

HORTCONTROL 3.2 操作手册

Version 1.0

编制： Phenospex b.v.

翻译： 慧诺瑞德(北京)科技有限公司

注意事项

在进行第一次测量前，要先熟悉整个软件，这样才能保证获得最理想的实验数据。同时，确保您接受有关 HortControl 的培训，这份手册可以作为培训后的参考。

有关 HortControl 的一些概念

在第一次使用前，理解一些有关 HortControl 的概念是十分重要的，整个软件的是基于这些概念设计的，理解这些概念有助于使用 HortControl。详细内容请参阅章节 4.2。

重要的主题：

- 实验数据的可视化和分析
- 生长模块
- 发芽模块
- 监测系统状态

免责声明

对 HortControl 的开发我们倾注了很多努力，并保证它通过各项测试。但是，我们并不能保证这款软件的功能能满足所有需求，或运行不出现任何中断。详细内容请参阅章节 5。

HortControl 3.2 新版本

对每一次 HortControl 的版本更新，我们致力于增加对客户直接有用的内容，这意味着会有新的参数，新的分析可能性和更广泛的用途。在您对 HortControl3.1 版本十分熟悉的情况下，以下这



些新特性是您应该了解的。还有一些变化虽然没有让用户直接的看到，但 HortControl 系统整体的质量和安全性都已改善。

新的植物参数

我们添加了两个新的植物参数，都是与光谱指数相关：

PSRI：植物衰老反射指数 (Merzlyak et al. 1999)

MPCI：归一化的色素总数与叶绿素含量的比值指数 (Penuelas et al. 1993 l)

用 3D 预览进行区块分割

用新的 3D 预览设置使得区块分割更简单。详细内容请参阅章节 4.3.1.3。

实验/系统仪表盘

使整个表型系统的状态可以清楚的看见。这能在故障影响实验之前，让用户和支持人员排查出这些问题。详细内容请参阅章节 4.7。

系统板块中的 Phena 模块

Phena 从通过 PlantEye 获得的 3D 原始文件中计算植物参数。新的模块能让用户调整 Phena 的设置，这包括光谱指数的设置，比如 HUE 和 NDVI。详细内容请参阅章节 4.7.2。



目录

1. 操作手册说明	5
1.1 目的和目标人群	5
1.2 在第一次测量前先熟悉软件	5
1.3 其他文件	5
1.4 储存和转售	5
1.5 更新	5
2. 简介	6
2.1 软件描述	6
2.2 PHENOSPEX 的支持设备	6
3. HORTCONTROL 的安装	7
3.1 系统最低需求	7
3.2 安装	7
4. HORTCONTROL 的使用	8
4.1 HORTCONTROL 访问	8
4.1.1 登录	8
4.1.2 角色和用户	8
4.2 概念	9
4.2.1 板块、模块、视图	9
4.2.2 板块布局	10



4.2.3 系统概览	12
4.3 实验板块.....	13
4.3.1 怎样创建一个实验?	13
4.3.2 怎样停止一个实验?	27
4.4 PSX 数据板块.....	28
4.4.1 下载数据	29
4.4.2 模块分析原则.....	30
4.4.3 模块概览	33
4.5 绝对/相对数据.....	37
4.5.1 视图设置	38
4.5.2 发芽模块	38
4.5.3 生长模块	41
4.6 仪表盘板块	44
4.7 系统板块.....	45
4.7.1 布局	45
4.7.2 PHENA.....	51
4.7.3 数据库.....	58
4.7.4 用户	59
5. 免责声明.....	61



1. 操作手册说明

1.1 目的和目标人群

这份用户操作手册介绍了 PHENOSPEx 的软件 HortControl 的使用方法。这个软件是给需要操作 PHENOSPEx 仪器的人员使用。如果你想要用这款软件，请在开始前仔细地阅读这份操作手册。

1.2 在第一次测量前先熟悉软件

在开始测量之前模拟各种测试。不正确的使用可能会导致收集到不正确的数据。如果您有什么不理解的地方，或者某些信息丢失，请咨询您的上级或与制造商联系。未经授权，请勿执行任何操作。

1.3 其他文件

请阅读并熟悉与 HortControl 操作相关的设备说明。

1.4 储存和转售

请妥善保管此操作手册，放置在使用软件时可以拿到的地方。操作人员有责任确保使用该软件或将使用该软件的人员了解本操作手册的放置地点。我们建议手册始终妥善存储在靠近安装软件的服务器的位置。确保手册没有受到热和湿气损坏。

1.5 更新

此版本的 HortControl 和这本操作手册可以通过 info@phenospex.com 获得。



2. 简介

2.1 软件描述

HortControl 是基于网络的软件，以此来设置实验和分析通过设备获得的数据。

通过 HortControl，您可以：

- 以图形方式创建、修改和保存具有多个参数的实验
- 显示和分析数据

2.2 PHENOSPEX 的支持设备

使用 HortControl，可以创建和传输实验，为基于 PlantEye F500 的设备读出和执行协议。



3. HORTCONTROL 的安装

3.1 系统最低需求

任一近期版本的谷歌浏览器（Google Chrome）。

3.2 安装

HortControl 不需要被安装在您的电脑中，因为它是基于网络的软件。

"基于网络" 的系统是通过网络服务器，通过使用 TCP (Internet) 协议的网络传递给最终用户的软件。(网络协议描述了信息如何在网络上的设备之间移动；互联网协议是一个世界性的标准)。几乎任何软件都可以在浏览器上工作，并且可以作为基于网络的方式进行营销，因此该术语也可能意味着系统使用本机网络技术，它将 HTML 和对象直接提供给浏览器，而不是为用户操作在服务器上不使用浏览器的应用程序提供某种远程控制。

任何基于网络的软件解决方案都至少有四个有效部分：

- 网络服务器/存储基础结构（提供）
- 互联网连接（必填）
- 实际软件代码，安装在网络服务器上（提供）
- 数据管理/软件维护服务



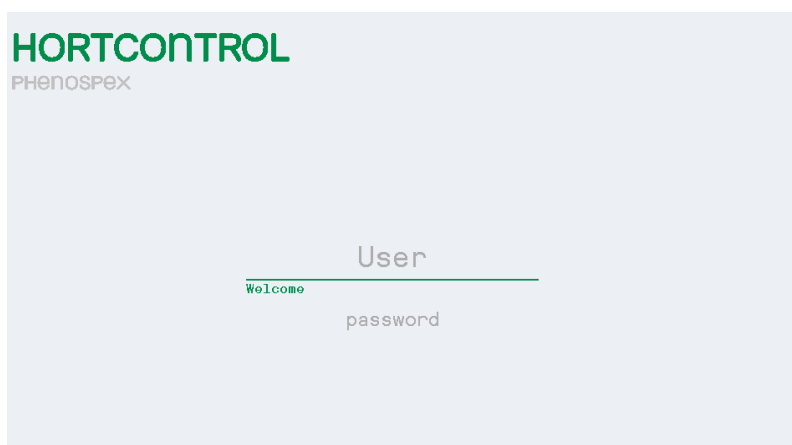
4. HORTCONTROL 的使用

4.1 HORTCONTROL 访问

如果您有用 Wi-Fi 直接连接 PhenospeX 的产品，您可以通过在浏览器中输入 “hortcontrol” 直接访问 HortControl。当您没有通过 Wi-Fi 连接到产品，但连接到本地网络时，您必须使用您 IT 部门分配给您的产品的 IP 地址。

4.1.1 登录

第一次连接时，将出现登录提示，系统会要求您输入凭据（用户名和密码）。一旦成功，您将会直接进入主页。在关闭浏览器后，您仍然可以在接下来的一个小时内访问 Hortcontrol，并且无需在您的计算机上进行身份验证。



4.1.2 角色和用户

系统共有两个用户角色，每个角色有一个默认的用户名和密码：

User 用户：默认的用户名为 psx-usr。这个用户不能访问系统模块，并会限制一部分权利。



Admin 管理员: 默认的用户名为 psx-admin。这个用户可以访问系统模块。在系统模块中，用户可以创建新的用户和改变管理员权限，还可以给其他没有管理员权限的用户更改密码。

重要:

- 每个用户的默认密码就是用户名，所以，当您用 psx-usr 登录时，可以在用户名和密码栏中都输入 “psx-usr”。同时，请尽快更改您的密码。
- 如果您忘记了密码，您需要联系您的管理员。他可以重置您的密码，变成和用户名一样的。所以如果您的用户名为 “Dirk”，管理员可以重置您的密码为 “Dirk”。您可以用这些凭据登录并再次修改密码。

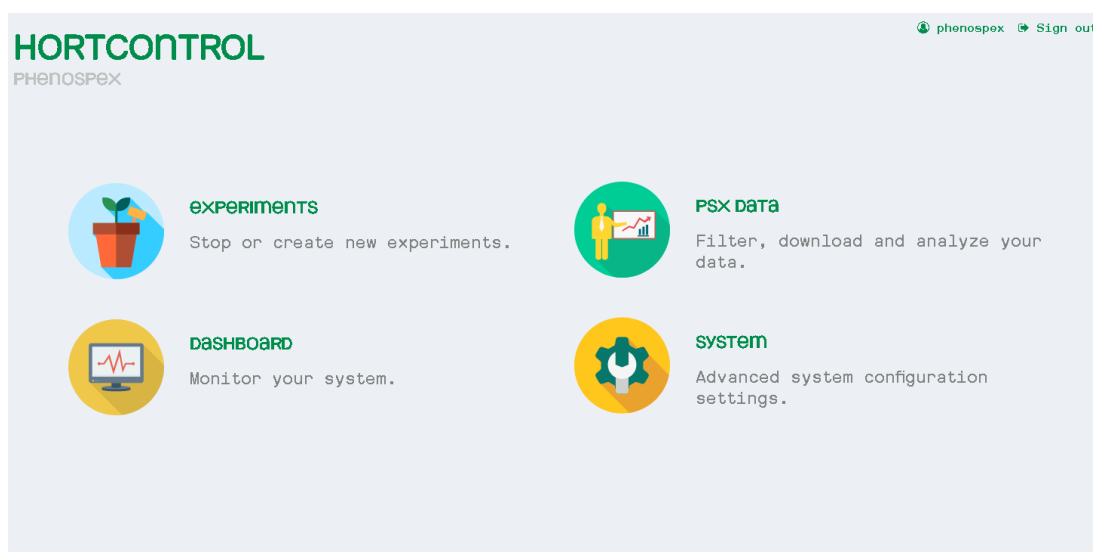
4.2 概念

在您第一次使用前，理解一些 HortControl 的概念是十分重要的。整个软件是围绕这些概念构建的，这样可以在熟悉他们之后自然地使用。

4.2.1 板块、模块、视图

HortControl 包含了多个**板块**，每个板块结合了不同的功能和**模块**，然后由一个或多个可视化的**视图**组成。主页允许对板块进行最高级别的访问。下面的屏幕截图显示了 HortControl 的主页，其中包含四个板块：实验（EXPERIMENTS）、PSX 数据（PSX DATA）、仪表板（DASHBOARD）和系统（SYSTEM）。





实验板块 (EXPERIMENTS)： 您可以管理您的实验，新建或停止实验。创建新的实验包括告诉您的设备如何解读您的平台，并在您的平台中将植物（基因型和处理信息）分配到特定的位置。

PSX 数据板块 (PSX DATA)： 这一板块有两个主要任务。第一个是提供给您直接访问您的实验数据。第二个任务是使您的数据更容易使用，甚至为您分析它们。

仪表盘板块 (DASHBOARD)： 这一板块是作为您的系统的控制室，可以为您评估系统目前的状态。

系统板块 (SYSTEM)： 这一板块只能由管理员访问。它具有多种系统管理功能，涉及系统布局，数据库管理，用户管理和高级 PHENA 设置。

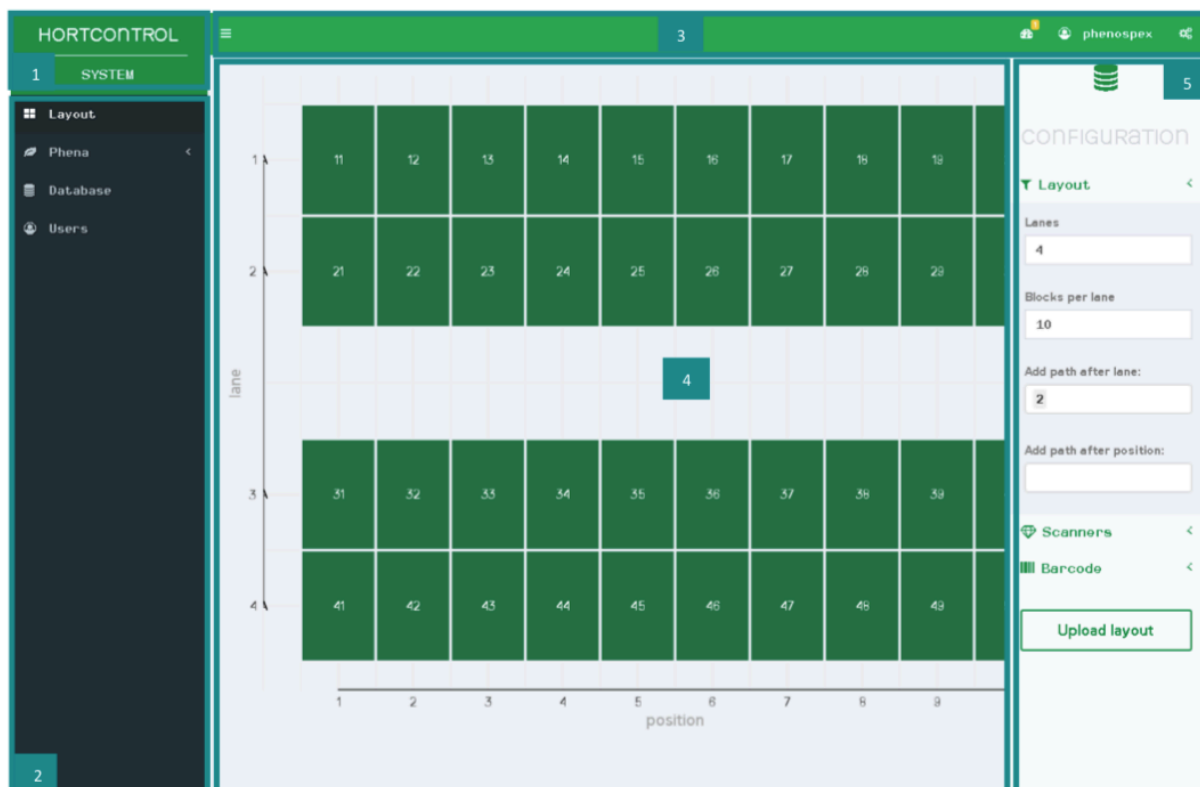
4.2.2 板块布局

每个板块有一样的结构布局，并包含：

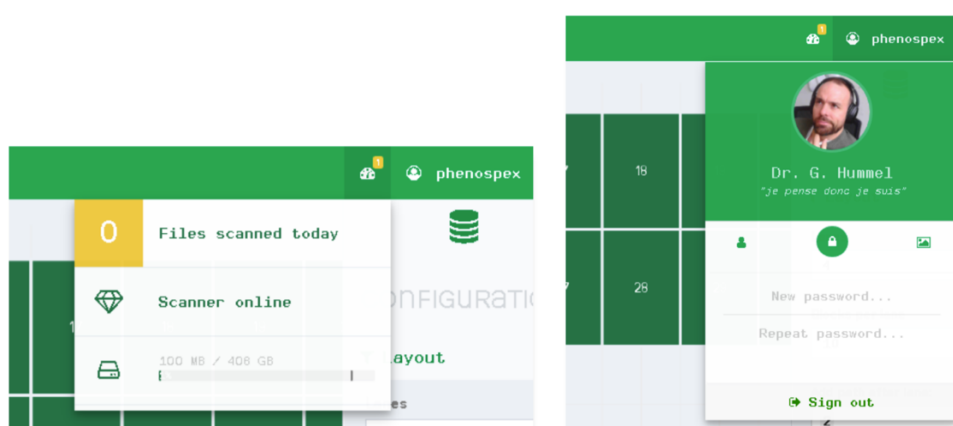
1. 带有主板下拉菜单（左上角）的导航器，可轻松访问主页或其他主板。
2. 模块边栏（左），可轻松导航不同的模块。



