



张帅杰,陈思思,戴丹,李艳宏,梁子乐,罗煦钦,霍富龙,胡彦蓉. 基于密集卷积网络的甘薯黑斑病害程度分类[J]. 中国农业大学学报, 2025, 30(04): 51-66.
ZHANG Shuaijie, CHEN Sisi, DAI Dan, LI Yanhong, LIANG Zile, LUO Xuqin, HUO Fulong, HU Yanrong. Classification of sweet potato black spot disease severity using dense convolutional networks[J]. *Journal of China Agricultural University*, 2025, 30(04): 51-66.
DOI: 10.11841/j.issn.1007-4333.2025.04.05

基于密集卷积网络的甘薯黑斑病害程度分类

张帅杰¹ 陈思思² 戴丹^{1*} 李艳宏¹ 梁子乐¹ 罗煦钦³ 霍富龙¹ 胡彦蓉¹

(1. 浙江农林大学 数学与计算机科学学院, 杭州 311300;

2. 杭州市临安区农林技术推广中心, 杭州 311300;

3. 杭州市临安区农业农村信息服务中心, 杭州 311300)

摘要 针对长喙壳菌侵染导致的甘薯块根黑斑病严重影响薯块品质和加工产品食用安全问题,以人工培养环境下获得的甘薯黑斑病图像为研究对象,选取总酚质量分数为内在指标,黑斑直径为外观指标,利用机器学习探索两者之间的相关性,并据此进行病害等级划分。对比分析了 ResNet152、VGG19、GoogleNet、EfficientNetB7、MobileNetV2 和 DenseNet201 模型的检测效果后,提出一种融合空间注意力机制(SA)、高效通道注意力机制(ECA)和 DenseNet201 网络的算法,用于甘薯黑斑病害识别研究。结果表明:1)黑斑直径与总酚质量分数的皮尔逊相关系数为 0.93,呈显著正相关($P < 0.01$),表明甘薯外部病害特征可有效反映内部品质变化;2)在不同病害等级的甘薯黑斑病害识别中,DenseNet201 模型的准确率最高,达到 83.93%;3)消融实验表明,引入 SA 和 ECA 机制后构建的 DenseNet201-SA-ECA 模型在测试集上的分类准确率达 96.8%,较原 DenseNet201 模型提高了 12.87%,显著提升了对黑斑病害的精准识别。本研究结合深度学习与生化指标所构建的 DenseNet201-SA-ECA 模型在甘薯黑斑病害识别方面的性能显著优于其他卷积神经网络,可实现对甘薯黑斑病的准确识别。

关键词 甘薯; 病害分类; 深度学习; 总酚质量分数; 卷积网络模型

中图分类号 S531

文章编号 1007-4333(2025)04-0051-16

文献标志码 A

Classification of sweet potato black spot disease severity using dense convolutional networks

ZHANG Shuaijie¹, CHEN Sisi², DAI Dan^{1*}, LI Yanhong¹, LIANG Zile¹, LUO Xuqin³,
HUO Fulong¹, HU Yanrong¹

(1. School of Mathematics and Computer Science, Zhejiang Agriculture and Forestry University, Hangzhou 311300, China;

2. Hangzhou Lin'an District Agricultural and Forestry Technology Extension Center, Hangzhou 311300, China;

3. Hangzhou Lin'an District Agricultural and Rural Information Service Center, Hangzhou 311300, China)

Abstract To address the problem of sweet potato black spot disease caused by *Ceratocystis fimbriata*, which severely impacts tuber quality and the safety of processed products, this study utilized images of sweet potato black spot disease obtained from controlled cultivation environments. Total phenolic content was selected as an internal quality indicator, while black spot diameter was used as an external appearance indicator. Machine learning techniques were applied to explore the correlation between these two factors, and based on the results, disease severity grading was performed. After comparing the detection performance of ResNet152, VGG19, GoogleNet, EfficientNetB7, MobileNetV2, and DenseNet201 models,

收稿日期: 2024-06-05

基金项目: 国家青年科学基金项目(32301585, 42001354); 浙江省重大科技专项重点农业项目(2015C02047)

第一作者: 张帅杰(ORCID:0009-0000-1910-7711), 硕士研究生, E-mail: 17739740905@163.com

通讯作者: 戴丹(ORCID:0009-0000-3201-0631), 副教授, 主要从事人工智能与深度学习, E-mail: 13048257@qq.com

a novel algorithm that integrates the Spatial Attention (SA) mechanism, Efficient Channel Attention (ECA) mechanism, and the DenseNet201 network was proposed for the identification of sweet potato black spot disease. The results showed that: 1) The Pearson correlation coefficient between black spot diameter and total phenolic content was 0.93, indicating a strong positive correlation ($P < 0.01$), which suggested that external disease symptoms can effectively reflect internal quality changes; 2) Among the models used to identify different disease grades of sweet potato black spot disease, DenseNet201 achieved the highest accuracy of 83.93%; 3) The results of Ablation experiments demonstrated that the DenseNet201-SA-ECA model, which incorporated both SA and ECA mechanisms, achieved a classification accuracy of 96.8% on the test set, representing a 12.87% improvement over the original DenseNet201 model and significantly enhancing the precision of black spot disease identification. Combining biochemical indicators with deep learning, this study shows that the DenseNet201-SA-ECA model outperforms other convolutional neural networks in identifying sweet potato black spot disease and can reliably recognize the disease with high accuracy.

Keywords sweet potato; disease classification; deep learning; total phenolic content; convolutional network model

甘薯在生长、运输和储藏阶段极易受到长喙壳菌的侵染^[1],引发严重的黑斑病,同时产生甘薯宁、甘薯醇和甘薯酮等多种有害的生物毒素^[2],食用受感染的甘薯会对人畜健康造成危害。研究表明,甘薯黑斑病每年使全球甘薯产量减少5%~10%^[3],严重影响农业生产力和粮食供应。因此,建立一种快速识别甘薯块茎黑斑病的检测方法,实现早期预防,对保障甘薯生产至关重要。

传统甘薯黑斑病害检测方法,如高效液相色谱法^[4]、比色法^[5]、直接蒸馏法等,这些方法虽可靠准确,但存在成本高、耗时长且步骤繁琐等问题,同时评估效果容易受到经验水平和光学错觉的影响。近年来,薯类病害的自动化检测研究主要集中在光谱成像和机器学习领域:1)多光谱成像结合机器学习,提升对马铃薯晚疫病检测与评估能力^[6];2)基于近红外光谱技术与PLS-DA方法,实现马铃薯病害的高精度分类^[7];3)近红外光谱结合基于主成分分析的SIMCA模型,有效识别了马铃薯环薯病和健康甘薯^[8]。然而,这些方法通常依赖于高成本的设备和复杂的操作程序,难以在实际农业生产中广泛应用。

随着计算机技术的发展,越来越多的研究将基于深度学习的植物病害检测技术应用于农业科学领域^[9-11]。深度学习技术在计算机视觉任务中取得了显著成功,已有大量研究证明,利用可见光图像识别和分类植物病害的可行性和效率^[12-14]。卷积运算通过自动提取图像中的纹理和色彩特征,取代了传统的人工特征提取方式,能够更深入地挖掘病

害信息,从而更精确地识别和分类病害类型。研究成果如下:1)利用卷积神经网络(CNN)结合RGB图像和传感器,实现对马铃薯块茎病害的高效分类^[15];2)改进CNN架构对马铃薯的灰霉病、皮斑病、普通疮痂病和坏疽病进行分类,准确率达99%,显著优于传统机器学习方法^[16];3)用于识别玉米作物田间病害图像的深度学习方法,使用Inception-v3模型在背景复杂的玉米病害图像中实现精准识别^[17];4)优化DenseNet架构参数量,引入过渡层降低特征图维度识别玉米叶片疾病,在保持高精度的同时减少参数量,实现了玉米叶片病害的高效识别^[18];5)利用迁移学习技术在VGG16模型上对木薯叶病害进行分类,准确率为92.3%^[19];6)引入EfficientNet-B4模型进行特征提取,并结合warmup与余弦退火优化学习率,提高了木薯病害的识别精度^[20]。深度学习在植物病害检测领域能够利用卷积神经网络快速提取病害图像的多层次特征,如纹理、颜色和形状,从而提高病害的识别精度,优于传统的机器学习方法。但是,这些研究大多依赖图像数据,忽视了能够反映植物内部健康状况的生化指标。因此,还有必要将图像数据与生化指标相结合,以增强病害分类结果的生物学解释力,进一步提高病害检测的准确性。

本研究拟采用基于深度学习的图像处理技术,结合图像数据与生化指标,探索甘薯黑斑病害的分级标准;同时比较不同深度学习模型在检测中的识别效果,选取最优模型作为分类模型,以期甘薯病害检测研究提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 样品制备

