	92.07	88.71	92.05	90.38
SG smoothing--ELM	88.47	89.81	89.14	87.90	91.09	89.50
SG 1st order derivative-RF	91.03	93.23	92.13	89.35	87.48	88.42
SG 1st order derivative-SVM	91.18	89.30	90.24	91.59	89.81	90.70
SG 1st order derivative-ELM	87.65	91.70	89.68	90.51	91.34	90.93

升至 91.71% 和 91.52%，这可为在线监测设备的研究提供依据。模型预测集分类结果如图4~6所示。

由图4可以观察到，500 颗决策树对每个样本的投票结果都往两端聚集，仅有少量样本投票结果在

误差框（虚线框）内，表明样本特征较明显，随机森林能够将样本特征提取，并以此作为分类依据，得到良好的分类结果。对比不同模型的预测集总体样本识别准确度，MSC 预处理过后的随机森林分类

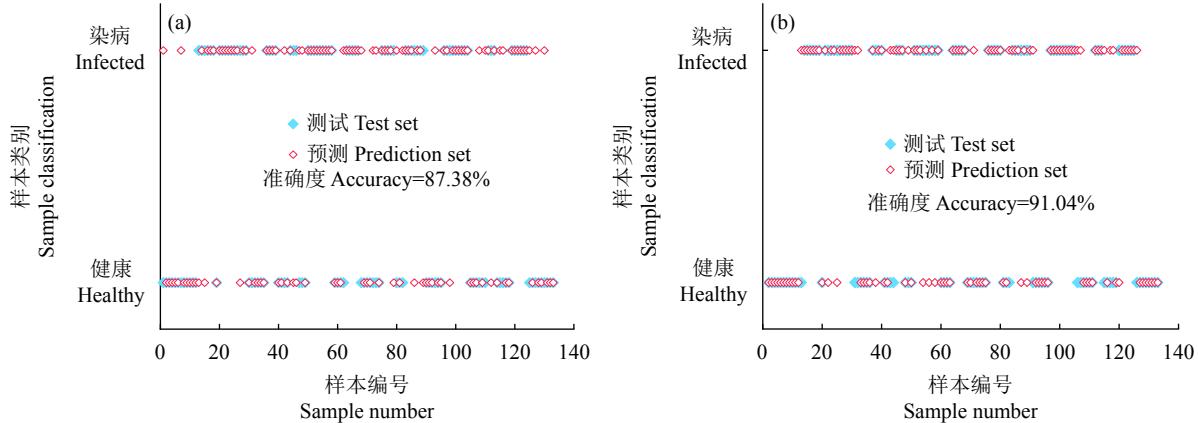


注: (a): NONE-RF 分类结果; (b): MSC-RF 分类结果。

Note: (a): NONE-RF classification on full bands; (b): MSC-RF classification on full bands.

图4 随机森林分类结果

Fig. 4 Random Forest classification

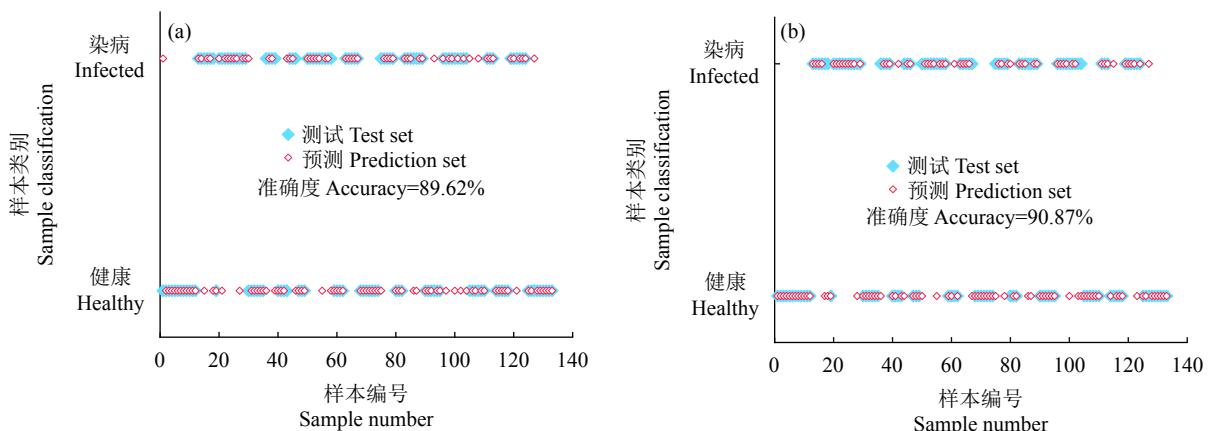


注: (a): NONE-SVM 分类结果; (b): MSC-SVM 分类结果。

Note: (a): NONE-SVM classification on 360 bands; (b): MSC-SVM classification on 360 bands.