3. 信息栏（顶部）调整用户详细信息并显示系统状态的摘要。
4. 主视图（中央）提供所选模块的核心信息/功能。
5. 设置边栏（右，可选）提供设置，以调整您当前的模块试图。

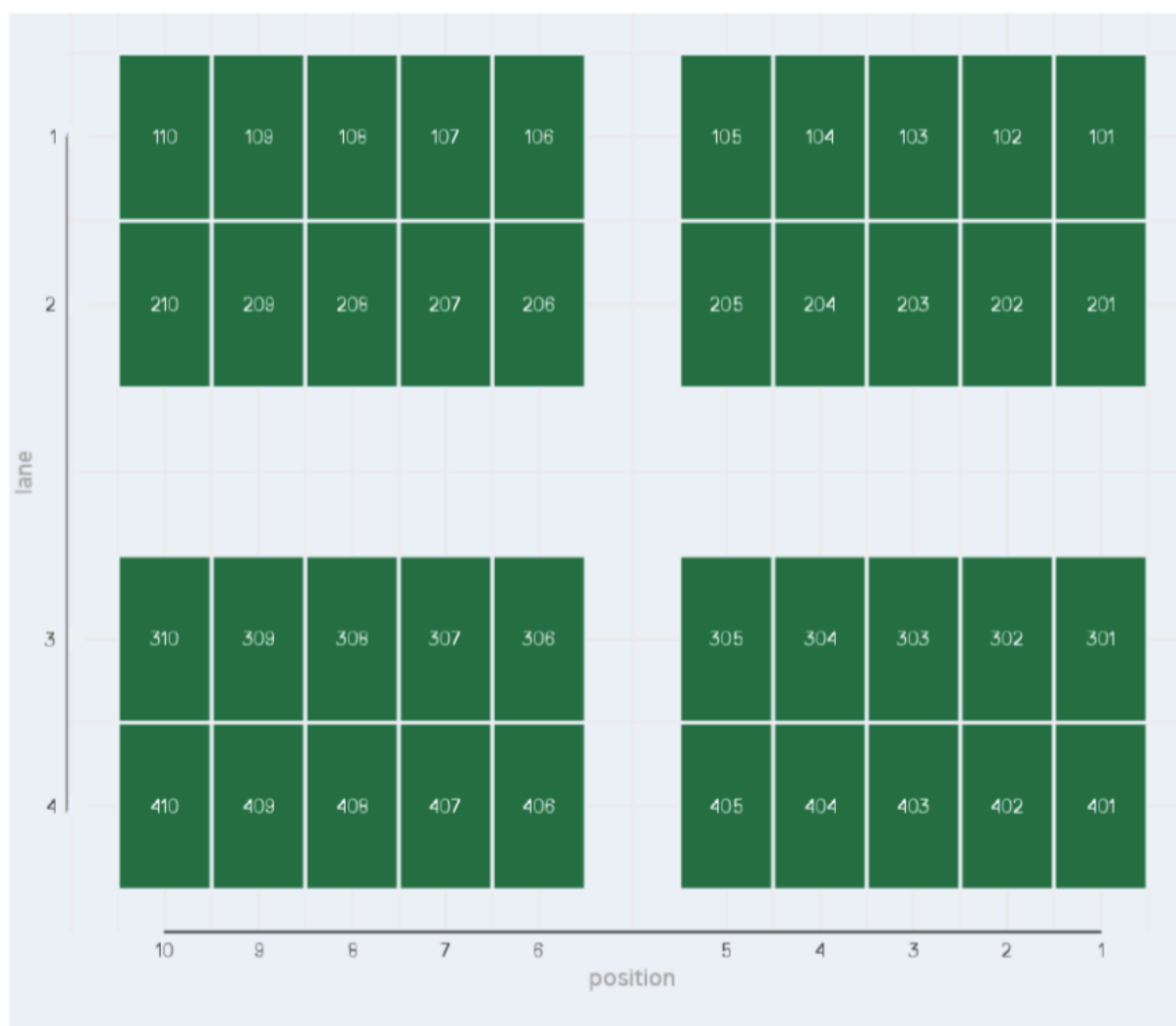


在信息栏，您可以快速浏览系统状态或调整用户头像、名称和密码。



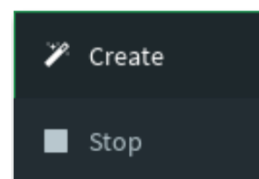
4.2.3 系统概览

在 HortControl 中，我们经常使用系统概览（system overview）。它是系统的表示形式，划分成（垂直）行道（lane），在编号的区块（blocks）中进一步划分。这些区块是您系统中一部分的核心参考点。因此，系统概览被经常用于系统中某个部分的可视访问工具。



4.3 实验板块

实验是 HortControl 用来管理数据的中心对象。在一项实验中，在有限的时间内收集固定数量的植物的数据，用基因型和处理来描述。在您的平台上可以同时运行一个或多个实验，这些实验可以使用 HortControl 进行设计、启动和停止。有两个模块，一个用于创建新的实验，另一个用于停止实验。

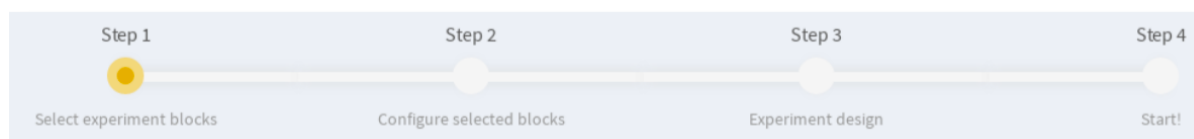


4.3.1 怎样创建一个实验？

创建（create）模块的主要视图显示了系统概览，标记为绿色的自由区块和标记为灰色的已被占用的区块（通过激活实验）。设置实验包括以下步骤：

1. 准备自由的系统区块
2. 将区块按单位进行拆分
3. 在单位中添加生物信息
4. 上传您的实验

每一个步骤都在主窗口顶部的流程栏中进行处理。



当一个步骤结束时（标记为绿色），可以进行下一个步骤。当前步骤会显示为黄色，尚未结束的步骤显示为灰色。



4.3.1.1 Step1-选择自由区块

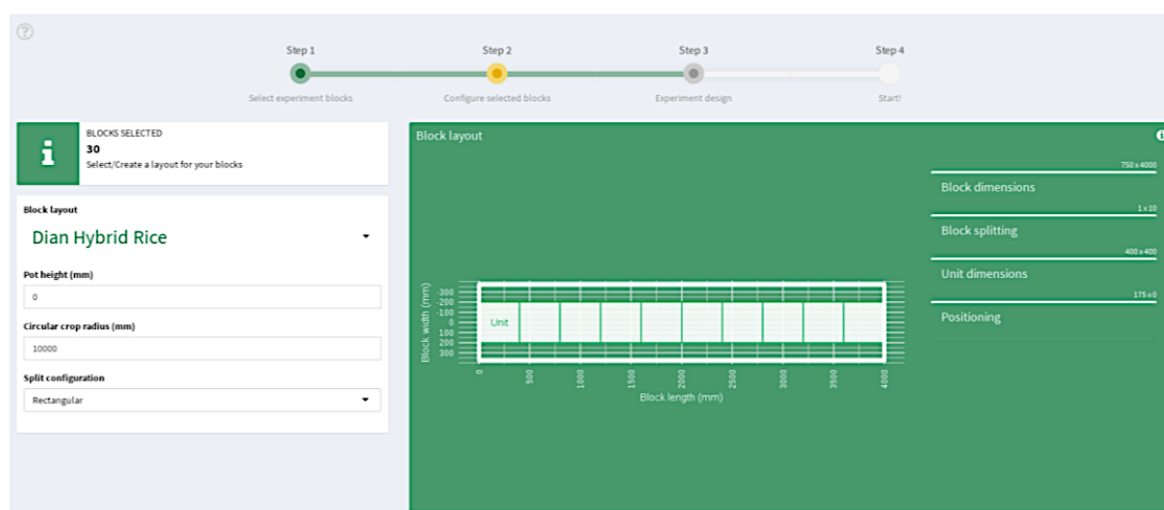
在创建实验的第一步，您将为新实验准备区块。在开始模块的系统概览中拉出一个矩形，所有被矩形覆盖自由区块（部分）都将为您的实验选定，并标记为黄色。如果您想在此次选择中加入区块，您可以在按住“Ctrl”进行拉动或按住“Ctrl”进行点击。如果您想从此次选择中去掉区块，您可以在按住“Shift”进行拉动或按住“Shift”进行点击。双击则清除整个选择。

现在已选择好了区块，在流程栏中显示可以进行第二步，但仍未完成（灰色），点击它来进行第二步。

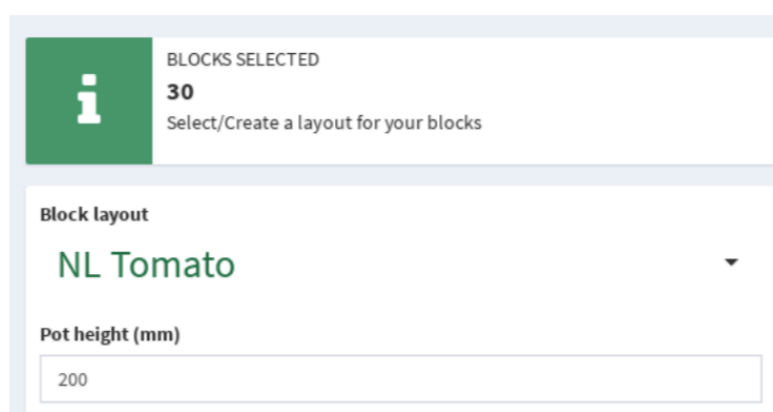


4.3.1.2 Step2-配置区块

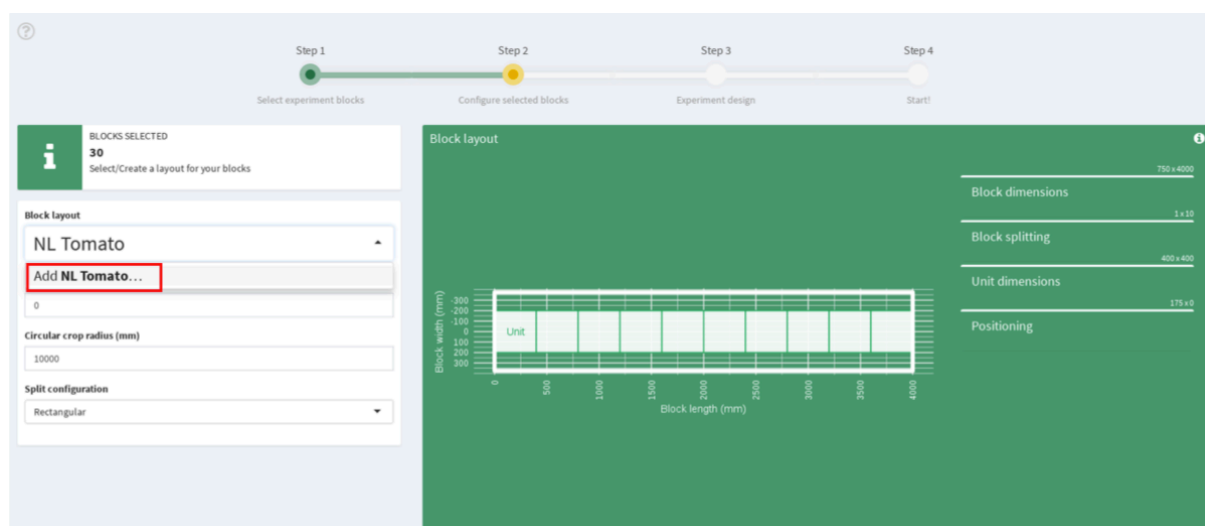
在这一步中，被选择的区块会被再次拆分成单元（units），并且设定好盆的高度。单元是您的平台坐标系中最具体的单位，任何一个区块都可以被进一步划分为 $x * y$ 个单元。正是由于这些单元，植物和植物信息被分配到每一个单一实验中。在单元的层面上，物理世界可以和生物世界联系起来，可以实现从扫描仪到植物的数据传输。



在这个步骤也可以设置盆的高度。高度测量到开始有植物的地方，在 3D 扫描文件中，这一高度以下的部分都会被忽略。在您测量尺上的读数再加上 3-5mm，能保证完全去除盆的边缘。



您也可以设置一个区块布局，并命名保存。这个区块布局在之后的实验中也可以使用。要新建一个新的区块布局，首先要输入一个新名称，例如 *NL Tomato*。点进下图中红色方块区域，按下退格键（Backspace），然后开始输入您的实验名称，然后点击“Add NL Tomato”。



输入完后，右边的选项卡就可以访问了。可以更改区块拆分（block splitting），单元尺寸（unit dimensions）和位置（positioning）来调整区块布局。

区块尺寸 (Block dimensions)：建议在您清楚将要做什么的时候更改此项。在大多数情况下，区块长度是根据 PhenoSpex 预设置的，您不需要去改变它。此设置是从沿着长和宽的原点来定义扫描区域的。

区块拆分 (Block splitting)：这里您可以定义您需要多少个单元，例如扫描区域需要拆分成几行几列。其中“自动拆分（auto-split）”按钮会根据所提供的单元尺寸和位置，计算在这一扫描区域里能容纳的最多数量的行列。