试验选用的甘薯品种为‘济薯 26 号’,由山东省农业科学院提供,浙江农林大学薯类研究所引种植。随机挑选 200 个颜色大小一致、质量为 100~120 g、无损伤且无病虫害的新鲜甘薯作为试验样品。试验样品包括新鲜甘薯和不同病害等级的甘薯。不同病害等级的甘薯通过接种长喙壳菌(*Ceratocystis fimbriata*, 菌株由江苏徐淮地区徐州农业科学研究所提供)培养获得。具体培养方法如下:首先使用 75% 乙醇溶液对甘薯进行表面消毒处理,接着用无菌水冲洗去除残留的消毒剂。每个甘薯打 1 个孔,孔径为 1.5 mm,用于接种菌液。接种使用的菌悬液由长喙壳菌配制而成,浓度为 7.5×10^6 CFU/mL。每个样本注射 25 μ L 菌悬液后,放入 28 $^{\circ}$ C、相对湿度 80% 的恒温恒湿箱中储藏 28 天。储藏期间,为监测黑斑的早期发展,前 10 d 每隔 2 天采样 1 次;10 d 后,采样间隔延长至 3 d,以提高试验效率。采集时间分别为储藏开始的第 0、2、4、6、8、10、13、16、19、22、25、28 d,共 12 次。每次采样后,随机选取 3 个甘薯作为生化指标检测的样本。黑斑直径采用十字交叉法测量,减去打孔直径得到净黑斑直径。甘薯黑斑直径变化趋势见图 1。

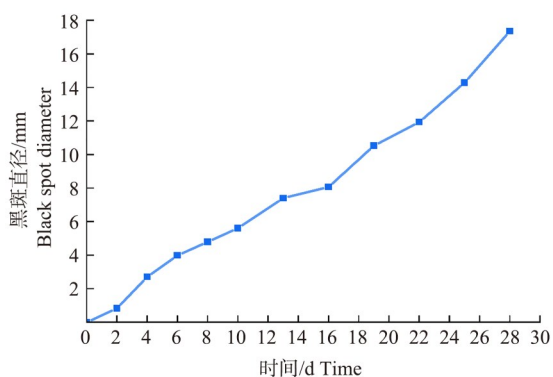


图 1 甘薯黑斑直径变化趋势

Fig. 1 Variation trend of sweet potato black spot diameter

1.2 试验方案

为深入探究甘薯黑斑病的感染过程及其与生化指标之间的关系,本研究设计以下试验步骤:

1)对甘薯样本进行长喙壳菌种的注射,模拟甘薯黑斑病的自然感染过程。在注射病菌后,按照采样间隔,利用视觉运动平台和安卓手机从多个角度

采集甘薯样本图像,并同步测量黑斑直径。

2)利用肘部算法确定黑斑直径数据的最优簇数 K ,并使用 K-means 算法进行聚类分析,以划分不同直径区间,初步建立病害分级标准。

3)通过生化试验测定甘薯样本的总酚质量分数,并利用皮尔逊相关系数分析总酚质量分数与黑斑直径之间的相关关系,以验证黑斑直径分级标准的科学性。为确保数据的代表性并减少试验误差,每个时间点随机选取 3 个甘薯样本,每个样本重复测定 3 次,取其平均值作为该样本的总酚质量分数。每个时间点的总酚质量分数以该时间点选取的 3 个甘薯样本的平均值表示。

4)对甘薯病害图像进行预处理,并使用图像增强方法来扩充数据集,提高模型的泛化能力。利用迁移学习技术,并结合引入空间注意力机制、ECA 注意力机制的 DenseNet201-SA-ECA 模型对数据集进行训练。通过多项指标对模型进行评估,最终确定性能最优模型。

1.3 试验方法

1.3.1 黑斑直径聚类分析

本研究结合 K-means 算法与肘部算法对甘薯黑斑直径进行分级,以验证其是否可作为区分病害等级的有效指标。K-means 算法^[21]是一种无监督学习算法,通过将数据点分配至距离最近的簇中心,最小化簇内误差平方和(SSE)以实现分组。肘部算法^[22]用于确定 K-means 算法的最佳簇数,通过绘制簇数与簇内误差平方和(SSE)的关系图,识别出 SSE 显著下降后的转折点(“肘部”),此点表示进一步增加簇数的收益减小,从而确定最佳簇数。

在本研究中,首先使用肘部算法确定黑斑直径的最佳簇数 K 为 4,即甘薯的黑斑直径值可分为 4 个区间。随后,根据最佳簇数使用 K-means 算法对黑斑直径进行聚类,确定区间分布为 $[0.00, 3.75]$ mm, $[3.85, 8.75]$ mm, $[8.80, 15.65]$ mm, $[15.80, 37.65]$ mm,黑斑直径最佳簇数确定及 K-means 算法的黑斑直径聚类结果见图 2。

1.3.2 生化指标检测及相关性分析

总酚质量分数与抗氧化活性高度相关^[23],总酚类化合物通过抑制自由基及其他氧化物质对细胞的损害,增强甘薯对病原侵袭的抵抗力。随着病害感染的加剧,总酚质量分数通常呈上升趋势,能够间接反映甘薯的病害等级。因此,本研究选取总酚

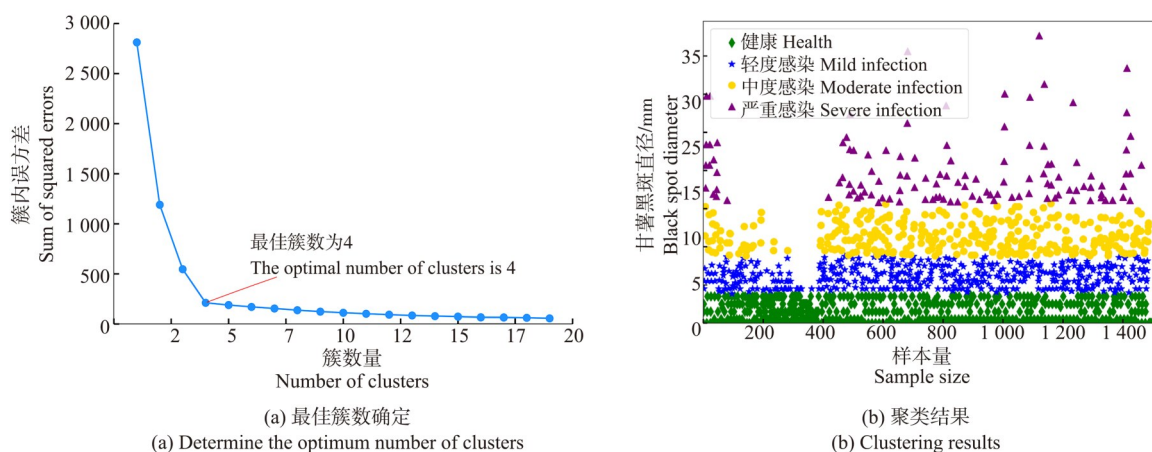


图2 基于肘部算法的黑斑直径最佳簇数确定及 K-means 算法的黑斑直径聚类结果

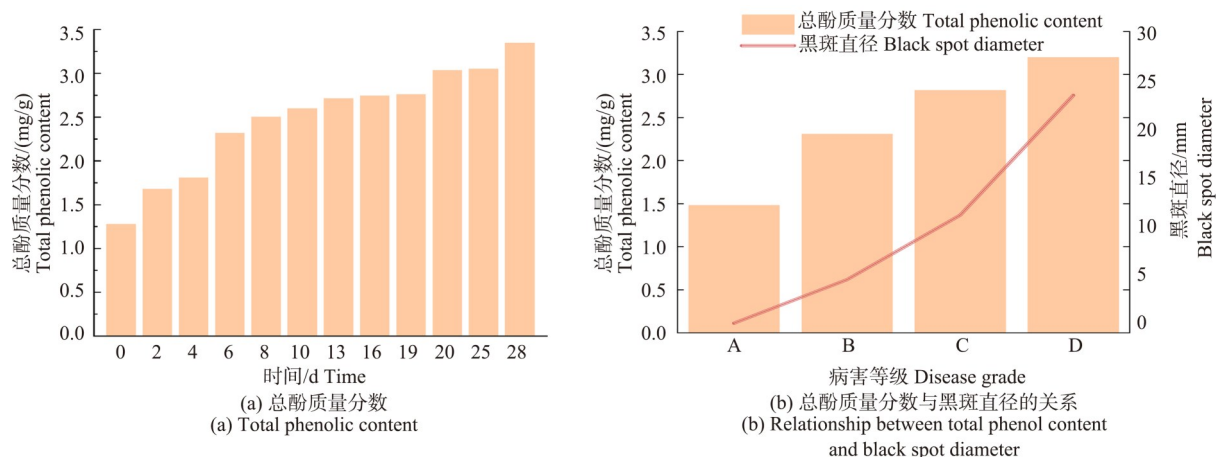
Fig. 2 Determination of the optimal number of clusters for black spot diameter based on the elbow algorithm and clustering results of black spot diameter using the K-means algorithm

