

表型检测中用于小麦株型研究的快速三维重建方法

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: 植物表型自动化检测技术在农业研究和作物育种的过程中发挥了重要作用, 但目前受限于二维技术三维特征很难被提取。株型是影响多分蘖作物产量的重要表型特征之一, 它包括分蘖数、分蘖角、和茎粗等参数。传统方法中获取这些特征参数需要大量的人工测量, 而人工测量具有耗时、主观性强、不准确等缺陷, 因此用人工的方法进行大批量的表型分析是不现实的。为了使作物育种研究中株型参数提取实现自动化, 提出一种用于高通量植株株型性状参数获取的快速三维重建方法, 为了提高重建效率, 研究中使用了图形处理单元(GPU)并行处理技术, 在统一计算设备架构(CUDA)下进行重建的并行计算, 使单株重建时间缩减到10秒左右, 适合使用于高通量表型检测平台。

关键词: 3D; 体素重建; 株型; GPU; 高通量

doi: 10.13304/j.nykjdb.2015.503

中图分类号: S126 **文献标识码:** A **文章编号:** 1008-0864(2016)02-0095-07

A fast 3D Reconstruction for Wheat Plant Architecture Studies in Phenotyping

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

(1. Britton Chance Center for Biomedical Photonics, Wuhan National Laboratory for Optoelectronics; College of Life Science and Technology, Huazhong University Science and Technology, Wuhan 430074; 2. College of Engineering, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China)

Abstract: The automatic detection technology for plant phenotype plays an important role in agricultural reaserch and crop breeding. However, many 3D features cannot be extracted by 2D technology. Plant architecture (PA), including number of tillers, tiller angle and stem diameter, significantly affects the crop yield for many tillering crops. To acquire these characteristics parameters, traditional method needs huge manual labors, time-consuming, subjective and inaccurate. Therefore, it is impractical to perform manual phenotypic analysis. In order to automate PA parameters collection in crop breeding, a fast 3D reconstruction method was proposed to acquire high throughput PA characteristics parameters. To improve the reconstruction efficiency, parallel computing technique was used on a graphics processing unit (GPU). The processing time was approximately 10 s of per plant on the Compute Unified Device Architecture (CUDA). This methodology was suitable for a high-throughput phenotyp testing platform.

Key words: 3D; volumetric reconstruction; plant architecture; GPU; high throughput

植物表型自动检测技术在农业研究和作物育种的过程中发挥了重要作用, 随着数字图像处理技术的发展, 可见光成像手段已广泛应用于植物表型的分析^[1], 基于二维图像处理技术的表型研

究内容包括叶片表型分析^[2-5]、根系表型分析^[6-8]、产量相关性状分析^[9-11]以及植株整体的测量分析^[12,13]。但是二维图像受限于成像方式, 并不能提供更多的空间信息, 进而对很多的参数

收稿日期: 2015-08-28; 接受日期: 2015-11-02

基金项目: 国家 863 计划项目(2013AA102403); 新世纪优秀人才支持计划(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, 研究方向为农作物表型性状光电检测和数据分析。E-mail: qianliu@mail.hust.edu.cn

无能为力,例如根系分布^[14]和植株形态^[15]等三维特征。对于多分蘖作物产量受到株型的显著影响,理想株型具有总分蘖少,有效分蘖率高以及茎秆粗壮等特点^[16]。株型中主要包括的分蘖数^[17]、分蘖角^[18]和茎粗^[19]等表型参数起到了关键作用。而这些性状参数的传统测量都是依赖人工测量完成,不仅耗时,工作量大,而且测量结果容易受到环境条件和主观因素的干扰,测量误差较大。对植株进行三维模型重建可准确有效的提取三维参数。然而通常三维重建的数据采集过程复杂,模型重建和后续处理都是十分耗时的,因此急需提升三维重建的效率来适应高通量表型检测的要求。

