

doi:10.11733/j.issn.1007-0435.2026.08.003

引用格式:李秀婷,卢茂金,赵伊豪,等.基于3DGS的饲用燕麦冠层结构参数提取与生物量预测[J].草地学报,2026,34(8):2776—2786

LI Xiu-ting, LU Mao-jin, ZHAO Yi-hao, et al. Oat Canopy Structural Parameter Extraction and Biomass Prediction Using 3D Gaussian Splatting[J]. Acta Agrestia Sinica, 2026, 34(8):2776—2786

基于3DGS的饲用燕麦冠层结构参数提取 与生物量预测

李秀婷¹, 卢茂金¹, 赵伊豪¹, 张亮¹, 钟志花¹, 赵嘉欣¹, 孙承星¹, 邓博偲田¹,
刘一菠¹, 马钰雯¹, 马紫晨¹, 马祥², 王亚芳^{1*}, 刘敏国^{1*}

(1. 西北农林科技大学草业与草原学院, 陕西 杨凌 712100; 2. 青海大学畜牧兽医科学院, 青海 西宁 810016)

摘要:作物田间表型测量是品种选育的基础。传统作物表型采集存在破坏性大、成本高、主观性强等问题,难以满足当前品种选育工作的要求。本研究提出一种基于智能手机视频采集与3D高斯泼溅(3D Gaussian Splatting, 3DGS)技术的饲用燕麦单株表型分析方法。试验以187株乳熟期饲用燕麦为研究对象,利用智能手机获取多视角视频数据并生成3DGS点云模型,提取投影面积、最大冠幅及平均冠幅等冠层结构参数,分别采用凸包法和体素化法(体素大小0.01 m, 0.005 m)计算冠层体积。结合随机森林与支持向量机算法,构建生物量(鲜重、干重)预测模型。结果表明:(1)3DGS技术能够高保真地还原燕麦叶片细长、茎秆纤细及自遮挡严重的复杂形态,在复杂形态还原上展现出相对传统重建方法的显著优势;(2)基于3DGS点云体积的生物量估测模型精度可靠,干重预测精度($Acc \approx 0.88$)普遍优于鲜重,且高分辨率(体素大小0.005 m)的体素化方法在描述冠层实体结构方面略占优势。本研究构建的“手机视频采集—3DGS建模—表型参数提取”工作流具有低成本、高精度且非破坏性的特点,为田间作物高通量表型分析提供了有效的技术支撑。

关键词:高斯泼溅;饲用燕麦;生物量预测;机器学习;冠层体积;高通量表型

中图分类号:S127

文献标识码:A

文章编号:1007-0435(2026)08-2776-11

Oat Canopy Structural Parameter Extraction and Biomass Prediction Using 3D Gaussian Splatting

LI Xiu-ting¹, LU Mao-jin¹, ZHAO Yi-hao¹, ZHANG Liang¹, ZHONG Zhi-hua¹, ZHAO Jia-xin¹,
SUN Cheng-xing¹, DENG Bo-si-tian¹, LIU Yi-bo¹, MA Yu-wen¹, MA Zi-chen¹, MA Xiang²,
WANG Ya-fang^{1*}, LIU Min-guo^{1*}

(1. College of Grassland Agriculture, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi Province 712100, China; 2. Academy of Animal and Veterinary Science, Qinghai University, Xining, Qinghai Province 810016, China)

Abstract: Field phenotyping is fundamental to crop variety evaluation. However, traditional data acquisition methods are often destructive, costly, and subjective, and conventional 3D reconstruction techniques struggle to capture fine plant structures. To address these challenges, this study proposed a high-throughput phenotyping method for individual oat plants based on smartphone video acquisition and 3D Gaussian Splatting (3DGS) technology. The experiment utilized 187 oat plants at the milky stage as tested materials. Multi-view video data captured by smartphones were used to generate 3DGS point cloud models, from which canopy structural parameters—including projected area, maximum canopy width, and average canopy width—were extracted. Canopy volume was calculated using both Convex Hull and Voxelization (voxel size 0.01 m and 0.005 m)

收稿日期:2026-02-23;修回日期:2026-03-30

作者简介:李秀婷(2002-),女,汉族,福建泉州人,硕士研究生,主要从事植物表型组技术研究, E-mail: lxt@nwafu.edu.cn; *通信作者
Author for correspondence, E-mail: yafang.wang@nwafu.edu.cn; liumg@nwafu.edu.cn

methods. Furthermore, biomass (fresh and dry weight) prediction models based on canopy volume were constructed using Random Forest (RF) and Support Vector Machine (SVM) algorithms. The results showed that: (1) 3DGS technology achieved high-fidelity reconstruction of the complex morphology of oats, effectively resolving issues related to slender leaves, thin stems, and severe self-occlusion, thereby demonstrating significant advantages over traditional reconstruction methods in restoring intricate structural forms; (2) Biomass estimation models based on 3DGS point cloud volume were reliable, with dry weight prediction accuracy (Accuracy ≈ 0.88) generally superior to that of fresh weight; notably, high-resolution voxelization (voxel size 0.005 m) demonstrated a slight advantage in accurately describing the physical canopy structure. The workflow established in this study- "Smartphone Video Acquisition-3DGS Modeling-Phenotypic Parameter Extraction"-offered a low-cost, high-precision, and non-destructive solution, providing effective technical support for high-throughput phenotypic analysis of fields.

Key words: Gaussian splatting; Oat; Biomass prediction; Machine learning; Canopy volume; High-throughput phenotyping

作物表型组学作为连接基因型与环境效应的关键桥梁,对现代精准农业和粮食安全保障具有重要意义^[1-3]。作物株高、冠层体积及生物量等冠层结构参数是评估作物生长状况、光合效率及产量潜力的核心指标^[4]。然而,传统的破坏性取样方法不仅耗时耗力,且难以满足连续动态监测等需求^[5]。随着计算机视觉与传感器技术的飞速发展,基于三维重建的表型分析技术已逐渐成为替代传统方法的有效手段^[6-7]。

基于图像的摄影测量技术因其低成本、高纹理保真度而被广泛应用于三维重建^[8-9]。便携式移动设备算力的提升,利用智能手机进行田间数据采集已成为一种极具潜力的低成本表型解决方案。研究表明,基于智能手机的三维重建技术能够满足大部分田间形态学参数的提取需求,显著降低了表型分析的硬件门槛^[10-11]。然而,传统的基于运动恢复结构算法的三维重建技术在处理燕麦这类具有细长茎秆和复杂遮挡的禾本科植物时,面临点云稀疏、计算耗时长、容易产生“伪影”或断裂等问题^[12]。为克服传统几何重建方法的局限性,神经辐射场(Neural radiance fields, NeRF)及其衍生技术被提出,为复杂场景的重建提供了新方式。2023年高斯泼溅(3D Gaussian Splatting, 3DGS)技术被提出,其显式的场景表达和实时的渲染能力被广泛关注和应用。与隐式表达的NeRF不同,3DGS利用各向异性的3D高斯球来表示场景,不仅保留了极高的视觉细节,而且大幅提升了训练与推理效率^[13]。研究表明,3DGS在农业领域的应用潜力巨大。PlantGaussian模型证明了该技术在跨种植物精细重建上的优越性,能够有效恢复植物的复杂几何结构^[14];针对小麦单株的研究也证实,3DGS生成的模型在叶片边缘和穗部细节的还原度上显著优于