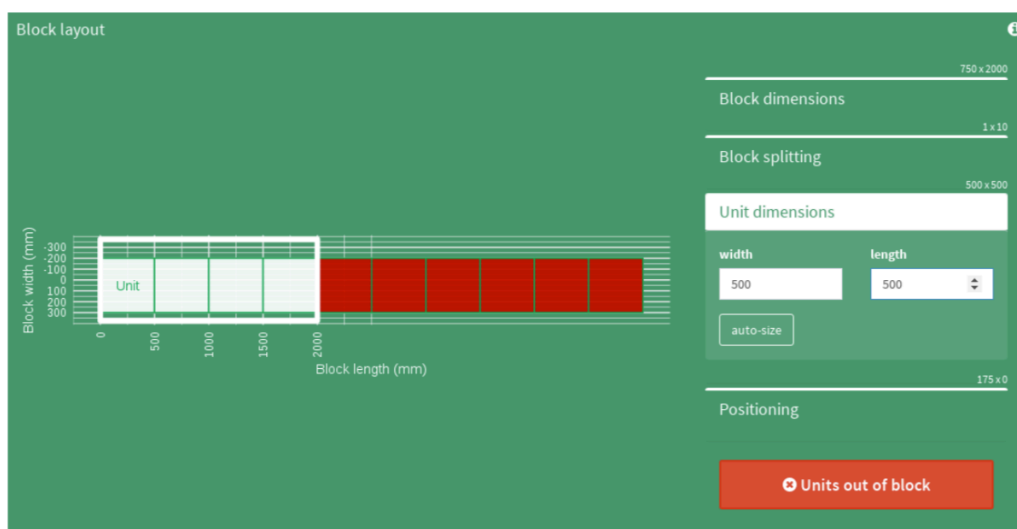
单元尺寸 (Unit dimensions) : 定义了每一个单元的大小（长和宽）。其中“自动调整大小 (auto-size)”按钮会根据所给的单元数量和位置，在扫描区域内计算最大的单元大小。

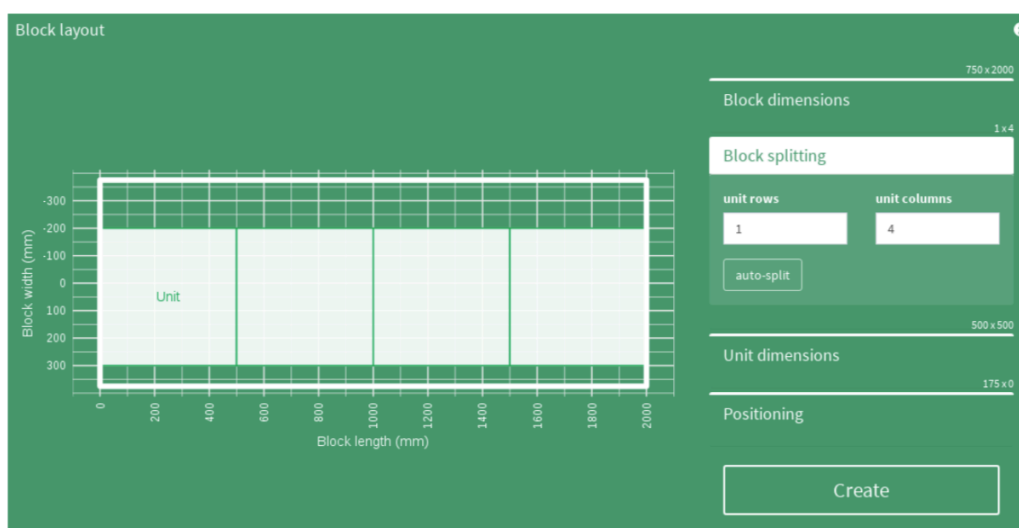
位置 (Positioning) : 设置第一个单元必须相对于左上角开始的偏移量。其中“中心 (center)”按钮将会把扫描区域内的区块居中。

当您对设置满意时，点击“创建 (create)”按钮，随后整个布局将会被保存并在将来可以继续使用。为了帮助您尽快地理解怎么进行正确的设置，我们为您准备了两种主要的应用案例。

① 植物（单元）大小已知，在您的扫描中需要最大化的单元数量

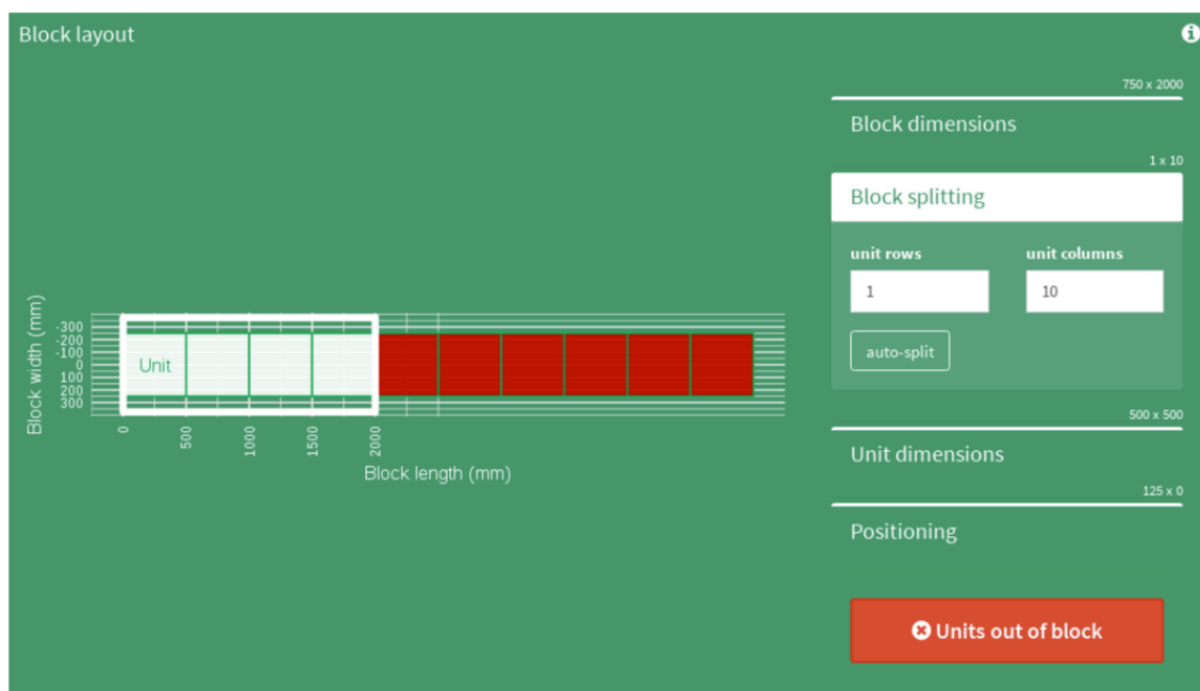
在这一案例中，，您需要在“单元尺寸”中设置已知的单元大小。然后在“区块拆分”部分中点击“自动拆分”按钮，它将会计算在扫描区域内能有的最多的行列数量。





②单元数量已知，单元大小需要最大化

在这种情况下，您需要在“区块拆分”中设置您在扫描区域中所需的行列数量。然后在“单元尺寸”部分中点击“自动调整大小”按钮来最大化您的单元大小。

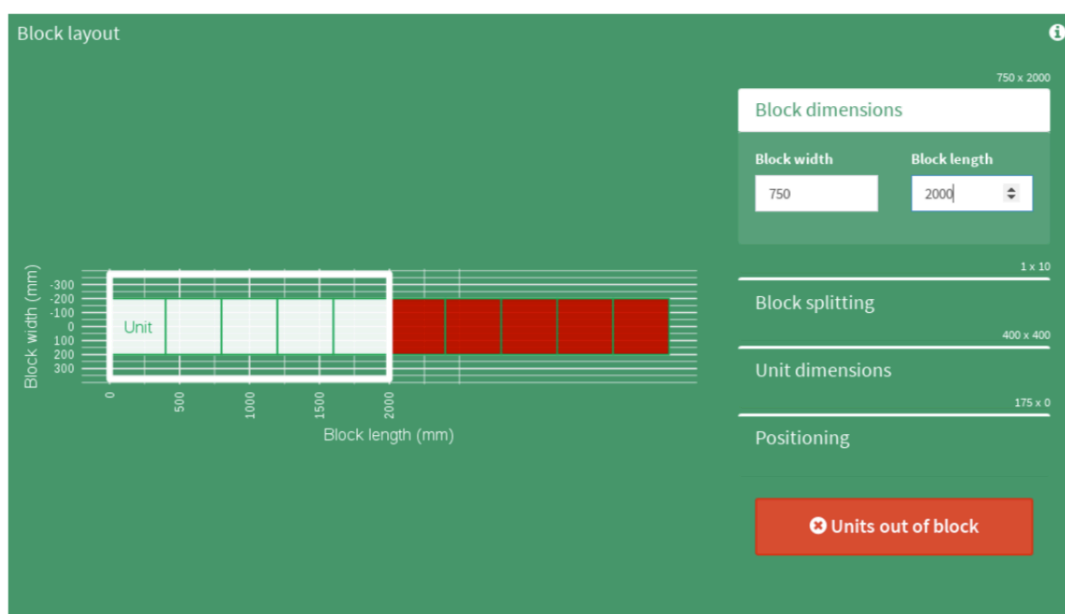




需要注意的是，单元大小不会完整的填充整个扫描区域。出现这种情况是因为宽度偏移量为125mm，自动调整大小时也会考虑这一点。

重点！

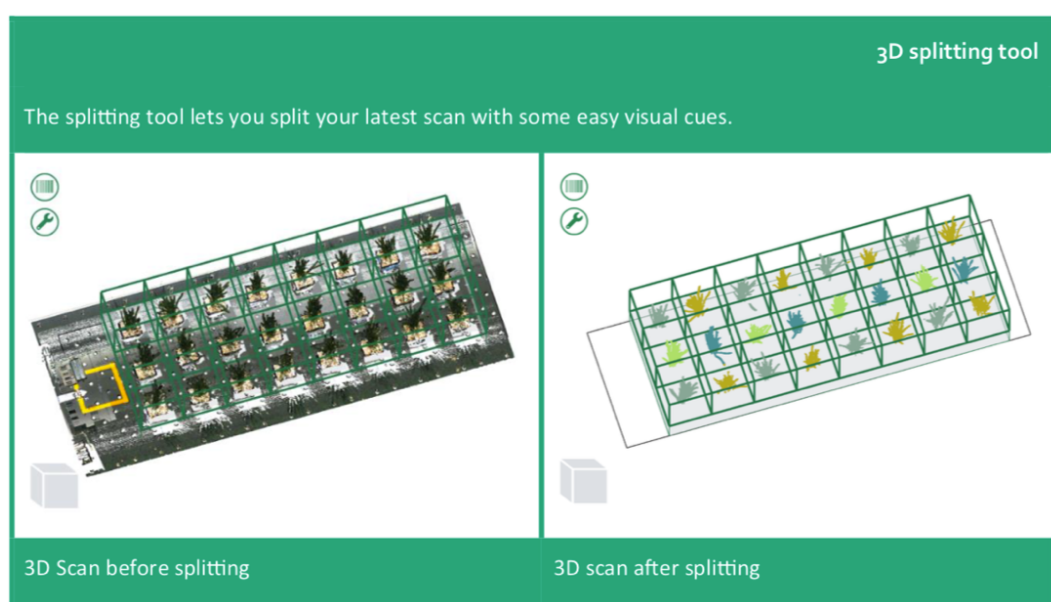
2D 布局工具将检查您的设置的有效性。当任意一个单元完全超出您的扫描区域时，将没法继续操作，这时有问题的单元将显示为红色。



要解决这一问题，您需要调整设置，直到所有单元至少部分地都在扫描区域中。一旦您有了一个有效的区块布局，并且您设定好了盆高，就可以进行第三步了。

3D 拆分工具

在最后一次扫描来设置区块时，3D 拆分工具是可以创建可见辅助的工具。



选择您想要执行区块设置的条形码，所对应的最新的 3D 文件将会被加载。这一操作最好是在您开始创建实验前先扫描您想用的条形码。

除了之前解释过的区块拆分设置，还有其他一些设置来使拆分的视图达到最佳效果。您可以点击左上角的图标进行设置。

同时在左下角，有一个灰色的立方体，有 3 个平面可见。您可以点击任意一个平面以移动到相应的视图（边上，前面，上面）。





Block

17 ▼

x 区块 (Block)

选择您想要在最后一次扫描中看到的区块



View

Boundary

yes ☒

Resolution

low ————— high

Color

Color ▼

x 边界 (Boundary)

切换以显示位于拆分区域外的 3D 位点

x 分辨率 (Resolution)

对需要扫描的区域设置分辨率。高分辨率会需要您的机器有更高的图形能力，并且文件从服务器上下载时会更慢。

x 颜色 (Color)

选择颜色映射。

颜色 Color: 扫描仪测量后显示颜色。

高度 Height: 会根据高度显示 3D 位点的颜色。可以根据不同的颜色映射来优化视觉提示。

位置 Position: 根据 3D 位点所在的单元进行着色，分配给单元的颜色遵循 2*2 的棋盘模式。

4.3.1.3 Step3-实验设置

在这个步骤中，生物信息（基因型和处理）和最新创建的单元连接到了一起。这对您的生物世界和物理世界间的数据传输是很重要的。您能在系统概览中再次看到您选择的区块被标记为了黄色。





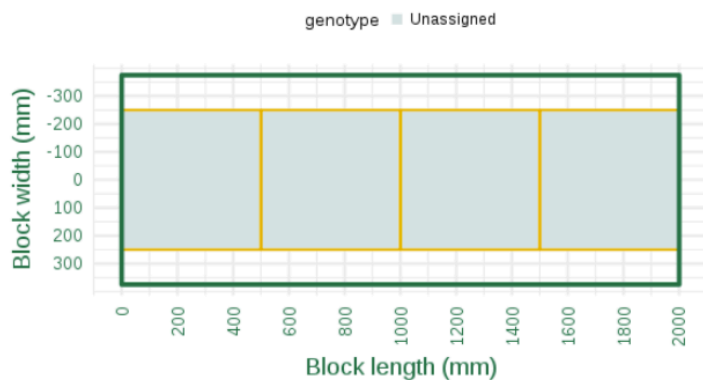
这里有两个选项。第一个选项是在系统概览中对每一个区块添加信息；第二个是您可以使用 csv 文件进行批量上传生物信息。

①区块逐个添加

这个过程包括在系统概览中点击一个区块，然后会打开一个模式窗口。在这个窗口中您可以看到区块概览。在选择区块时，您可以点击选择一个，或拖动选择多个单元。被选择的单元显示为黄色外框。根据您选择的选项卡，您可以给您选择的单元添加基因型或处理信息。



Block 4



Genotype Treatment

Tomato

Genotype alias

Provide a unique alias...