图形处理单元(graphics processing unit, GPU)具有不亚于中央处理器(central processing unit, CPU)的运算能力和存储带宽,且其强大的并行计算能力使其在图像处理领域有广泛的应用^[20-21]。三维模型的体素重建算法对大量的体素单元进行了相同的操作,因此使用 GPU 进行并行处理能大大降低重建所需要的时间。为了高效获取作物株型特征的数个表型参数(分蘖数、分蘖角和茎粗)。小麦是典型的多分蘖作物,本研究以小麦植株为研究对象,采用工业相机采集多角度下的图像,通过体素模型重建得到植株的株型结构,并通过 GPU 加速使处理时间控制在每株 10 s 左右,以适应高通量表型检测的效率要求。

1 系统和方法

本方法使用多幅图像进行植株模型的三维重建,并在此基础上进行模型的分析 and 表型参数的获取。该系统的视觉系统由图像采集和三维重建两部分构成。整个处理流程如图 1 所示。通过图像采集系统得到的图像经过处理,得到植株的完整轮廓,标定板的特征点。然后经过体素重建得到植株的三维模型,通过对模型的处理以及算法的处理获取株型相关特征参数。

1.1 图像采集系统

植株的三维重建将基于图像采集系统获取的 20 张植株图像,采集系统由一个 12 mm 焦距的彩色工业相机(AVT Stingray F-504B/F-504C)、一个旋转平台、一个伺服电机控制器(MBDDT2210, Panasonic Corporation)、5 个 40 W LED 灯管平行

排列组成的照明光源和一台工作站(HP xw6400, Hewlett-Packard Development Company)组成。目标植株在旋转平台上,由伺服电机带动旋转,并由相机拍摄 20 个角度下的植株图像。

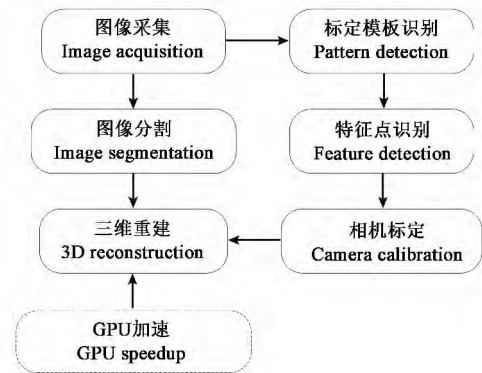


图 1 处理流程图

Fig.1 Diagram of the process flow.

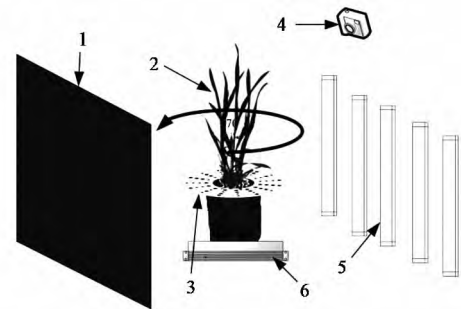


图 2 图像采集系统结构图

Fig.2 Schematic diagram of the system for image acquisition.

注: 1: 背景; 2: 植物; 3: 标定板; 4: 相机; 5: 光源; 6: 旋转平台
1: Backdrop; 2: Plant; 3: Calibration pattern; 4: Camera; 5: Light source; 6: Rotation platform

1.2 图像预处理

图像预处理是为了分割背景和前景,方法为提取图像 RGB 分量,通过表达式(1)计算超 G 分量(ExG)将图像转为灰度图像:

$$ExG = (2 \times g - r - b) / (r + g + b) \quad (1)$$

然后将得到的灰度图经过中值滤波,二值化和形态学闭操作得到植株的完整轮廓。

1.3 相机标定

1.3.1 标定原理 相机标定是三维重建工作的必要步骤,通过相机标定确定相机的内外参数矩阵是重建时映射二维图像像素点与实际三维空间点的前提。通过表达式(2)即将获得的每张

图像上像素点与实际三维空间中位置坐标相对应。

$$\begin{bmatrix} u \\ v \\ 1 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} f_x & 0 & c_x \\ 0 & f_y & c_y \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} R \begin{bmatrix} X \\ Y \\ Z \end{bmatrix} + t \quad (2)$$

式中: X, Y, Z 为三维空间中某一点在世界坐标系下的三维坐标; u, v 为三维空间中某一点在图像平面上投影的图像坐标; c_x, c_y 为相机主点在图像平面上的坐标; f_x, f_y 为相机焦距的像素单位表达; c_x, c_y 和 f_x, f_y 称为相机的内参数; R, T 为旋转矩阵和平移矩阵, 也称为外部参数矩阵, 用于描述相机在世界坐标系下的位置。

