

doi:10.6041/j.issn.1000-1298.2021.07.015

# 基于迁移学习和双线性 CNN 的细粒度菌菇表型识别

袁培森 申成吉 徐焕良

(南京农业大学人工智能学院, 南京 210095)

**摘要:** 为了对细粒度菌菇进行表型识别,在双线性卷积神经网络细粒度图像识别框架基础上,提出了一种基于迁移学习和双线性 Inception-ResNet-v2 网络的菌菇识别方法。利用 Inception-ResNet-v2 网络的特征提取能力,结合双线性汇合操作,提取菌菇图像数据的细粒度特征,采用迁移学习将 ImageNet 数据集上预训练的模型参数迁移到细粒度菌类表型数据集上。试验表明,在开源数据集和个人数据集上,识别精度分别达到 87.15% 和 93.94%。开发了基于 Flask 框架的在线菌类表型识别系统,实现了细粒度菌菇表型的在线识别与分析。

**关键词:** 迁移学习; 细粒度菌菇; 表型识别; Inception-ResNet-v2

中图分类号: TP391 文献标识码: A 文章编号: 1000-1298(2021)07-0151-08

OSID:



## Fine-grained Mushroom Phenotype Recognition Based on Transfer Learning and Bilinear CNN

YUAN Peisen SHEN Chengji XU Huanliang

(College of Artificial Intelligence, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China)

**Abstract:** As one of the important fungi, mushrooms have a wide variety. There are about 100 000 species of fungi that have been found so far, and the phenotypes of most fungi have little difference. The identification and classification for the variety of fungi is a challenging task, which needs professional fungus expert knowledge to complete. As an edible mushroom, the study of its classification is of great importance. In order to be able to perform fine-grained phenotype recognition of mushrooms, a fine-grained mushroom recognition method was proposed based on transfer learning and bilinear convolutional neural network of Inception-ResNet-v2. For extracting the fine-grained features of mushroom image data, the Inception-ResNet-v2 network combined with bilinear convergence operation was employed. In addition, for improving the training performance, the pre-trained model parameters based on the ImageNet dataset were transferred for the fine-grained mushroom phenotype dataset using transfer learning skills. In order to evaluate the performance of the approach, extensive experiments were conducted, and the experimental results showed that the identification accuracy was 87.15% and 93.94% on the open source data set and the private data, respectively. Finally, a Flask-based online mushroom phenotype identification system was developed to facilitate the online identification and analysis of fine-grained mushroom phenotypes as well.

**Key words:** transfer learning; fine-grained mushroom; phenotype recognition; Inception-ResNet-v2

## 0 引言

菌菇是一种重要的真菌,其种类繁多,被广泛用于生物技术领域,特别是用于食品、药物化合物、酶、膳食补充剂和饲料添加剂的生产等<sup>[1-2]</sup>。全世界大约有 150 万种真菌<sup>[3]</sup>,已被记载的菌菇及其相关物

种约有 13 000 种<sup>[4]</sup>,真菌的准确识别具有重要的实际应用价值<sup>[5]</sup>。表型组学是生物学领域近年来的研究方向之一<sup>[6]</sup>,正在成为继基因分析之后生物学研究的重要内容<sup>[7]</sup>。菌类表型分类研究具有重要的生态学意义<sup>[8]</sup>。

传统真菌分类基于基因组序列,这是真菌生态

收稿日期: 2020-05-20 修回日期: 2020-06-28

基金项目: 国家自然科学基金项目(61502236)和大学生创新创业训练专项计划项目(S20190025)

作者简介: 袁培森(1980—),男,副教授,博士,主要从事智能信息处理和表型数据分析研究,E-mail: peiseny@njau.edu.cn

学和多样性研究的重要组成部分<sup>[9]</sup>。但是,这种方法代价高,且效率较低。近年来,菌菇分类受到生物学和信息领域的广泛关注,菌菇表型的研究成为生物学领域研究热点<sup>[10-14]</sup>。

HEWITT等<sup>[10]</sup>研究了真菌活动特性和表型异质性。HIBBETT等<sup>[15]</sup>提出了真菌界的综合系统发育分类。TAYLOR等<sup>[16]</sup>将核酸变异的系统发育和种群遗传学方法用于鉴定致病真菌的种类和种群,并确定了它们在自然界中的繁殖方式。ZIELINSKI等<sup>[17]</sup>基于深度学习和词袋的机器学习方法对真菌的显微图像进行分类。HIBBETT等<sup>[14]</sup>分析了GenBank核苷酸数据库中的核糖体RNA内部转录间隔区(Internal transcribed spacer, ITS)序列,采用聚类方法开发了基于环境序列的菌类分类系统,同时指出,基于标本的方法对所有种类真菌进行分类,难度大、效率低。罗奇<sup>[18]</sup>针对卷积神经网络中存在的空间冗余问题,设计了一种降梯度卷积训练模型,有效提高了蘑菇图像分类的识别性能。PETERSEN等<sup>[13]</sup>指出,形态学确定真菌的物种边界已被证明是不充分的。上述研究均未针对菌菇的细粒度识别进行分类。GULDBERG等<sup>[19]</sup>提供了近1500种野生菌菇种类和超过100000幅真菌图像的数据集,该数据集为菌菇分类研究提供了数据基础。