Species

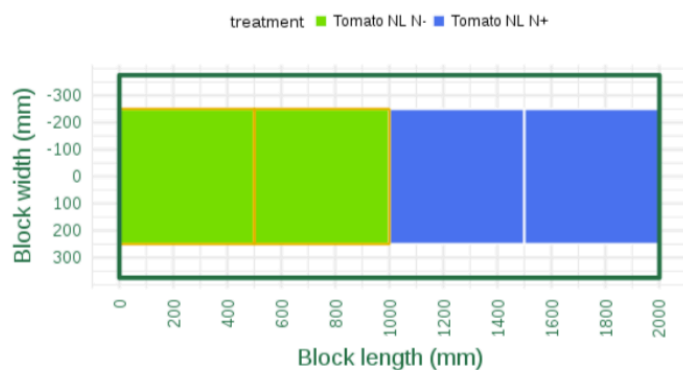
qc_2

Update genotype

Copy genotype layout to all blocks

您也可以创建一个新的处理/基因型或选择一个已有的。每一个基因型需要一个基因型别名和品种信息。当您对您选择/创建的基因型/处理满意时，您可以点击“上传（upload）”按钮，然后所选择的单元信息将会被上传。

Block 4



Genotype Treatment

Tomato NL N-


Copy treatment layout to all blocks

Close

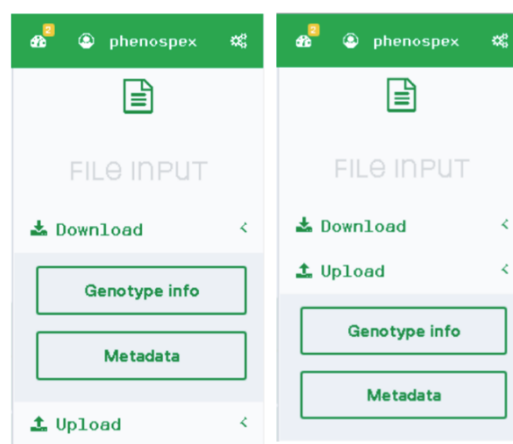


如果您选择的所有实验区块需要不同的生物信息，您需要分别上传每个区块。但是，如果在您所有的区块中，基因型/处理模式是相同的，您可以用简单的方法复制现在的区块信息给您实验中所有其他选择的区块，只要简单的点击“给所有区块复制基因型模版（Copy genotype layout to all blocks）”或“给所有区块复制处理模版（Copy treatment layout to all blocks）”。

②批量上传

如果您有一个大型的 PhenospeX 系统，例如 FieldScan，您可能不希望逐个区块地添加生物信息。对这种情况，HortControl 提供了批量上传的选项。您需要点击右上角的  图标，来打开设置边栏。

在这个设置边栏中，您可以选择下载（“Download”选项）HortControl 中能获得的所有的基因型信息



（“Genotype info”按钮），和一个 csv 文件包含所有现已创建的实验单元（“Metadata”按钮）。

同时，这些文件也可以手动上传，通过边栏中的上传（“Upload”选项），再次上传给 HortControl。如果您有自己的生物信息数据库，您可以创建自定义脚本来自动生成元数据和基因型信息文件，以便将数据库信息链接到 HortControl 中的表型数据。对于这些文件中所需数据和格式的更多信息如下所示。

元数据（Metadata）：元数据文件包含了三栏信息可以在系统坐标系中定义位置（条形码 barcode，单元列 unit column，单元行 unit row），另外有两栏信息指示了对应这些位置的生物信息（基因型和处理）。



barcode	unit	column	unit row	genotype	treatment
3	1	1	1	a	WW
3	1	2	2	a	WW
3	2	1	1	a	WW
3	2	2	2	a	WW
3	3	1	1	a	WW
3	3	2	2	a	WW
8	1	1	1	a	WW
8	1	2	2	a	WW
8	2	1	1	a	WW
8	2	2	2	a	WW
8	3	1	1	a	WW
8	3	2	2	a	WW

基因型信息 (Genotype info.)：当您想要使用一个在 HortControl 中不存在的基因型时，您必须要

genotype	genotype alias	species
new	new alias	tomato

填入并上传基因型信息的 csv 文件。这个文件的格式可以先在下载选项中的基因型文件中找到，然后删除里面的基因型内容，并填入新的信息。需要您提供基因型名称、基因型别名和品种。**基因型和基因型别名必须始终为一个独一无二的组合，并且，一个基因型不能指派给多个品种。**在以下这个例子中，名称为 “new” 的基因型被填入其中。

在上传完基因型信息后，基因型名称可以用在元数据文件中。一旦填入，元数据文件也可以使用相应的上传按钮进行上传。

barcode	unit	column	unit row	genotype	treatment
3	1	1	1	a	WW
3	1	2	2	a	WW
3	2	1	1	a	WW
3	2	2	2	a	WW
3	3	1	1	a	WW
3	3	2	2	new	WW
8	1	1	1	new	WW
8	1	2	2	new	WW
8	2	1	1	new	WW
8	2	2	2	new	WW
8	3	1	1	new	WW
8	3	2	2	new	WW



当一个区块的所有单元都包含有基因型和处理信息，区块在系统概览中会标记为绿色。一旦所有区块都变成绿色，实验设置的最后一个步骤就可以开始进行了。



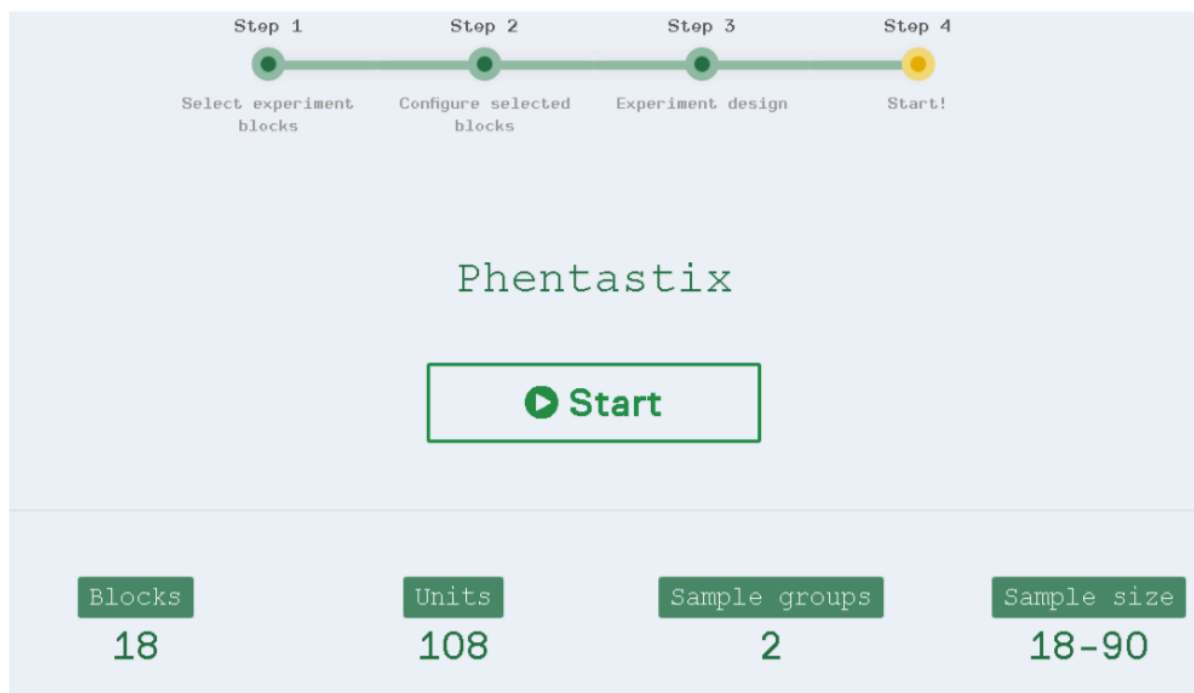
4.3.1.4 Step4-开始实验

在这最后一个步骤中，您唯一的任务就是想一个好的实验名称，然后开始实验。您将看到所有区块、单元、样本组（例如：唯一的基因型*处理组）和样本大小（每个样本组的单元数量）的一个概览。这个概览给您最后一次机会去检查您在 HortControl 中创建的实验是否反映了您的预期。一些可能出现的问题有：

- 与您在实验中想要使用的植物相比，HortControl 中预期有更多/更少的单元。所以，这时候可能是区块的数量或区块拆分有误。



- 当您想要测对 2 个基因型的 2 个处理时，显示了有 3 个样本组。这个情况可能是在指派生物信息中有误。
- 样本大小范围为 18-90，这里的生物信息分配是无效的。



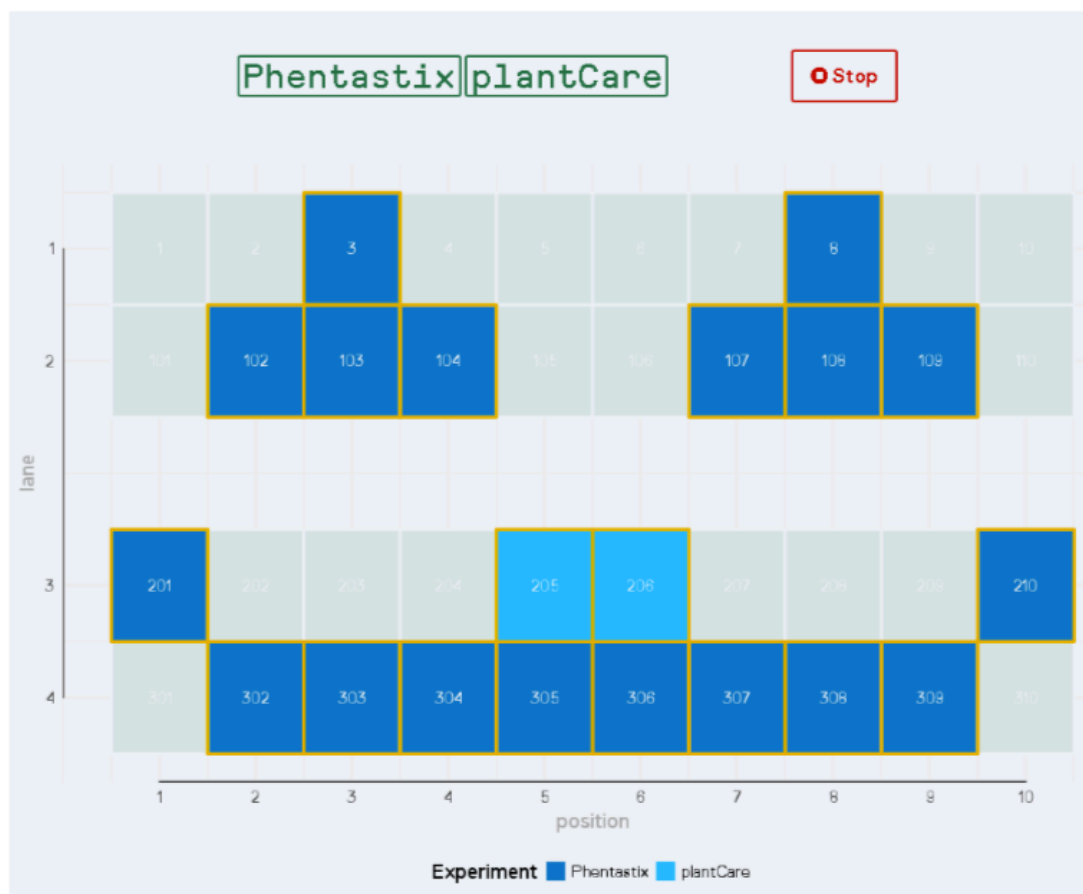
当所有事项都确认准确，开始 (Start) 按钮将可以按下。在整个实验上传到 HortControl 之后，您将会得到一个确认信息。HortControl 将返回到实验创建过程的第一步，这时您能看见在实验中使用的区块已显示被占用。

4.3.2 怎样停止一个实验？

在实验板块中的第二个模块是停止一项实验。在这个模块中，系统概览又一次显示给您。在这个概览中，所有被占用的区块都被他们所对应的实验标记为一个颜色。您可以从下拉列表中选择您想要停止的实验，也可以在系统概览上拖动/单击任何属于您想要删除的实验的区块。您也可以选择



多个实验然后同时删除。一旦您选择完，就可以按停止（Stop）按钮。这一操作会使实验停止，同时这些区块将重新可以再次使用。这些区块可以重新被其他您在创建模块中设置的实验使用。



4.4 PSX 数据板块

现在，您已经启动了实验，系统将开始收集数据。数据可以在 psx 数据板块中获得。这一板块的任务在于提供给您不同级别的数据访问，从访问原始数据，到可视化的原始数据及其分析。板块结构能让您快速的访问原始数据，同时，您可以使用 HortControl 提供的工具逐步深入挖掘您的数据集。



4.4.1 下载数据

在数据板块的第一步就是选择您想要进行分析的实验。可以简单的在下拉列表中选择实验，或输入您想要下载或分析的实验名称。一旦您选择完实验，您将会得到这一实验的总体情况。显示您设置了区块数量，这些区块包含的单元数量，样本组数量（基因型和处理的唯一组合），同时还有样本大小（在同一个样本组中的单元数量，例如：重复）。如果您的实验包含数据，下载 (Download) 按钮将会出现。

The screenshot displays the PhenoTrait web interface. At the top, a progress bar shows 'Step 1: Select experiment' (active) and 'Step 2: Data analysis'. Below this, the selected experiment 'Exp1' is shown with a 'Download' button. A summary table at the bottom provides details for the experiment:

Blocks	Units	Sample groups	Sample size
1	7	1	7

On the right side, there is a 'FILTER DATA' sidebar with input fields for Time (2018-01-18 00:00 to 2018-01-18 00:00), Treatment, Genotype (G1), Genotype alias, and Species.

在下载数据前，您可能想要先筛选数据。例如，当您只对一个基因型或一些处理感兴趣时，您可以打开设置边栏进行筛选。

除了下载数据，您可以选择可视化、处理和分析数据。因此，HortControl 承载了一些分析模块，您可以在左侧的模块边栏中进行选择。目前有三个分析模块：概览、萌发和生长。选择应用后，您可以通过单击顶部流程栏中的步骤 2 (Step2) 来切换到该应用。所有分析模块都是围绕相同的原则



构建的。为了了解模块的基本原理，首先让您熟悉这些原则是很重要的。之后，每个模块将分别进行更详细的介绍。

4.4.2 模块分析原则

总体来说，模块使用所选实验的原始（筛选）数据对其进行分析并以可视方式呈现给用户。一个模块可以用不同的方式表示此数据集，以不同的视图形式提供。可以在左侧边栏模块中的子菜单项选择这些视图。

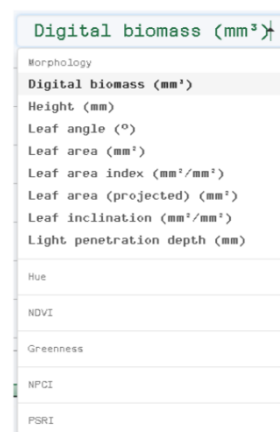
4.4.2.1 模块视图

这一视图总是显示在模块的中间，不同的视图可以显示相似的元素。

导航栏：在步骤栏上面，有一个导航栏，包括了所选实验的名称和所选择的分析模块。如果您选择了已激活的实验，并且在加载实验后收到了新数据，则导航栏旁边将出现一个刷新图标（如下所示）。如果单击此图标，将加载新数据，并立即在分析/视图中可被使用。



变量下拉列表：在许多情况下，也可以为视图选择数据变量，可以从步骤栏下的下拉列表中选择该变量。所有变量都聚集在类别中。将鼠标悬停在类别上，以展开变量列表。您还可以键入关键字，并筛选与关键字匹配的变量。



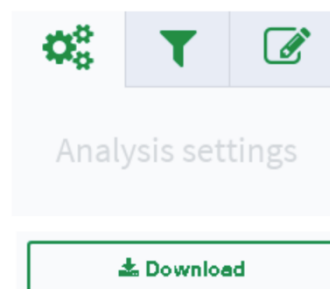
设置边栏：在分析模块中一个十分重要的部分是右边的设置边栏。



它和所有模块有一样的结构，主要构成有：分析设置，筛选设置和视图设置。具体内容以下会详细解释。

4.4.2.2 分析设置

模块通过在原始数据上进行的处理算法后是相互唯一的，此处理算法可以使用分析设置进行调整。因此，这些设置将在模块之间是不同的。当每个模块单独解释时，将详细介绍它们（请参阅下文）。在分析设置的底部，您总能找到一个下载按钮。此按钮将为您提供当前分析