1.3.2 标定模板 相机标定所使用的模板如图 3 所示(3D S.O.M.软件生成), 该模板由 4 点一组的黑色圆组成, 该模板中的特征图案可以组为单位独立识别, 不依赖拍摄时的位置。另外该模板的特征图案分布也很适合于植物表型检测中的应用。

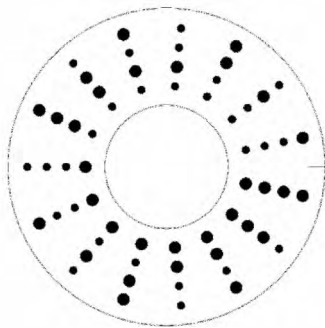


图 3 标定模板

Fig.3 Calibration pattern.

1.3.3 特征点识别 对图像中模板特征点的识别是通过以下步骤来完成:

①识别模板区域: 相机与旋转台的位置固定, 因此旋转过程中, 标定模板在图像中只存在于一个范围内, 通过据此确定的感兴趣区域(region of interest, ROI) 可提取图像中的模板。

②识别特征图案: 模板上的特征点都是打印出的黑色点, 设置阈值找出模板区域中黑色像素, 并通过滤波、闭操作, 去除小区域等操作去掉噪声点, 通过连通区域标记算法即可获得独立的特征圆图案。

③特征图案分组: 计算可得到所有特征圆图案的圆心, 经过霍夫直线变换判断各圆心的共线性, 再根据交比不变的约束条件, 可将所有圆心的分组关系确定下来。

④特征图案排列方向: 每个分组的 4 个圆所确定的直线都会经过中心区域, 依此可确定中心, 按照距离中心的距离由远到近将每组 4 个圆依次编号为 1、2、3 和 4。

⑤特征点坐标计算: 该模板中特征图案是通过一种类似于编码的机制来实现位置确定的, 每组 4 个圆大小不同, 若以小为 0 大为 1 可实现 1 到 15 的二进制表示, 确定每组圆的大小关系可通过表达式 (3) 计算出该组序号:

$$N = B_1 + B_2 \times 2 + B_3 \times 4 + B_4 \times 8 \quad (3)$$

其中 B_i 为第 i 个圆的大小状态, 若为大, 该值为 1, 否则为 0; N 标示出每个组的位置。

也标示出每组圆心在世界坐标系中的二维坐标, 如图 4 所示。

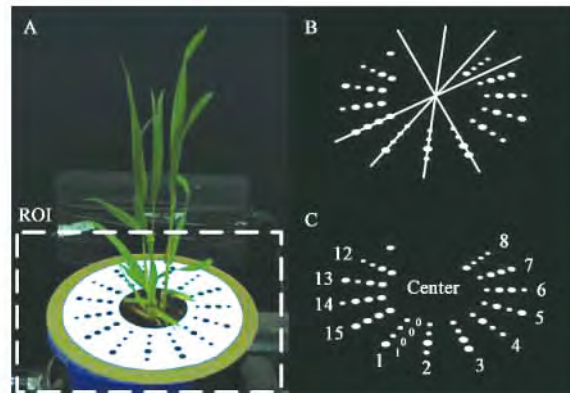


图 4 特征点识别

Fig.4 Feature points detection.

A. 模板区域提取; B. 特征图案分组; C. 特征图案组标记
A. Pattern detection; B. Cluster bolbs; C. Label groups

1.3.4 相机参数估计 在获取到特征点的像素坐标以及其世界坐标系中的实际坐标后, 通过 Zhang^[22] 提出的相机标定法可计算得到相机的内参数以及每幅图像拍摄时相机的外参数矩阵。

1.4 体素重建

本文参考空间雕刻三维重建思想 (space carving), 使用多视角下的图像进行目标物体形状恢复, 该方法将待重建的目标空间划分为若干相同大小的立方体, 在计算机图形学上称之为体素化, 每个立方体称为一个体素。初始状态下, 所有体素被设置为空, 重建的过程就是依次将每个体素投影到多幅图像中, 综合判断该体素是否属于植株部分。