基于图像的细粒度分类(Fine-grained classification)<sup>[20-21]</sup>比较困难,细粒度性质导致的小类间差异和大类内差异是难点,这在各种实际场景中广泛存在<sup>[22]</sup>。近年来,深度学习已成为处理表型数据的重要工具<sup>[23-25]</sup>。深度学习以端到端的方式训练深度学习网络,比传统方法更有效。采用深度学习技术可以更有效地对表型数据进行分类和识别<sup>[23,26-27]</sup>。深度学习技术为细粒度分类提供了技术支撑,极大地提升了细粒度分类的质量和效率<sup>[22,28]</sup>。

现有深度学习网络模型结构复杂、参数众多,深度学习模型的训练需要大规模的数据,这给深度学习技术模型的训练和应用带来了困难。迁移学习(Transfer learning)<sup>[29-30]</sup>为解决该问题的新学习框架,迁移学习可避免数据标注,并大大提高了学习效果,可以在任务和分布不同的情况下对模型进行训练和测试。

本文提出基于双线性Inception-ResNet-v2网络和迁移学习的菌菇表型识别方法。利用Inception-ResNet-v2网络的图像特征提取能力,结合双线性汇合操作,同时使用迁移学习,将ImageNet数据集上预训练的特征及参数迁移到细粒度菌菇表型数据集上。

## 1 菌菇细粒度识别及双线性系统框架

### 1.1 菌菇细粒度识别

细粒度图像识别的特点是类内差异大,类间差异小。图1是4种菌菇示意图。图中同一种类菌菇形态各异,差异非常大。不同种类的菌菇却极为相似,类间差异较小。菌菇细粒度图像的这一特点使得菌菇细粒度图像的精准识别难度较大。



图1 菌菇细粒度分类示例图

Fig. 1 Mushroom fine-grained classification example diagrams

### 1.2 双线性卷积神经网络

双线性卷积神经网络(Bilinear convolutional neural network, BCNN)<sup>[31]</sup>模型是细粒度图像识别中的新技术,它在无法区分具有细微视觉差异的类别计算方面具有较好的分类效果。

BCNN框架如图2所示,输入图像由两条卷积神经网络分别进行多次卷积和池化操作,得到两条由CNN网络分别提取出的图像特征,再将CNN网络提取出的图像特征使用bilinear pooling操作汇合到一起形成该图像的双线性特征向量,最后对该双线性特征向量使用Softmax分类器进行分类,得到识别的类别所属概率。

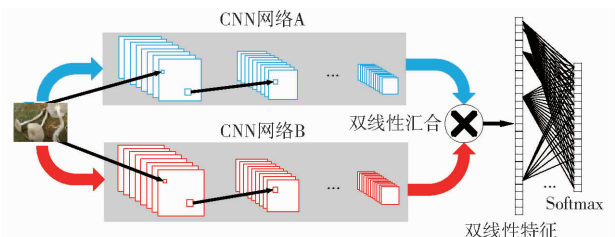


图2 BCNN框架

Fig. 2 Framework of bilinear convolutional neural network

### 1.3 核心理论方法

BCNN<sup>[31]</sup>包括2个核心概念:双线性和反向传

播。

双线性 (Bilinear) 是指对于函数  $f(x, y)$ , 当固定其中一个参数  $x$  时, 函数  $f(x, y)$  对另一个参数  $y$  是线性的。本文双线性模型  $M$  由 4 元组组成。

$$M = (f_A, f_B, P_l, C) \quad (1)$$

式中  $f_A, f_B$ ——特征函数

$P_l$ ——池化函数  $C$ ——分类函数

特征函数  $f$  的作用是将输入图像和位置映射成  $c \times D$  的特征,  $D$  指深度。输出特征由每个位置上的特征通过矩阵的外积组合而来。

$$B_i(L, I, f_A, f_B) = f_A(L, I)^T f_B(L, I) \quad (2)$$

式中  $L$ ——位置和尺度

$I$ ——图像数据

$B_i$ ——双线性函数

如果两个特征函数提取出的特征维度分别为  $(K, M)$  和  $(K, N)$ , 则经过 Bilinear 双线性汇合操作后维度变成  $(M, N)$ 。进一步使用求和池化来综合各个位置的特征

$$\Phi(I) = \sum_{l \in L} B_i(l, I, f_A, f_B) = \sum_{l \in L} f_A(l, I)^T f_B(l, I) \quad (3)$$

式中  $\Phi(I)$ ——全局图像特征

$l$ ——损失值

最后将双线性特征向量  $\mathbf{x} = \Phi(I)$  经过符号平方根变换  $y \leftarrow \text{sign}(\mathbf{x}) \sqrt{|\mathbf{x}|}$ , 并增加  $L_2$  正则化  $z \leftarrow \frac{\mathbf{y}}{\|\mathbf{y}\|_2}$ , 再输入分类器得到分类结果。

在 BCNN 中, 由于 bilinear pooling 操作的特性, 使得梯度计算较容易, 整个网络的梯度反向传播也变得简单。如果使用  $\mathbf{A}$  和  $\mathbf{B}$  来分别表示两个 CNN 网络输出的特征,  $\mathbf{A}$  特征的尺寸为  $L \times M$ ,  $\mathbf{B}$  特征的尺寸为  $L \times N$ , 那么经过 bilinear pooling 后得到的双线性特征  $x = \mathbf{A}^T \mathbf{B}$  的尺寸就为  $M \times N$ , 则两个 CNN 网络的梯度为

$$\begin{cases} \frac{dl}{d\mathbf{A}} = \mathbf{B} \left( \frac{dl}{dx} \right)^T \\ \frac{dl}{d\mathbf{B}} = \mathbf{A} \left( \frac{dl}{dx} \right) \end{cases} \quad (4)$$