设置生成的数据，这些数据是模块处理算法应用于（筛选过的）数据集所生成的。

4.4.2.3 筛选设置

此部分之前已简要地在筛选选定的实验数据集中介绍过。所选分析模块也将使用此筛选过的数据集。因此，只分析数据集中感兴趣的部分，而不是完整的数据集。筛选设置为所有分析模块生成相同的筛选数据集。您可以筛选数据以选择特定的基因型或处理方法，还可以定义您想要分析时间段的时间窗口。如果在过滤项目中没有选择任何内容，所有基因型和实验处理方法都将用于进一步的分析。



Filter data

Time

2017-12-04 00:00 to 2018-02-01 00:00

Treatment

Genotype

x 时间 (Time)

选择您的数据集中的一个是时间段

x 处理 (Treatment)


选择您想要的处理


x 基因型 (Genotype)

选择您想要的基因型

案例

在以下案例中，在用筛选设置进行筛选处理前（上图）、后（下图）的实验数据集。





Filter data

Time

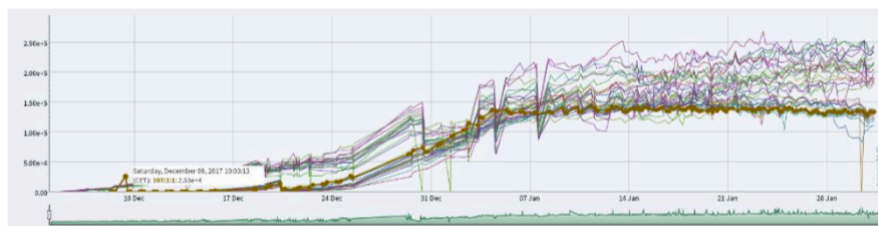
2017-12-04 00:00 to 2018-01-04 00:00

Treatment

5 4 1

Genotype

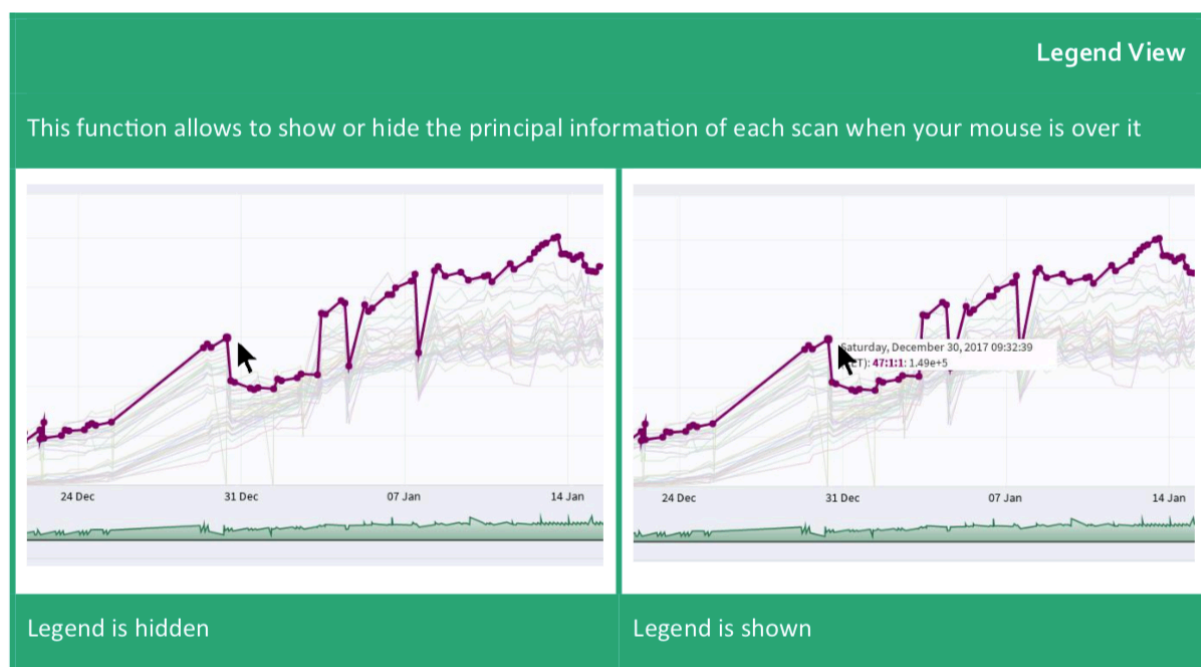
Maize



4.4.2.4 视图设置

视图设置将会轻微的改变所选的视图，它们不会从根本上改变视图的外观，但将呈现视图的某些部分有一些不同以获得最佳的体验。因此，某些设置可能被多个模块使用，例如切换图例，而其他设置则是特定于模块的。

如图，鼠标放在曲线上时，可以通过视图设置来显示或隐藏图例。



当模块单独解释时，将讨论不同的视图设置。

4.4.3 模块概览

您的系统将为每个植物生成一个时间间隔不规则的时间序列。它能为您提供植物在某一点上的信息。此模块是一个灵活的工具，允许您将数据集按时间、处理和/或基因型进行汇总，以便从中获取更多信息。这样，您就可以将原始数据集转换为以小时为单位的每个处理和基因型的值，轻松地

为您提供有价值的信息，同时使数据集更易于使用。该模块执行三个主要处理步骤，数据可以汇总在时间区块中，并按每一个基因/处理汇总，或作相对比较。分析设置中会讨论解释这些步骤。

4.4.3.1 分析设置

时间汇总 (Time aggregation)。 在时间区块中视图模块提供最重要的一点是数据汇总，汇总功能允许将特定时间范围内的多个数据点合并到一个数据点中，这可用于简化数据并使时间序列常规化，简化的数据使您可以更轻松地进行比较。想象一下，一个系统从 12:00-14:00 扫描 120 株植物，每次测量的时间点将相差一分钟。通过将汇总的时间设置为 13:00，可以将所有测量规范化到该时间进行进一步分析。常规时间序列还允许您使用更高级的分析算法（如分解）。

x 时间点 (Time points)

每天需将数据映射到时间点上。您最多可以定义 24 个时间点（每一个小时为一个时间点）。一个典型的应用就是将数据映射到夜晚（0:00）和白天（12:00）。

x 最大范围 (Maximum range (h))

用于汇总数据的所选时间段周围的最大时间窗口。如果我们以上面的示例为例，将时间为 18:00 的数据范围设置为 2 小时，则会丢弃数据，因为它距离时间点 0:00 和 12:00 需要 6 小时。

x 模式 (Mode)

选择多个时间段时，有 3 个可能性或模式可以决定哪个数据点对应哪个哪个时间段。

之前 (Before) : 只有数据点早于时间点时能映射到那个时间点上。

例如: 10:00 可以映射到 12:00, 因为比 12:00 早但比 0:00 晚。

近期 (Nearest) : 默认模式, 每个数据点映射到离它最近的时间点。

例如: 10:00 相较于 0:00 距离 12:00 较近, 所以会映射到 12:00。

之后 (After) : 只有数据点晚于时间点时能映射到那个时间点上。例

如: 10:00 可以被映射到 0:00, 因为比 0:00 晚但比 12:00 早。

x 函数 (Function)

通过之前的设置, 您可以定义将原始数据映射到特定的时间点上。在

这里, 您可以选择汇总函数来将所有的映射数据合并为每个时间点的

一个值。默认的方法是 *中位数*, 选择中位数作为所有数据映射到时间

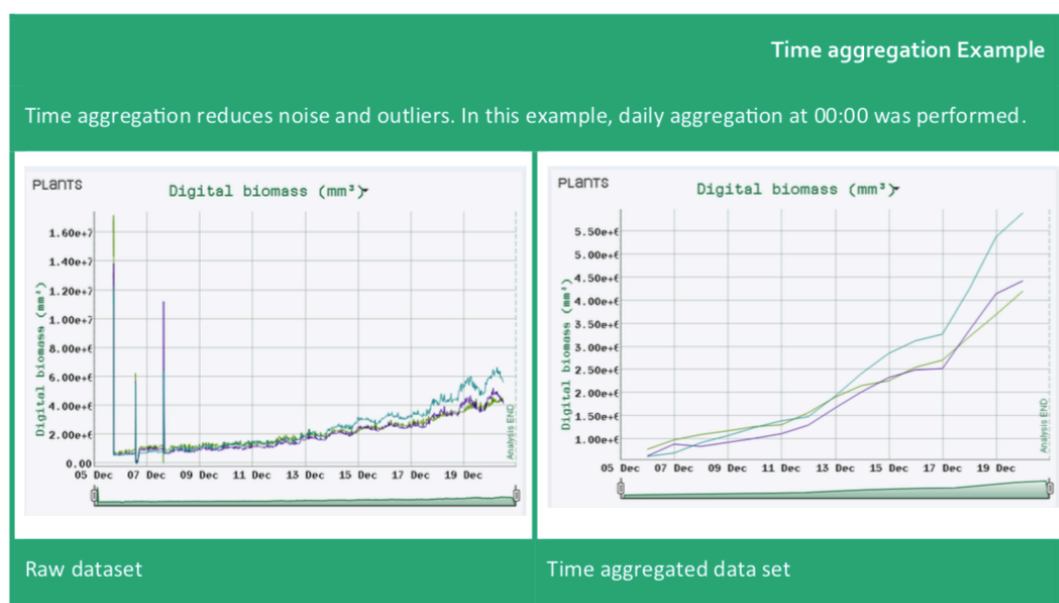
点上的数值。还有可供选择的方法有平均数 (mean), 最大值

(maximum) 和最小值 (minimum)。无 (none) 是一个特殊选

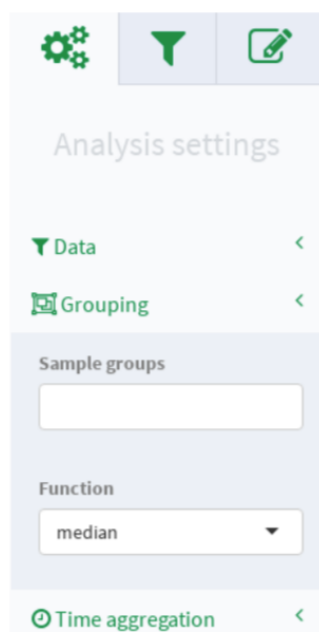
项, 只会在没有汇总来映射数据点时使用。

另外, 在测量过程中总会有技术噪声出现。例如: 当您 (手动) 测量一株植物区域 2 次, 您会得到有一些不同的结果。概览模块在系统平台中使用重复的测量来减小噪声, 这通过计算您的数据中基于每小时每区块的中位数来获得。当您的数据有足够的重复, 异常值也通常会被过滤掉。





分组 (Grouping)。数据是按每株植物进行储存。我们可以用生物信息来比较各个基因型和各个处理，对此，我们需要汇总每个处理和每个基因型的植物数据。我们使用时间点映射来汇总所有植物数据，并对没有唯一的时间点计算每个基因型和处理组合的值。



x 样品分组 (Sample groups)

您可以通过选择处理、基因型或两个都选择来汇总植物数据。

x 函数 (Function)

类似于时间汇总，您可以选择多个函数来对处理或基因型进行

汇总。可用的函数有中位数 (median)、平均数 (mean)、

最小值 (minimum)、最大值 (maximum)、标准差 (standard deviation) 或求和 (sum)。

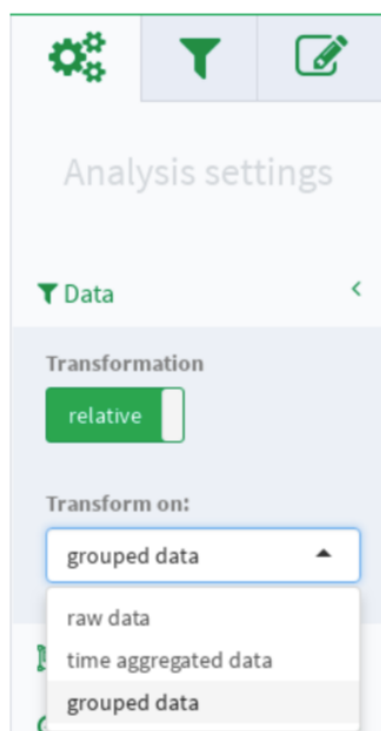
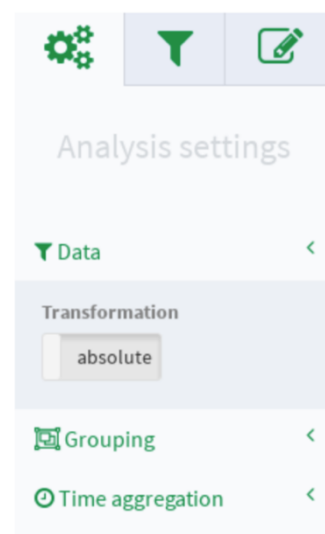


4.5 绝对/相对数据

我们储存的植物数据是绝对值。在设置转换为相对值时，您将获得与后续测量之间的值差。例如，如果一个植物在 t_1 处理中的高度为 x_1 ，我们期望它在 t_2 （或 $t_1 + \Delta t$ ）处理中为 x_2 （或 $x_1 + \Delta x$ ）。但是，这两个值都不会立刻告诉我们有关值的变化（ Δx ）。通过从 x_2 （或 $x_1 + \Delta x$ ）中减去 x_1 ，即变为相对值，我们就有了一个反映值变化的直接测量值。

在处理不规则的时间序列时，我们需要通过时间变化量来规范值的变化，否则，我们可能最终对于低频率时间点会有一个 200mm 的变化，以及对高频率的时间点会有一个 10mm 的变化。因此，我们用 Δx 除以 Δt ，这样对于不规则的时间点就可以进行比较了。在进行相对数据处理时，您可以选择您想要执行此操作的点。

您可以下载通过设置栏底部的下载按钮来下载汇总完的数据集。



x 原始数据（Raw data）

相对数据是在原始数据上生成的，例如不规则时间序列里的每一株植物。一下两种数据是在此生成的数据集上再进行操作的。

x 时间汇总的数据（Time aggregated data）

在时间汇总之后再进行相对数据的处理。例如在每个植物的简化时间区块时间序列上。

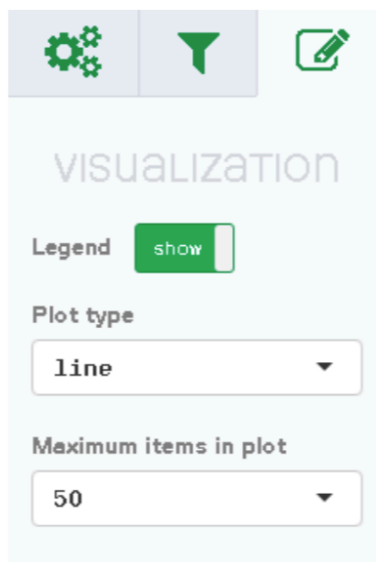
x 分组数据（Grouped data）

在时间汇总和分组之后再进行相对数据的处理。例如在每个处理或基因型组合序列的简化时间区块上。



4.5.1 视图设置

在概览中可以进行一些视图设置。



x 绘图类型 (Plot type)