以标定模板的中心位置为世界坐标系原点,在这个坐标系中建立一个包围盒作为重建目标区域,该包围盒三维为($x: 20\text{cm}, y: 20\text{cm}, z: 38\text{cm}$),且底面中心与原点重合,将包围盒划分为一组体素,体素的中心位置作为该体素的坐标,例如原点处的体素坐标为(0,0,0),其他体素同理按照体素大小进行坐标计算。

在标定过程中,每张图像都会有一个对应的外参数矩阵,用以表示图像获取时相机在世界坐标系中的相对位置,再结合相机内参数矩阵,坐标系中的每一个点都可以投影到图像中。每个视角下的图像都按照前面提到的预处理步骤进行二值化,植株部分标记为1,背景部分标记为0。在包围盒中的每个体素,按照其坐标投影到二值图 $image_i$ 中,会得到其投影像素 $pixel_i$,最终将得到一组像素值($pixel_1, \dots, pixel_k$),通过表达式(4)计算图像一致性 $Consistent$ 用于判断该体素是否为空,若 $Consistent$ 为0则体素为空,若为1则为植株部分。

$$Consistent = \frac{1}{k} \left(\sum_{i=1}^k pixel_i \right) \geq T \quad (4)$$

式中: k 为使用图像的张数,本研究中为20; $pixel_i$ 为体素在第*i*幅图像上的投影像素值; T 为判断阈值,本研究中取值为0.8。

重建结果图像使用 Amira version 5.3.2 渲染获得,模型体素大小为1mm。

1.5 GPU 优化加速

为了适应高通量表型检测平台的速度,降低每株植物的重建和处理时间,对三维重建进行了加速。本文中体素重建的方法对每个体素的操作都是相同的,可以使用图形处理单元(GPU)来进行并行计算。

三维重建的GPU加速程序,分为主机端和设备端两个部分,分别在CPU和GPU上执行,在CPU上执行的代码,完成图像预处理,包围盒计算,以及外参数矩阵读取,并将数据拷贝进GPU的内存中,并调用设备端代码,在重建计算完毕后将结果从GPU中拷贝到CPU,在CPU中完成相应的体素剔除,得到最终的体素模型。

而GPU中的代码则将包围盒中的体素分配到不同的线程中,每个线程独立完成体素重建中坐标计算,投影坐标计算以及投影点的判断,并最

终将包围盒中所有体素的结果拷贝到CPU。设备端代码的流程如下所示:

①根据设备线程块数量和线程块大小($blockNum \times threadNum$)计算可以分配使用的总线程数。

②将每个体素分配到单独的线程中,并将体素编号以线程块编号和线程编号表示($blockID \times threadNum + threadID$)。

③每个线程中,根据体素划分精度计算该体素的三维坐标(x, y, z)。

④每个线程中,根据公式(2)计算体素在每幅图像上的投影位置,并判断该像素是否为植株。

⑤将所有体素计算结果拷贝到CPU。

本工作中程序代码分别编写了CPU版本和GPU版本,在同一台电脑上测试(Intel Core2Quad Q8200 主频 2.33 GHz, 3.00 GB 内存, NVIDIA GeForce 9800 Gt 显卡),用以比较计算优化之后的效率。所有程序代码在 Visual Studio 2010 下用 C++ 完成编写,使用了 CUDA 和 Opencv 相关开发包进行开发。

2 结果与分析

2.1 图像预处理

二维图像处理的结果是三维重建的基础,三维重建模型的质量受到二维图像处理质量的影响,本研究在图像处理的过程中使用了超G分量,有效的分割图像中的植株部分,并使用形态学闭操作尽量保证了分割植株部分的轮廓完整性。

2.2 相机参数标定

相机参数的标定也是三维重建的关键,本研究中使用的标定模板在一定程度上解决了目标对标定模板的遮挡问题,获取到足够多的标定模板特征点,最终使用 Opencv 中的相机标定函数计算出相机内参数矩阵,在本研究中所使用的 AVT Stingray F-504C 相机,由厂家给出的数据可以得到相机的内参数矩阵理论值为:

$$\begin{bmatrix} 3478 & 0 & 1226 \\ 0 & 3478 & 1028 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}$$