式中  $\frac{dl}{dx}$ ——损失值梯度

整个 BCNN 的梯度计算公式为

$$\begin{cases} \frac{dl}{d\mathbf{z}} = \mathbf{B} \left( \frac{dl}{dz} \frac{dz}{dy} \frac{dy}{dx} \right)^T \\ \frac{dl}{d\mathbf{B}} = \mathbf{A} \left( \frac{dl}{dz} \frac{dz}{dy} \frac{dy}{dx} \right) \end{cases} \quad (5)$$

式中  $\frac{dl}{dz}$ —— $L_2$  正则化后的梯度

$\frac{dz}{dy}$ ——符号平方根变换后的梯度

$\frac{dy}{dx}$ ——参数  $y$  对  $x$  的导数

## 2 系统框架及实现

### 2.1 系统框架

本文选取 Inception-ResNet-v2<sup>[32]</sup> 卷积神经网络模型作为 BCNN 中的特征提取网络, 借助 Inception-ResNet-v2 网络强大的特征提取能力来提升菌菇细粒度分类效果。引入 Inception-ResNet-v2 之后, BCNN 整体结构如图 3 所示。

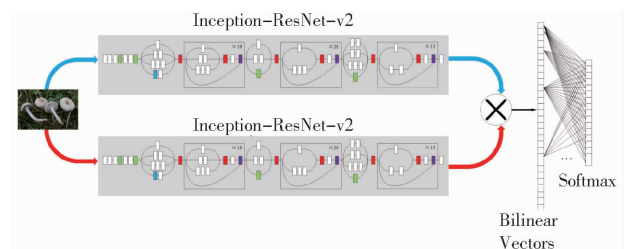


图 3 基于 Inception-ResNet-v2 的对称 BCNN 菌菇表型细粒度识别框架图

Fig. 3 Inception-ResNet-v2-based fine-grained recognition framework diagram for symmetric BCNN mushroom phenotypes

首先对输入图像进行中心化、归一化、随机裁剪、随机水平翻转等预处理, 之后经 Inception-ResNet-v2 网络提取特征向量, 然后对提取出的特征向量和其自生的转置操作进行双线性汇合, 进而得到菌菇图像各个位置的双线性特征矩阵, 随后将双线性特征矩阵转换为双线性特征向量, 最后 Softmax 层对双线性特征向量进行分类。

对于本文的菌菇多分类问题, 类别标签  $y \in \{1, 2, \dots, C\}$ 。给定测试样本  $\mathbf{x}$ , Softmax 层预测为类别  $c$  为  $C$  的条件概率为

$$p(y = c | \mathbf{x}) = \text{softmax}(\mathbf{w}_c^T \mathbf{x}) = \frac{\exp(\mathbf{w}_c^T \mathbf{x})}{\sum_{i=1}^c \exp(\mathbf{w}_i^T \mathbf{x})} \quad (6)$$

式中  $\mathbf{w}$ ——权重

### 2.2 Inception-ResNet-v2

Inception-ResNet-v2<sup>[32]</sup> 网络在 ImageNet 大规模视觉识别挑战赛图像分类基准上取得了较好的效果, 其特征提取网络的总体结构如图 4 所示。Inception-ResNet-v2 把 Inception<sup>[33]</sup> 和残差网络 (ResNet)<sup>[34]</sup> 相结合, 加入了残差块, 使得参数能够通过网络中的捷径跳过一些层进行传播, 解决在更深层网络结构下梯度消失等问题。Inception-ResNet-v2 使超深层的网络训练成为可能, 在更深

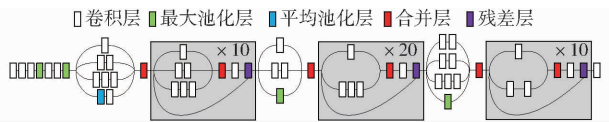


图4 Inception-ResNet-v2网络结构

Fig. 4 Structure of Inception-ResNet-v2 network

层的网络结构下能够获得更好的训练效果。

Inception-ResNet-v2网络主要包括6部分:

①5层卷积层、2层最大池化层和具有4个分支的Inception模块。②重复10次的具有3个分支的残差Inception模块。③连接较简单的Inception模块。④重复20次的包括两个分支的残差Inception模块。⑤具有4个分支的Inception模块。⑥重复10次的包括两个分支的残差Inception模块。最后通过一个卷积层得到输出结果。

Inception-ResNet-v2特征提取网络主要参数如表1所示,包括卷积层和最大池化层、每个残差Inception模块的合并层、卷积层、残差层和最后一个卷积层,每个卷积层后都连接批归一化层和ReLU层。输入图像尺寸为 $448 \times 448 \times 3$ ,通过卷积层增加图像深度,最大池化层将图像维度减半,残差Inception模块维持图像维度不变,且每经过一个残差Inception模块,图像的长宽减小深度增加,最后输出图像尺寸为 $12 \times 12 \times 1536$ ,总参数数量为54336736。