质量分数作为生化指标,对甘薯的内部品质进行量化分析。本次生化试验采用基于没食子酸标准溶液的福林酚法,测定了12个时间点,每个时间点随机选取3个甘薯,共计120个样本的总酚质量分数,以验证病害分级的可靠性和科学性。

试验仪器: CANY XP205 准微量天平;凯达 TG16G 台式微量离心机;7GUV-6800A 分光光度计。

试验步骤:取甘薯黑斑周围厚度为0.5~1.5 cm的组织,精确称取1.00 g样品,研磨至浆状后转移至离心管中。加入4 mL甲醇溶液,混合后静置90 min。以8000 r/min的速度离心15 min,取上清液并定容至

5 mL,作为待测溶液。取0.6 mL标准溶液于比色管中,加入3 mL福林酚试剂,充分摇匀,再加入7.5%碳酸钠溶液2.4 mL,混合后在避光处静置30 min,通过福林酚试剂与碳酸钠溶液的反应制作标准曲线。最终在波长765 nm下测定吸光度,建立吸光值与没食子酸浓度的线性关系。每个样本重复测量3次,剔除异常值后计算其平均值。根据标准曲线计算甘薯样本的总酚质量分数,并以每个时间点3个甘薯样品的平均值作为该时间点的总酚质量分数。结果可见,随时间推移,总酚质量分数逐渐上升(图3(a)),其抗氧化活性升高,甘薯的抗病性增加,进而刺激了酚类物质的产生。这表明,病害的程度随着时间的推移逐步加深。



A, 健康; B, 轻度感染; C, 中度感染; D, 严重感染。

A is health. B is mild infection. C is moderate infection. D is severe infection.

图3 甘薯总酚质量分数变化及不同病害等级下总酚质量分数与黑斑直径的关系

Fig. 3 Changes in total phenolic content of sweet potatoes and the relationship between total phenolic content and black spot diameter under different disease grades

本研究采用皮尔逊相关系数(r)分析甘薯总酚质量分数与黑斑直径之间的相关性。首先,计算120个样本的总酚质量分数和黑斑直径的均值、协方差以及各自的方差和标准差,然后将协方差除以2个变量标准差的乘积,得出皮尔逊相关系数。结果显示, r 为0.93,表明总酚质量分数与黑斑直径之间存在显著正相关性($P < 0.01$)。随后,将120个甘薯样本的黑斑直径与K-means聚类划分的区间对应后,并与其总酚质量分数进行关联,最终建立了不同病害等级下总酚质量分数与黑斑直径的变化关系(图3(b))。结果表明,随着病害程度的加深,总酚质量分数与黑斑直径呈正比增加,分别从外在和内在方面表征不同病害等级之间的差异。

综上所述,总酚质量分数可作为病害分级的有效生化指标,进一步支持黑斑直径作为量化病害严重程度的科学依据。本研究根据黑斑直径将甘薯病害等级划分为:健康,[0.00, 3.75]mm;轻度感染,[3.85, 8.75]mm;中度感染,[8.80, 15.65]mm;严

重感染,[15.80, 37.65]mm。

1.4 图像数据采集及预处理

1.4.1 图像数据集采集

图像来源的多样性及光线条件对图像质量的影响被认为是影响模型泛化能力的重要因素^[24]。为增强模型在不同环境下的适应性,本试验分别在自然光、人工光及不同角度下采集数据。试验中使用的设备包括视觉运动平台和安卓手机。视觉运动平台用于精确控制拍摄条件,能够在恒定的光照和角度下获取高质量的图像。主要组件包括:ML-SYT-04型号的工业视觉试验架、ML-FA-3517型号的工业镜头、ML-RL75-A00-W型号的工业环形光源,以及ML-AS5050-W型号的工业背光源;安卓手机用于模拟农户或农业工作人员在自然光 and 不同光照条件下的手持设备拍摄。型号为Realme GT Master,配备Sony IMX766传感器,具备5 000万像素镜头和出色的低光性能。试验共获取到4 477张原始图像,图4示出不同病害等级的甘薯样本。



图4 不同病害等级的甘薯样本

Fig. 4 Samples of sweet potato with different disease grades

1.4.2 图像预处理及增强

对数据集应用去噪技术,采用卷积核大小为 3×3 、标准差为1的高斯滤波器对图像进行平滑处理,以减少图像中的随机噪声并保留关键边缘信息。为解决数据集中样本量不均衡的问题,应用多种图像增强技术,包括垂直翻转、水平翻转、随机裁剪、随机旋转、亮度增强、灰度化、色度增强和随机擦除等。这些技术模拟了多种视角和光线条件下的病害表现,提升了数据集的多样性和类别平衡

性,图像增强后的甘薯样本见图5。经过图像增强技术,原始数据集由4 477张扩展至43 436张。其中,健康类别由831张扩展至10 792张,轻度感染类别由1 341张扩展至10 724张,中度感染类别由1 580张扩展至11 060张,严重感染类别由725张扩展至10 860张。扩展后的图像数据用于训练集和验证集,测试集则保留未增强的原始图像。最终,数据集按照8:1:1的比例划分为训练集、验证集和测试集。



图5 图像增强后的甘薯样本

Fig. 5 Sweet potato sample after image enhancement

2 模型与评价指标

2.1 模型选择

甘薯黑斑病害的表现形式多种多样,其病害程度的差异通常体现在图像的细节上,如黑斑的颜色深浅、形状轮廓、斑块大小及其分布等,这些特征常呈现复杂的纹理和多层次的细节信息。为精确捕捉这些细微差别,本研究对比了多种卷积神经网络(CNN)模型。

ResNet模型^[25]引入了残差连接,采用跳跃连接解决了深层网络中的梯度消失问题,使得网络可

以学习更复杂的特征表达。在农产品病害检测中,ResNet擅长捕捉多层次的黑斑细节,能够更好地学习复杂的病害图像特征;VGG模型^[26]使用连续的 3×3 卷积层,逐步加深网络层数来提取高层次的特征,能够有效分离复杂病害图像中的细节特征,如黑斑的形状和边缘;GoogleNet模型^[27]引入Inception模块,在同一层中同时使用 1×1 、 3×3 和 5×5 卷积核,从多个尺度提取特征,能够捕捉到不同大小的病害斑点,从而提升对多尺度病害的识别能力;EfficientNet模型^[28]利用复合缩放策略优化了网络的深度、宽度和分辨率,能够高效地处理不同

分辨率的病害图像,实现精度与效率的平衡。MobileNet模型^[29]采用深度可分离卷积(Depthwise separable convolution)和倒残差结构,能够实现实时病害检测。

相较于上述模型,DenseNet^[30]的优势在于其独特的密集连接(Dense connections)设计。在这种架构下,每一层网络都直接与前面所有层的特征图相连,不仅有效缓解了梯度消失问题,还显著提升了特征复用率和模型的参数效率。这种特性使得DenseNet特别适合于处理甘薯黑斑病害这类具有复杂纹理和细微病害特征图像。

2.1.1 密集连接卷积网络

DenseNet是一种用于图像分类和计算机视觉任务的深度卷积神经网络(Convolutional neural network, CNN)。在农业病害检测任务中表现出优异的特征复用能力,能够增强模型对甘薯黑斑区域的精细捕捉和识别。与ResNet相比,DenseNet更能充分利用浅层和深层特征的结合,从而提高对病害分类的准确性。对于DenseNet中的第 l 层,其输入是前 $(l-1)$ 层的特征图的级联,其公式为:

$$X_l = H_l([X_0, X_1, \dots, X_{l-1}])$$

式中: X_l 为第 l 层的输出; H_l 为第 l 层的非线性变换函数; $[X_0, X_1, \dots, X_{l-1}]$ 为各层的密集连接。

2.1.2 空间注意力机制

在深度学习中,空间注意力机制的应用类似于人类的注意力,其主要目标是从海量信息中筛选出对当前任务最为关键的信息^[31]。其核心思想是加权突出图像中具有更高判别性的区域,使模型在特征提取过程中调整各个像素点或通道的权重,集中于关键区域。对输入特征图进行全局平均池化和最大池化操作,能够捕捉到特征图中全局和局部的关键信息,将这些信息融合生成空间维度上的注意力图(Attention map),从而引导模型更有效地关注图像的显著区域。在处理甘薯黑斑病害图像时,传统卷积网络模型可能对图像的所有区域给予同等关注,这容易导致关键病害特征被背景信息稀释,尤其是细微的病斑或纹理变化不易被有效识别。引入空间注意力机制后,模型能够自动生成空间注意力图,聚焦于病害区域并减少对非相关区域的关注,从而更好地捕捉病害斑点的细节特征。