实际标定最终结果为:

$$\begin{bmatrix} 3\ 492.708 & 0 & 1\ 198.322 \\ 0 & 3\ 490.773 & 1\ 062.048 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}$$

可以看到,与理论值之间存在微小的偏差,在可接受的范围内。另外,得到相机镜头的畸变校正系数如下:

$$[k_1\ k_2\ k_3\ k_4] = [-9.208E-2\ 0.402\ 29\ 0.001\ 47\ -8.5E-4]$$

2.3 体素重建

图 5 展示了部分原图以及体素重建结果在对应角度下的投影图。

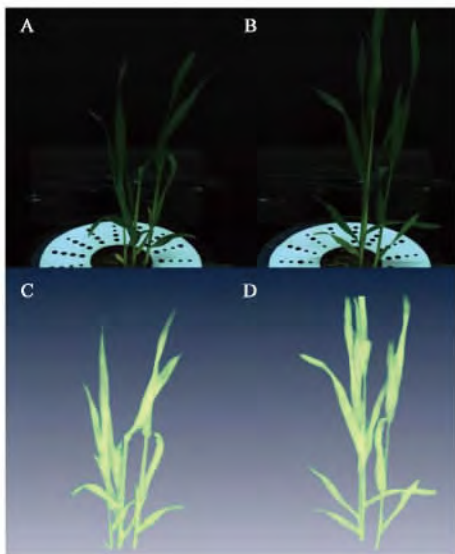


图 5 重建结果

Fig.5 Reconstruction result.

A, B. 植株原始图像; C, D. 重建模型在图 A 和 B 对应视角下的投影图。

A, B. The original image of the plant; C, D. The view of the model in the same direction as image A and B.

三维重建的分辨率受到图像空间分辨率 (spatial resolution, SR) 的限制,图像空间分辨率为图像中一个像素所表示的实际空间的尺寸,SR 可由如下方法计算得到:

$$SR = \delta \frac{D}{f} \quad (5)$$

其中 δ 为成像单元尺寸,成像单元尺寸为 $3.45\ \mu\text{m} \times 3.45\ \mu\text{m}$, f 为相机焦距 $12\ \text{mm}$, D 为目标物距。

在图像采集系统中,相机与植株的距离范围为 $1\ 000 \sim 1\ 400\ \text{mm}$,计算得到图像的空间分辨率为 $0.28\ \text{mm}/\text{pixel}$ 到 $0.4\ \text{mm}/\text{pixel}$ 。由于整个模型

的体素划分使用统一的标准,因此,三维模型的最小空间分辨率为 $0.4\ \text{mm}$,在体素化的过程中,体素划分的尺寸最小为 $0.4\ \text{mm}$,更小的体素尺寸是没有意义的。在研究中,共选用了 $0.5\ \text{mm}$ 、 $1.0\ \text{mm}$ 和 $2.0\ \text{mm}$ 三种重建精度进行比较,不可否认,重建体素尺寸越小,重建精度越高,但是从表 1 中可以看到,随着精度提高,计算量骤增。在 $0.5\ \text{mm}$ 重建精度下,CPU 的重建时间超过 $10\ \text{min}$,经过 GPU 加速后重建也需要 $1\ \text{min}\ 20\ \text{s}$ 左右,效率依然不能满足要求。并且综合考虑到不同的精度下的重建效果, $0.5\ \text{mm}$ 和 $1.0\ \text{mm}$ 的重建效果已经十分接近,而 $1.0\ \text{mm}$ 的重建精度下仅仅需要 $10\ \text{s}$ 左右的重建时间,加上图像预处理的操作,处理时间可控制在一株 $20\ \text{s}$ 左右。综合考虑计算时间以及重建模型效果两方面的因素,选择 $1.0\ \text{mm}$ 精度已经可以满足要求。值得一提的是,图像的空间分辨率小于重建体素尺寸也一定程度上弱化了图像处理误差对重建结果的影响。

表 1 CPU 和 GPU 重建速度分析

Table 1 Analysis of the reconstruction speed using the CPU versus the GPU.

