

基于 VGG - UNet 的食用菌菌丝体表型参数自动测量方法

陈燕^{1,2} 陆嘉豪¹ 胡小春³ 祁亮亮⁴

(1. 广西大学计算机与电子信息学院, 南宁 530004; 2. 广西多媒体通信与网络技术重点实验室, 南宁 530004;
3. 广西财经学院大数据与人工智能学院, 南宁 530003; 4. 广西壮族自治区农业科学院微生物研究所, 南宁 530007)

摘要: 食用菌菌丝体表型特征是食用菌种质资源评价和科学育种的重要依据。针对传统阈值分割方法提取菌丝体区域易受到光照不均、菌丝体不规则生长和培养皿内产生代谢物等因素干扰的问题, 制作食用菌菌丝体图像数据集, 并提出一种基于深度学习的食用菌菌丝体表型参数自动测量方法。将 U - Net 网络编码器部分替换为 VGG16 的前 13 个卷积层, 引入预训练权重, 构建适用于菌丝体分割的 VGG - UNet 模型。测试集上对比实验表明, 该模型的平均交并比达到 98.18%, 比原始 U - Net 模型高 0.93 个百分点。经该模型获取菌丝体分割图像后, 利用 OpenCV 相关函数计算菌丝体的半径、周长、面积、覆盖度、圆整度这 5 个表型参数。将人工测量方法与本文方法进行线性回归分析, 得出菌丝体半径、周长、面积和覆盖度的决定系数分别为 0.979 5、0.991 5、0.975 0 和 0.975 0, 均方根误差分别为 2.20 mm、4.73 mm、176.74 mm² 和 3.16%。经测试, 本文方法能准确地完成食用菌菌丝体表型参数自动测量任务, 为食用菌表型分析研究提供理论基础。

关键词: 食用菌菌丝体; 表型参数; 深度学习; 图像处理; 语义分割; VGG - UNet

中图分类号: TP391.41 文献标识码: A 文章编号: 1000-1298(2024)01-0233-08

OSID:



Automated Measurement Method of Phenotypic Parameters of Edible Mushroom Mycelium Based on VGG - UNet

CHEN Yan^{1,2} LU Jiahao¹ HU Xiaochun³ QI Liangliang⁴

(1. College of Computer and Electronic Information, Guangxi University, Nanning 530004, China

2. Guangxi Key Laboratory of Multimedia Communications Network Technology, Nanning 530004, China

3. College of Big Data and Artificial Intelligence, Guangxi University of Finance and Economics, Nanning 530003, China

4. Microbiology Research Institute, Guangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanning 530007, China)

Abstract: Mycelium phenotypic characteristics of edible mushroom are an important basis for the evaluation of edible mushroom germplasm resources and scientific breeding. To address the problems of traditional threshold segmentation method to extract mycelium regions which are easily disturbed by uneven light, irregular growth of mycelium and metabolites produced in the petri dishes, an image dataset of edible mycelium was made and a deep learning-based automatic measurement method for edible mycelium phenotype parameters was proposed. The U - Net network encoder was partially replaced with the first 13 convolutional layers of VGG16, and pre-training weights were introduced to construct a VGG - UNet model applicable to mycelium segmentation. The average cross-merge ratio of this model reached 98.18%, which was 0.93 percentage points higher than that of the original U - Net model. After obtaining mycelium segmentation images by this model, the five phenotypic parameters of radius, perimeter, area, coverage, and roundness of mycelium were calculated by using OpenCV correlation functions. A linear regression analysis was performed between the manual measurement method, and the R^2 of mycelium radius, perimeter, area and coverage were 0.979 5, 0.991 5, 0.975 0 and 0.975 0, respectively, and the RMSE were 2.20 mm, 4.73 mm, 176.74 mm² and 3.16%, respectively. The method was tested to accurately accomplish the task of automatic measurement of phenotypic parameters of

收稿日期: 2023 - 06 - 30 修回日期: 2023 - 07 - 17

基金项目: 广西科学研究与技术开发计划项目(桂科 AA20302002 - 3)、广西创新驱动发展专项资金项目(桂科 AA0302012 - 1)和财政部和农业农村部:国家现代农业产业技术体系建设项目(CARS - 20)

作者简介: 陈燕(1975—),女,教授,主要从事智能算法及应用、数据科学及应用研究,E-mail: cy@gxu.edu.cn

通信作者: 胡小春(1974—),男,副教授,主要从事智能算法及应用研究,E-mail: hxch@gxufe.edu.cn

edible mycelium, which provided a theoretical basis for the study of phenotypic analysis of edible mushrooms.

Key words: edible mushroom mycelium; phenotypic parameters; deep learning; image processing; semantic segmentation; VGG – UNet

0 引言

中国是世界上最大的食用菌生产国和消费国,食用菌产业已经成为中国种植业的重要组成部分之一^[1]。菌丝是食用菌孢子在适宜条件下萌发形成的管状结构组织。菌丝在基质中蔓延生长,多次分枝,组成菌丝体。菌丝的微观特征是分类学上非常重要的指标^[2]。同时,菌丝体的宏观表型特征包括生长速度、密度、颜色、形状等,是菌种温度适应性、抗杂性和抗病性评价的主要依据^[3]。这些特征在食用菌种质资源评价和育种中都有着非常重要的应用^[4]。人工观察和测量食用菌菌丝体表型数据,不仅耗时耗力,而且易受到主观因素的影响。如何客观、准确且高效地获取菌丝体表型数据,为数字化育种提供可靠依据,已成为食用菌产业数字化转型过程中一个亟待解决的问题。