传统摄影测量方法^[15]。

尽管3DGS在视觉重建上优势明显,但如何从其生成的非结构化高斯点云数据中准确提取定量农学参数,仍是一个亟待解决的难题^[16]。针对植物冠层体积的计算,凸包(Convex hull)算法和体素化(Voxelization)方法是两种经典的几何估算策略。相比于单一方法,结合点云特征选择合适的体积计算模型能显著提高生物量估算的准确度^[17]。本研究以单株燕麦为研究对象,利用手机环绕拍摄获取多视角视频数据,生成3D高斯泼溅模型,结合田间实测的株高和生物量数据,实现冠层参数的提取及基于凸包与体素化算法的冠层体积计算,验证高斯泼溅技术在作物生物量估算中的可行性与精度,为田间高通量表型分析提供一种高效、低成本且非破坏性的新途径。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

试验地位于青海省西宁市湟中区鲁沙尔镇东村(101°59' E, 36°42' N, 海拔2630 m)。该地区属于高原大陆性气候,年平均气温4.6℃,年降水量500~650 mm。试验地前茬作物为荞麦(*Fagopyrum esculentum*)。耕作层土壤理化性质如下:全氮1.56 g·kg⁻¹、全磷2.24 g·kg⁻¹、铵态氮0.79 mg·kg⁻¹、硝态氮2.24 mg·kg⁻¹、有机质17.90 g·kg⁻¹。

供试饲用燕麦(*Avena sativa* L.)品种为‘中天4号’,由中国农业科学院兰州畜牧兽医研究所提供。本研究以经EMS诱变处理的M₂代株系为试验材料,未诱变原品种作为对照(CK)。试验采用单株株行法种植。选取饱满度一致的M₁代单株种子,每株行播种16粒。采用穴播方式,行距与株距均为

40 cm,播种深度控制在4~5 cm。每间隔10行诱变材料设置1行未诱变对照材料。底肥施用参照当地高产田标准,播种前施用尿素(总N $\geq$ 46.0%) 75 kg $\cdot$ hm $^{-2}$ 和磷酸二铵(N $\geq$ 18.0%, P $_2$ O $_5$ $\geq$ 46.0%)150 kg $\cdot$ hm $^{-2}$ 。试验期间,田间除草、灌溉及病虫害防治等管理措施保持一致。

1.2 数据获取与处理

1.2.1 视频数据获取 在燕麦乳熟期,随机选取生长健壮、具有代表性的187个株系作为观测样本。图像数据采集使用iPhone 15 Pro Max,采用环绕式多视角拍摄法。拍摄选择晴朗无风的天气,于上午9:00—11:00、下午15:00—17:00进行,以避免强光直射和阴影干扰。拍摄前在燕麦植株旁边固定一米标准标尺,标尺垂直插入植株基部土壤,零刻度线与地面齐平。拍摄时设备镜头始终聚焦于植株几何中心,保持约0.5 m的拍摄半径,垂直方向俯仰角控制在 -30° ~ $+30^{\circ}$ 范围内,匀速围绕植株进行360 $^{\circ}$ 全方位视频录制。为避免相邻植株对目标单株造成遮挡干扰,拍摄时由辅助人员将邻株轻扶向外倾斜,以扩大目标植株的可见视野,确保其在360 $^{\circ}$ 环绕拍摄中始终处于无遮挡的中心画面。

1.2.2 地面实测数据获取 在图像采集完成后,立即对相应单株进行人工破坏性采样,以获取真实表型。保持植株自然直立状态,使用标准钢卷尺测量从土壤表面基部至燕麦茎尖(不含芒)的垂直距离,读数精确到0.1 cm,作为株高。以镰刀齐地面刈割植株,使用电子天平称量地上部鲜重。将样本装入样品袋,烘干至样本达到恒重状态,再次称量获得单株干重。

1.2.3 视频数据预处理 本研究利用Mipmap软件(v3.0.0,北京漫漫星图科技有限公司,中国)进行三维高斯溅射建模。将采集的视频数据导入软件,具体建模参数设置如下:任务类型为可见光,视频抽帧时间间隔为0.1 s,拍摄模式为环绕模式,重建精度设置为超高,计算模式为单机计算,结果输出为“三维成果-高斯泼溅”。随后进行空三计算和三维高斯建模,生成包含丰富纹理和几何细节的初始三维点云模型。重建后的点云场景中,目标植株通常位于场景中心区域。为进一步提升模型质量并优化渲染效率,将生成的模型导入SuperSplat在线编辑器进行后处理,剔除场景中地面点、漂浮的冗余噪点及误差较大的离群点;若目标植株与邻株

点云难以分辨,则依据原始视频中植株形态特征(如叶片卷曲程度、茎秆高度、相对标尺位置等)进行人工判别,进一步剔除邻株干扰,最终获得背景纯净、结构完整的单株点云数据。

由于3DGS重建所得点云初始处于相对坐标系,缺乏真实物理尺度,本研究以田间固定的1 m标准标尺为绝对尺度基准,利用Python编写标定程序进行尺度恢复:在重建点云中精确识别标尺两端点,计算其像素间距并与标尺实际长度(1.0 m)求比值,获得空间尺度转换因子(Scale factor),进而将点云坐标统一映射至真实世界坐标系(单位:m)。经此标定,后续提取的投影面积(m ^{2})、冠幅(m)及冠层体积(m ^{3})均具备可量测的真实物理尺度,可直接与田间实测值建立定量对应关系。

1.3 研究方法

1.3.1 数据集划分与模型验证 本研究将187株燕麦样本按8:2的比例划分为训练集(150株)与独立测试集(37株),以确保模型评估的客观性与泛化能力^[18]。为避免因数据分布偏差导致的模型过拟合或低估性能,在划分前对各样本的生物量(鲜重与干重)进行了Shapiro-Wilk正态性检验($\alpha=0.05$),结果显示生物量分布不满足正态性假设($P<0.05$),因此采用非参数化的分层抽样策略。根据样本鲜重与干重的累计分布分位数,将所有样本划分为高、中、低三个生物量区间,确保训练集与测试集中各区间样本比例与总体分布保持一致。

1.3.2 模型训练与验证策略

(1)随机森林模型(Random Forest, RF)

设置随机种子以保证实验可重复性,以植株高度和冠层体积作为基础特征,并构建平方项、交互项及比值项等派生特征以增强模型表达能力。使用5折交叉验证网格搜索进行超参数优化,以负均方根误差作为评分指标,搜索范围涵盖决策树数量(100~300)、最大深度(5~15及无限制)、节点分裂最小样本数(2~10)及叶节点最小样本数(1~4)。分别在鲜重和干重两个目标变量上独立训练模型,采用独立测试集评估模型性能。

(2)支持向量机模型(Support Vector Machine, SVM)

采用与RF模型一致的数据划分策略以保证结果可比性。由于SVM对特征尺度敏感,首先使用Z-score标准化对输入特征进行归一化处理。选用

径向基核函数(RBF)以捕捉非线性映射关系,同样采用5折交叉验证网格搜索优化超参数,搜索范围包括惩罚系数 C (0.1~100)、核函数系数 γ (scale/auto/0.01~0.1) 及不敏感损失参数 ϵ (0.01~0.2)。分别在标准化后的特征空间上针对鲜重和干重建立独立回归模型,采用与RF模型相同的评价指标体系在独立测试集上进行性能评估。

1.3.3 冠层参数提取方法 针对高斯泼溅重建的单株燕麦三维点云模型,本研究采用凸包算法提取冠层表型参数。具体指标定义如下:

(1)投影面积(Projected crown area, PCA):将三维点云投影至XY平面,计算其二维凸包的面积。该指标表征了单株燕麦冠层在水平面上的光资源捕获范围。

(2)最大冠幅(Maximum canopy width, $W_{\max}$):计算二维凸包所有顶点对之间的欧氏距离,取其最大值作为最大冠幅,即费雷最大直径(Maximum feret diameter),表征冠层水平扩展的极限范围。

(3)平均冠幅(Average canopy width, W_{avg}):采用等效圆直径表示。考虑到燕麦冠层形状的不规则性,直接测量轴向宽度可能存在方向偏差。因此,本研究基于投影面积计算其等效圆直径,以此作为衡量冠层整体平均开展程度的稳健指标,具体计算公式如下:

$$W_{\text{avg}} = 2 \sqrt{\frac{S}{\pi}}$$

式中, S 为燕麦冠层垂直投影的等效圆面积。

1.3.4 三维建模及体积计算方法 本研究分别采用凸包法和体素化法两种算法构建作物冠层三维模型并计算其体积,以探究不同建模方法对生物量估算的有效性。凸包法的核心思想是构建一个能够包含所有三维点云数据的最小凸多面体^[19],假设作物冠层是一个封闭的凸形结构,通过连接最外层的点形成多面体表面,进而计算该多面体的体积。体素化法则是一种将三维空间离散化的方法,设定一个特定的体素大小(Voxel size),将包含点云的三维空间划分为若干个规则的小立方体(体素)。本研究采用二进制填充规则(Binary occupancy)进行体素化:若某个体素空间内存在至少一个点云数据点,则判定该体素为“填充”状态(记为1),否则为“空”状态(记为0)^[20]。通过统计所有填充体素的数量,并乘以单个体素的体积,累加得到冠层的总体积^[21]。

本研究设置两种体素分辨率进行对比分析:①体素大小0.01 m,该尺度接近燕麦叶片平均宽度(约1~2 cm),能够在计算效率与结构细节保留之间取得平衡,适用于田间快速估算;②体素大小0.005 m,该尺度小于燕麦叶片最小宽度,可更精细地刻画叶片边缘及冠层内部孔隙结构,更逼近植株的实体体积^[22-23]。体素大小的选择基于燕麦形态学特征:乳熟期燕麦叶片细长(长30~50 cm,宽1~2 cm),茎秆纤细(直径0.5~1 cm),0.005 m分辨率可确保至少在一个维度上包含2个以上体素,从而保证几何结构的完整表达。通过对比两种分辨率下的体积计算结果与生物量相关性,评估空间离散化精度对预测模型的影响。

本研究将通过上述两种方法计算得到的冠层体积作为自变量,分别与实测的鲜重和干重数据进行建模,评估不同体积计算模型在生物量反演中的表现。

1.3.5 模型测试与精度评价指标 使用训练阶段优化后的最佳模型(RF最优模型、SVM最优模型)对独立测试集(37株)进行生物量预测。本研究选取决定系数(Coefficient of determination, R^2)、均方根误差(Root mean square error, RMSE)和准确度(Accuracy, Acc)作为评价指标。

(1) R^2 :用于反映模型预测值对观测值变异的解释程度,值越接近1,表明模型的拟合效果越好。

$$R^2 = 1 - \frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)^2}{\sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2}$$

式中, n 为样本数量, y_i 为第*i*个样本的实测值, $\hat{y}_i$ 为第*i*个样本的模型预测值, $\bar{y}$ 为实测值的平均值。

(2)RMSE:用于衡量预测值与实测值之间的平均偏差程度,值越小,表明模型的预测精度越高。

$$E = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)^2}$$

式中, E 为RMSE, y_i 为第*i*个样本的实测值, $\hat{y}_i$ 为第*i*个样本的模型预测值。

(3)Acc:通过计算预测值与实测值之间的相对误差来反映模型的整体可靠性。

$$A = 1 - \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \left| \frac{y_i - \hat{y}_i}{y_i} \right|$$

式中, A 为Acc, y_i 为第*i*个样本的实测值, $\hat{y}_i$ 为第*i*个样本的模型预测值。

2 结果与分析

2.1 3DGS模型重建效果评价

图1展示了单株燕麦在手机拍摄的原始视频帧(图1a,c)与Mipmap软件生成的3DGS模型渲染视图(图1b,d)对比

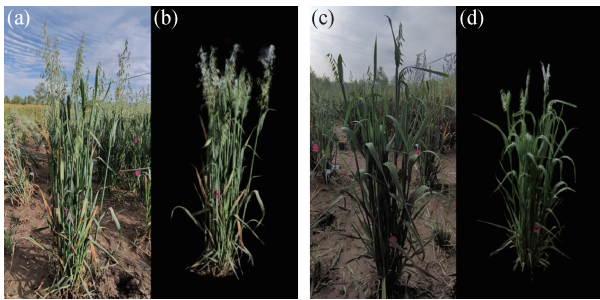


图1 单株燕麦原始图像(a,c)与3DGS模型渲染视图(b,d)对比

Fig. 1 Comparison of original image (a, c) with 3DGS model rendering view of single oat plant (b, d)

注:渲染视图(b,d)经SuperSplat在线编辑器后处理,剔除背景及离群点后呈纯黑色背景,以突出植株形态细节

Note: The rendering views (b, d) display a pure black background after background and outlier removal via SuperSplat online editor to highlight the plant morphological details

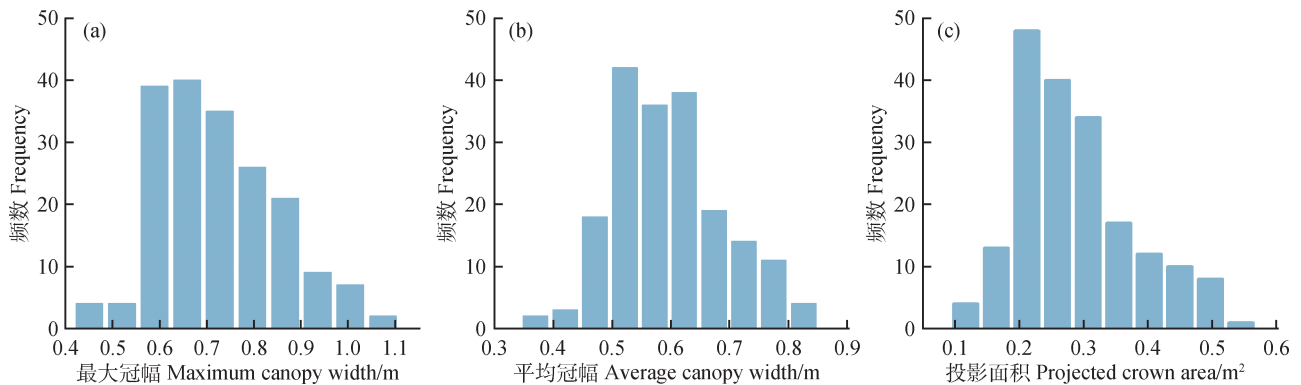


图2 基于高斯泼溅点云的燕麦单株投影面积(a)、最大冠幅(b)与平均冠幅(c)的频率分布

Fig. 2 Distribution of projected crown area (a), maximum canopy width (b), and average canopy width (c) of single oat plants based on gaussian splatting point cloud data