| 体素尺寸 (mm) Voxel size (mm) | 耗时 (ms) Time cost (ms) | | 加速比 Speedup ratio |
|------------------------------|---------------------------|--------|----------------------|
| | CPU | GPU | |
| 2.0 | 15 719 | 1 610 | 9.76 |
| 1.0 | 124 641 | 10 750 | 11.59 |
| 0.5 | 9.98E+5 | 82 969 | 12.03 |

2.4 GPU 优化加速

同时,对于 GPU 和 CPU 的重建速度也进行了比较,在包围盒大小为 ($x: 20\ \text{cm}$, $y: 20\ \text{cm}$, $z: 38\ \text{cm}$) 时,分别在 GPU 和 CPU 下进行目标重建,从表 1 中可以发现,使用 GPU 进行三维重建的算法优化后,计算速度明显提高。在 $0.5\ \text{mm}$ 、 $1.0\ \text{mm}$ 和 $2.0\ \text{mm}$ 三个精度下,重建速度分别提高了 9.76、11.59 和 12.03 倍。结果说明体素重建具有很好的可并行性,可以充分利用其特点进行 GPU 的并行处理。

3 讨论

表型组学研究是联系表现型与基因型的关键,植物表型组学虽然是一个新兴学科,但是在近年来发展迅速,随着各种成像技术的发展以及成

像设备在农业研究中的广泛应用,植物表型检测技术也随之逐渐成熟并趋向于多样化。基于三维成像技术的植物表型检测提供了更加全面的表型组学研究手段。虽然基于 TOF 深度相机、kinect 相机和激光扫描仪等技术手段的三维信息获取技术已经较为成熟,但是由于设备本身分辨率和成本方面的限制,并没有得到普及,而基于工业相机三维成像技术的应用则更为广泛。

目前的研究侧重于对植株花、叶、果实等器官获取某些形态特征参数,进行一定程度的三维重建,或者基于三维数据采集设备获取的点云数据进行三维重建,这种重建工作倾向于重建设备“可见”的那一部分,而植株株型的表型研究需要真正意义上的三维重建才能得到较为完整和详细的数据。同时由于表型组学本身的特性,持续的大量检测任务要求成像手段和参数获取更加快速有效。对于植物株型的研究,仅仅靠人工的观察和测量既不可靠也满足不了表型组学大批量检测的要求。

本研究通过可见光成像体素重构的方法对植物形态进行三维重建,可以比较容易的获取到植株株型参数,而通过 GPU 的并行加速则可以将这一过程变得更加高效。由于 GPU 的计算精度不如 CPU,会出现一定的计算误差,在研究中将 GPU 和 CPU 的重建结果进行了比较,在体素大小 0.5 mm 和 1.0 mm 两个精度下分别使用 GPU 和 CPU 进行重建,虽然 GPU 和 CPU 的计算精度有微小的差异,但是对于本工作而言,差别仅仅为几个体素,影响微乎其微,从重建结果上来看,GPU 和 CPU 计算得到的模型并无明显差异,不会影响到株型相关参数的获取。

综上所述,基于体素的三维重建方法可用于植株株型检测,并结合三维模型处理的方法可提取株型相关的若干参数。通过 GPU 并行处理的技术对体素重建模块进行加速,实现了体素模型的快速重建,加速后每株植株只需要 10 s 左右的处理时间,满足了植物表型研究中高通量检测的需要。并且由于工业相机在分辨率和成本上的优势,使其必将广泛应用于植物表型检测平台,以及大田作物表型研究中。