近年来,数字图像处理技术的快速发展促进了食用菌表型分析领域的发展。袁晓辉等^[4]研发菌丝体拍照设备和分析软件,可以获得单个培养皿菌丝体大小、密度、颜色和生长速度等表型。朱怡航等^[5]利用图像识别技术,对金针菇子实体进行分析,得到菌盖形状、面积、着生位置、颜色和菌柄长度、宽度、颜色等表型信息。胡冬等^[6]以猪肚菇菌落图像为样本,利用阈值分割方法提取菌落图像特征,提出与菌落大小、性状和纹理相关的 14 个表型指标,为食用菌育种和栽培提供新思路。卷积神经网络(Convolution neural network, CNN)具有强大的特征提取能力,在复杂环境下有较好的分割效果,因此基于深度学习的图像分割方法逐渐成为主流^[7-9]。同时,越来越多的学者将此类方法应用到表型组学领域^[10-11]。周成全等^[12]通过改进 ResNet 网络构建西兰花花球分割模型,并利用花球部位黄绿颜色占比判断其新鲜程度,实现低成本、高效率、准确地提取西兰花表型信息。朱逢乐等^[13]提出一种基于深度学习的融合二维 RGB 图像和深度图像的生菜表型参数估算方法,并通过对比实验验证该方法的有效性。张帆等^[14]利用玉米叶片气孔数据集的特点对 YOLO v3 模型进行改进,有效提高气孔识别和测量的精度,并解决了传统气孔分析方法效率低的问题。覃学标等^[15]首先利用基于目标检测的鱼类轮廓提取方法将鱼类目标的完整轮廓提取出

来,再将其输入 Canny 边缘支持的分割网络中实现图像分割,有效解决养殖条件下的鱼类图像分割精度较低的问题,为鱼类表型信息的自动提取提供技术参考。目前,虽然深度学习技术在食用菌表型分析领域的应用较少,但是可以借鉴其在动植物表型组内成功应用的经验进行研究。

采用传统阈值分割方法区分菌丝体和背景区域,具有计算简单、运算效率较高的特点,但是易受噪声和光亮度影响^[6]。实际应用中,可能会出现拍摄图像时光照不均,菌丝不规则生长和培养皿内产生代谢物等降低图像质量的情况,从而使阈值分割达不到理想效果。针对这一问题,本文提出一种基于深度学习的食用菌菌丝体表型参数自动测量方法。首先构建花脸香蘑菌丝体图像数据集,然后对 U – Net 模型进行改进,并在训练时引入预训练权重,得到分割菌丝体和培养皿区域的语义分割模型 VGG – UNet。最后,根据该模型分割后的图像对食用菌菌丝体半径、周长、面积等相关参数进行计算。

1 材料与方法

1.1 图像采集

本文所用菌株为花脸香蘑,由广西壮族自治区农业科学院微生物研究所提供。通过无菌操作将花脸香蘑菌丝块(直径 5 mm)放入 PDA 培养皿(直径 100 mm)中央,制作出 100 个供试样品。将样品每 20 个分为一组,分别置于 10、15、20、25、30℃ 的环境下培养。菌丝萌发后,选取一些菌丝体形态差异明显的样品进行拍摄,拍摄后取出样品,其余样品继续培养。每 2 d 拍摄一次,直至菌丝长满培养皿,图像采集结束。图 1 为采集的食用菌菌丝体图像示例。

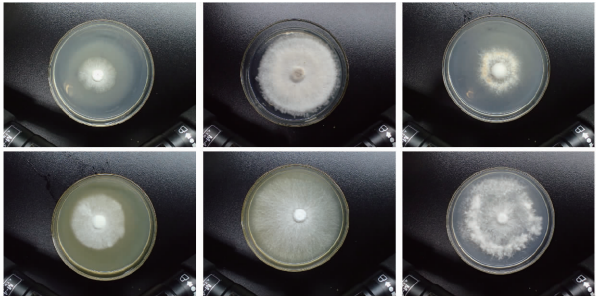


图 1 食用菌菌丝体图像示例

Fig. 1 Image samples of edible mushroom mycelium

拍摄设备为佳能 EOS 850D 单反相机。为使采

集 的 图 像 便 于 分 析，每 次 拍 摄 时 都 用 三 脚 架 将 相 机 固 定 于 培 养 皿 正 上 方 25 cm 处，并 保 证 相 机 镜 头 与 培 养 皿 保 持 平 行。

1.2 数据集构建

本文共采集到 100 幅菌丝体图像，图像分辨率为 4 608 像素 × 3 456 像素，图像格式为 JPEG。图 2a 为食用菌菌丝体原始图像。如图 2b 所示，使用 Labelme 工具对图像中的菌丝体和培养皿区域分别进行逐点标注，并生成 json 文件，将 json 文件转换后得到对应的标注图像。图 2c 中，绿色部分为菌丝体区域，红色部分与菌丝体区域都作为培养皿区域，黑色部分为背景区域。