2.3 冠层体积计算

基于实测株高数据,采用凸包法和体素化法(体素大小0.01 m和0.005 m)得到的冠层体积分布如图3所示。冠层体积均呈右偏分布,且在个体间存在较高的离散程度(变异系数CV分布于36.8%~47.4%)。估算的冠层体积对计算方法与精度高度敏感,随精度提高呈显著减小趋势。其中,凸包法估算的体积最大(范围0.072~0.606 m³,均值0.277 m³);体素化法(0.01 m)的体积均值降至0.187 m³;而当体素精度进一步提升至0.005 m

图(图1b,d)之间的定性对比。基于高斯泼溅算法重建的三维模型展现了极高的视觉保真度。模型精确地还原了燕麦植株复杂的空间拓扑结构。特别是针对燕麦叶片细长、卷曲且易发生遮挡的形态特征,3DGS模型保持了良好的边缘连续性,未出现传统三维重建中常见的叶片断裂或明显的孔洞现象。茎秆部分的线状结构也得到了完整保留。模型对叶片表面的叶脉纹理、色泽渐变以及因病虫害或生长状态导致的局部斑点均进行了还原。

2.2 冠层参数提取

基于高斯泼溅点云数据的燕麦单株冠层参数分布如图2所示。整体来看,多数植株的生长性状一致性较好,仅有少量个体出现极端值。其中,投影面积展现出最高的离散程度,呈右偏分布,其范围为0.093~0.569 m²(均值0.285 m², CV=31.9%)。而冠幅相关参数的分布更为集中且近似对称;最大冠幅与平均冠幅的均值分别为0.724 m和0.595 m,变异系数仅为17.7%和15.9%。这表明在该群体中,冠层面积特征比冠幅宽度蕴含着更丰富的表型变异。

时,体积均值大幅缩减至0.029 m³。这表明不同算法在处理冠层内部孔隙时存在根本性差异。

2.4 生物量估测与精度验证

基于凸包法提取冠层体积,分别采用随机森林和SVM算法构建燕麦单株鲜重与干重预测模型。两种模型的预测值与实测值数据点大致沿1:1对角线分布(图4)。在鲜重预测中,RF模型预测Acc为0.8549, R²为0.5480, RMSE 141.9703 g; SVM模型鲜重预测Acc为0.8492, R²(0.4553)较RF降低

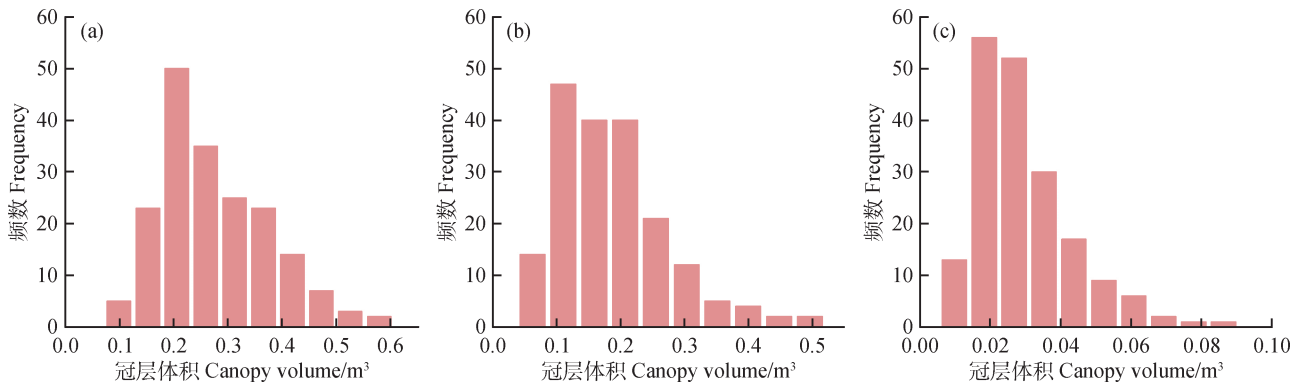


图 3 基于凸包法(a)和体素化法(b:0.01 m,c:0.005 m)的燕麦单株冠层体积频率分布

Fig. 3 Distribution of canopy volume calculated using the convex hull method (a) and voxelization methods (b: voxel size 0.01 m, c: voxel size 0.005 m)

16.92%, RMSE(155.8551 g)升高 9.78%。RF 模型干重预测 Acc 为 0.8756, 高于 SVM 模型, 但

SVM 模型 $R^2(0.4875)$ 和 RMSE(30.9299 g)略优于 RF($R^2=0.4742$, RMSE=31.3292 g)(表 1)。

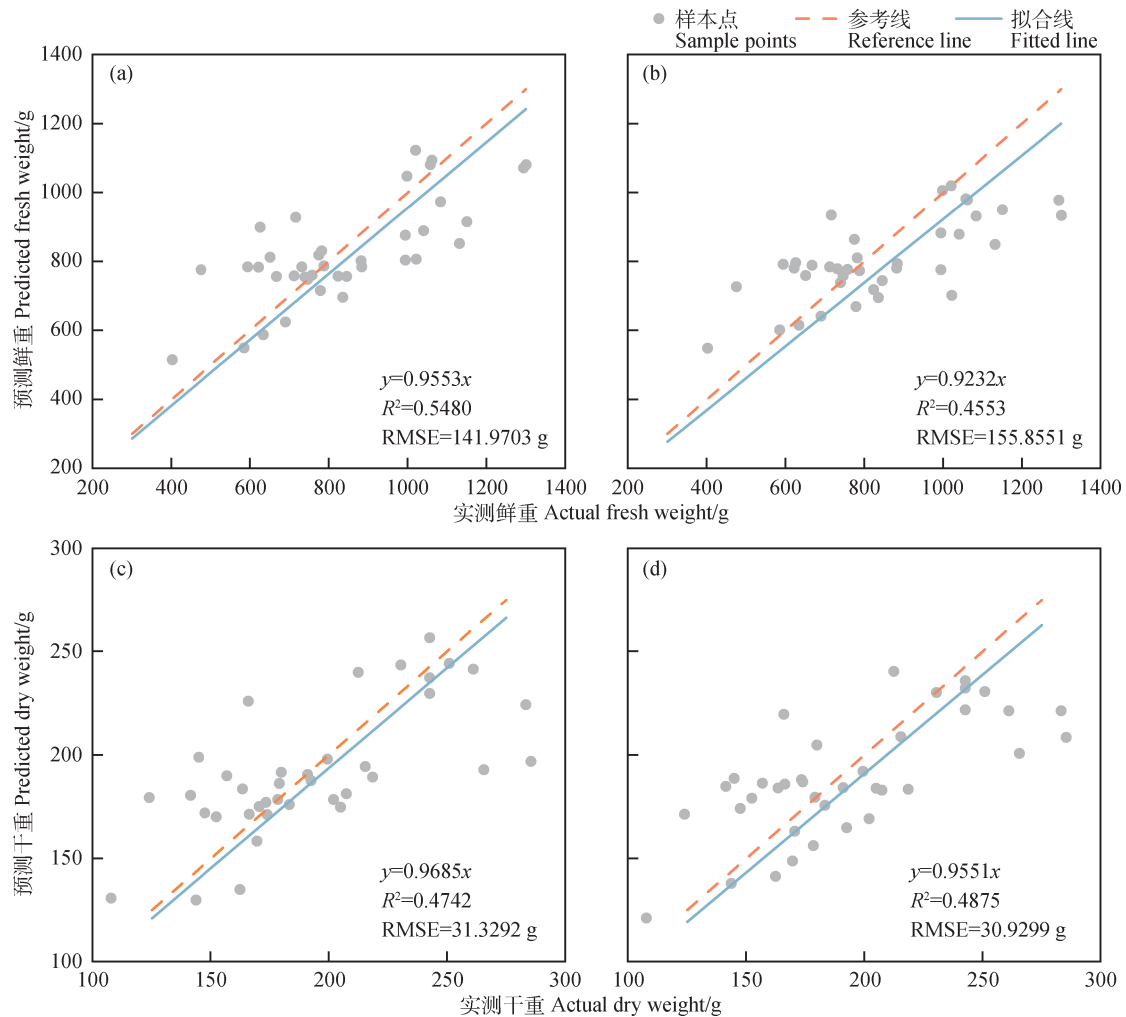


图 4 基于凸包法的随机森林(a,c)与支持向量机(b,d)模型对生物量的预测结果对比

Fig. 4 Comparison of prediction results for biomass between Random Forest (a, c) and Support Vector Machine (b, d) models based on the convex hull method