2.1.3 ECANet

ECANet^[32](Efficient channel attention network)

是比SENet更加创新的卷积神经网络架构,旨在增强计算机视觉任务中的特征学习和表示能力。传统的通道注意力机制,如SENet^[33]和CBAM^[34]通常利用全局池化生成全局的通道权重向量,以调整每个通道的权重。然而,这种全局性调整策略可能导致信息丢失,尤其是在处理细微特征时表现不佳。ECANet则引入了1个关键改进:不进行通道降维,而是采用一维卷积操作直接在原始维度上执行局部交互,使每个通道的权重不仅依赖于全局信息,还考虑到其周围通道的特征关系。在甘薯黑斑病害分类任务中,ECANet能够有效捕捉图像中不同颜色通道的细微差异,如红色通道中的病害斑点和绿色通道中的健康组织。通过调整各通道的权重,模型能够更准确地区分病害区域和健康区域,从而提高病害分类的准确性。

2.1.4 DenseNet201-SA-ECA模型

本研究设计了一种融合空间注意力机制(SA)、高效通道注意力机制(ECA)和DenseNet201网络的模型,命名为DenseNet201-SA-ECA模型,其结构见图6。该模型由1个初始卷积层(Initial conv2d)、1个空间注意力机制(Spatial attention)模块、4个密集块(Dense block)、3个过渡层(Transition)、1个高效通道注意力机制(ECANet)模块、1个全局平均池化层(Global avgpool)以及1个全连接层(Linear)构成。

DenseNet201-SA-ECA模型各网络层的输入和输出尺寸见表1。模型首先输入尺寸为[224像素, 224像素, 3(通道数)]的RGB图像。初步卷积层使用 7×7 卷积核,输入通道数为3,输出通道数为64,步长为2,下采样后特征图的尺寸变为[112像素, 112像素, 64];空间注意力机制模块由1个 7×7 卷积核和Sigmoid激活函数组成,用于计算每个空间位置的重要性权重,生成归一化的注意力图,输入和输出特征图的尺寸均为[112像素, 112像素, 64];第一个密集块(Dense block1)由6层卷积组成,增长率为32。每层包括1个 1×1 卷积核和1个 3×3 卷积核。 1×1 卷积核用于降维,减少通道数, 3×3 卷积核用于提取新的特征。输入特征图尺寸为[112像素, 112像素, 64],每层增加32个输出通道,经过6层卷积的累加,输出通道数增加到256,最终输出特征图尺寸为[112像素, 112像素, 256];第一个过渡层(Transition1)由1个 1×1 的卷积核和最大池化层组成。 1×1 卷积核将通道

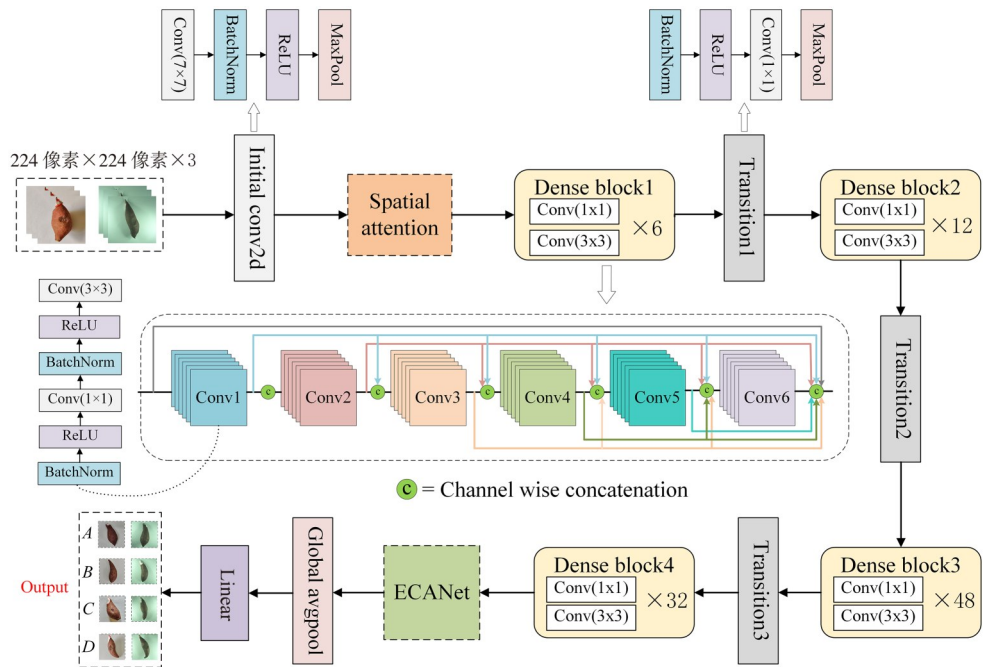


图6 DenseNet201-SA-ECA 模型结构
Fig. 6 DenseNet201-SA-ECA model structure

表1 DenseNet201-SA-ECA 模型各网络层的输入和输出尺寸

Table 1 Input and output sizes of each network layer of the DenseNet201-SA-ECA model

网络层 Network layer	输入尺寸 Input size		输出尺寸 Out size	
	分辨率/(像素×像素) Resolution	通道数 Channels	分辨率/(像素×像素) Resolution	通道数 Channels
Initial conv2D	224 × 224	3	112 × 112	64
Spatial attention	112 × 112	64	112 × 112	64
Dense block1	112 × 112	64	112 × 112	256
Transition1	112 × 112	256	56 × 56	128
Dense block2	56 × 56	128	56 × 56	512
Transition2	56 × 56	512	28 × 28	256
Dense block3	28 × 28	256	28 × 28	1 792
Transition3	28 × 28	1 792	14 × 14	896
Dense block4	14 × 14	896	14 × 14	1 920
ECANet	14 × 14	1 920	14 × 14	1 920
Global avgpool ^①	14 × 14	1 920	—	1 920
Linear	—	1 920	—	4

注：①全局平均池化层(Global avgpool)之后,输出尺寸仅包含通道数。
Note: ① After the global avg pool layer, the output size only contains the number of channels.

数从 256 降到 128,最大池化操作将空间分辨率减半,输出特征图尺寸为 [56 像素, 56 像素, 128];第二个密集块(Dense block2)由 12 层卷积组成,增长率为 32。输入特征图尺寸为 [56 像素, 56 像素, 128],通过 12 层卷积的累加,输出通道数增加到

512,最终输出特征图尺寸为 [56 像素, 56 像素, 512];第二个过渡层(Transition2)同样由 1×1 卷积核和 2×2 最大池化层构成。通道数从 512 降到 256,空间分辨率减半,输出特征图尺寸为 [28 像素, 28 像素, 256];第三个密集块(Dense block3)由

48层卷积组成,增长率为32。输入特征图尺寸为[28像素, 28像素, 256],经过48层卷积的累加后,输出通道数增加到1 792,特征图尺寸保持为[28像素, 28像素, 1 792];第三个过渡层(Transition3)将通道数从1 792减小到896,空间分辨率减半,最终输出为[14像素, 14像素, 896];最后一个密集块(Dense block4)由32层卷积组成,增长率为32。输入为[14像素, 14像素, 896],经过32层卷积的累加,输出通道数增加到1 920,输出特征图尺寸为[14像素, 14像素, 1 920];高效通道注意力机制模块由1个自适应平均池化层和1个一维卷积核组成。自适应平均池化层将每个通道压缩为单个值,提取通道的全局特征,随后通过 5×1 的一维卷积核,提取不同通道之间的相关信息。输出特征图通道数保持不变,输出尺寸为[14像素, 14像素, 1 920];全局平均池化层对每个特征通道在高度和宽度上进行平均,将特征图的空间维度压缩为 1×1 ,最终输出1 920个通道;全连接层将通道数从1 920映射到4,输出4个类别分类结果。

2.2 评价指标

本研究使用准确率(A)、召回率(R)、精确率(P)和 F_1 分数(F_1)作为评估模型性能的指标。准确率衡量模型正确分类样本的能力,召回率评估模型识别所有正样本的能力,而精确率则表示模型正确识别为正样本的比例。 F_1 分数作为精确率和召回率的调和平均值,提供2者平衡的单一指标。公式如下:

$$A = \frac{TP + TN}{TP + TN + FP + FN} \quad (1)$$

$$R = \frac{TP}{TP + FN} \quad (2)$$

$$P = \frac{TP}{TP + FP} \quad (3)$$

$$F_1 = \frac{2 \times TP}{2 \times TP + FP + FN} \quad (4)$$

式中:TP为被模型预测正的正样本;TN为被模型预测为负的负样本;FP为被模型预测为负的正样本;FN为被模型预测为正的负样本。

3 试验与分析

3.1 运行环境

模型训练在Windows 10操作系统上使用Pytorch框架进行。硬件配置包括: Intel Core i9-10920X处理器,主频3.50 GHz,64 GB内存,以及Nvidia GeForce RTX 3080显卡。软件环境配置为: Python3.9,torch2.1.1,cuda12.1。训练过程中,使用迁移学习技术来增加模型的训练速度。具体超参数设置如下:初始学习率为0.001,采用Adam优化器,权重衰减设置为0.000 1,批次大小为64,训练周期为50轮。