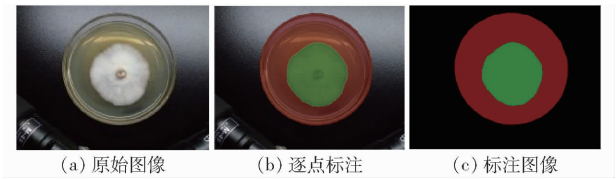


图 2 原始图像和标注图像

Fig. 2 Original image and annotated images

由于采集的图像数量较少，为增加训练的数据量，提高模型泛化能力，采用水平翻转、垂直翻转、高斯模糊、亮度增强、弹性变换等数据增强手段来增加图像数量，最终获得 600 幅样本图像和对应的标注图像。按照比例 7:2:1 将这些图像划分为训练集 420 幅、验证集 120 幅和测试集 60 幅。

1.3 VGG - UNet 模型

LONG 等^[16]于 2015 年首次提出用于语义分割的全卷积神经网络 (Fully convolutional networks, FCN)。同年，OLAF 等^[17]在 FCN 的基础上进行改

进，提出 U - Net 网络用于生物医学影像分割任务。

因为 U - Net 网络在小样本数据集上具有优秀的分割效果和较快的训练速度^[18 - 22]，所以本文选用 U - Net 作为分割任务的基础模型。U - Net 分为编码器和解码器两部分，编码器对输入的图像进行特征提取，分别获得 4 层特征图，解码器逐层通过反卷积操作进行上采样，对特征精确定位并与编码器得到的各层级相应特征图进行特征融合。由于 VGG16^[23]强大的特征提取能力，同时利用其在大规模数据集上的预训练权重进行迁移学习，可有效提高模型性能和泛化能力，因此将 U - Net 的编码器部分替换为 VGG16 的前 13 个卷积层，得到 VGG - UNet 模型，如图 3 所示。输入食用菌菌丝体图像，通过编码器进行下采样，依次得到尺寸分别为 512 × 512 × 64、256 × 256 × 128、128 × 128 × 256、64 × 64 × 512 的 4 种特征图。在解码器部分，分别将 4 次上采样产生的特征图与编码器不同层级产生的特征图进行拼接操作，使高级语义特征与浅层特征相融合，从而改善上采样时信息不足的问题，提高分割精度。最后，利用一个 1 × 1 的卷积操作将最终特征图通道数调整为分割任务所期望的类别数，得到分割结果。

1.4 测量指标

为科学评价本文方法对食用菌菌丝体的表型参数测量的有效性，选取 5 个表型性状作为测量指标^[6]。

1.4.1 菌丝体半径

利用菌丝体最小外接矩形提取菌丝体横轴和纵轴，获得横轴纵轴像素数。如图 4 所示，绿色矩形为

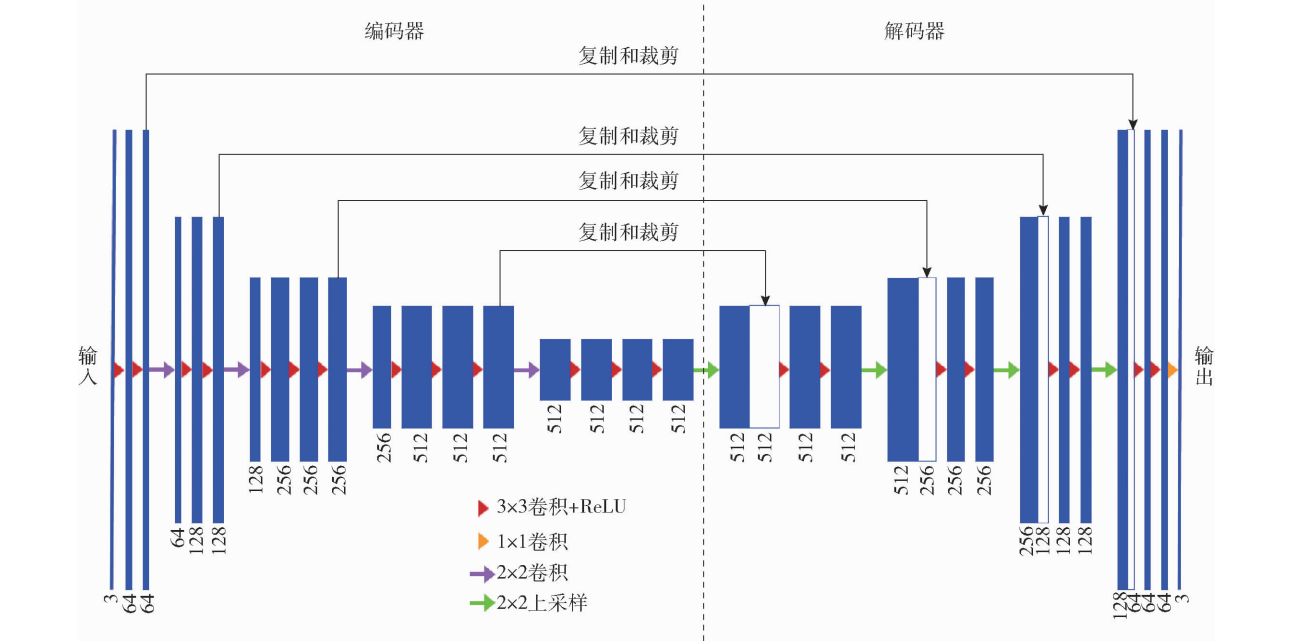


图 3 VGG - UNet 结构图

Fig. 3 Structure diagram of VGG - UNet

菌丝体最小外接矩形, Z_L 为菌丝体横轴像素数, Z_S 为菌丝体纵轴像素数。通过培养皿直径像素数和培养皿直径之比, 计算菌丝体横轴和纵轴的长度, 横轴的一半为菌丝体横向半径, 纵轴的一半为菌丝体纵向半径, 横向半径和纵向半径平均值即为菌落半径。菌丝体半径计算公式为