注:图中散点为样本数据点,橙色虚线为 1:1 参考线,蓝色实线为预测值与实测值的线性拟合线。各子图右下角标注了拟合方程、 R^2 和 RMSE。下同
 Note: Scatter points represent sample data. The orange dashed line denotes the 1:1 reference line, and the blue solid line represents the linear fit between predicted and observed values. The fitted equation, R^2 , and RMSE are annotated in the lower right corner of each sub-panel. The same as below

表 1 基于凸包法的随机森林与支持向量机模型对生物量的预测精度对比

Table 1 Comparison of prediction accuracy for biomass between Random Forest and SVM models based on the convex hull method

模型 Model	生物量 Biomass	准确度 Accuracy	决定系数 R^2	均方根误差 RMSE/g
随机森林 Random Forest	鲜重 Fresh weight	0.8549	0.5480	141.9703
	干重 Dry weight	0.8756	0.4742	31.3292
支持向量机 SVM	鲜重 Fresh weight	0.8492	0.4553	155.8551
	干重 Dry weight	0.8665	0.4875	30.9299

基于体素化法(体素大小 0.01 m)提取冠层体积,分别采用随机森林和 SVM 算法构建燕麦单株鲜重与干重预测模型。结果表明,两种模型的预测值与实测值基本沿 1:1 线分布(图 5)。在鲜重预测中,RF 模型预测效果更优,Acc 为 0.8665, R^2

(0.5866)高于 SVM 模型(0.4676)25.45%,RMSE (135.7743 g)降低 11.88%;而 SVM 模型在干重预测中效果更好,Acc 为 0.8847, R^2 (0.5347)略高于 SVM 模型(0.5318),RMSE (29.4701 g)更低(表 2)。

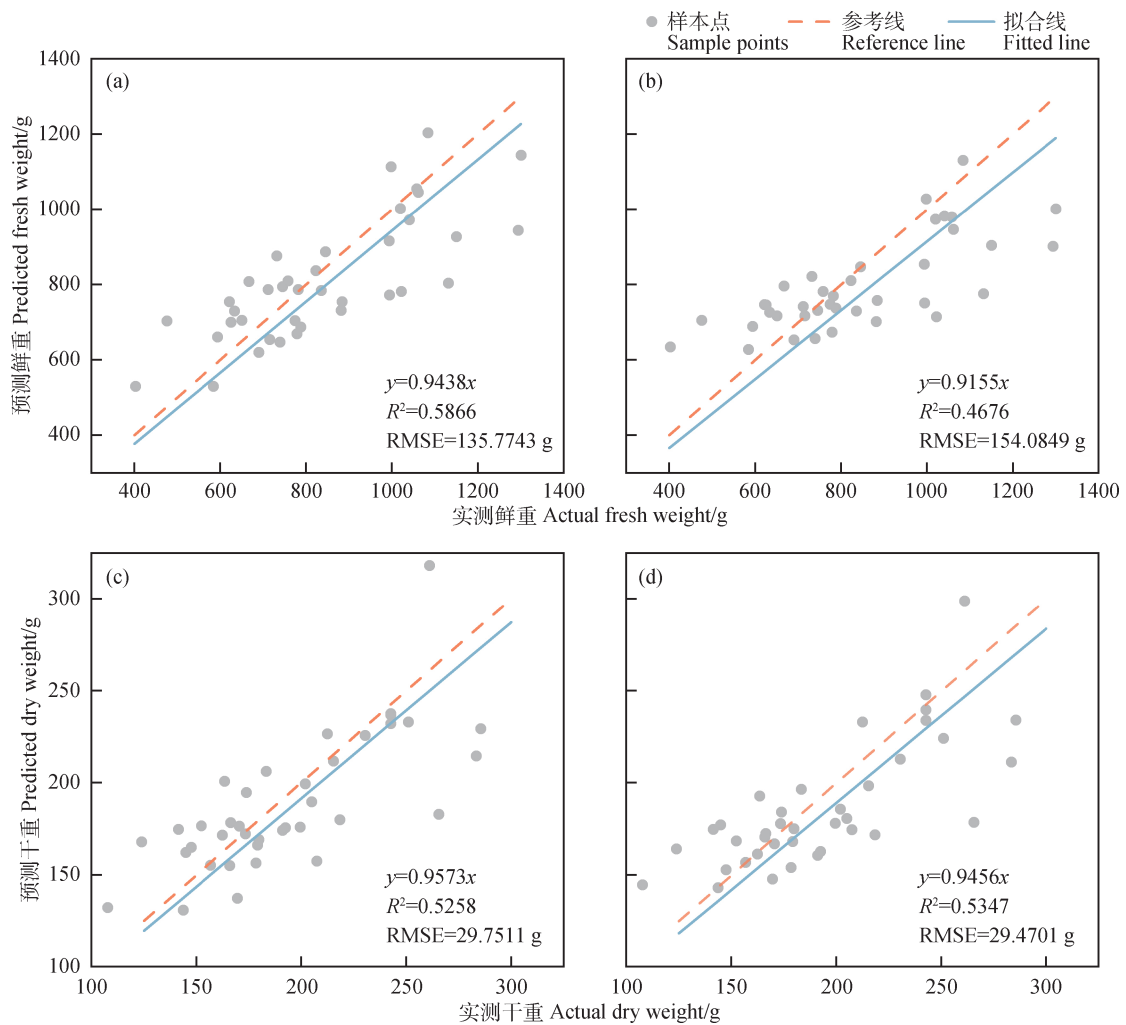


图 5 基于体素化法(体素大小 0.01 m)的随机森林(a,c)与支持向量机(b,d)模型对生物量的预测结果对比

Fig. 5 Comparison of prediction results for biomass between Random Forest (a, c) and Support Vector Machine (b, d) models based on the voxelization method (voxel size 0.01 m)

基于体素化法(体素大小 0.005 m)构建的随机森林与 SVM 模型对鲜重与干重的预测结果如图 6 所示,体素分辨率提高后,干重预测精度进一步提升。四组预测结果的数据点均紧密分布于 $y=x$ 的参照线附近。在鲜重预测中,RF 模型预测效果更优,

Acc 为 0.8643, R^2 (0.5424)高于 SVM 模型(0.4513)20.19%,RMSE(142.8458 g)降低 8.68%;而 SVM 模型在干重预测中效果更好,Acc 为 0.8885, R^2 (0.5700)高于 SVM 模型(0.5033),RMSE (28.3302 g)更低(表 3)。

表 2 基于体素化法(体素大小 0.01 m)的随机森林与支持向量机模型对生物量的预测精度对比

Table 2 Comparison of prediction accuracy for biomass between Random Forest and SVM models based on the voxelization method (voxel size 0.01 m)