图5 SVM分类结果

Fig. 5 SVM classification



注: (a): NONE-ELM 分类结果; (b): MSC-ELM 分类结果。

Note: (a): NONE-ELM classification on 360 bands; (b): MSC-ELM classification on 360 bands.

图6 ELM分类结果

Fig. 6 ELM classification

模型比无预处理、SG 卷积平滑和 SG 卷积一阶求导的准确度提升的百分比多, 说明 MSC 预处理能够消除双孢蘑菇菌盖表面的颗粒大小及其分布不均所产生的散射影响。

如图 5 所示, 在 400 个分类样本中, 仅有少量样本被用 RBF 核函数建模的 SVM 分类模型误判类别。当全波长分类模型的准确率较 RF 分类器提升的同时, SVM 分类模型测试集准确度也维持在 87% 以上。其中, 无预处理的 SVM 诊断模型预测集总体样本准确度可达到 87.38%, 经 MSC 预处理后 SVM 诊断模型的预测集总体样本准确度也由 87.38% 提高到 91.04%, 较 SG 卷积平滑和 SG 卷积一阶求导提升的多, 分别为 90.38% 和 90.70%。SVM 采用径向基函数 (RBF) 核函数, 用网格搜索法自动选择优化参数, 使得诊断模型准确度最佳。

3 讨论

本研究应用可见/近红外高光谱成像技术, 以双孢蘑菇疣孢霉病为研究对象, 对该病害早期检测方法进行研究, 探讨了 MSC、SG 卷积一阶求导和 SG 卷积平滑 3 种预处理方法对建模结果的影响, 得知经过 MSC 预处理后的建模结果中, 无关信息被有效消除, 光谱信息的信噪比提高, 为提升双孢蘑菇疣孢霉病早期诊断模型的准确度奠定基础。对比预处理后的全波段高光谱图像数据经过 RF、SVM 和 ELM 等 3 种建模方法对染病双孢蘑菇的鉴别效果影响, 结果表明, 3 种建模方法均有效提升诊断模型的准确度。其中, 经过 MSC 预处理和 SVM 建模方法组合的模型, 测试集和预测集总体样本识别准确度为 92.21% 和 91.04%, 优于其他预处理和建模方法的组合。该研究结果为进一步开发双孢蘑菇疣孢霉病的快速无损检测设备提供了理论基础。

参考文献:

- [1] 秦文韬, 王守现, 荣成博, 等. 我国食用菌病害发生与防控概况 [J]. 中国食用菌, 2020, 39 (12): 1-7.
- QIN W T, WANG S X, RONG C B, et al. Occurrence and management of edible fungus diseases in China [J]. *Edible Fungi of China*, 2020, 39 (12): 1-7. (in Chinese)
- [2] 谭琦, 王镭, 王永红, 等. 不同地区有害疣孢霉菌株生物学特性研究 [J]. 食用菌学报, 1996, 3 (1): 46-50.
- TAN Q, WANG L, WANG Y H, et al. A study on biological characteristics in isolates of *Mycogone perniciosa* magn [J]. *Acta Edulis Fungi*, 1996, 3 (1): 46-50. (in Chinese)
- [3] YANG Y, SOSSAH F L, LI Z, et al. Genome-wide identification and analysis of chitinase GH18 gene family in *Mycogone perniciosa* [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2021, 11: 596719.
- [4] GEA F J, TELLO J C, NAVARRO M J. Efficacy and effects on yield of different fungicides for control of wet bubble disease of mushroom caused by the mycoparasite *Mycogone perniciosa* [J]. *Crop Protection*, 2010, 29 (9): 1021-1025.
- [5] PANG L, WANG J H, MEN S, et al. Hyperspectral imaging coupled with multivariate methods for seed vitality estimation and forecast for *Quercus variabilis* [J]. *Spectrochimica Acta Part A: Molecular and Biomolecular Spectroscopy*, 2021, 245: 118888.
- [6] SKONECZNY H, KUBIAK K, SPIRALSKI M, et al. Fire blight disease detection for apple trees: Hyperspectral analysis of healthy, infected and dry leaves. [J]. *Remote Sensing*, 2020, 12 (13): 2101.
- [7] SOBEJANO-PAZ V, MIKKELSEN T N, BAUM A, et al. Hyperspectral and thermal sensing of stomatal conductance, transpiration, and photosynthesis for soybean and maize under drought [J]. *Remote Sensing*, 2020, 12 (19): 3182.
- [8] PARRAG V, FELFÖLDI J, BARANYAI L, et al. Early detection of cobweb disease infection on *Agaricus bisporus* sporocarps using hyperspectral imaging [J]. *Acta Alimentaria*, 2014, 43(Supplement 1): 107-113.
- [9] GASTON E, FRÍAS J M, CULLEN P J, et al. Visible-near infrared hyperspectral imaging for the identification and discrimination of brown blotch disease on mushroom (*Agaricus bisporus*) caps [J]. *Journal of Near Infrared Spectroscopy*, 2010, 18 (5): 341-353.
- [10] LIN X H, XU J L, SUN D W. Investigation of moisture content uniformity of microwave-vacuum dried mushroom (*Agaricus bisporus*) by NIR hyperspectra limaging [J]. *LWT-Food Science and Technology*, 2019, 109: 108-117.
- [11] TAGHIZADEH M, GOWEN A, WARD P, et al. Use of hyperspectral imaging for evaluation of the shelf-life of fresh white button mushrooms (*Agaricus bisporus*) stored in different packaging films [J]. *Innovative Food Science & Emerging Technologies*, 2010, 11 (3): 423-431.
- [12] GOWEN A A, TAGHIZADEH M, O'DONNELL C P. Identification of mushrooms subjected to freeze damage using hyperspectral imaging [J]. *Journal of Food Engineering*, 2009, 93 (1): 7-12.
- [13] 张春兰, 徐济责, 柿岛真, 等. 双孢蘑菇疣孢霉病的发病过程及病原菌的核相研究 [J]. 微生物学报, 2017, 57 (3): 422-433.
- ZHANG C L, XU J Z, SHI D Z, et al. The development of *Agaricus bisporus* wet bubble disease and the nuclear phase of pathogen [J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2017, 57 (3): 422-433. (in Chinese)
- [14] 郭倩, 凌霞芬, 王志强, 等. 双孢蘑菇工厂化栽培过程中环境因子的调控 [J]. 食用菌学报, 2020, 9 (3): 38-41.
- GUO Q, LING X F, WANG Z Q, et al. The control of environmental factors in modern industrial cultivation of *Agaricus bisporus* [J]. *Acta Edulis Fungi*, 2020, 9 (3): 38-41. (in Chinese)
- [15] BELGIU M, DRĂGĂUȚ L. Random forest in remote sensing: A review of applications and future directions [J]. *ISPRS Journal of Photogrammetry and Remote Sensing*, 2016, 114: 24-31.
- [16] DALPONTE M, ØRKA H O, GOBAKKEN T, et al. Tree species classification in boreal forests with hyperspectral data [J]. *IEEE*

- Transactions on Geoscience and Remote Sensing*, 2013, 51 (5) : 2632–2645.
- [17] HUANG G B, ZHU Q Y, SIEW C K. Extreme learning machine: A new learning scheme of feedforward neural networks [C]// 2004 IEEE International Joint Conference on Neural Networks (IEEE Cat. No. 04CH37541). Budapest, Hungary: IEEE, 2004: 985 – 990.
- [18] DING S F, XU X Z, NIE R. Extreme learning machine and its applications [J]. *Neural Computing and Applications*, 2014, 25 (3/4) : 549–556.
- [19] 李鸿强. 基于高光谱分析的蔬菜品质检测方法研究[D]. 北京: 中国农业大学, 2019.
LI H Q. Study on detection method of vegetable quality based on hyperspectral analysis[D]. Beijing: China Agricultural University, 2019. (in Chinese)

(责任编辑: 吴宇琳)