$$R_z = \frac{Z_L + Z_S}{n_p} \pi R \tag{1}$$

式中 R_z ——菌丝体半径
 n_p ——培养皿区域边界线像素数
 R ——培养皿半径

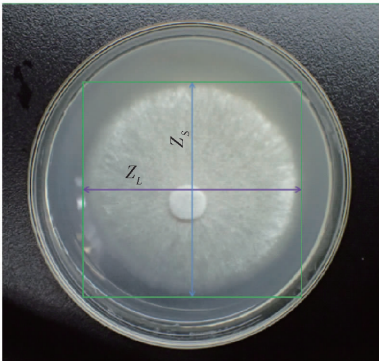


图 4 菌丝体横轴和纵轴

Fig. 4 Transverse and longitudinal axes of mycelium

1.4.2 菌丝体周长

通过菌丝体区域边界线的像素点数量、培养皿区域边界线的像素点数量和培养皿的实际直径计算菌丝体周长为

$$L = \frac{n_v}{n_p} 2 \pi R \tag{2}$$

式中 L ——菌丝体周长
 n_v ——菌丝体区域边界线像素数

1.4.3 菌丝体面积

利用菌丝体区域内包含所有像素点数量、培养皿区域内包含所有像素点数量和培养皿的实际面积计算菌丝体覆盖面积 A 为

$$A = \frac{N_v}{N_p} \pi R^2 \tag{3}$$

式中 N_v ——菌丝体区域像素数
 N_p ——培养皿区域像素数

1.4.4 菌丝体覆盖度

菌丝体覆盖面积与培养皿面积的比值为菌丝体覆盖度, 计算公式为

$$W_F = \frac{N_v}{N_p} \times 100\% \tag{4}$$

式中 W_F ——菌丝体覆盖度

1.4.5 菌丝体圆整度

使用菌丝体周长的平方与面积乘以 4π 的比值

计算圆整度, 菌丝体为正圆形时, 圆整度为 1, 圆整度越大表示菌丝体圆整度越低。菌丝体圆整度计算公式为

$$W_p = \frac{L^2}{4 \pi A} \tag{5}$$

式中 W_p ——菌丝体圆整度

2 实验与结果分析

2.1 实验配置

实验硬件环境为 AMD R5 5600 3.5 GHz 处理器、16 GB 内存、NVIDIA GeForce RTX 2080Ti 显卡。软件环境基于 Windows 10 操作系统, 编程语言为 Python 3.9, CUDA 版本为 10.2, 深度学习框架使用 Pytorch 1.9.1。

2.2 损失函数

选择多分类交叉熵函数^[24]作为模型训练的损失函数, 损失函数 L_{CE} 计算公式为

$$L_{CE} = -\frac{1}{N} \sum_i \sum_{c=1}^n y_{ic} \lg p_{ic} \tag{6}$$

式中 N ——样本数量 i ——样本序号
 c ——类别编号
 n ——类别数量
 y_{ic} ——指标变量, 若样本 i 的真实值等于 c , 则取 1, 否则取 0
 p_{ic} ——样本 i 属于类别 c 的预测概率

损失函数反映模型预测值偏离真实值的程度, 深度学习训练模型时根据损失函数对模型进行评估和优化。

2.3 模型评价指标

为客观评价模型分割效果, 使用精确率 (Precision)、召回率 (Recall)、F1 值 (F1-score)、平均交并比 (Mean intersection over union, mIoU) 来衡量模型性能。

2.4 模型训练

以 U-Net 为基准, 将其编码器部分分别替换为 VGG16 和 ResNet^[25] 这两种特征提取网络, 得到 VGG-UNet 模型和 Res-UNet 模型, 并进行对比实验。模型训练初始学习率为 0.000 1, 使用 Adam 优化器调整学习率, 迭代周期 (Epoch) 为 500, 批量大小 (Batch size) 为 4。

为加快模型训练时的收敛速度和获得更好的泛化能力, 采用迁移学习的方式将在大型数据集 ImageNet 上预训练得到的权重应用到菌丝体分割模型的训练中。如图 5 所示, Res-UNet (pre-train) 和 VGG-UNet (pre-train) 分别为使用预训练权重的 Res-UNet 模型和 VGG-UNet 模型。引入预训练