模型 Model	生物量 Biomass	准确度 Accuracy	决定系数 R^2	均方根误差 RMSE/g
随机森林 Random Forest	鲜重 Fresh weight	0.8665	0.5866	135.7743
	干重 Dry weight	0.8815	0.5258	29.7511
支持向量机 SVM	鲜重 Fresh weight	0.8591	0.4676	154.0849
	干重 Dry weight	0.8847	0.5347	29.4701

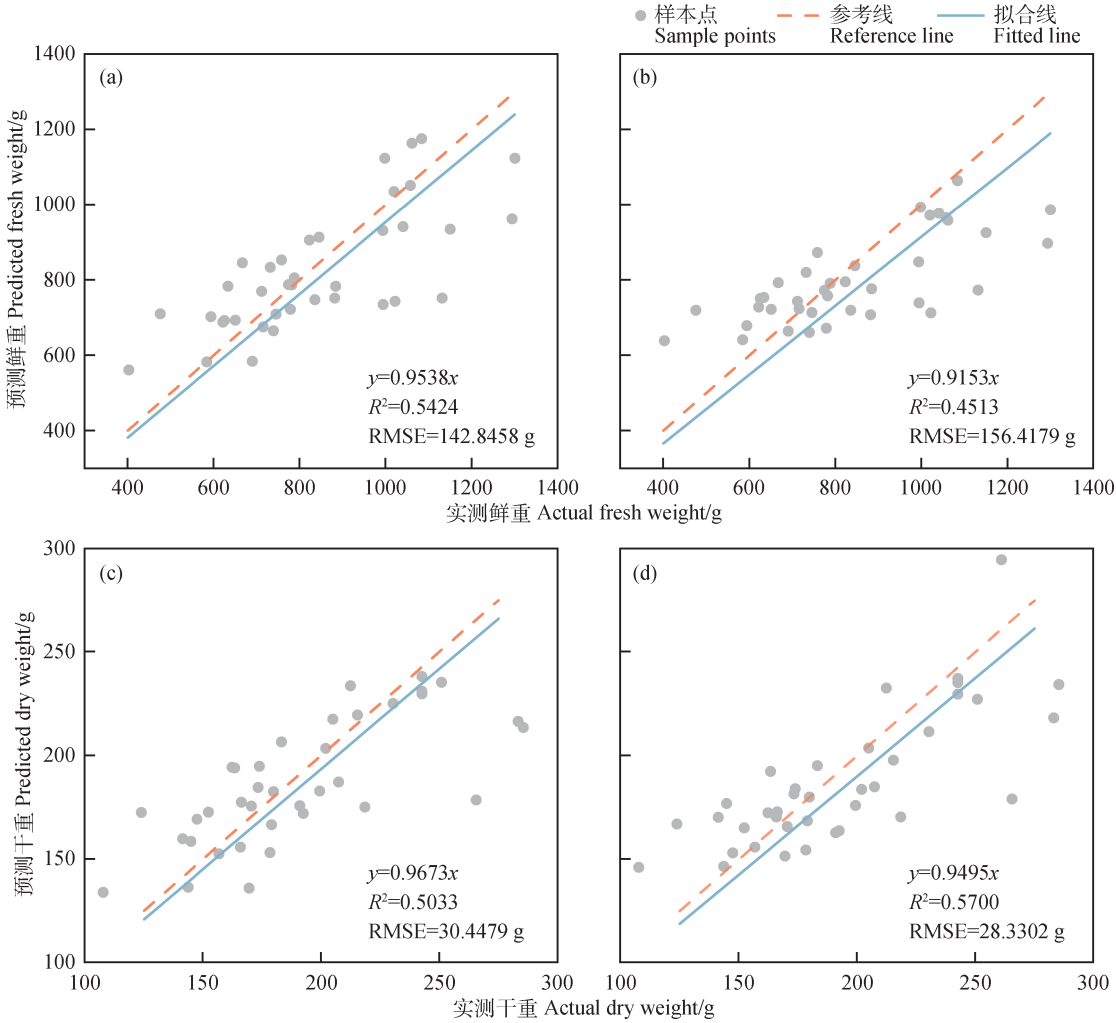


图 6 基于体素化法(体素大小 0.005 m)的随机森林(a,c)与支持向量机(b,d)模型对生物量的预测结果对比

Fig. 6 Comparison of prediction results for biomass between Random Forest (a, c) and Support Vector Machine (b, d) models based on the voxelization method (voxel size 0.005 m)

表 3 基于体素化法(体素大小 0.005 m)的随机森林与支持向量机模型对生物量的预测精度对比

Table 3 Comparison of prediction accuracy for biomass between Random Forest and SVM models based on the voxelization method (voxel size 0.005 m)

模型 Model	生物量 Biomass	准确度 Accuracy	决定系数 R^2	均方根误差 RMSE/g
随机森林 Random Forest	鲜重 Fresh weight	0.8643	0.5424	142.8458
	干重 Dry weight	0.8816	0.5033	30.4479
支持向量机 SVM	鲜重 Fresh weight	0.8561	0.4513	156.4179
	干重 Dry weight	0.8885	0.5700	28.3302

3 讨论

3.1 基于智能手机与 3DGS 技术的低成本表型平台优势

本研究构建了一套从智能手机视频采集到

3DGS 建模,再到生物量估算的完整技术流程,验证了该技术在燕麦表型分析中的有效性。随着传感器技术与深度学习的融合,基于消费级移动设备的表型平台正逐渐实现田间性状获取的普适化与低

门槛化^[24]。与传统的激光雷达相比,本研究所采用的 iPhone 15 Pro Max 配合软件 Mipmap,将单株作物的三维重建成本降低至消费级电子产品水平,这为大规模田间表型调查提供了经济可行的替代方案。

本研究证实了 3DGS 技术在处理禾本科作物复杂形态上的独特优势。传统的运动恢复结构算法在重建燕麦这类具有细长茎秆、叶片卷曲且自遮挡严重的植物时,常因特征点匹配缺失导致点云稀疏或断裂^[25]。3DGS 模型精确还原了燕麦植株复杂的空间拓扑结构,针对叶片细长、卷曲且易发生遮挡的形态特征,模型保持了良好的边缘连续性,未出现传统三维重建中常见的叶片断裂或孔洞现象;茎秆部分的线状结构得到完整保留;叶片表面的叶脉纹理、色泽渐变以及局部斑点均得到高保真复刻。3DGS 技术通过各向异性的高斯椭球体对场景进行显式表达,在视觉上实现了对植株纹理与光照细节的复刻,同时保证了茎秆与叶片边缘的几何连续性。

该发现与现有研究结论一致。Stuart 等^[15]在小麦单株重建中证实,神经渲染技术能够有效弥补传统多视图立体视觉(MVS)在细微结构重建上的短板;Shen 等^[14]提出的 PlantGaussian 模型也进一步证明,基于高斯泼溅的方法在跨场景、跨物种的植物精细重建中具有极高的保真度与泛化能力。本研究将 3DGS 技术应用于饲用燕麦这一重要禾本科牧草作物,拓展了该技术在草业科学领域的应用边界,证实了其在处理细长、高遮挡冠层结构时的普适性优势。

3.2 体积计算模型与机器学习算法的优化机制

生物量是评价作物生长状况与产量的核心指标。本研究表明,基于 3DGS 点云提取的冠层体积能有效估算燕麦单株生物量,且干重预测 Acc 普遍优于鲜重。这是由于鲜重受植株水分状态(如蒸腾速率、采样时间)影响较大,具有时空不稳定性;而干重代表光合产物的干物质积累,与植株的三维物理体积存在更稳固的生物学对应关系^[17]。