3.2 基础模型评估

本次试验采用ResNet、VGG、GoogleNet、EfficientNet、MobileNet和DenseNet模型的代表性架构,包括ResNet152、VGG19、GoogleNet、EfficientNetB7、MobileNetV2和DenseNet201,在甘薯图像数据集上评估性能表现,结果见表2。

表2 6个基础卷积网络模型的性能

Table 2 Performance of 6 basic convolutional network models

模型 Model	准确率/% Accuracy	召回率/% Recall	精确率/% Precision	F_1 分数/% F_1 score	参数量/ 10^6 Parameter	每轮训练时间/s Training time
ResNet152	79.15	78.60	79.39	78.02	58.15	215
VGG19	70.08	69.94	75.34	68.21	20.03	200
EfficientNetB7	66.51	66.36	72.91	62.86	63.8	346
GoogleNet	69.21	74.92	69.06	67.14	5.6	102
MobileNetV2	73.51	73.39	76.70	72.48	2.23	102
DenseNet201	83.93	84.83	85.82	84.79	18.1	169

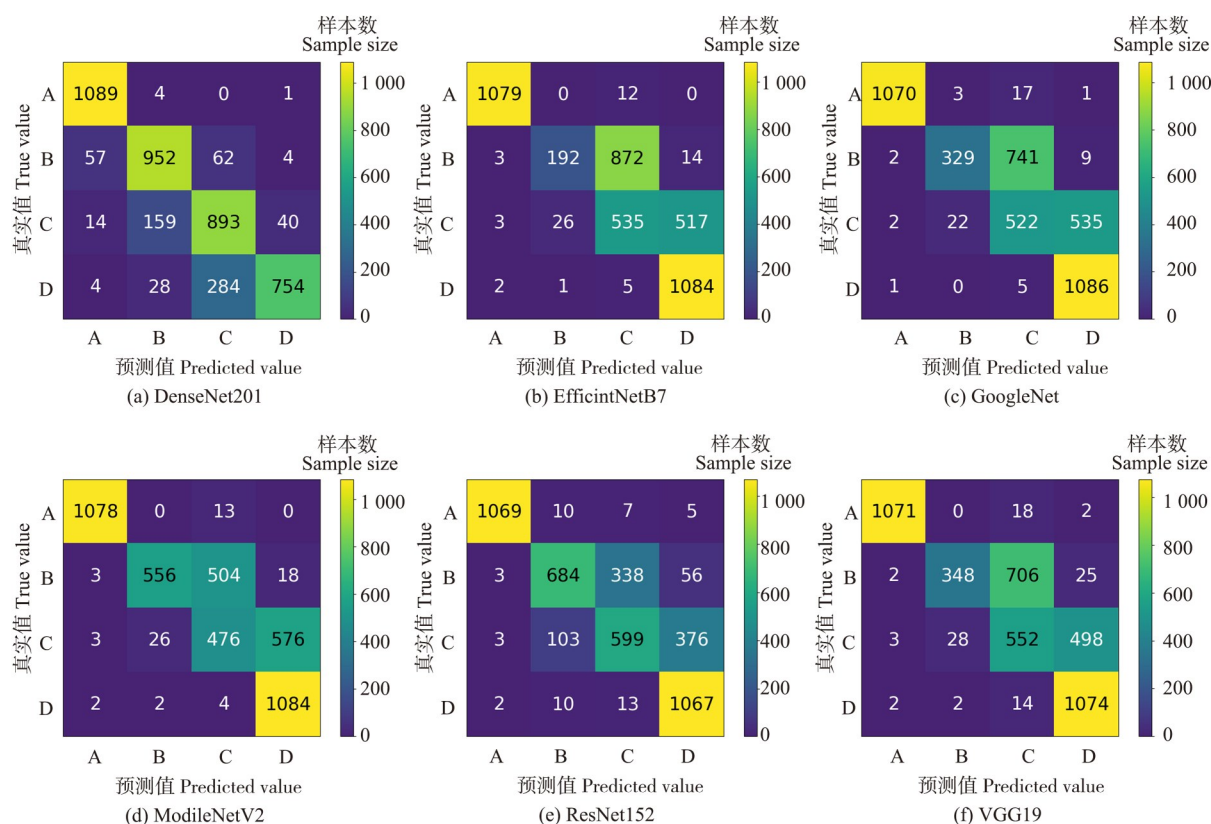
DenseNet201整体表现最佳,准确率、召回率、精确率和 F_1 分数分别达到83.93%、84.83%、85.82%和84.79%。这种卓越表现可以归因于DenseNet201

独特的密集连接机制,该机制使得特征在层间传递时得以最大化利用,减少了梯度消失问题,尤其适用于复杂病害图像的细粒度分类任务。相比之下,

EfficientNetB7虽然具备高效的设计,但在此次检测任务中的表现相对较弱,准确率和 F_1 分数仅为66.51%和62.86%。这可能与其在高分辨率图像中的特征提取能力不足有关;MobileNetV2的表现较为平衡,准确率为73.51%,且参数量仅为 2.23×10^6 ,训练时间也较短,为每轮102 s。这使其成为资源受限环境下的理想选择,在需要低功耗、高效率的移动设备中具有明显优势;VGG19在训练时间和性能上均未表现出明显优势,其特征提取效率较低,导致训练时间较长,为每轮200 s;GoogleNet在各项指标上表现适中,但 F_1 分数仅为67.14%,在6个模型中相对

较低,可能由于病害特征较为细微,未能充分发挥其网络优势;ResNet152的准确率和召回率分别为79.15%、78.60%,表现较为出色,但其参数量较大,导致训练时间较长达到了每轮215 s。尽管其深层结构有助于提取更丰富的特征,但在训练效率和整体表现上仍稍逊于DenseNet201。

为深入研究各卷积神经网络模型在病害识别任务中的表现,本研究采用混淆矩阵比较了6种卷积神经网络模型在不同病害等级中的预测效果,包括健康、轻度感染、中度感染和严重感染4个等级的类别,各模型的预测结果见图7。



A、B、C、D分别表示病害等级为,健康、轻度感染、中度感染、严重感染。

A, B, C, and D represent the disease grades of healthy, mild infection, moderate infection, and severe infection, respectively.

图7 6个基础卷积网络模型的混淆矩阵

Fig. 7 Confusion matrix of 6 basic convolutional network models

在混淆矩阵中,对角线上的数值表示每个类别中被正确分类的样本数量。对角线上的数值越大,表示分类的准确性越高。各模型的总体表现如下: DenseNet201正确识别了3 688个样本; ResNet152、VGG19和MobileNetV2分别正确识别了3 419、3 045和3 194个样本; EfficientNetB7和GoogleNet分别识别了2 890和3 007个样本。

DenseNet201模型在各类别的分类表现最为优异,尤其是在健康和轻度感染类别中,分别正确识别了1 089和952个样本,表明模型能够有效提取健康与轻度感染样本的特征,具备良好的区分能力。EfficientNetB7虽在健康和严重感染类别上表现出色,误识别样本数分别为12和8个,但其在轻度感染类别的表现不如DenseNet201,有872个轻度感

染样本被错误识别为中度感染,混淆率较高。相比之下,DenseNet201在该类别上仅误错误识别了62个样本为中度感染。GoogleNet、MobileNetV2和VGG19也表现出类似的问题,在识别复杂病变特征时混淆率较高。ResNet152凭借残差网络连接,在轻度感染类别上正确识别了684个样本,略优于其他模型,同时在中度感染类别上正确识别了599个样本,显示出其残差结构在处理复杂病变时具有一定优势,但总体识别率仍不及DenseNet201。

综上,DenseNet201凭借其高效的特征复用和密集连接策略,在所有测试模型中表现最佳。但该模型在严重感染类别上的分类表现仍有提升空间,284个样本被误分类为中度感染,可能是由于2类样本在某些细微特征上较为相似所导致。

为进一步提高模型的分类能力,本研究在DenseNet201模型的基础上引入了空间注意力机制(SA)和通道注意力机制(ECA)。这2种机制能够增强模型对局部空间特征和不同通道特征的关注,进一步提升对细微特征的捕捉能力,从而提高分类精度。