权重的 2 个模型训练时的收敛速度显著加快,并且损失值曲线下落更加平稳。

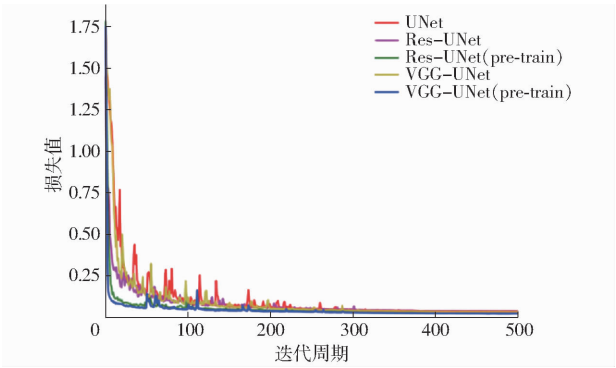


图 5 各模型训练损失值曲线对比

Fig.5 Comparison of loss curves for different models in training

2.5 实验结果分析

为验证模型分割性能,将训练完的模型在测试集上进行评估,结果如表 1 所示。未进行迁移学习的情况下,Res - UNet 模型表现最佳,其平均交并比达到 97.31%,而原 VGG - UNet 模型分割效果较差,部分指标低于 UNet 模型。但是,引入预训练权重后的 VGG - UNet 模型性能得到全面提升,其在各区域对应的精确率、召回率、F1 值、平均交并比均优于其他模型。与原始 VGG - UNet 模型相比,该模型对菌丝体区域分割的精确率提升 1.17 个百分点,召回率提升 0.57 个百分点,F1 值提升 0.87 个百分点,平均交并比提升 1.11 个百分点。由此可见,在样本较少的情况下,利用预训练权重进行模型微调效果优于从头开始训练。

表 1 不同模型分割性能对比

Tab.1 Comparison of segmentation performance between different models %

模型	预训练	分割区域	精确率	召回率	F1 值	平均交并比
UNet	否	菌丝体	98.55	98.36	98.45	97.25
		培养皿	97.36	97.93	97.64	
		背景	99.77	99.63	99.69	
Res - UNet	否	菌丝体	98.25	98.72	98.48	97.31
		培养皿	97.74	97.63	97.68	
		背景	99.77	99.66	99.71	
VGG - UNet	否	菌丝体	97.77	98.64	98.20	97.07
		培养皿	97.50	98.08	97.79	
		背景	99.77	99.30	99.53	
Res - UNet	是	菌丝体	98.56	98.98	98.77	97.71
		培养皿	98.09	97.94	98.01	
		背景	99.77	99.69	99.73	
VGG - UNet	是	菌丝体	98.94	99.21	99.07	98.18
		培养皿	98.45	98.34	98.39	
		背景	99.79	99.74	99.76	

因为引入预训练权重的 VGG - UNet 模型在实验中表现最优,所以将它作为本文食用菌菌丝体表型参数自动测量方法的默认模型。为直观体现本文模型的分割效果,将其与阈值分割方法^[6]的分割结果进行对比,如图 6 所示。图中选取 3 个具有代表性的食用菌菌丝体图像,样本 1 中菌丝体边缘菌丝分布较为稀疏,颜色较浅,阈值分割方法无法识别该部分。样本 2 中菌丝体周围黑色部分为食用菌产生次级代谢产物,该产物也会干扰阈值分割结果。样本 2 和样本 3 图像中均有反光的情况发生,光照不均会使阈值分割效果变差。而本文模型并未受到这些因素的影响,对这 3 个样本中的菌丝体和培养皿区域均能进行准确分割。

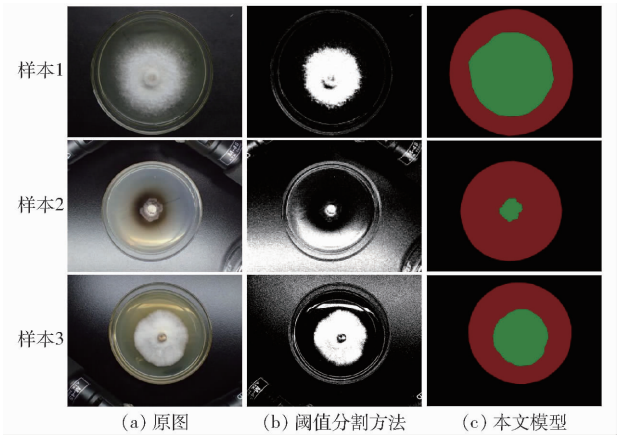


图 6 阈值分割方法与本文模型分割结果对比

Fig.6 Comparison of segmentation results between threshold segmentation method and proposed model

表 2 为两种方法在测试集上对菌丝体区域和背景区域分割的精确率、召回率、F1 值和平均交并比。结果表明,本文模型对 2 个区域分割的各项指标均高于阈值分割方法。其中,本文模型对菌丝体区域分割的精确率、召回率、F1 值和平均交并比分别超过阈值分割方法 36.06、35.41、35.73、32.55 个百分点,体现了该方法的优越性。

表 2 阈值分割方法与本文模型分割性能对比

Tab.2 Comparison of segmentation performance between threshold segmentation method and proposed model %

分割方法	分割区域	精确率	召回率	F1 值	平均交并比
阈值分割	菌丝体	62.88	63.80	63.34	65.63
	背景	91.99	91.69	91.84	
本文模型	菌丝体	98.94	99.21	99.07	98.18
	背景	99.79	99.74	99.76	