表1 Inception-ResNet-v2特征提取网络主要层的参数

Tab.1 Parameter details of Inception-ResNet-v2 network main layer

参数类型	输入图像尺寸	输出图像尺寸	参数数量
Input		$448 \times 448 \times 3$	0
Conv	$448 \times 448 \times 3$	$223 \times 223 \times 32$	864
Conv	$223 \times 223 \times 32$	$221 \times 221 \times 32$	9216
Conv	$221 \times 221 \times 32$	$221 \times 221 \times 64$	18432
Max-Pooling	$221 \times 221 \times 64$	$110 \times 110 \times 64$	0
Conv	$110 \times 110 \times 64$	$110 \times 110 \times 80$	5120
Conv	$110 \times 110 \times 80$	$108 \times 108 \times 192$	138240
Max-Pooling	$108 \times 108 \times 192$	$53 \times 53 \times 192$	0
Concat	$53 \times 53 \times (96 + 64 + 96 + 64)$	$53 \times 53 \times 320$	0
Concat	$53 \times 53 \times (32 + 32 + 64)$	$53 \times 53 \times 128$	0
Conv	$53 \times 53 \times 128$	$53 \times 53 \times 320$	41280
Reduction	$53 \times 53 \times 320$	$53 \times 53 \times 320$	0
Concat	$26 \times 26 \times (384 + 384 + 320)$	$26 \times 26 \times 1088$	0
Concat	$26 \times 26 \times (192 + 192)$	$26 \times 26 \times 384$	0
Conv	$26 \times 26 \times 384$	$26 \times 26 \times 1088$	418880
Reduction	$26 \times 26 \times 1088$	$26 \times 26 \times 1088$	0
Concat	$12 \times 12 \times (384 + 288 + 320 + 1088)$	$12 \times 12 \times 2080$	0
Concat	$12 \times 12 \times (192 + 256)$	$12 \times 12 \times 448$	0
Conv	$12 \times 12 \times 448$	$12 \times 12 \times 2080$	933920
Reduction	$12 \times 12 \times 2080$	$12 \times 12 \times 2080$	0
Conv	$12 \times 12 \times 2080$	$12 \times 12 \times 1536$	3194880

通过Inception-ResNet-v2提取出的特征长度与宽度均为12,特征深度为1536。对特征向量进行双线性汇合操作首先需要将三维的特征向量重塑为二维的特征向量,进而得到 $144 \times 1536$ 的特征向量。接下来将特征向量转置得到 $1536 \times 144$ 维的特征向量,使用原特征向量与转置后的特征向量进行矩阵外积,即双线性汇合操作,得到维度为 $1536 \times 1536$ 的双线性特征向量。将双线性特征向量展平为2359296维的一维双线性特征向量,加上符号平方根变换和 $L_2$ 正则化层,随后使用全连接层和式(6)的Softmax进行多分类。

### 2.3 迁移学习

迁移学习<sup>[30]</sup>用于解决网络结构较为复杂、参数量较大且训练需要大量时间的问题,菌菇细粒度迁移学习示意图如图5所示。

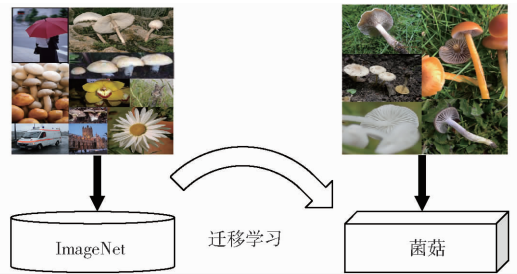


图5 菌菇细粒度迁移学习示意图

Fig. 5 Schematic of fine-grained transfer learning of mushrooms

本文使用具有约1419万幅图像的ImageNet数据集作为源域训练迁移学习模型,该数据集包含2万多种。通过将ImageNet数据集上预训练好的模型权重迁移到本文模型上,不仅能够降低所需的数据量,还能获得更快的训练速度和更好的收敛性能。

预训练模型从Keras预训练模型库中取得,训练过程分为2个步骤:①固定Inception-ResNet-v2网络加载在ImageNet数据集上得到的预训练参数,只允许训练最后的全连接层随机初始化的参数。②待网络收敛后,再对Inception-ResNet-v2网络的参数使用较小的学习率进行微调进行优化。

首先预训练Inception-ResNet-v2网络参数的原因在于添加的全连接层是随机初始化的,会产生较大的损失值进而产生较大的梯度。因此在全连接层收敛之后再使用较小的学习率微调(Fine-tuning)整个模型。

训练的第1阶段只更新全连接层的参数,该阶段结束后,修改学习率和学习率衰减这两个参数,最后进行所有网络层参数的微调。训练全连接层时第1阶学习率 $\eta_1$ 设置为1.0,第1阶衰减学习率 $\lambda_1$ 为 $1 \times 10^{-8}$ ;微调所有层时第1阶学习率 $\eta_2$ 设置为 $1 \times$

$10^{-3}$ , 第 2 阶段衰减学习率  $\lambda_2$  设置为  $1 \times 10^{-9}$ ; 两个阶段的动量  $\beta$  均为 0.9, 批尺寸为 8, 迭代次数为 100。

因此本文使用随机梯度下降 (Stochastic gradient descent, SGD)<sup>[35]</sup> 算法作为优化器。由于自适应学习率算法会根据梯度的变化自动更新学习率, 从而改变希望保留的预训练特征。

### 3 试验结果与分析

#### 3.1 试验环境

硬件环境: QuadCore Intel Core i7 - 7700 3.60 GHz; 内存 48 GB; nVIDIA GeForce GTX 1060 GPU 6 GB。