3.3 DenseNet201-SA-ECA模型比较

3.3.1 消融试验

为评估SA和ECA对DenseNet201模型性能的改进效果,本研究设计了消融试验,对原始模型DenseNet201、引入SA机制的DenseNet201-SA、引入ECA机制的DenseNet201-ECA,以及同时引入SA和ECA机制的DenseNet201-SA-ECA的性能表现进行对比,结果见表3。

表3 各模型的消融试验性能
Table 3 Ablation test performance of each model

模型 Model	准确率/% Accuracy	召回率/% Recall	精确率/% Precision	F_1 分数/% F_1 score	每轮训练时间/s Time of training
DenseNet201	83.93	84.83	85.82	84.79	169
DenseNet201-SA	86.34	87.67	87.45	86.06	175
DenseNet201-ECA	91.78	90.45	91.12	90.78	172
DenseNet201-SA-ECA	96.80	96.52	96.53	96.52	160

在DenseNet201基础上引入SA机制后,模型准确率从83.93%提升至86.34%,表明空间注意力机制通过聚焦病害图像中的显著区域,过滤次要特征,提高了模型在分类病斑区域时的精度。引入ECA机制则使准确率显著提升,提升至91.78%,相比DenseNet201提升了约7.85个百分点,表明ECA机制优化了通道间特征的关联性,增强了模型对通道特征的表达能力。在召回率和精确率方面,DenseNet201-ECA的表现也优于DenseNet201,说明ECA在捕捉通道层次特征上更为有效。ECA机制的优势在于能够加权不同通道的特征,捕捉病害图像中多层次的颜色、形状和纹理信息,从而提升分类效果。然而,ECA机制在捕捉空间特征时存在局限性,主要依赖通道信息,忽视了图像中病害区

域的空间分布和局部特征,因此无法充分聚焦细小的病害斑块。同样,单独依赖空间特征的SA机制也不足以全面捕捉复杂病害特征。当SA与ECA机制结合时,DenseNet201-SA-ECA模型的准确率达到96.80%,显著优于其他模型。这种协同效应使得模型既能关注图像的全局通道特征,又能捕捉局部空间特征,从而实现对复杂病害图像的更高分类精度。此外,尽管引入了更多的特征提取机制,DenseNet201-SA-ECA的训练时间为每轮160 s,仍低于DenseNet201模型的每轮169 s,表明其在保证高精度的同时也具备较好的训练效率。

试验结果表明,SA和ECA机制在空间和通道特征提取中各自发挥了重要作用,SA机制帮助模型更好地捕捉多个病斑或病害分布不均图像中的

局部特征,而ECA机制则通过优化通道响应,在病害颜色或纹理变化显著的图像中提高了整体分类的准确性。

3.3.2 试验结果分析

表4示出DenseNet201-SA-ECA模型在各病害等级中的识别性能。DenseNet201-SA-ECA在所有等级中的精确率均显著优于DenseNet201。其中,健康等级的准确率从94.59%提高至99.91%;轻度感染等级从83.85%提高至96.77%;中度感染等级从72.74%提升至93.95%;严重感染等级则从

94.51%小幅提升至95.44%。在召回率方面,DenseNet201-SA-ECA同样表现出显著优势。健康等级的召回率接近完美,达到99.96%;轻度感染等级的召回率为97.21%;中度和严重感染等级的召回率分别为93.89%和95.86%,相比DenseNet201分别提高了约12%和15%。这些结果表明,SA-ECA机制的引入显著提升了模型在甘薯黑斑病害检测中的整体表现,尤其是在中度感染等级中,精确率提高了21.21%,进一步验证了模型在细分病害下的优越性。

表4 DenseNet201模型与DenseNet201-SA-ECA模型在各病害等级中的识别性能
Table 4 Recognition performance of DenseNet201 model and DenseNet201-SA-ECA model in each disease grade

病害等级 Disease grade	识别精确率/% Recognition precision		识别召回率/% Recognition recall	
	DenseNet201	DenseNet201-SA-ECA	DenseNet201	DenseNet201-SA-ECA
健康 Health	94.59	99.91	99.23	99.96
轻度感染 Mild infection	83.85	96.77	89.95	97.21
中度感染 Moderate infection	72.74	93.95	81.56	93.89
严重感染 Severe infection	94.51	95.44	80.64	95.86

为进一步验证DenseNet201-SA-ECA模型的性能,本研究使用Grad-CAM方法生成了2个模型的甘薯样本热力图。DenseNet201在处理由安卓手机和视觉运动平台采集的图像时,关注点较为分散,未能充分聚焦于感染特征区域(图8)。相比之下,DenseNet201-SA-ECA在图像中的关键感染特征区域展现了高度集中(图9),表明SA-ECA机制有效增强了模型对感染特征的定位和识别能力。尤其是在中度感染和严重感染等级的甘薯样本中,DenseNet201-SA-ECA模型的热力图明显聚焦于黑斑特征区域,进一步验证了SA-ECA结构的优越性。

在数据集构建过程中,本研究使用多种设备在自然光、人工光 and 不同角度下采集数据,模拟了现实环境中的光照和视角变化。结合旋转、翻转、亮度调整等图像增强技术,进一步提升了模型在不同场景

下识别病害图像的鲁棒性。DenseNet201-SA-ECA模型在训练初期准确率波动较大(图10(a)),其原因在于初始阶段模型尚未充分捕捉图像中特征的重要性,导致训练集与验证集之间的性能差异较大。随着训练的进行,模型逐渐学习到不同特征的权重,训练集和验证集的准确率差异逐渐缩小,模型有效减少了过拟合,并逐渐稳定。模型的损失值在训练初期快速下降(图10(b)),这得益于SA-ECA机制的引入,帮助模型在早期阶段迅速聚焦于病害图像的关键特征,从而加速了损失的下降过程,使模型能够更快地收敛。随着训练的进行,训练集与验证集的损失值逐渐趋于稳定,表明模型具备良好的学习能力和收敛性。本研究通过多样化的数据集及图像增强方法,不仅提升了数据的多样性,同时有效降低了模型对单一场景的依赖,显著增强了模型在复杂实际环境中的适应性和泛化能力。