2.6 菌丝体表型参数自动测量

本文提出基于深度学习的食用菌菌丝体表型参数自动测量方法,流程如图 7 所示。

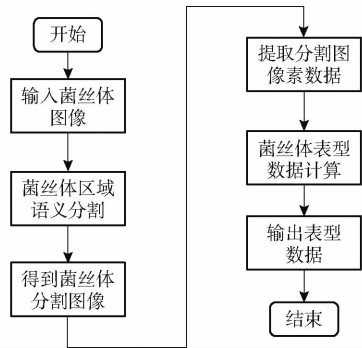


图 7 表型参数测量流程图

Fig. 7 Phenotypic parameter measurement process

以图 8 中样本为例,首先利用 VGG - UNet 模型对菌丝体区域和培养皿区域进行语义分割,得到分

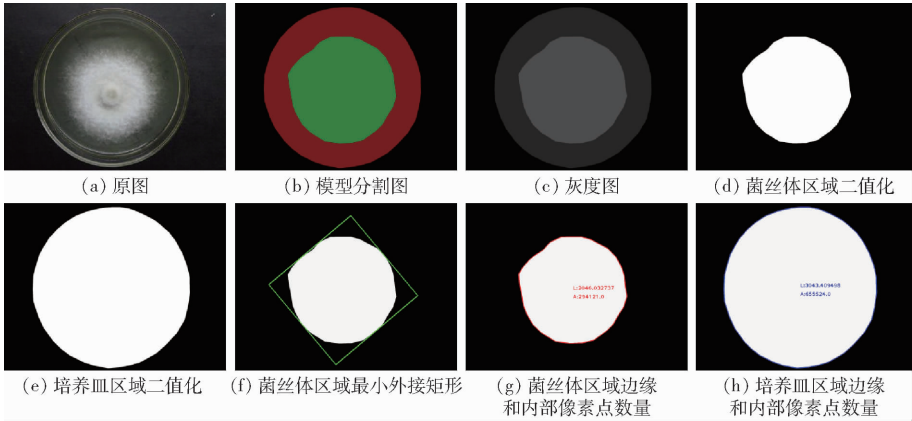


图 8 食用菌菌丝体表型参数提取示例

Fig. 8 Examples of extracting phenotypic parameters of edible mushroom mycelium

为验证该方法的正确性和稳定性,随机选择 10 幅测试集样本图像,将人工测量的结果与本文模型自动测量的结果进行对比,如表 3 所示。由于菌丝体生长后形状并不规则,人工无法精准测算菌丝体

割图像如图 8b 所示。然后,分割图像进入表型分析步骤,将分割图像转换为灰度图,得到图 8c,再进行二值化处理,分别得到培养皿区域和菌丝体区域的二值化图像。如图 8f 所示,使用 OpenCV 中的 minAreaRect 函数求出菌丝体区域最小外接矩形,根据最小外接矩形计算得到菌丝体半径。图 8g、8h 中,利用 contourArea 和 arcLength 函数分别计算菌丝体和培养皿区域内部以及边缘像素点的数量。根据培养皿实际底面积和周长,利用 1.4 节中的公式,换算出食用菌菌丝体实际面积和周长。最后根据得到的面积和周长,求出菌丝体覆盖度和圆整度这 2 个表型参数。

相关参数,只能利用填补法和绕线法等方法估测菌丝体半径、周长、面积和覆盖度,通过肉眼观察法判断菌丝体圆整度,并将其分为圆整、较圆整、不圆整 3 个等级。

表 3 本文方法测量值与人工测量值对比

Tab.3 Comparison between proposed method measurement values and manual measurement values

图像编号	半径/mm		周长/mm		面积/mm ²		覆盖度/%		圆整度	
	本文方法 测量值	人工测 量值	本文方法 测量值	人工测 量值	本文方法 测量值	人工测 量值	本文方法 测量值	人工测 量值	本文方法 测量值	人工测 量值
P11546994	64.55	61.00	217.21	210.00	3 631.65	3 350.00	64.85	59.82	1.14	圆整
P1154706	53.69	52.00	179.85	173.00	2 514.61	2 350.00	44.90	41.96	1.13	圆整
P91013553	31.52	30.50	109.14	117.00	841.68	700.00	15.03	12.50	1.24	较圆整
P9101363	43.53	44.00	146.53	145.00	1 639.76	1 450.00	29.28	25.89	1.14	圆整
P91013682	17.20	18.50	66.84	68.00	258.05	250.00	4.61	4.46	1.53	不圆整
P91014593	41.74	40.00	141.85	142.00	1 544.25	1 750.00	27.58	31.25	1.15	圆整
P9101500	42.06	41.50	145.62	149.00	1 520.01	1 650.00	27.14	29.46	1.23	较圆整
P9101518	64.03	59.50	225.25	219.00	3 434.44	3 150.00	61.33	56.25	1.30	较圆整
P91015304	26.43	24.00	93.58	92.00	677.52	600.00	12.10	10.71	1.29	较圆整
P91015992	25.51	25.00	86.43	89.00	610.50	550.00	10.90	9.82	1.17	圆整

将本文方法测量值和人工测量值进行线性回归分析,如图 9 所示。决定系数 (Determination coefficient, R^2) 体现人工测量值和本文方法测量值

的符合程度,其值越接近 1,表示拟合程度越好。均方根误差 (Root mean square error, RMSE) 表示本文方法测量值和人工测量值之间的偏差。由图 9 可