3.2.1 体积算法的机理差异与精度优化 在体积算法对比中,凸包法与体素化法呈现出本质差异。凸包法倾向于将冠层视为一个封闭的最小凸多面体,其计算结果包含了叶片间的大量空隙,本质上表征的是植株的“占据空间”(Occupancy space);而体素化法通过将空间离散化,更能逼近植株的“实体体积”(Solid volume)。结果显示,凸包法所估算的体积显著高于

体素化法,呈现明显的系统性高估趋势。这对生物量预测具有明显影响:凸包法由于包含大量内部空隙,导致冠层体积与实际生物量之间的线性关系发生偏移,具体体现为对低生物量个体的过拟合,而对高生物量个体则出现系统性低估,尤其在实测值超过 1000 g(鲜重)或 200 g(干重)的区间尤为明显。相比之下,体素化法通过更精细的空间离散化,有效抑制了空隙的影响,使得体积参数与真实生物量之间的相关性更强。以干重预测为例,体素化法(0.005 m)Acc 达 0.8850,较凸包法(0.8710)提升 1.61%,且 RMSE 下降 5.59%,反映出该方法所提取的体积变量在模型中具有更强的解释力与预测稳定性。

随着体素分辨率的提高(从 0.01 m 降至 0.005 m),预测体积显著减小且离散程度降低,模型对生物量的解释能力略有提升。这是由于高分辨率体素能更敏感地剔除冠层内部的无效孔隙,从而更准确地量化实际植物组织的体积。Enterkine 等^[26]在对比不同体积算法时也指出,对于株型松散的植株,基于体素的体积指标通常比凸包体积更能准确反映生物量的累积特征。

空隙率(Void ratio, VR)是连接结构与生物量的核心中介变量,定义为凸包体积中未被植物组织占据的空间占比^[27]。在 0.005 m 分辨率下,平均 VR 达 89.64%,高于 0.01 m(32.14%)。该结果揭示:冠层并非密实块体,其内部存在大量由叶片重叠与空间遮蔽形成的空隙。空隙率的大小直接决定了体积估算的偏差方向与程度。凸包法将这些空隙化为实体,导致体积高估,从而削弱了体积与生物量的线性关系;而体素化法则通过高分辨率捕捉空隙分布,将“占据空间”转化为“实体体积”,显著优化模型性能。尽管凸包法存在高估倾向,但其计算简便、算力需求低,在进行田间快速粗略估算时仍具有应用价值。

3.2.2 机器学习算法的适配性分析 三种体积计算方法对比表明,体素化法(体素大小 0.005 m)的干重预测平均 R^2 (0.5366)较凸包法(0.4808)提高 11.60%,平均 RMSE 降低 8.88%。体素分辨率从 0.01 m 提高至 0.005 m,干重预测平均 R^2 提高 5.59%。鲜重预测中,体素化法(体素大小 0.01 m)-RF 模型 R^2 最高(0.5866),较凸包法-RF 提高 7.04%。机器学习算法比较显示,RF 在鲜重预测中具有优势,平均 R^2 为 0.5590,而 SVM 仅 0.4581;SVM 在干重预测中表现更稳定,平均 R^2 为 0.5307,而 RF 仅 0.5011。干重预测 Acc 普遍优于鲜重,平均提高 2.49%。

综合 R^2 、RMSE 和 Acc 三项指标,确定体素化法(0.005 m)-SVM 为干重最优模型($R^2=0.5700$, RMSE=28.3302 g, Accuracy=0.8885),体素化法(0.01 m)-RF 为鲜重最优模型($R^2=0.5866$, RMSE=135.7743 g, Accuracy=0.8665)。本研究结合两种机器学习算法在两种体积模型下均取得了较高的预测精度(Acc>0.85),证明了该工作流在不同精度需求下的鲁棒性。

3.3 模型预测效能评估与系统性偏差分析

3.3.1 最优模型的预测表现 最优模型的预测值与实测值数据点均沿 1:1 对角线分布,但存在明显的系统性偏差。以鲜重最优模型为例(图 5a),实测鲜重<1000 g 时,预测值均匀分布于对角线两侧;实测鲜重>1000 g 时,90.00%(9/10)数据点位于对角线下方,呈现显著低估。干重最优模型(图 6d)显示,实测干重<200 g 时预测值与实测值吻合良好,实测干重>200 g 时 86.67%(13/15)数据点位于对角线下方,最大低估幅度 32.67%。

3.3.2 系统性偏差成因 高生物量植株的系统性低估源于:(1)冠层内部遮挡效应,高郁闭度植株内部叶片视频采集时信息缺失,3DGS 重建对内部结构还原不足;(2)训练样本分布不均,训练集高生物量样本(鲜重>1000 g 或干重>200 g)占比仅 19.46%,模型对高值区间学习不充分;(3)体积算法局限,凸包法包含大量内部空隙,体素化法二进制填充规则对高密度冠层孔隙敏感性不足。

凸包法模型(图 4)在高生物量区间低估现象最为严重,实测鲜重>1000 g 时 RF 模型平均低估 11.01%,SVM 模型平均低估 17.12%,实测干重>200 g 时 RF、SVM 模型分别平均低估 9.03%、10.49%。体素化法(0.005 m)通过更精细的空间离散化,将高生物量区间鲜重平均低估幅度降至 10.96%(RF)和 16.76%(SVM),干重降至 6.04%(RF)和 8.76%(SVM)。

3.3.3 模型适用性 综上所述,本研究构建的预测模型在中低生物量区间(鲜重<1000 g,干重<200 g)表现稳健,Accuracy>0.87,适用于常规生长状态燕麦的生物量监测,而高生物量区间预测需结合人工校验或引入多视角补光方案缓解遮挡效应。

3.4 局限性与展望

尽管本研究验证了 3DGS 技术在燕麦表型分析

中的潜力,但仍存在一定局限性:(1)样本仅覆盖乳熟期单株,未涵盖拔节期、抽穗期等全生育期的动态变化,模型的时间外推性需进一步验证。此外,本研究未充分考虑生育期间植株形态剧烈变化对 3DGS 重建稳定性的影响,不同生育期的冠层结构复杂度差异可能导致重建精度波动,未来需建立分生育期的自适应重建策略。(2)目前的数据处理流程中,背景分割与噪点剔除仍依赖人工辅助,限制了通量。本研究主要在可控环境下进行,大田环境中土壤、杂草、邻株等干扰物使得人工处理无法满足高通量需求,未来亟需开发基于深度学习的自动化点云语义分割算法^[28]。(3)3DGS 依赖静态场景假设,植株运动导致多视角几何不一致,产生重影或断裂伪影。在田间开放环境中,微风引起的植株摆动会造成多视角图像间的运动模糊与几何错位,严重降低重建质量。(4)尽管本研究采用消费级智能手机与轻量化建模软件实现了单株 3DGS 的低成本建模,但应用于大规模田块的连续采集与实时重建任务时,算力配置将面临显著瓶颈。因此,现有技术面对真实田间复杂环境时,面临动态扰动、环境干扰与算力约束的应用瓶颈。未来的研究将集中在引入时序分析以监测全生育期动态,以及探索将 3DGS 提取的几何特征与光谱信息融合,以提高对高郁闭度冠层的估测精度。