软件环境: Windows 10 操作系统; Python 3.7; TensorFlow 1.13.1 和 Keras 2.2.4。

#### 3.2 数据集

本文采用的数据集为开源菌菇数据集 Fungi<sup>[19]</sup> 和个人数据集, 开源菌菇数据集 Fungi 部分示例图像如图 6 所示, 该数据集环境复杂, 背景中有草地、林地等多种干扰物, 本文共选择了 14 个类别, 共 1 343 幅图像。个人数据集为自行采集, 包括 4 个菌菇类别, 共 1 074 幅图像。部分示例如图 7 所示。2 个数据集样本分布如表 2、3 所示。

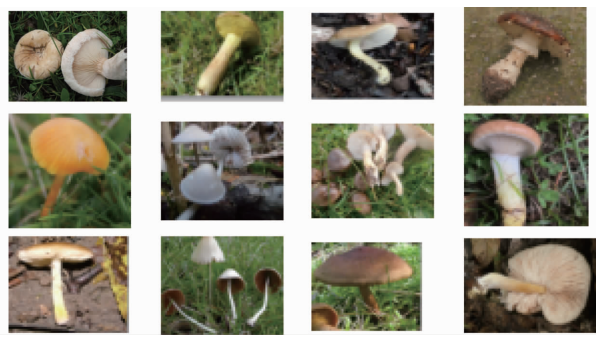


图 6 Fungi 数据集示例

Fig. 6 Examples of Fungi dataset



图 7 个人数据集示例

Fig. 7 Examples of private dataset

为了增加样本数量, 对图像进行随机翻转、随机亮度变换、随机对比度变换预处理。归一化是为了

降低几何变换对图像的影响。处理之后两个数据集的图像数量分别为 4 029、3 141 幅, 尺寸为  $128 \times 128 \times 3$ 。训练集、验证集和测试集按照 8:1:1 的比例分割。

表 2 本文所用的 Fungi 数据集样本分布

Tab. 2 Samples distribution of Fungi dataset

样本名称	菌菇种类	数量
伞形毒蕈	<i>Amanita vaginata</i> var. <i>vaginata</i>	95
绒盖牛肝菌	<i>Xerocomus subtomentosus</i>	95
乳白锥盖伞	<i>Conocybe albipes</i>	96
致命网帽	<i>Cortinarius rubellus</i>	94
皱马鞍菌	<i>Helvella crispa</i>	99
拱顶菇	<i>Cuphophyllus flavipes</i>	94
姬松茸菌	<i>Hygrocybe reidii</i>	96
变红丝盖伞	<i>Inocybe erubescens</i>	99
烟色离褶伞	<i>Lyophyllum fumosum</i>	99
拟米黄红菇	<i>Russula pectinatoides</i>	96
黄褐口蘑	<i>Tricholoma fulvum</i>	95
褶缘黑点口蘑	<i>Tricholoma sciodes</i>	94
龟裂马勃	<i>Lycoperdon utriforme</i>	96
乳酪红金钱菇	<i>Rhodocollybia butyracea</i> f. <i>asema</i>	95

表 3 本文所用的个人数据集样本分布

Tab. 3 Samples distribution of private dataset

样本名称	菌菇种类	数量
柱状田头菇	<i>Agrocybe cylindracea</i>	307
姬菇	<i>Pleurotus cornucopiae</i>	138
秀珍菇	<i>Pleurotus geesteranus</i>	313
香菇	<i>Shiitake mushroom</i>	316

#### 3.3 性能评价指标

使用准确率 (Accuracy)、精度 (Precision)、召回率 (Recall)、F1 值 (F1 - Score) 作为评价指标评估本文算法性能。

上述指标主要针对二分类问题, 而本文的多分类问题, 需将各个类别的性能指标进行综合。宏平均是指所有类别的评价指标的算术平均值, 由此可得宏精度、宏召回率、宏 F1 值。

#### 3.4 训练集和验证集结果

本文方法在 Fungi 数据集上, 训练集和验证集上的损失值与迭代次数的关系如图 8 所示。

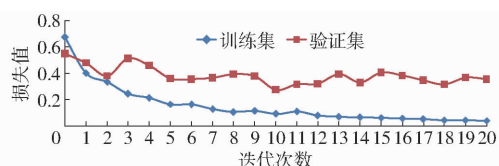


图 8 Fungi 数据集上的损失值与迭代次数的关系曲线

Fig. 8 Relationship between loss and epoch on Fungi dataset

由图 8 可以看出, 训练集和验证集上的损失值随着迭代次数的增加而降低, 训练集中损失值从

0.64 左右降低到 0.04 左右,验证集中损失值从 0.55 降低到 0.4 左右。

在 Fungi 数据集上,训练集和验证集中的识别精度与迭代次数的关系如图 9 所示。

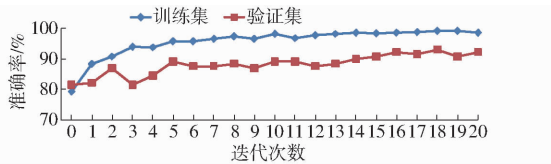


图9 Fungi 数据集上的准确率与迭代次数的关系曲线  
Fig.9 Relationship between accuracy and epoch on Fungi dataset

从图 9 中可以看出,随着迭代次数的增加,训练集和验证集上的准确率逐步增大。训练集在迭代次数大于 15 之后趋于稳定,准确率为 98% 左右;验证集上的识别精度在迭代次数为 18 时达到最大,准确率为 93%。