参 考 文 献

- [1] Yang W N, Duan L F, Chen G X, et al.. Plant phenomics and high-throughput phenotyping: Accelerating rice functional genomics using multidisciplinary technologies [J]. *Curr. Opin. Plant Biol.*, 2013, 16(2): 180–187.
- [2] 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 Phytol.*, 2006, 169(3): 623.
- [3] Walter A, Scharr H, Gilmer F, et al.. Dynamics of seedling growth acclimation towards altered light conditions can be quantified via GROWSCREEN: A setup and procedure designed for rapid optical phenotyping of different plant species [J]. *New Phytol.*, 2007, 174(2): 447.
- [4] Jansen M, Gilmer F, Biskup B, et al.. Simultaneous phenotyping of leaf growth and chlorophyll fluorescence via GROWSCREEN FLUORO allows detection of stress tolerance in *Arabidopsis thaliana* and other rosette plants [J]. *Funct. Plant Biol.*, 2009, 36(11): 902.
- [5] Bylesjo M, Segura V, Soolanayakanahally R, et al.. LAMINA: A tool for rapid quantification of leaf size and shape parameters [J]. *BMC Plant Biol.*, 2008, 8: 82.
- [6] Naeem A, French A, Wells D, et al.. High-throughput feature counting and measurement of roots [J]. *Bioinformatics*, 2011, 27(9): 1337.
- [7] Yazdanbakhsh N, Fisahn J. High throughput phenotyping of root growth dynamics, lateral root formation, root architecture and root hair development enabled by PlaRoM [J]. *Funct. Plant Biol.*, 2009, 36(11): 938.
- [8] Iyer-pascuzzi A, Symonova O, Mileyko Y, et al.. Imaging and analysis platform for automatic phenotyping and trait ranking of plant root systems [J]. *Plant Physiol.*, 2010, 152(3): 1148.
- [9] Yang W, Xu X, Duan L, et al.. High-throughput measurement of rice tillers using a conveyor equipped with x-ray computed tomography [J]. *Rev. Sci. Instrum.*, 2011, 82(2): 025102.
- [10] Duan L, Yang W, Huang C, et al.. A novel machine-vision-based facility for the automatic evaluation of yield-related traits in rice [J]. *Plant Methods*, 2011, 7: 44.
- [11] Huang C, Yang W, Duan L, et al.. Rice panicle length measuring system based on dual-camera imaging [J]. *Comput. Electron. Agric.*, 2013, 98: 8.
- [12] Reuzeau C, Pen J, Frankard V, et al.. TraitMill: A discovery engine for identifying yield-enhancement genes in cereals [J]. *Mol. Plant Breed.*, 2005, 3: 7534.
- [13] Hartmann A, Czauderna T, Hoffmann R, et al.. HTPheno: An image analysis pipeline for high-throughput plant phenotyping [J]. *BMC Bioinform.*, 2011, 12: 148.
- [14] Clark R, Maccurdy R, Jung J, et al.. Three-dimensional root phenotyping with a novel imaging and software platform [J]. *Plant Physiol.*, 2011, 156(10): 455.
- [15] Paproki A, Sirault X, Berry S, et al.. A novel mesh processing based technique for 3D plant analysis [J]. *BMC Plant Biol.*, 2012, 12(1): 63.
- [16] Jiao Y, Wang Y, Xue D, et al.. Regulation of *OsSPL14* by *OsmiR156* defines ideal plant architecture in rice [J]. *Nat.*

- Genet. ,2010 ,42(6) : 4.
- [17] Sharma R C. Tiller mortality and its relationship to grain yield in spring wheat [J]. Field Crops Res. ,1995 ,41: 55-60.
- [18] Chen P ,Jiang L ,Yu C ,*et al.*. The identification and mapping of a tiller angle QTL on rice chromosome 9 [J]. Crop Sci. ,2008 ,48(5) : 1799-1806.
- [19] Otteson B N , Mergoum M , Ransom J K , *et al.*. Tiller contribution to spring wheat yield under varying seeding and nitrogen management [J]. Agron. J. ,2008 ,100(2) : 406-413.
- [20] 杨志义,朱娅婷,蒲勇.基于统一计算设备架构技术的并行图像处理研究[J].计算机测量与控制,2009,17(4): 734-737.
- Yang Z Y ,Zhu Y T ,Pu Y. Study on parallel image processing based on compute unified device architecture [J]. Comp. Meas Control ,2009 ,17(4) : 734-737.
- [21] 左颢睿,张启衡,徐勇,等.基于GPU的快速Sobel边缘检测算法[J].光电工程,2009,36(1): 8-12.
- Zuo H R ,Zhang Q H ,Xu Y ,*et al.*. Fast sobel edge detection algorithm based on GPU [J]. Opto-Electron. Engin. ,2009 ,36(1) : 8-12.
- [22] Zhang Z. Flexible camera calibration by viewing a plane from unknown orientations [A]. In: Proceedings of the International Conference on Computer Vision (ICCV'99) [C]. Greece , F ,1999.