4 结论

本研究针对传统作物表型分析中存在的破坏性强、成本高及传统视觉算法对精细结构重建能力不足的问题,提出并验证了一套基于智能手机视频采集与 3D 高斯泼溅(3DGS)技术的燕麦单株高通量表型分析方法。研究发现利用消费级智能手机获取多视角视频数据,结合 3DGS 算法,能够高效生成纹理逼真、结构完整的燕麦点云模型。无论是采用凸包法还是体素化法提取冠层体积,结合随机森林(RF)与支持向量机(SVM)算法均能实现对燕麦单株生物量的可靠估测。本研究构建的“手机视频采集—3DGS 建模—性状参数提取”工作流,具有低门槛、非破坏性及高精度的特点,为燕麦及其他禾本科作物的田间高通量生长监测与精准育种提供了有力的技术支撑。

参考文献

- [1] DANILEVICZ M F, GILL M, ANDERSON R, et al. Plant genotype to phenotype prediction using machine learning [J]. Frontiers in Genetics, 2022, 13: 822173

- [2] PIXLEY K V, CAIRNS J E, LOPEZ-RIDAURA S, et al. Redesigning crop varieties to win the race between climate change and food security[J]. *Molecular Plant*, 2023, 16(10):1590-1611
- [3] NGUYEN H T, KHAN M A R, NGUYEN T T, et al. Advancing crop resilience through high-throughput phenotyping for crop improvement in the face of climate change[J]. *Plants*, 2025, 14(6):907
- [4] SLATTERY R A, ORT D R. Perspectives on improving light distribution and light use efficiency in crop canopies[J]. *Plant Physiology*, 2021, 185(1):34-48
- [5] DE OLIVEIRA G S, MARCATO JUNIOR J, POLIDORO C, et al. Convolutional neural networks to estimate dry matter yield in a Guineagrass breeding program using UAV Remote Sensing[J]. *Sensors*, 2021, 21(12):3971
- [6] 杨文庆, 刘天霞, 唐兴萍, 等. 智慧农业背景下的植物表型组学研究进展[J]. *河南农业科学*, 2022, 51(7):1-12
- YANG W Q, LIU T X, TANG X P, et al. Research progress on plant phenomics in the context of smart agriculture[J]. *Journal of Henan Agricultural Sciences*, 2022, 51(7):1-12
- [7] LI D L, QUAN C Q, SONG Z Y, et al. High-throughput plant phenotyping platform (HT3P) as a novel tool for estimating agronomic traits from the lab to the field[J]. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*, 2021, 8:623705
- [8] OMIA E, PARK E, SEMYALO D, et al. Advancements in 3D field-crop phenotyping using point clouds: a comparative review of sensor technology, target traits, and challenges under controlled and field conditions[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2026, 17:1731852
- [9] LIANG Y Q, GOU W B, WEN W L, et al. Comparison of three-dimensional data acquisition approaches for rail-driven field plant phenotyping platforms[J]. *Smart Agricultural Technology*, 2025, 12:101398
- [10] CHEN Y, HUANG X, LIAO F, et al. A low-cost framework for 3D phenotyping of sugarcane via instance segmentation and 3D Gaussian Splatting[J]. *Agriculture*, 2026, 16(3):375
- [11] YANG X, LU X, XIE P, et al. PanicleNeRF: Low-cost, high-precision in-field phenotyping of rice panicles with smartphone[J]. *Plant Phenomics*, 2024, 6:0279
- [12] WU S X, HU C H, TIAN B Y, et al. A 3D reconstruction platform for complex plants using OB-NeRF[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2025(16):1449626
- [13] KERBL B, KOPANAS G, LEIMKÜHLER T, et al. 3D Gaussian Splatting for real-time radiance field rendering[J]. *ACM Transactions on Graphics*, 2023, 42(4):1-14
- [14] SHEN P, JING X Y, DENG W Z, et al. PlantGaussian: Exploring 3D Gaussian Splatting for cross-time, cross-scene, and realistic 3D plant visualization and beyond[J]. *The Crop Journal*, 2025, 13(2):607-618
- [15] STUART L A G, WELLS D M, ATKINSON J A, et al. High-fidelity wheat plant reconstruction using 3D Gaussian Splatting and neural radiance fields[J]. *GigaScience*, 2025(14):1-18
- [16] GAO J, ZHU C, HU J, et al. Seed 3D phenotyping across multiple crops using 3D Gaussian Splatting[J]. *Agriculture*, 2025, 15(22):2329
- [17] SIEBERS M H, FU P, BLAKELY B J, et al. Fast, nondestructive and precise biomass measurements are possible using lidar-based convex hull and voxelization algorithms[J]. *Remote Sensing*, 2024(16):2191
- [18] SIVAKUMAR M, PARTHASARATHY S, PADMAPRIYA T. Trade-off between training and testing ratio in machine learning for medical image processing[J]. *PeerJ Computer Science*, 2024, 10:e2245
- [19] MA H, WANG K, MA J, et al. Calculation method of canopy effective volume for fruit tree based on LiDAR point cloud data[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2025, 16:1679027
- [20] WU Z, SONG S, KHOSLA A, et al. 3D ShapeNets: A deep representation for volumetric shapes[C]// *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition*. New York: IEEE, 2015:1912-1920
- [21] BIENERT A, HESS C, MAAS H G, et al. A voxel-based technique to estimate the volume of trees from terrestrial laser scanner data[C]// *ISPRS Technical Commission V Symposium. Proceedings of the International Archives of the Photogrammetry, Remote Sensing and Spatial Information Sciences*. Riva del Garda, Italy: ISPRS, 2014, XL-5:101-106
- [22] 刘原池, 李文楷, 刘红良, 等. 基于旋转薄片体素化森林三维重构方法[J]. *中山大学学报(自然科学版中英文)*, 2025, 64(5):84-99
- LIU Y C, LI W K, LIU H L, et al. Three-dimensional forest reconstruction using rotational slice-based voxelization[J]. *ACTA SCIENTIARUM NATURALIUM UNIVERSITATIS SUNYATSENI*, 2025, 64(5):84-99
- [23] LI Y, LIANG Z, LIU B, et al. Applications of 3D reconstruction techniques in crop canopy phenotyping: A review[J]. *Agronomy*, 2025, 15(11):2518
- [24] MARAVEAS C. Image analysis artificial intelligence technologies for plant phenotyping: Current state of the art[J]. *AgriEngineering*, 2024, 6(3):3375-3407
- [25] YAN X H, CHAI G Q, HAN X Y, et al. SA-Pmnet: Utilizing close-range photogrammetry combined with image enhancement and self-attention mechanisms for 3D reconstruction of forests[J]. *Remote Sensing*, 2024, 16(2):416
- [26] ENTERKINE J, HOJATIMALEKSHAH A, VERMILLION M, et al. Voxel volumes and biomass: Estimating vegetation volume and litter accumulation of exotic annual grasses using automated ultra-high-resolution SfM and advanced classification techniques[J]. *Ecology and Evolution*, 2025, 15(1):e70883
- [27] 严夏帆, 赵文凯, 杨舜成, 等. 基于三维激光扫描技术的马尾松冠层孔隙度研究[J]. *遥感技术与应用*, 2023, 38(4):956-966
- YAN X F, ZHAO W K, YANG S C, et al. Canopy porosity of masson pine based on terrestrial 3D Laser Scanning[J]. *Remote Sensing Technology and Application*, 2023, 38(4):956-966
- [28] SHEIKH M, IQRA F, AMBREEN H, et al. Integrating artificial intelligence and high-throughput phenotyping for crop improvement[J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2024, 23(6):1787-1802