### 3.5 结果对比

利用宏精度、宏召回率、宏 F1 值 3 个指标对比 InceptionV3<sup>[33]</sup> 和 VGG<sup>[36]</sup> 网络性能,其网络模型参数如表 4 所示。

表 4 网络模型参数

Tab.4 Details of network model

网络模型	深度	规模/MB	参数量
VGG16	16	515	$1.38 \times 10^9$
VGG19	19	535	$1.44 \times 10^9$
InceptionV3	48	89	$2.39 \times 10^8$
本文方法	164	209	$5.59 \times 10^8$

试验结果如表 5 所示。从表 5 中可以看出,本文方法的宏精度达到了 87.15%,宏召回率为 85.71%,宏 F1 值为 85.82%。

表 5 Fungi 数据集上识别结果

Tab.5 Recognition results on Fungi dataset %

模型	宏精度	宏召回率	宏 F1 值
VGG16	85.00	84.12	83.76
VGG19	85.86	84.12	83.75
InceptionV3	85.00	84.13	83.77
本文方法	87.15	85.71	85.82

从试验结果来看,与其他 3 种方法相比,本文方法的宏精度较 VGG16、VGG19 和 InceptionV3 分别提升了 2.15、1.29、2.15 个百分点;宏召回率分别提升了 1.59、1.59、1.58 个百分点;宏 F1 值分别提升了 2.06、2.07、2.05 个百分点。

在个人数据集上的识别结果如图 10 所示。由图 10 可知,本文方法的宏精度、宏召回率和宏 F1 值分别为 93.94%、93.33% 和 93.29%。

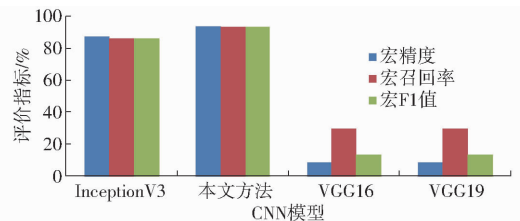


图 10 个人数据集上识别结果

Fig.10 Recognition results on private data sets

从图 10 中可以看出,本文方法的识别结果比 InceptionV3 优,但 VGG 网络在此数据集上的识别结果较差,宏精度、宏召回率、宏 F1 值都在 30% 以下,试验表明,本文方法在两个菌菇数据集上的细粒度分类效果较好。

### 3.6 基于 Flask 的细粒度菌菇表型在线识别应用

为实现细粒度菌菇表型在线识别,本文在使用 TensorFlow 和 Keras 机器学习框架进行模型训练的基础上,使用 Flask 框架作为网页的后端服务,前端网页使用 Bootstrap UI 框架,将训练好的模型移植至 Web 端,以实现细粒度菌菇表型的在线识别。

在线识别处理过程为:上传本地图像,网页显示要识别的菌菇图像,然后使用 canvas 渲染图像并将图像转换为 base64 编码。前端通过 XMLHttpRequest 对象向后端发送 POST 请求,将图像的 base64 编码传递给后端。后端使用 Flask 框架的 request 对象接收 Http 请求,获取后端传来的 base64 编码。删除 base64 编码的前缀,然后将编码转换回图像。将图像转换为 RGB 模型,使用类型文件中保存的数据集均值和方差对图像进行预处理,并将图像尺寸裁剪为 128 像素 × 128 像素。使用训练好的模型进行预测,获得 Top 5 的结果,并用 Flask 框架的 jsonify 返回预测所属的名称的概率。前端网页显示后端传来的预测结果,查询结果示例如图 11 所示。



图 11 基于 Web 的菌菇图像识别结果

Fig.11 Illustration of generating mushroom images based on Web

## 4 结束语

基于双线性卷积神经网络框架提出了一种基于

迁移学习和 Inception - ResNet - v2 网络的细粒度菌菇表型识别方法。通过 Inception - ResNet - v2 网络提取菌菇图像特征,结合双线性汇合操作,采用迁移学习方法将 ImageNet 数据集上预训练的特征迁移