直线型 (Line) : 将对每个植物/基因型/处理的测量值通过时间连接起来，能通过时间推移直接看出趋势。

茎杆型 (Stem) : 在时间坐标上显示值的投影，方便查找缺失的数据点，或评估扫描频率。

x 图像上的最大数量 (Maximum items in plot)

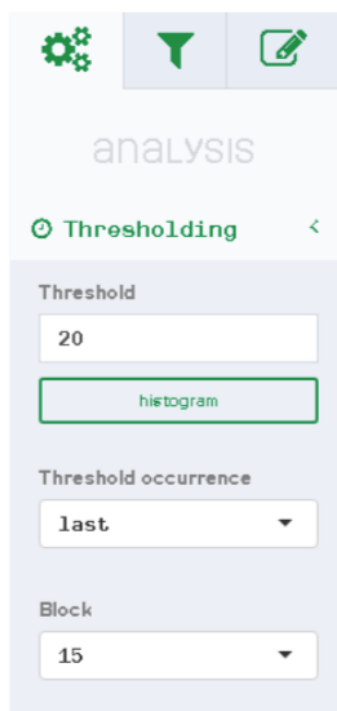
限制显示的植物/基因型/处理的数量。显示太多行会影响概览。

4.5.2 发芽模块

在发芽模块中，您可以计算每个植物达到特定的数据值时的时间点。例如，您可以计算苗长至20mm 的时间点。

4.5.2.1 分析设置





The screenshot shows the 'analysis' section of the PHenOSPEx interface. Under the 'Thresholding' tab, there are three main settings: 'Threshold' is a text input field containing the value '20'; 'Threshold occurrence' is a dropdown menu set to 'last'; and 'Block' is a dropdown menu set to '15'. A green 'histogram' button is located below the 'Threshold' input field.

x 阈值 (Threshold)

应为其发生时间点的值。

x 阈值发生 (Threshold occurrence)

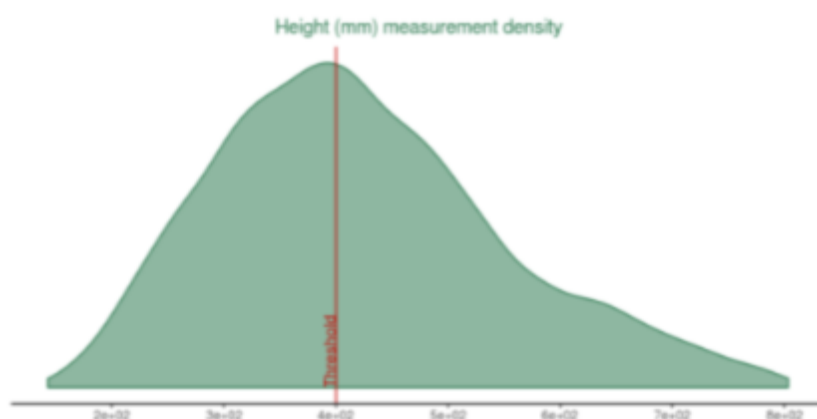
第一次 (First) : 阈值第一次发生时的时间点。

最后一次 (Last) : 阈值最后一次发生时的时间点。

x 区块 (Block)

只有在地区视图中能有。显示了所选区块的单元布局。

在设置栏中的直方图 (Histogram) 按钮可以打开包含所有测量高度的直方图数据集，它可以帮助您去选择合适的阈值。

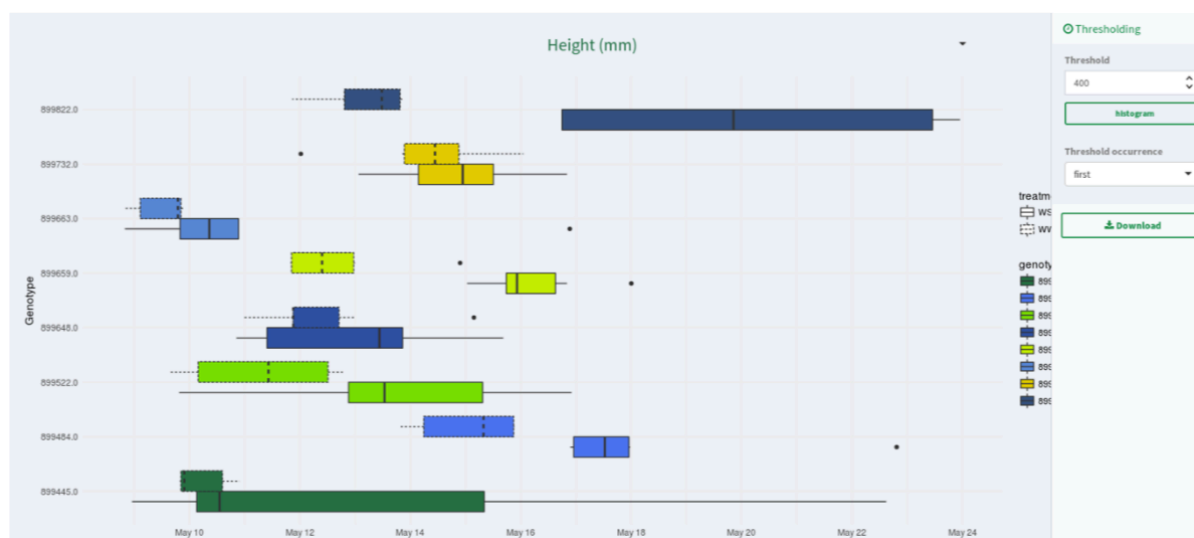


有两种视图可供选择，箱线图 (boxplot view) 和地图视图 (map view) 。



4.5.2.2 箱线图 (boxplot view)

在箱线图中，您所有的植物时间点都聚集在各自的处理/基因型组中，并显示为箱图。在视图设置中，您可以选择根据基因型或处理方法对箱线进行着色，未着色类别将显示在 y 轴上。在下面的示例中，不同的处理显示了不同的颜色。

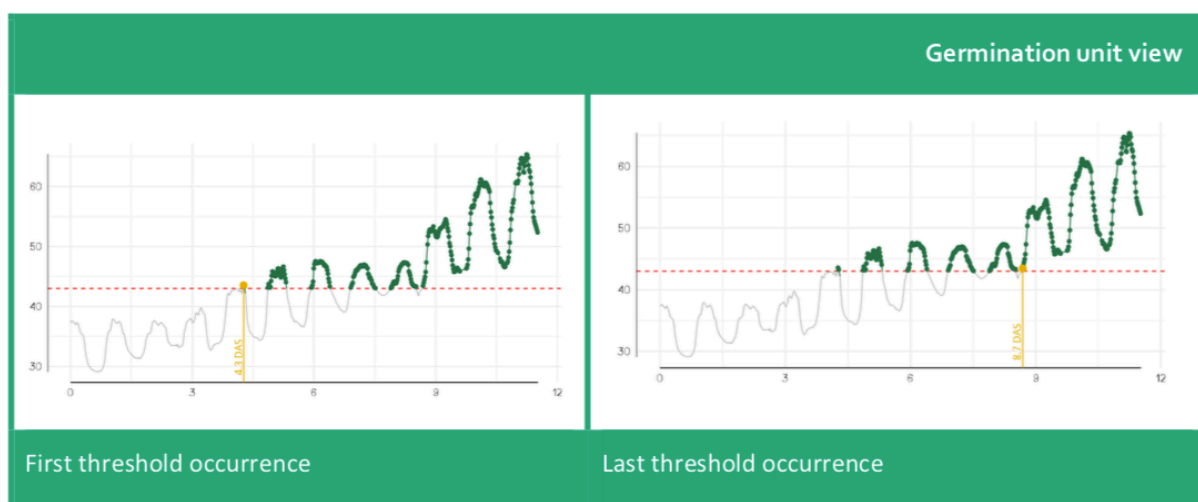
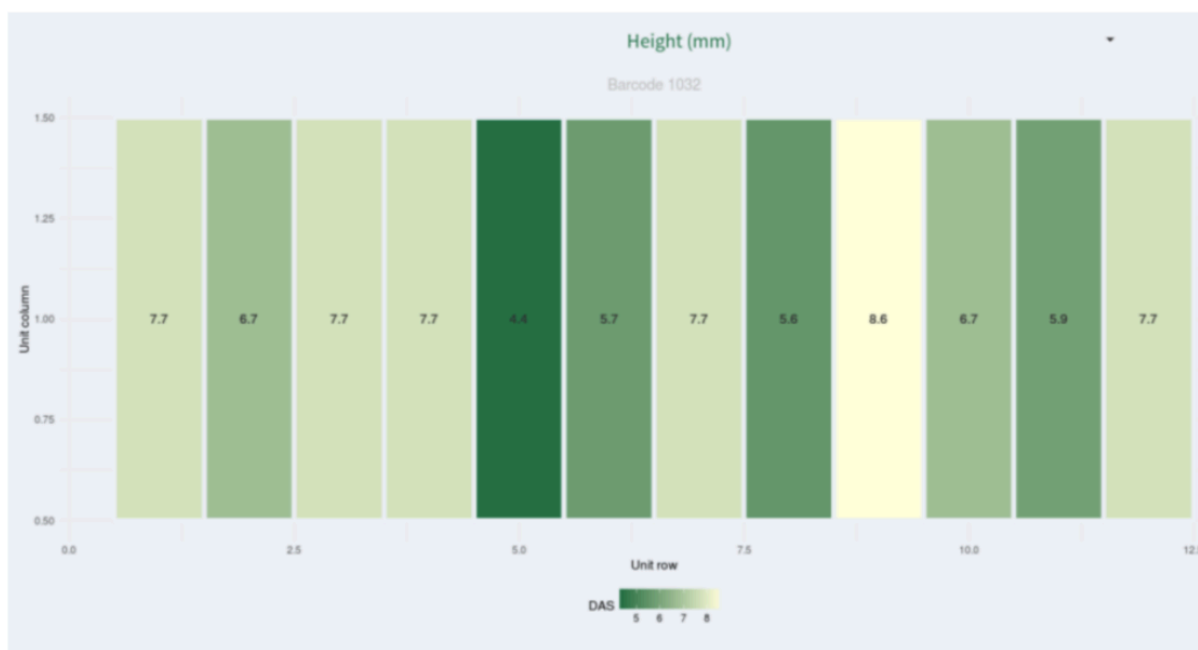


4.5.2.3 地图视图 (map view)

地图视图提供了每个区块里单元的颜色编码概览。颜色编码是根据相应的单元/植物从实验开始到达到萌发阈值所需的时间进行的。实验的开始可以在筛选器设置中进行调整。

当您点击一个单元时，您可以看见所有的测量值，和发芽发生时的时间点。





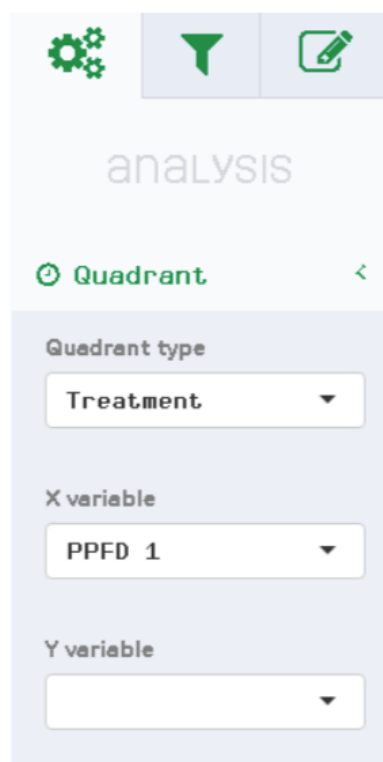
4.5.3 生长模块

在生长模块中，整个时间序列被压缩到每个植物的一个值，即为生长速率。它是数据变量在实验过程中的平均变化。例如，它会告诉您，您的植物平均每天生长 13mm。可以在所选变量的设置栏底部下载此数据。这些值按每个基因/处理分组，并在两个视图中显示，即箱线图（the boxplot view）和象限视图（the quadrant view）。



4.5.3.1 分析设置

只有象限视图有此设置，如下所示：



x 象限种类 (Quadrant type)

处理 (treatment) : 单独的处理可以在轴上进行比较

变量 (variable) : 单独的变量可以在轴上进行比较

x X 变量 (X variable)

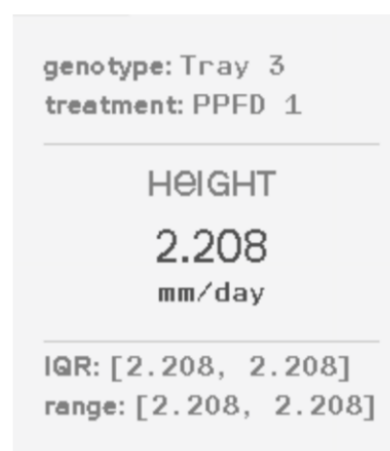
变量数据会绘制在 X 轴上。

x Y 变量 (Y variable)

变量数据会绘制在 Y 轴上。

4.5.3.2 箱线视图 (Boxplot view)

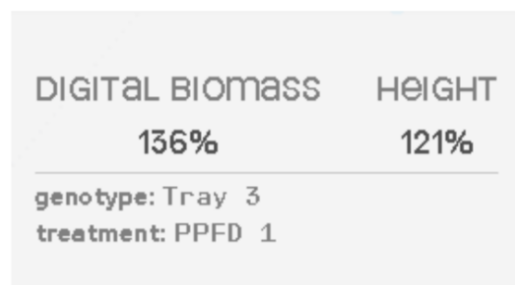
这个视图和发芽模块中的箱线图类似。它通过基因型/处理对所有单个植物的生长数据进行汇总，并使用箱线图对其进行可视化。此外，在视图设置中，框的颜色可以根据基因型或处理类型进行分配。如果您将鼠标悬停在框线图上，它的工具提示将为您提供有关中值生长速率、四分位范围 (IQR) 和生物信息的数据 (右图)。



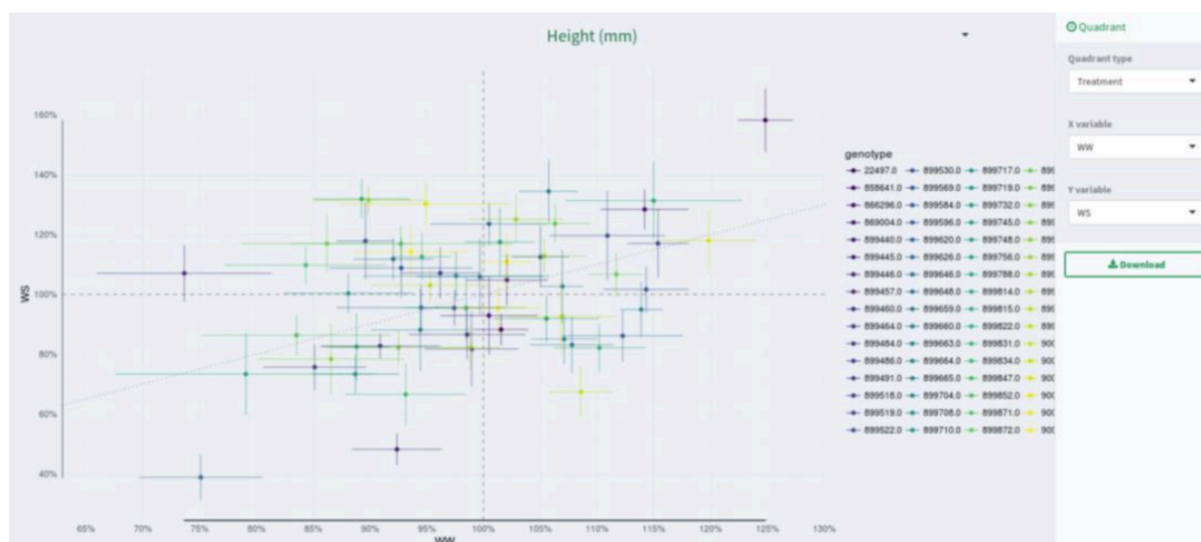
4.5.3.3 象限视图 (Quadrant view)