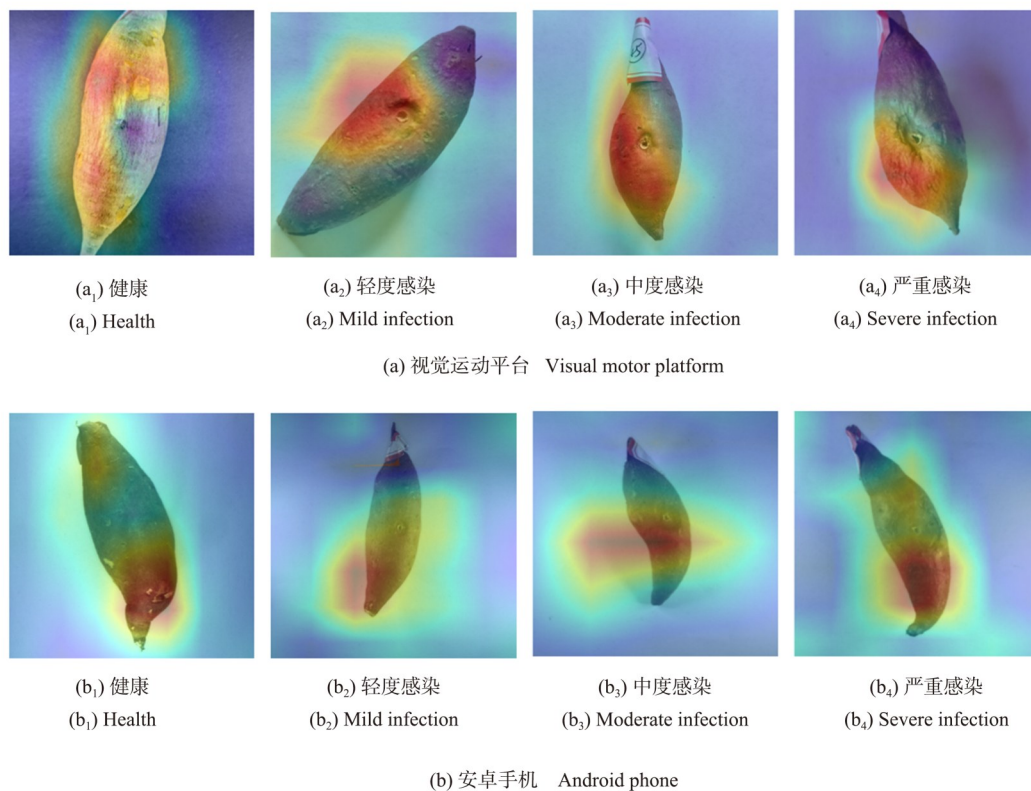


图 8 DenseNet201 模型的甘薯样本热力图

Fig. 8 Heat map of sweet potato samples from the DenseNet201 model

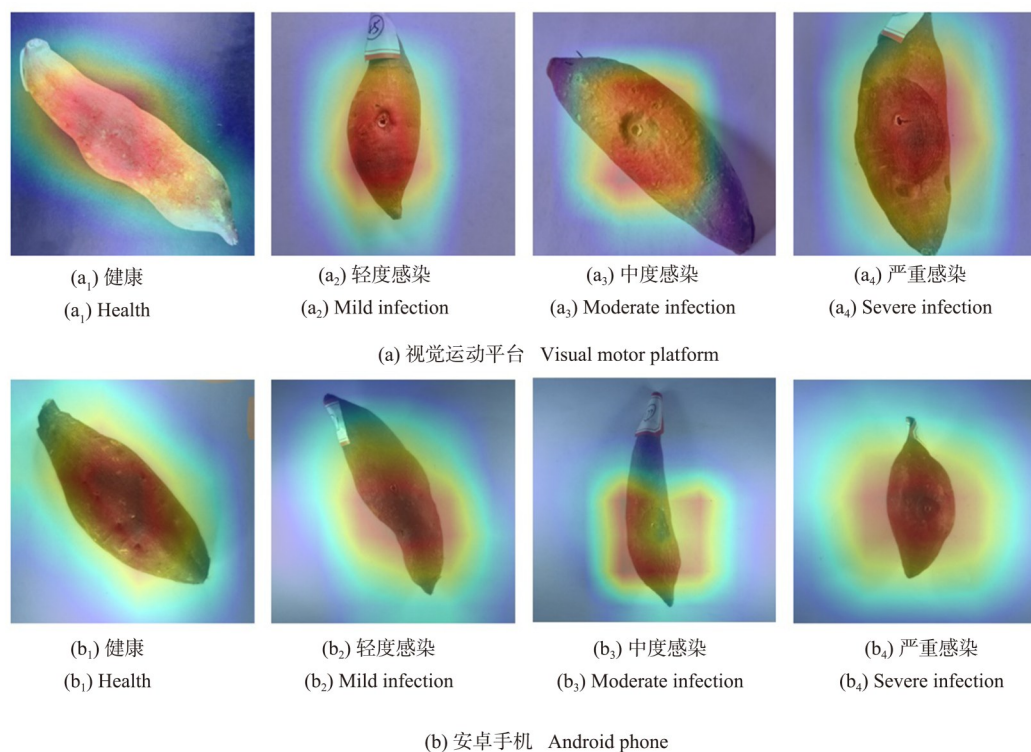


图 9 DenseNet201-SA-ECA 模型的甘薯样本热力图

Fig. 9 Heat map of sweet potato samples from the DenseNet201-SA-ECA model

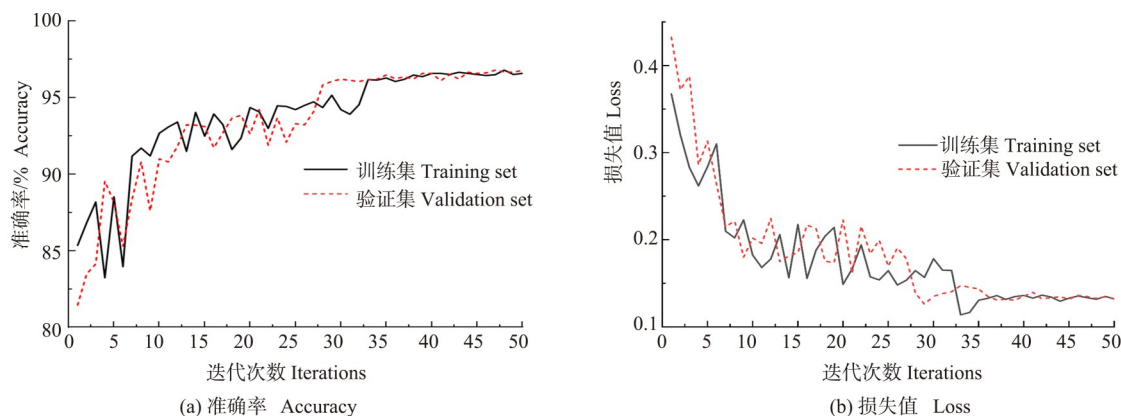


图10 DenseNet201-SA-ECA模型的训练准确率和训练损失值

Fig. 10 Training accuracy and training loss of the DenseNet201-SA-ECA model

4 结果与讨论

目前深度学习在农作物病害检测领域取得了显著进展,但在针对由长喙壳菌引发的甘薯黑斑病的自动化检测领域,相关研究有限。本研究针对薯类及其他农作物病害检测中面临的效率低、成本高以及操作复杂等问题,提出了深度学习模型结合生化指标的创新检测方法。通过改进模型架构,显著提高了甘薯黑斑病检测的科学性和模型的识别精度与泛化能力。主要结论如下:

1)建立了甘薯总酚质量分数与黑斑直径的关联关系,验证了病害分类的科学性和合理性。甘薯黑斑的直径与总酚质量分数之间存在显著的正相关性($P < 0.01$),随着感染程度的加深,黑斑直径和总酚质量分数均呈同比增加。这一发现不仅验证了模型的分类结果,而且为甘薯品质与病害程度之间的关系提供了新的科学依据。

2)在DenseNet201网络中引入空间注意力机制(SA)和高效通道注意力机制(ECA),有效提升了模型的识别精度。改进后的DenseNet201-SA-ECA模型在甘薯黑斑病害图像数据集上的准确率达到96.80%,相比ResNet152、VGG19、GoogleNet、EfficientNetB7、MobileNetV2和原始DenseNet201模型,准确率分别提高了17.65%、26.72%、30.29%、27.59%、23.29%和12.87%。该模型在不同病害等级的识别中,表现出较高的精确率和召回率,证明了其对不同病害等级具有良好的适应性和鲁棒性。

3)使用多设备、多角度的数据采集以及图像增强技术,增强了模型的泛化能力。DenseNet201-

SA-ECA模型在不同光照、角度及设备条件下的识别表现稳定,证明了该模型在多样化数据集上的有效性,同时确保了模型在实际应用中的可靠性。

DenseNet201-SA-ECA模型在甘薯黑斑病害检测中展现了卓越的性能,其一致性和可靠性通过准确率、精确率和召回率等指标得到了充分验证。尽管在某些复杂病斑的情况下,如轻微重叠或明显光照变化,识别过程中存在误分类倾向,但这为之后的研究提供了改进方向,可以结合多尺度特征融合或对抗性数据增强技术,进一步提升模型对复杂病变的检测能力。总的来说,本研究结合深度学习与生化指标的检测方法,显著提升了甘薯黑斑病害检测的准确性,为农作物病害自动化检测提供了新的技术手段。该方法在其他作物病害检测,如番茄早疫病、苹果炭疽病中也具有应用潜力。

参考文献 References

- [1] Oduola A A, Awojobi K O, Adeyemo S M. Microorganisms associated with post harvest spoilage of sweet potatoes in Ile-Ife [J]. *Journal of Applied Biosciences*, 2008, 6(2): 175-179
- [2] Wamalwa L N, Cheseto X, Ouna E, Kaplan F, Maniania N K, Machuka J, Torto B, Ghislain M. Toxic Ipomeamarone accumulation in healthy parts of Sweetpotato (*Ipomoea batatas* L. Lam) storage roots upon infection by *Rhizopus stolonifer* [J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2015, 63(1): 335-342
- [3] 贾赵东, 郭小丁, 尹晴红, 嵇小琴, 谢一芝. 甘薯黑斑病的研究现状与展望[J]. *江苏农业科学*, 2011(1): 144-147
- [4] Jia Z D, Guo X D, Yin Q H, Ji X Q, Xie Y Z. Current status and prospect of sweet potato black spot disease research [J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2011(1): 144-147 (in Chinese)
- [5] 施群, 谭晓东, 毛宗福, 陶宁, 易有荣. 甘薯长喙壳菌毒素检测的高效薄层色谱法研究[J]. *卫生研究*, 2003, 32(4): 381-383
- [6] Shi Q, Tan X D, Mao Z F, Tao N, Yi Y R. Study of *Ceratocystis*