到细粒度菌菇表型数据集上,在开源数据集和个人数据集上识别精度分别达到了 87.15% 和 93.94%,实现了基于 Flask 框架的细粒度菌类表型在线识别。

### 参 考 文 献

- [1] MADHANRAJ R, RAVIKUMAR K, MAYA M R, et al. Evaluation of anti-microbial and anti-haemolytic activity of edible basidiomycetes mushroom Fungi[J]. *Journal of Drug Delivery and Therapeutics*, 2019, 9(1): 132 - 135.
- [2] COWEN L E, LINDQUIST S. Hsp90 potentiates the rapid evolution of new traits: drug resistance in diverse Fungi [J]. *Science*, 2005, 309(5744): 2185 - 2189.
- [3] HAWKSWORTH D L. The fungal dimension of biodiversity: magnitude, significance, and conservation[J]. *Fungal Biology*, 1991, 95(6): 641 - 655.
- [4] BINDER M, HIBBETT D S. Higher-level phylogenetic relationships of homobasidiomycetes (mushroom-forming Fungi) inferred from four rDNA regions[J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2002, 22(1): 76 - 90.
- [5] CAI L, GIRAUD T, ZHANG N, et al. The evolution of species concepts and species recognition criteria in plant pathogenic Fungi[J]. *Fungal Diversity*, 2011, 50(1): 121 - 133.
- [6] 张慧春,周宏平,郑加强,等. 植物表型平台与图像分析技术研究进展与展望[J/OL]. *农业机械学报*, 2020, 51(3): 1 - 17.  
ZHANG Huichun, ZHOU Hongping, ZHENG Jiaqiang, et al. Research progress and prospect in plant phenotyping platform and image analysis technology[J/OL]. *Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery*, 2020, 51(3): 1 - 17. [http://www.jcsam.org/jcsam/ch/reader/view\\_abstract.aspx?file\\_no=20200301&flag=1](http://www.jcsam.org/jcsam/ch/reader/view_abstract.aspx?file_no=20200301&flag=1). DOI:10.6041/j.issn.1000-1298.2020.03.001. (in Chinese)
- [7] 周济, TARDIEU F, PRIDMORE T, 等. 植物表型组学: 发展、现状与挑战[J]. *南京农业大学学报*, 2018, 41(4): 580 - 588.  
ZHOU Ji, TARDIEU F, PRIDMORE T, et al. Plant phenomics: history, present status and challenges[J]. *Journal of Nanjing Agricultural University*, 2018, 41(4): 580 - 588. (in Chinese)
- [8] GUARRO J, GENE J, STCHIGEL A M, et al. Developments in fungal taxonomy[J]. *Clinical Microbiology Reviews*, 1999, 12(3): 454 - 500.
- [9] DELGADOSERRANO L, RESTREPO S, BUSTOS J R, et al. Mycofier: a new machine learning-based classifier for fungal ITS sequences[J]. *BMC Research Notes*, 2016, 9(1): 1 - 8.
- [10] HEWITT S K, FOSTER D S, DYER P S, et al. Phenotypic heterogeneity in Fungi: importance and methodology[J]. *Fungal Biology Reviews*, 2016, 30(4): 176 - 184.
- [11] JAIN N, FRIES B C. Antigenic and phenotypic variations in Fungi[J]. *Cellular Microbiology*, 2009, 11(12): 1716 - 1723.
- [12] LEE J, KANG H, KIM S, et al. Breeding of new strains of mushroom by basidiospore chemical mutagenesis [J]. *Mycobiology*, 2011, 39(4): 272 - 277.
- [13] PETERSEN R H, HUGHES K W. Species and speciation in mushrooms: development of a species concept poses difficulties [J]. *Bioscience*, 1999, 49(6): 440 - 452.
- [14] HIBBETT D S, OHMAN A W, GLOTZER D, et al. Progress in molecular and morphological taxon discovery in fungi and options for formal classification of environmental sequences[J]. *Fungal Biology Reviews*, 2011, 25(1): 38 - 47.
- [15] HIBBETT D S, BINDER M, BISCHOFF J F, et al. A higher-level phylogenetic classification of the fungi [J]. *Fungal Biology*, 2007, 111(5): 509 - 547.
- [16] TAYLOR J W, JACOBSON D J, FISHER M C. The evolution of asexual Fungi: reproduction, speciation and classification [J]. *Annual Review of Phytopathology*, 1999, 37(1): 197 - 246.
- [17] ZIELINSKI B, SROKAOLEKSIK A, RYMARCZYK D, et al. Deep learning approach to description and classification of Fungi microscopic images[J]. *arXiv: Computer Vision and Pattern Recognition*, 2019.
- [18] 罗奇. 基于深度学习的蘑菇种类识别算法研究[J]. *中国食用菌*, 2019(6): 26 - 29.  
LUO Qi. Research on mushroom species recognition algorithm based on deep learning [J]. *Edible Fungi of China*, 2019(6): 26 - 29. (in Chinese)
- [19] GULDBERG F T, JACOB H, CHRISTIAN L, et al. Danish mycological society, fungal records database [M]. *Danish Mycological Society*, 2019.
- [20] ZHENG M, LI Q, GENG Y, et al. A survey of fine-grained image categorization [C] // 2018 14th IEEE International Conference on Signal Processing (ICSP), 2018: 533 - 538.
- [21] WANG Y, WANG Z. A survey of recent work on fine-grained image classification techniques [J]. *Journal of Visual Communication and Image Representation*, 2019, 59: 210 - 214.
- [22] WEI X, WU J, CUI Q. Deep learning for fine-grained image analysis: a survey [J]. *arXiv: Computer Vision and Pattern Recognition*, 2019: 1 - 7.
- [23] NAMIN S T, ESMAEILZADEH M, NAJAFI M, et al. Deep phenotyping: deep learning for temporal phenotype/genotype classification[J]. *Plant Methods*, 2018, 14(1): 1 - 14.
- [24] POUND M P, ATKINSON J A, WELLS D M, et al. Deep learning for multi-task plant phenotyping [C] // International Conference on Computer Vision, 2017: 2055 - 2063.
- [25] UBBENS J, STAVNESS I. Deep plant phenomics: a deep learning platform for complex plant phenotyping tasks [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2017, 8: 1 - 11.