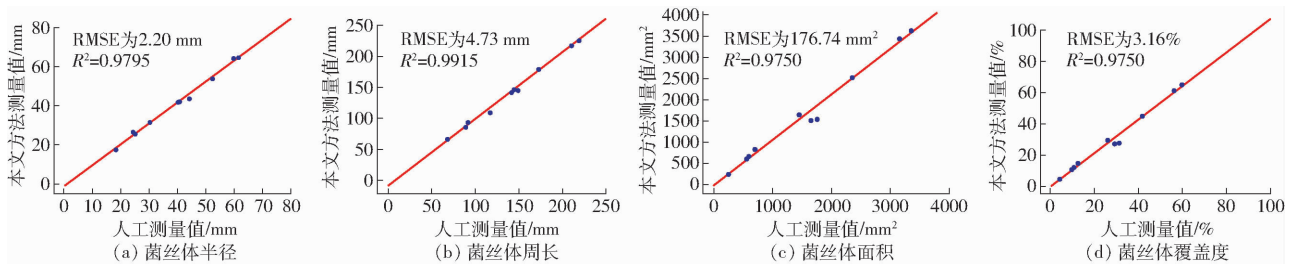


图 9 表型参数测量结果可视化

Fig. 9 Visualizations of phenotypic parameter measurement results

知,本文方法测量值与人工测量值相关性较高,其线性回归拟合值 R^2 均在 0.975 0 以上, RMSE 均在误差允许范围内,说明本文方法具有实用性。

3 结束语

将深度学习方法与传统图像处理技术相结合,提出一种食用菌菌丝体表型参数自动测量方法。该方法主要用于食用菌菌丝体宏观表型特征的获取,如菌丝体半径、周长、面积、覆盖度、圆整度等主要参数。通过对比实验,选用 VGG - UNet 模型分割菌丝体和培养皿区域。虽然原 VGG - UNet 模型性能一

般,但是引入预训练权重后,VGG - UNet 性能和泛化能力得到极大提升,其对菌丝体、培养皿、背景区域分割精确率、召回率、F1 值和平均交并比均优于其他模型。图像分割完成后,利用 OpenCV 函数进行参数计算得到测量结果。将自动测量与人工测量结果进行分析,发现各表型参数 R^2 不小于 0.975 0, RMSE 均在误差允许范围内,表明本文方法与人工测量结果误差较小,有较高实用价值。本文方法解决了食用菌菌丝体表型参数自动测量过程中,传统阈值分割方法易受噪声影响、精度不佳的问题,可以为食用菌表型分析研究提供理论依据。

参 考 文 献

[1] 鲍大鹏,邹根,裴晓东,等.中国食用菌产业实现高质量现代化发展的路径探讨[J].食用菌学报,2022,29(6):103-110.
BAO Dapeng, ZOU Gen, PEI Xiaodong, et al. Discussion on the path toward high quality modernization of edible fungi industry in China[J]. Acta Edulis Fungi,2022,29(6):103-110. (in Chinese)

[2] 图力古尔.多彩的蘑菇世界:东北亚地区原生态蘑菇图谱[M].上海:上海科学普及出版社,2012.

[3] 张金霞,赵永昌.食用菌种质资源学[M].北京:科学出版社,2016.

[4] 袁晓辉,付永平,肖世俊,等.食用菌表型组技术研究进展[J].菌物学报,2021,40(4):721-742.
YUAN Xiaohui, FU Yongping, XIAO Shijun, et al. Research progress on mushroom phenotyping[J]. Mycosystema,2021,40(4):721-742. (in Chinese)

[5] 朱怡航,张小斌,沈颖越,等.基于图像识别技术的金针菇表型高通量采集与分析[J].菌物学报,2021,40(3):626-640.
ZHU Yihang, ZHANG Xiaobin, SHEN Yingyue, et al. High-throughput phenotyping collection and analysis of *Flammulina filiformis* based on image recognition technology[J]. Mycosystema,2021,40(3):626-640. (in Chinese)

[6] 胡冬,袁涛,于海龙,等.基于数字图像处理技术的猪肚菇菌落表型性状分析[J].食用菌学报,2022,29(3):32-40.
HU Dong, YUAN Tao, YU Hailong, et al. Digital image processing assisted phenotypic analysis of *Pleurotus giganteus* colony [J]. Acta Edulis Fungi,2022,29(3):32-40. (in Chinese)

[7] YANN L C, LEON B, YOSHUA B, et al. Gradient-based learning applied to document recognition[J]. Proceedings of the IEEE,1998,86(11):2278-2323.

[8] 王嫣然,陈清亮,吴俊君.面向复杂环境的图像语义分割方法综述[J].计算机科学,2019,46(9):36-46.
WANG Yanran, CHEN Qingliang, WU Junjun. Research on image semantic segmentation for complex environments[J]. Computer Science,2019,46(9):36-46. (in Chinese)

[9] GHOSH S, DAS N, DAS I, et al. Understanding deep learning techniques for image segmentation[J]. ACM Computing Surveys (CSUR),2019,52(4):1-35.

[10] SINGH A K, GANAPATHYSUBRAMANIAN B, SARKAR S, et al. Deep learning for plant stress phenotyping: trends and future perspectives[J]. Trends in Plant Science,2018,23(10):883-898.

[11] 张慧春,杨琨琪,李杨先,等.面向植物抗旱性研究的多源表型信息采集和分析技术[J].农业机械学报,2022,53(2):203-211.
ZHANG Huichun, YANG Kunqi, LI Yangxian, et al. Multi-source phenotypic information collection and analysis techniques for drought resistance of plants[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery,2022,53(2):203-211. (in Chinese)

[12] 周成全,叶宏宝,俞国红,等.基于机器视觉与深度学习的西兰花表型快速提取方法研究[J].智慧农业(中英文),2020,2(1):121-132.
ZHOU Chengquan, YE Hongbao, YU Guohong, et al. A fast extraction method of broccoli phenotype based on machine vision