象限视图可以就两个处理或两个变量进行比较。将鼠标悬停在象限点上, 可以为您提供轴值和生物信息(右图)。

象限的图例可以打开和关闭, 可以根据基因型或处理设置颜色。另一个类别将由点的形状进行区分。



处理象限 (Treatment quadrant) : 这将使所有植物的值归一化到处理中值。因此, 每一种植物都被表达为比它的处理中值表现更好 (> 100%)或更糟 (< 100%)。然后将归一化数据汇总到每个基因型中, 并将其可视化为平均值及其标准偏差。这是为两个选定的处理方法完成的, 其结果是一个可以分为 4 个象限的基因型散点图。每一个象限都告诉你, 每个基因型对所有处理的各自表现如何, 以及代表原始象限图的理论中位基因型。从下面的例子可以看出, 对这两种处理方法 (WW 和 WS), 右上角的基因型表现优于所有其他基因型, 而左下角的基因型在两种处理中都表现最差。

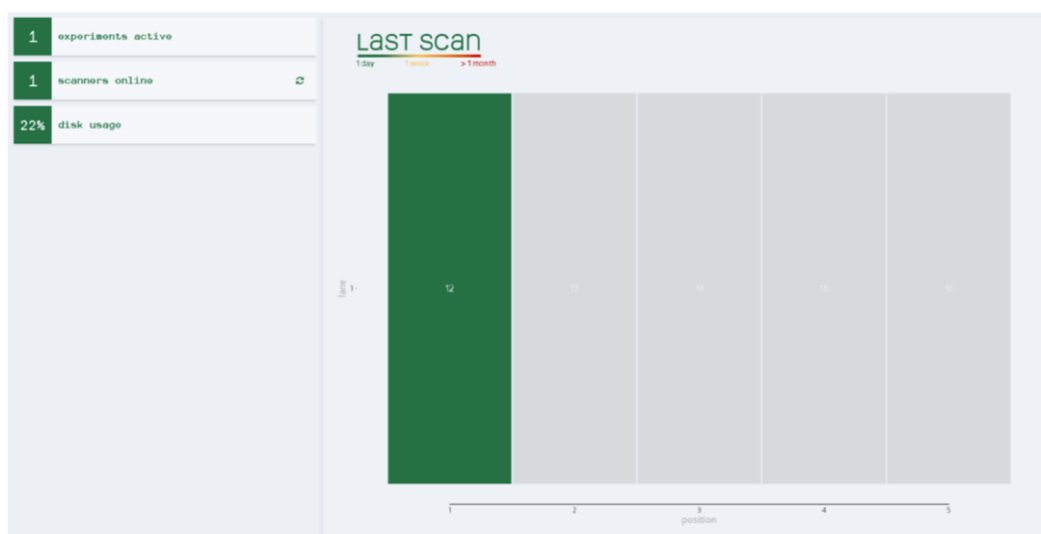


变量象限 (Variable quadrant) : 这将使所有植物的值归一化到变量中值。因此，每一种植物都被表达为比所选变量的中值做得更好 (> 100%)或更糟 (< 100%)。然后将归一化数据汇总在每个基因型和处理组合中，并将其可视化为平均值及其标准偏差。这是为两个选定的变量完成的。其结果是可以分为 4 个象限的基因型和处理组合的散点图。这些象限中的每一个都告诉你，每个基因型和处理组合对两个变量的表现情况如何，以及代表原始象限图像的理论中位组合。

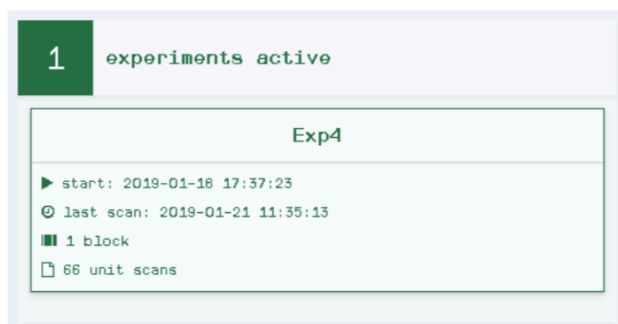
4.6 仪表盘板块

在仪表盘板块中您可以监控您的系统状态。在右侧概览模式提供了系统概览，以及用颜色标示了最后一次扫描激活的条码。颜色变化是根据在“Last Scan”下方的标尺显示的。在以下的例子中，颜色变为绿色（1 天前），黄色（1 周前），红色（1 月前）和灰色（还未扫描）。

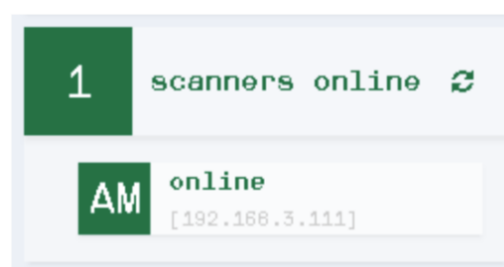
任意浅灰色条码不属于一个已激活的实验。在左侧，您会发现可折叠面板，上面有关于实验、扫描仪和文件系统的信息。您可以打开实验和扫描仪选项开获得更多信息。



实验活动 (Experiment active) : 在实验活动面板, 您可以发现对所有活动实验的概述。它显示了您开始实验的时间, 对此实验最后一次扫描的时间, 此实验保存区块的数量和自实验开始以来已扫描的累积单元数。



在线扫描仪 (Scanners online) : 该选项卡展开后显示了在线和不在线扫描仪的详细信息。它显示了扫描仪的名称和 IP 地址, 以及它的状态。扫描仪状态每分钟都会被查询一次, 但您也可以通过点击刷新 (refresh) 按钮来更快的是他们更新。




4.7 系统板块

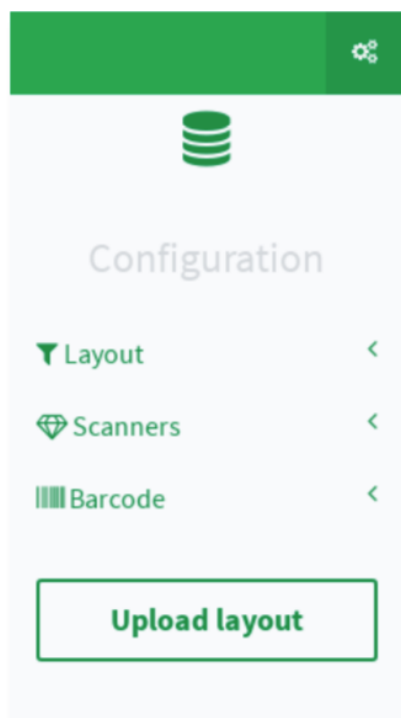
系统板块只能由拥有管理员权限的用户操作。该板块能让您根据您的特殊要求管理和配置您的系统。该板块包括 4 个模块: 布局 (Layout), PHENA, 数据库 (Database) 和用户 (Users)。

4.7.1 布局

本系统是可调整的, 并且布局可以改变。布局取决于大田、温室或步入式生长室的物理限制, 它是物理系统的表示形式, 例如: 哪些区块是可供使用的, 以及它们是怎样安排的。默认情况下, Phenospex 提供一个您所买系统的初始布局。但是, 可能会有一些您想要自己改变布局的情况。例



如，您可以为您的系统购买额外的条形码，并且您希望将其用于您的实验设置。按照三个步骤设置布局，这些步骤在设置边栏的设置组中进行。点击右上角的  图标则可打开边栏。



- x 布局 (Layout)：在行道和区块中安排扫描区域。
- x 扫描仪 (Scanners)：给扫描仪指派行道。
- x 条形码 (Barcode)：给每个区块指派条形码数量。
- x 上传布局 (Upload layout)：保存您的新布局。

下一步，我们将就每个摄制组的更多具体信息进行解释，指导您完成使用示例设置布局的工作流程。

4.7.1.1 布局配置

第一步包括在行道和区块间安排您的扫描区域。打开您的布局设置组，下面是每个设置的解释。





The screenshot shows the 'Configuration' screen of the PHenOSPEx application. The 'Layout' section is active, showing settings for 'Lanes' (set to 1), 'Blocks per lane' (set to 1), 'Add path after lane:' (empty), and 'Add path after position:' (empty). Below this, there are sections for 'Scanners' and 'Barcode', both with expandable options. At the bottom is an 'Upload layout' button.

x 行道 (Lanes)

行道定义为扫描仪的不同轨道，为拆分扫描区域的第一级。

x 每个行道的区块 (Blocks per lane)

一个行道继续拆分为区块，区块对应条形码或 rfid 芯片，作为 PlantEye 的参考点。如果在您的系统中，区块不是按矩阵排列的，例如在使用龙门系统或移动设备时，您可以用行道和区块来安排您的条形码。

x 路径 (Paths)

可以在行道或区块位置之后再添加，以此来模拟物理布局，它们将逐渐代表您平台中的走道。

案例：在此案例中，我们设置了一个布局包含 4 个行道，每个行道有 10 个区块。我们在行道 2 后面添加了一个水平路径（根据扫描仪的方向），在位置 5 后面添加了一个垂直路径（垂直于扫描仪方向）。

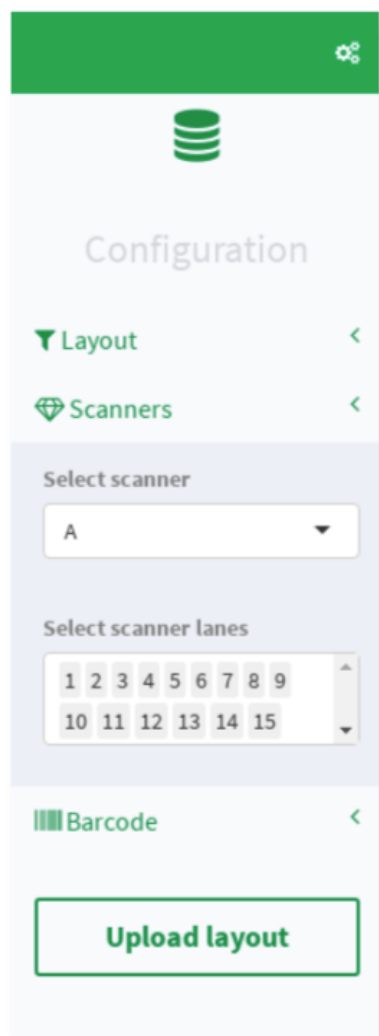




4.7.1.2 扫描仪分配

现在，我们通过创建行道将扫描区域做了拆分，我们需要给每一个行道指派一台扫描仪，因此，我们展开扫描仪设置选项。





x 所选扫描仪 (Select scanner)

在下拉菜单中选择您想要指派的行道的扫描仪。

x 所选扫描行道 (Select scanner lanes)

一旦选择完扫描仪，您可以选择要指派给该扫描仪的行道。

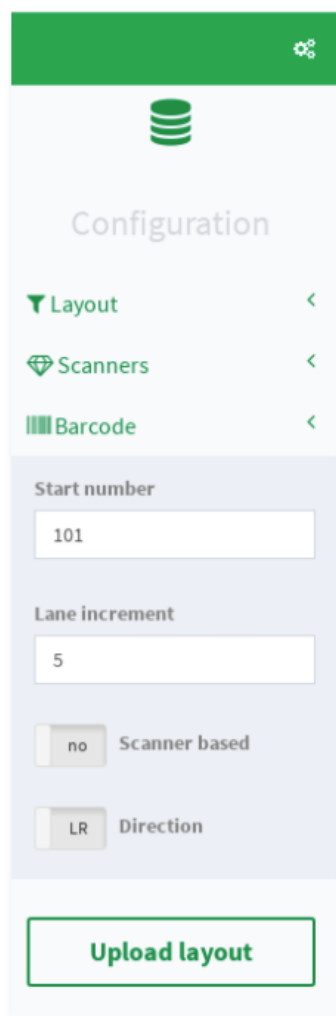
如果您有多个扫描仪，您需要对每个扫描仪进行重复操作。

案例：在此案例中，我们将 4 条创建的行道指派给了扫描仪 A。



4.7.1.3 条形码分配

区块的识别需要连接到扫描区域的某一位置，Phenospex 产品中最常用的识别码为条形码或 RFID 芯片。



The screenshot shows the 'Configuration' screen of the Phenospex application. The 'Barcode' section is selected, showing the 'Start number' set to 101 and the 'Lane increment' set to 5. The 'Scanner based' option is selected under the 'Direction' section. The 'Upload layout' button is at the bottom.

x 起始数字 (Start number)

第一个行道的第一个区块对应的条形码数字。该行道的后续区块是以增量方式编码的。

x 行道增量 (Lane increment)

指示了行道之间区块的步长。

x 基于扫描仪 (Scanner based)

否 (NO)：如果您想要对每一台扫描仪重新进行条形码编号。

是 (YES)：如果您想要在您的系统中用唯一的条形码编号。

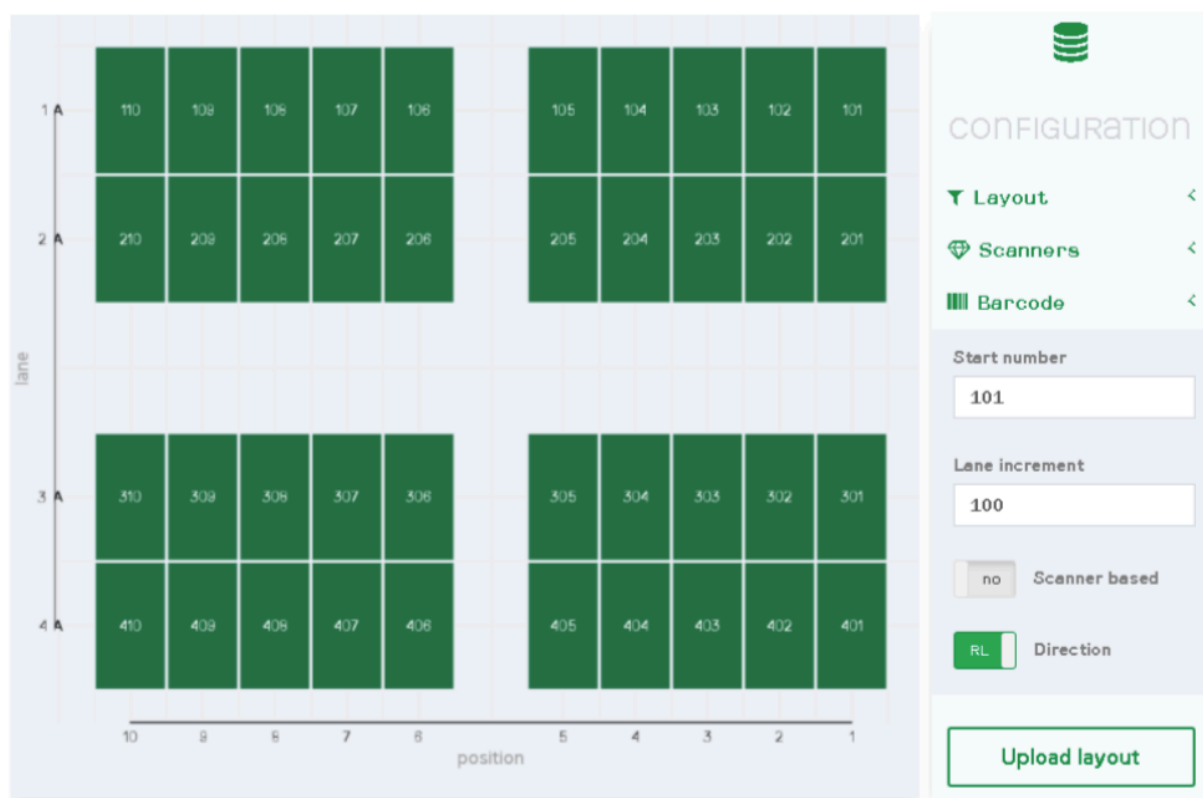
x 方向 (Direction)