- [26] ZHAO B, FENG J, WU X, et al. A survey on deep learning-based fine-grained object classification and semantic segmentation [J]. *International Journal of Automation and Computing*, 2017, 14(2): 119–135.
- [27] 刘小刚, 范诚, 李加念, 等. 基于卷积神经网络的草莓识别方法[J/OL]. *农业机械学报*, 2020, 51(2): 237–244.  
LIU Xiaogang, FAN Cheng, LI Jianian, et al. Identification method of strawberry based on convolutional neural network [J/OL]. *Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery*, 2020, 51(2): 237–244. [http://www.jcsam.org/jcsam/ch/reader/view\\_abstract.aspx?file\\_no=2020026&flag=1](http://www.jcsam.org/jcsam/ch/reader/view_abstract.aspx?file_no=2020026&flag=1). DOI: 10.6041/j.issn.1000-1298.2020.02.026. (in Chinese)
- [28] 汪传建, 赵庆展, 马永建, 等. 基于卷积神经网络的无人机遥感农作物分类[J/OL]. *农业机械学报*, 2019, 50(11): 161–168.  
WANG Chuanjian, ZHAO Qingzhan, MA Yongjian, et al. Crop identification of drone remote sensing based on convolutional neural network [J/OL]. *Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery*, 2019, 50(11): 161–168. [http://www.jcsam.org/jcsam/ch/reader/view\\_abstract.aspx?file\\_no=20191118&flag=1](http://www.jcsam.org/jcsam/ch/reader/view_abstract.aspx?file_no=20191118&flag=1). DOI: 10.6041/j.issn.1000-1298.2019.11.018. (in Chinese)
- [29] TAN C, SUN F, KONG T, et al. A survey on deep transfer learning [C] // *International Conference on Artificial Neural Networks*, 2018: 270–279.
- [30] PAN S J, YANG Q. A survey on transfer learning [J]. *IEEE Transactions on Knowledge & Data Engineering*, 2010, 22(10): 1345–1359.
- [31] LIN T, ROYCHOWDHURY A, MAJI S. Bilinear CNN models for fine-grained visual recognition [C] // *International Conference on Computer Vision*, 2015: 1449–1457.
- [32] SZEGEDY C, IOFFE S, VANHOUCKE V, et al. Inception-v4, inception-resnet and the impact of residual connections on learning [C] // *National Conference on Artificial Intelligence*, 2016: 4278–4284.
- [33] SZEGEDY C, VANHOUCKE V, IOFFE S, et al. Rethinking the inception architecture for computer vision [C] // *Computer Vision and Pattern Recognition*, 2016: 2818–2826.
- [34] HE K, ZHANG X, REN S, et al. Deep residual learning for image recognition [C] // *Computer Vision and Pattern Recognition*, 2016: 770–778.
- [35] QIAN Q, JIN R, YI J, et al. Efficient distance metric learning by adaptive sampling and mini-batch stochastic gradient descent (SGD) [J]. *Machine Learning*, 2015, 99(3): 353–372.
- [36] SIMONYAN K, ZISSERMAN A. Very deep convolutional networks for large-scale image recognition [C] // *International Conference on Learning Representations*, 2015: 1–14.

~~~~~

(上接第 250 页)

- [15] 赵明, 董翠翠, 董乔雪, 等. 基于 BIGRU 的番茄病虫害问答系统问句分类研究[J/OL]. *农业机械学报*, 2018, 49(5): 271–276.  
ZHAO Ming, DONG Cuicui, DONG Qiaoxue, et al. Question classification of tomato pests and diseases question answering system based on BIGRU [J/OL]. *Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery*, 2018, 49(5): 271–276. [http://www.jcsam.org/jcsam/ch/reader/view\\_abstract.aspx?flag=1&file\\_no=20180532&journal\\_id=jcsam](http://www.jcsam.org/jcsam/ch/reader/view_abstract.aspx?flag=1&file_no=20180532&journal_id=jcsam). DOI: 10.6041/j.issn.1000-1298.2018.05.032. (in Chinese)
- [16] WANG G, LI C, WANG W, et al. Joint embedding of words and labels for text classification [C] // *Proceedings of the 55th Annual Meeting of the Association for Computational Linguistics*, 2018.
- [17] DEVLIN J, CHANG M, LEE K, et al. BERT: pre-training of deep bidirectional transformers for language understanding [J]. *arXiv Preprint*: 1810.04805, 2018.
- [18] 张馨月. 食品安全知识图谱构建可视化研究[D]. 北京: 中国农业大学, 2020.  
ZHANG Xinyue. Research on visualization of building food safety knowledge graph [D]. Beijing: China Agricultural University, 2020. (in Chinese)
- [19] MIKOLOV T, CHEN K, CORRADO G, et al. Efficient estimation of word representations in vector space [J]. *arXiv Preprint*: 1301.3781, 2013.
- [20] CONNEAU A, SCHWENK H, BARRAULT L, et al. Very deep convolutional networks for text classification [J]. *arXiv Preprint*: 1606.01781, 2017.
- [21] VASWANI A, SHAZEER N, PARMAR N, et al. Attention is all you need [J]. *arXiv Preprint*: 1706.03762, 2017.
- [22] SABOUR S, FROSST N, HINTON G. Dynamic routing between capsules [J]. *arXiv Preprint*: 1710.09829, 2017.
- [23] TSOUMAKAS G, KATAKIS I. Multi-label classification: an overview [J]. *International Journal of Data Warehousing and Mining*, 2007, 3(3): 1–13.
- [24] KOMER B, BERGSTRA J, ELIASMITH C. Hyperopt – Sklearn: automatic hyperparameter configuration for Scikit-Learn [J/OL]. *Icml Automl Workshop*, 2014: 32–37. DOI: 10.25080/Majora-14bd3278–006.
- [25] RAMASUBRAMANIAN K, SINGH A. Deep learning using Keras and TensorFlow [M] // *Machine Learning Using R*. 2019.
- [26] KINGMA D, BA J. Adam: a method for stochastic optimization [J]. *International Conference on Learning Representations*. *arXiv Preprint*: 1412.6980, 2014.