- and deep learning[J]. Smart Agriculture,2020,2(1):121–132. (in Chinese)
- [13] 朱逢乐,严霜,孙霖,等. 基于深度学习多源数据融合的生菜表型参数估算方法[J]. 农业工程学报,2022,38(9):195–204.
ZHU Fengle, YAN Shuang, SUN Lin, et al. Estimation method of lettuce phenotypic parameters using deep learning multi-source data fusion[J]. Transactions of the CSAE,2022,38(9):195–204. (in Chinese)
- [14] 张帆,郭思媛,任方涛,等. 基于改进 YOLO v3 的玉米叶片气孔自动识别与测量方法[J]. 农业机械学报,2023,54(2):216–222.
ZHANG Fan, GUO Siyuan, REN Fangtao, et al. Automatic identification and measurement of maize leaves stomata based on YOLO v3[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery,2023,54(2):216–222. (in Chinese)
- [15] 覃学标,黄冬梅,宋巍,等. 基于目标检测及边缘支持的鱼类图像分割方法[J]. 农业机械学报,2023,54(1):280–286.
QIN Xuebiao, HUANG Dongmei, SONG Wei, et al. Fish image segmentation method based on object detection and edge support[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery,2023,54(1):280–286. (in Chinese)
- [16] LONG J, SHELHAMER E, DARRELL T. Fully convolutional networks for semantic segmentation[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2015, 39(4):640–651.
- [17] OLAF R, PHILIPP F, THOMAS B. U-Net: convolutional networks for biomedical image segmentation[J]. CoRR,2015: abs/1505.04597.
- [18] 朱苏雅,杜建超,李云松,等. 采用 U-Net 卷积网络的桥梁裂缝检测方法[J]. 西安电子科技大学学报,2019,46(4):35–42.
ZHU Suya, DU Jianchao, LI Yunsong, et al. Method for bridge crack detection based on the U-Net convolutional networks [J]. Journal of Xidian University,2019,46(4):35–42. (in Chinese)
- [19] 廖娟,陈民慧,张锴,等. 基于区域语义和边缘信息融合的作物苗期植株分割模型[J]. 农业机械学报,2021,52(12):171–181.
LIAO Juan, CHEN Minhui, ZHANG Kai, et al. Segmentation of crop plant seedlings based on regional semantic and edge information fusion[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery,2021,52(12):171–181. (in Chinese)
- [20] 张宏鸣,张国良,朱珊珊,等. 基于 U-Net 的葡萄种植区遥感识别方法[J]. 农业机械学报,2022,53(4):173–182.
ZHANG Hongming, ZHANG Guoliang, ZHU Shanna, et al. Remote sensing recognition method of grape planting regions based on U-Net[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery,2022,53(4):173–182. (in Chinese)
- [21] 袁翠霞,赵春江,任艳敏,等. 基于 U-Net 网络的高标准农田道路识别方法[J]. 农业机械学报,2023,54(5):163–169,218.
YUAN Cuixia, ZHAO Chunjiang, REN Yanmin, et al. Recognition method of high-standard farmland road based on U-Net [J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery,2023,54(5):163–169,218. (in Chinese)
- [22] 陈满,金诚谦,莫恭武,等. 基于改进 U-Net 模型的小麦收获含杂率在线检测方法[J]. 农业机械学报,2023,54(2):73–82.
CHEN Man, JIN Chengqian, MO Gongwu, et al. Online detection method of impurity rate in wheat mechanized harvesting based on improved U-Net model[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery,2023,54(2):73–82. (in Chinese)
- [23] SIMONYAN K, ZISSERMAN A. Very deep convolutional networks for large-scale image recognition[J]. CoRR,2014: abs/1409.1556.
- [24] 陈英,张伟,林洪平,等. 医学图像分割算法的损失函数综述[J]. 生物医学工程学杂志,2023,40(2):392–400.
CHEN Ying, ZHANG Wei, LIN Hongping, et al. A survey of loss function of medical image segmentation algorithms[J]. Journal of Biomedical Engineering,2023,40(2):392–400. (in Chinese)
- [25] HE Kaiming, ZHANG Xiangyu, REN Shaoqing, et al. Deep residual learning for image recognition[J]. CoRR,2015: abs/1512.03385.

(上接第 153 页)

- [32] 崔孟然. 基于机器学习的马铃薯产量高光谱估算[D]. 呼和浩特:内蒙古农业大学,2022.
CUI Mengran. Machine learning-based hyperspectral estimation of potato yield[D]. Huhhot: Inner Mongolia Agricultural University,2022. (in Chinese)
- [33] AZARMDDEL H, JAHANBAKHSI A, MOHTASEBI S S, et al. Evaluation of image processing technique as an expert system in mulberry fruit grading based on ripeness level using artificial neural networks (ANNs) and support vector machine (SVM) [J]. Postharvest Biology and Technology,2020,166:111201.
- [34] 张智旺. 遗传算法优化的 BP 网络在电力系统负荷预测中的应用[J]. 电子世界,2021(17):168–169.
ZHANG Zhiwang. Application of BP network optimized by genetic algorithm in load forecasting of power system [J]. The Electronic World,2021(17):168–169. (in Chinese)
- [35] 特日格勒,包玉龙,陶赛喜雅拉图,等. 基于无人机高光谱遥感的典型草原打草对植被表型差异分析[J]. 内蒙古民族大学学报(自然科学版),2022,37(2):124–131.
TE Rigele, BAO Yulong, TAO Saixiyalatu, et al. Analyses of typical steppe cutting grass on vegetation phenotypes differences based on UAV hyperspectral remote sensing[J]. Journal of Inner Mongolia University for Nationalities,2022,37(2):124–131. (in Chinese)