开 (ON)：从左边行道的第一个区块开始。

关 (OFF)：从右边行道的起始条形码开始。

案例：在此实验中，我们的条形码编码从 101 开始。每一个新的行道，区块编号将会增加 100。整个系统中我们使用唯一的条形码，并且条形码编码方向为从右到左增加。





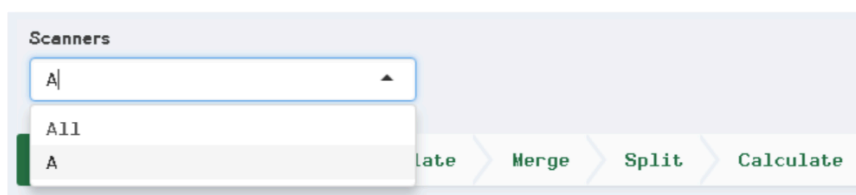
现在，布局已经设置完成了，您可以点击 [Upload layout](#) 来上传您的布局，完成后，您可以使用已经上传的布局来进行实验了。

4.7.2 PHENA

另一个系统板块是 PHENA，是一个将原始传感器数据转换为有形的植物数据的工具链。目前，它由一个视图界面组成，**3D 处理**，它将 PlantEye 生成的原始 3D 文件转换成的植物参数，如高度，生物量，叶面积，色调，NDVI 等。此转换只需几个步骤，分别在 HortControl 中的不同设置组中进行。



上述每一个步骤都可以进行调整，以便于为您特定的设置进行最佳的植物参数计算。在实验板块中，您已经可以访问部分 PHENA 设置，如盆高度和区块拆分设置。在系统板块的这一部分，您可以进行更高级的设置，例如三角测量和颜色计算。有两个主要类别的设置汇总在六个转换步骤中。一个类别包含基于系统的设置，作用在整个系统中；而另一个类别包含和扫描仪相关设置，可一次为一个扫描仪进行更新。可以从扫描仪下拉列表中选择类别，“全部（All）”则将选择整个系统范围的设置。



这份操作手册提供了所有设置每个转换步骤的说明，所有设置是基于整个系统的，除非是特定的设置。

4.7.2.1 转换 (Transform)



这一步的目的是将坐标从扫描仪坐标系转换为用户坐标系。PlantEye 可以集成到非常多样化的系统和设置中，从而从许多不同的角度来看待植物。这些角度不一定与我们所期望的观点有关，例如，当一个 PlantEye 被放置在植物上方，向下看它，顶部的叶子可能是 400 毫米以外，而盆的顶



部将比距离扫描仪 800 毫米的地方更低。我们希望盆顶显示在离地面 100 毫米处，植物显示在 500 毫米处。这就是转换步骤的来龙去脉。

The screenshot shows three sections of the software interface:

- INVERT axes:** Contains three toggle switches for x, y, and z axes. The x-axis toggle is set to 'yes', while y and z are set to 'no'.
- ACTUATOR ANGLES:** Contains three input fields for Yaw [°], Pitch [°], and Roll [°]. The values are 0, 180, and 0 respectively.
- Reference point correction:** Contains one input field with the value 0.

x 反转轴 (Invert axes)

将各自轴的坐标切换 180°。

x 执行器角度 (Actuator angles)

设置相对于执行器，PlantEye 的旋转角度，这取决于我们定于的旋转的轴：Yaw（垂直轴-Z 轴），Pitch（横轴-X 轴）和 Roll（纵轴-Y 轴）

x 参考点校正 (Reference point correction)

定义了将 PlantEye 坐标转换为用户坐标必须使用的参考点。有 3 种模式用于更改不同的设置。

参考点校正模式可以被设置为 0、1、2，它们使用不同的参考点来转换坐标。

模式 0: 将扫描仪坐标转换为用户原点，即，它将点扫描仪 (x, y, z) 转换为用户 (0, 0, 0)，并将其与扫描的区块长度一起使用，以计算 y 坐标。在创建新实验时，区块长度是在区块拆分步骤中设置的，而源坐标可以在系统板块中的**每个**扫描仪中设置。

The screenshot shows the 'ORIGIN COORDINATES' section of the software interface, which contains three input fields for x [mm], y [mm], and z [mm]. The values are 0, 0, and 1150 respectively.

模式 1: 将起始条形码位置转换为用户定义的位置，即，它将点扫描仪 ($x_{barcode}$, $y_{barcode}$, $z_{barcode}$) 转换为用户 (x , y , z)，并用改点和区块长度来计算扫描过程中的 y 坐标。在创建新的实验时，区块长度在区块拆分步骤中设置，而起始条形码坐标在系统板块的整体系统设置中进行设置。

START BARCODE COORDINATES

x [mm]
0

y [mm]
0

z [mm]
252

模式 2: 将起始和停止条形码位置转换为用户坐标系，即，两个点从扫描仪 ($x_{barcode}$, $y_{barcode}$, $z_{barcode}$) 转换为用户 (x , y , z)，这些点用来计算扫描

START BARCODE COORDINATES

x [mm]
0

y [mm]
0

z [mm]
252

STOP BARCODE COORDINATES

x [mm]
0

y [mm]
1060

z [mm]
252

过程中的 y 坐标。这两个坐标在系统板块的整体系统设置中进行设置。

需要注意的是 PlantEye 的角度是几个**基于扫描器的设置**之一。

PlantEye 角度 (PlantEye angle) : 定义了相对于执行器来说 PlantEye 的角度。取决于我们定义的旋转的轴：Yaw（垂直轴-Z 轴），Pitch（横轴-X 轴）和 Roll（纵轴-Y 轴）。

PLANTeye angles

Yaw [°]
0

Pitch [°]
0

Roll [°]
0

4.7.2.2 分割 (Segment)





分割是检测 3D 点云中近端点群或段组的过程。分割算法是基于区域生长技术的。

搜索半径 (Search radius) : 两个点被认为是同一段的最大距离。

Search radius
5

4.7.2.3 三角测量 (Triangulate)



三角测量可使用点云进行区域计算。一个点不能给我们足够的信息来提取区域信息，我们至少需要三个点才能在 3D 空间中形成一个曲面对象，即三角形。因此，我们希望在点云中找到所有可能的三角形。但是，我们不希望用叶子中的两个点和 1 米的茎底部的一个点形成三角形。因此，我们必须仔细设置三角测量过程的限制条件。

最大侧边长 (Maximum side length) :
任一三角形侧边的最大长度，对三角形整体大小的限制进行设置。

Maximum side length
5

Maximum aspect ratio
5

最大纵横比 (Maximum aspect ratio) :
三角形最短与最长边的最大比率，能消除极端形状。



4.7.2.4 合并 (Merge)



此步骤可确保正确地合并两个点云。此步骤仅在双扫描系统中使用，如果您拥有的是单个扫描系统，则忽略此步骤。该步骤可以确保你从你的植物获得更多的信息。每个文件都转换为基于像素的对象，以确保两个文件中的多维数据重叠，然后合并这些多维数据集。

最大平面计数 (Maximum plane count)： 设置在合并分辨率中定义的立方空间中允许的沿 z 轴的最大平面数。

合并分辨率 (Merge resolution)： 用于在两个文件中重叠的立方空间对象的尺寸。

Maximum plane count	
<input type="text" value="20"/>	
MERGE RESOLUTION	
x	<input type="text" value="3"/>
y	<input type="text" value="3"/>
z	<input type="text" value="3"/>

4.7.2.5 拆分 (Split)



区块的扫描可以进一步划分为多个单元，有几个不同的拆分选项可以进行调整。这些单元是系统中最详细的位置标识符。扫描沿 x 轴和 y 轴进行拆分，以创建大小相等的矩形。



Z 范围 (Z range) : 拆分单元的最大高度。

X/Y 半径 (X/Y radius) : 每个单元圆形面罩的半径。

想要忽略该面罩，可以将半径设为高于单元对角长度的一半。

拆分配置 (Split configuration) : 值为 0 时是矩形拆分，其他模式是基于六角形拆分的。

拆分方法 (Split method) : 有三种不同的拆分方法。

1-边框切割 (border cut) : 用边框作为单元边界。单元框中的每个顶点将分配给该单元。

2-质量中心 (center of mass) : 在一个单元内具有其质量中心的所有线段都将被分配给该单元，即使该线段的一部分位于另一个单元中也是如此。

3-最低点 (lowest point) : 在一个单元内具有最低点的所有段都将分配给该单元，即使该段的一部分位于另一个单元中也是如此。

z range	<input type="text" value="2000"/>
x/y radius [mm]	<input type="text" value="5000"/>
Split configuration	<input type="text" value="0"/>
Split method	<input type="text" value="1"/>

4.7.2.6 计算 (Calculate)



一旦扫描被预处理，计算过程将提取每个单元的植物信息。在网上，我们会提供[形态参数](#)的详细解释。在这里可以优化此参数组的计算设置。



植株高度 (Crop height) : 高度直方图是由所有顶点组成的。这些设置定义了计算植物高度的平均直方图区域，这样就降低了噪音的影响。



CROP HEIGHT

Top

0.05

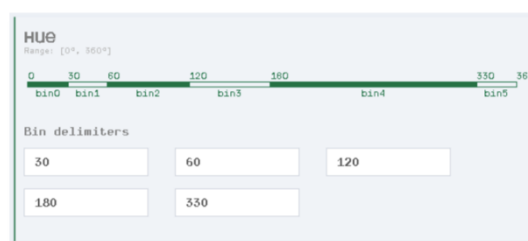
Bottom

0.9

在计算过程中，还计算了[多光谱参数](#)，这些参数的处理方式类似。因此计算设置也很相似，色调 (HUE) 被作为所有多光谱设置的解释示例。一般情况下计算多光谱参数的平均值。此外，多光谱值的分布被压缩到 6 个箱中，可以通过调整设置来细化。

多光谱分隔符 (Multispectral delimiters) :

六个多光谱箱 (bin0 到 bin5) 由多光谱值范围内的 5 个箱分隔符定义。



HUE

Range: [0°, 360°]

0 30 60 120 180 330 360

bin0 bin1 bin2 bin3 bin4 bin5

Bin delimiters

30 60 120 180 330

4.7.3 数据库

在这一版款中，您可以查阅一些与数据清空相关的设置。

4.7.3.1 删除实验/区块布局

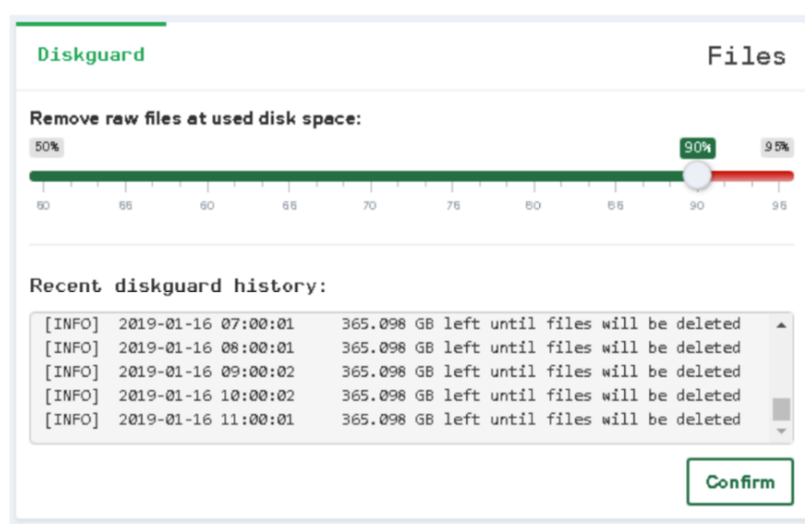
您可以通过单击相应的选项卡并按“删除”按钮来删除实验或区块布局，实验的所有生物信息和测量数据都将从数据库中删除。

4.7.3.2 磁盘保护 (DiskGuard)



磁盘保护是 HortControl 中的一项安全功能，当文件系统可能被完全填满时，它将开始删除最早的 3D 文件。当文件系统已满时，HortControl 不能再接受扫描仪中的 3D 文件或其他设备中的数据，这意味着不会处理任何新数据并将其存储在数据库中。由于已将最早文件的处理数据安全地存储在数据库中，因此达到文件系统大小的安全阈值，磁盘保护将首先删除这些文件。允许新文件进入、处理和存储。可以在“磁盘保护”模块中设置阈值，该模块还显示了上次删除文件的日志。

在这个例子中，当文件系统容量超过 90% 时，最旧的 3D 文件将会被清除。



4.7.4 用户

此模块允许管理员管理系统中的用户，可以创建、更新或删除用户。创建新用户的最低要求是唯一的用户名和密码。如果要为新用户提供管理员角色，请切换管理权限（Admin right）。当用户丢失密码时，管理员可以在此处重置密码，密码将成为当前用户名。因此，如果您的用户名是“Dirk”，管理员可以将您的密码重置为“Dirk”。用户可以使用这些凭据登录并自己更改密码。



CREATE NEW USER

☐ **Admin rights**

Register

ADJUST USER SETTINGS

User

psx-admin

Last seen: 2019-01-15 17:50:37

Email: NA

Reset password

Remove as Admin

Remove



5. 免责声明

该软件已由 PHENOSPEX B.V. 仔细开发和测试。但是，这并不保证软件的功能满足所有期望，也不保证软件在没有任何中断的情况下运行。因此，以下为我们的免责声明，您可在任何事情达不到预期时与我们联系。

免责声明

PHENOSPEX B.V. 对可能产生的任何损害、利润损失、机密或其他信息的丢失、业务中断、个人损害、隐私损失、违反职责（包括责任或义务）、由于本产品中的错误造成的财产或其他损害，或任何无法使用本软件产品的情况不承担任何责任。

这也适用于 PHENOSPEX B.V. 被告知有可能造成这种损害的情况。

这不适用于 PHENOSPEX B.V. 故意造成的损害。