- fimbriata* toxins determination from sweet potato by high performance thin-layer chromatography [J]. *Journal of Hygiene Research*, 2003, 32(4): 381-383 (in Chinese)
- [5] 周恩志, 吴东儒. 改进的甘薯味喃蒽类毒素比色定量测定法[J]. 安徽大学学报: 自然科学版, 1983(1): 104-106
- Zhou E Z, Wu D R. A modified colorimetric method for the quantitative determination of the furanoterpenoid toxin in sweet potatoes [J]. *Journal of Anhui University: Natural Science Edition*, 1983(01): 104-106 (in Chinese)
- [6] Duarte-Carvajalino J M, Alzate D F, Ramirez A A, Santa-Sepulveda J D, Fajardo-Rojas A E, Soto-Suñez M. Evaluating late blight severity in potato crops using unmanned aerial vehicles and machine learning algorithms[J]. *Remote Sensing*, 2018, 10(10): 1513
- [7] Kim D Y, Cho B K, Lee Y S. Development of non-destructive measurement method for discriminating disease-infected seed potato using visible/near-Infrared reflectance technique [J]. *CNU Journal of Agricultural Science*, 2012, 39(1): 117-123
- [8] 张小燕, 杨炳南, 曹有福, 李少萍, 赵庆亮, 兴丽. 近红外光谱的马铃薯环腐病SIMCA模式识别[J]. 光谱学与光谱分析, 2018, 38(8): 2379-2385
- Zhang X Y, Yang B N, Cao Y F, Li S P, Zhao Q L, Xing L. SIMCA discrimination of ring rot potatoes based on near infrared spectroscopy [J]. *Spectroscopy and Spectral Analysis*, 2018, 38(8): 2379-2385 (in Chinese)
- [9] Galieni A, D'Ascenzo N, Stagnari F, Pagnani G, Xie Q G, Pisante M. Past and future of plant stress detection: An overview from remote sensing to positron emission tomography[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2021, 11: 609155
- [10] Ghosh D, Chakraborty S, Kodamana H, Chakraborty S. Application of machine learning in understanding plant virus pathogenesis: Trends and perspectives on emergence, diagnosis, host-virus interplay and management[J]. *Virology Journal*, 2022, 19(1): 42
- [11] Oishi Y, Habaragamuwa H, Zhang Y, Sugiura R, Asano K, Akai K, Shibata H, Fujimoto T. Automated abnormal potato plant detection system using deep learning models and portable video cameras [J]. *International Journal of Applied Earth Observation and Geoinformation*, 2021, 104: 102509
- [12] Wang X W, Liu J, Zhu X N. Early real-time detection algorithm of tomato diseases and pests in the natural environment[J]. *Plant Methods*, 2021, 17(1): 43
- [13] Bouguettaya A, Zarzour H, Kechida A, Taberkit A M. A survey on deep learning-based identification of plant and crop diseases from UAV-based aerial images[J]. *Cluster Computing*, 2023, 26(2): 1297-1317
- [14] Altalak M, Ammad uddin M, Alajmi A, Rizg A. Smart agriculture applications using deep learning technologies: A survey [J]. *Applied Sciences*, 2022, 12(12): 5919
- [15] Oppenheim D, Shani G, Erlich O, Tsror L. Using deep learning for image-based potato *Tuber* disease detection [J]. *Phytopathology*, 2019, 109(6): 1083-1087
- [16] Arshaghi A, Ashourin M, Ghabeli L. Detection and classification of potato diseases potato using a new convolution neural network architecture[J]. *Traitement Du Signal*, 2021, 38(6): 1783-1791
- [17] Haque M A, Marwaha S, Deb C K, Nigam S, Arora A, Hooda K S, Soujanya P L, Aggarwal S K, Lall B, Kumar M, Islam S, Panwar M, Kumar P, Agrawal R C. Deep learning-based approach for identification of diseases of maize crop[J]. *Scientific Reports*, 2022, 12: 6334
- [18] Waheed A, Goyal M, Gupta D, Khanna A, Hassanien A E, Pandey H M. An optimized dense convolutional neural network model for disease recognition and classification in corn leaf[J]. *Computers and Electronics in Agriculture*, 2020, 175: 105456
- [19] 肖三湘. 基于VGG16网络的木薯叶疾病分类研究[D]. 长沙: 中南林业科技大学, 2022
- Xiao S X. Classification of cassava leaf diseases based on VGG16 network [D]. Changsha: Central South University of Forestry & Technology, 2022 (in Chinese)
- [20] 曾姣艳, 林思涛, 谢亚君, 曾美艳. 基于改进型EfficientNet模型的木薯病害识别方法研究[J]. 西南大学学报: 自然科学版, 2024, 46(6): 197-208
- Zeng J Y, Lin S T, Xie Y J, Zeng M Y. Research on cassava disease recognition methods based on improved efficientnet model[J]. *Journal of Southwest University: Natural Science Edition*, 2024, 46(6): 197-208 (in Chinese)
- [21] Macqueen J. Some methods for classification and analysis of multivariate observations[C]. In: *Proceedings of the Fifth Berkeley Symposium on Mathematical Statistics and Probability*. Berkeley: University of California Press, 1967: 281-297
- [22] Patel S, Sihmar S, Jatain A. A study of hierarchical clustering algorithms [C]. In: *2015 2nd International Conference on Computing for Sustainable Global Development: INDIACom*. New Delhi: IEEE, 2015: 537-541
- [23] Zhang L, Gao Y, Deng B W, Ru W D, Tong C, Bao J S. Physicochemical, nutritional, and antioxidant properties in seven sweet potato flours[J]. *Frontiers in Nutrition*, 2022, 9: 923257
- [24] Shorten C, Khoshgoftaar T M. A survey on image data augmentation for deep learning[J]. *Journal of Big Data*, 2019, 6(1): 60
- [25] He K M, Zhang X Y, Ren S Q, Sun J. Deep residual learning for image recognition [C]. In: *2016 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition: CVPR*. Las Vegas: IEEE, 2016: 770-778
- [26] Simonyan K, Zisserman A. Very deep convolutional networks for large-scale image recognition [J]. In: *Proceedings of the International Conference on Learning Representations: ICLR*. San Diego: ICLR, 2015: 1-14
- [27] Szegedy C, Liu W, Jia Y Q, Sermanet P, Reed S, Anguelov D, Erhan D, Vanhoucke V, Rabinovich A. Going deeper with convolutions[C]. In: *2015 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition: CVPR*. Boston: IEEE, 2015: 1-9
- [28] Tan M X, Le Q V. EfficientNet: Rethinking model scaling for convolutional neural networks [EB/OL]. (2019-05-28). <http://arxiv.org/abs/1905.11946>
- [29] Howard A G, Zhu M L, Chen B, Kalenichenko D, Wang W J, Weyand T, Andreetto M, Adam H. MobileNets: Efficient convolutional neural networks for mobile vision applications[EB/OL]. (2017-04-17). <http://arxiv.org/abs/1704.04861>
- [30] Huang G, Liu Z, Van Der Maaten L, Weinberger K Q. Densely connected convolutional networks [C]. In: *2017 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition: CVPR*. Honolulu: IEEE, 2017: 2261-2269
- [31] 张宸嘉, 朱磊, 俞璐. 卷积神经网络中的注意力机制综述[J]. 计算机工程与应用, 2021, 57(20): 64-72
- Zhang C J, Zhu L, Yu L. Review of attention mechanism in convolutional neural networks [J]. *Computer Engineering and Applications*, 2021, 57(20): 64-72 (in Chinese)
- [32] Liu N, Han J W, Yang M H. PiCANet: learning pixel-wise contextual attention for saliency detection[C]. In: *2018 IEEE/CVF Conference on*

- Computer Vision and Pattern Recognition. Salt Lake City: IEEE, 2018: 3089-3098
- [33] Hu J, Shen L, Sun G. Squeeze-and-excitation networks[C]. In: 2018 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition. Salt Lake City: IEEE, 2018: 7132-7141
- [34] Woo S, Park J, Lee J Y, Kweon I S. CBAM Convolutional block attention module[C]. In: Proceedings of the European Conference on Computer Vision: ECCV. Munich: Springer, 2018: 3-19
- 责任编辑: 刘迎春



第一作者简介: 张帅杰,男,硕士研究生,现就读于浙江农林大学数学与计算机科学学院农业工程与信息技术专业。主要研究领域为农产品智能检测、人工智能及图像识别。在校期间获得浙江农林大学一等新生奖学金和二等学业奖学金。



通讯作者简介: 戴丹,女,副教授,硕士生导师,现任浙江农林大学数学与计算机科学学院副教授,同时担任中组部、农业农村部特邀讲师。从事农产品智能检测、人工智能与深度学习、商务智能与自然语言处理等方面的研究,先后承担和参与国家自然科学基金、浙江省自然科学基金等各类项目10余项,连续4年主持“临安市核桃指数体系”编制项目。发表论文30余篇,其中SCI/EI/一级期刊收录10篇,主编或参编教材5部,获得10余项软件著作权。作为主要成员获浙江省科技进步二等奖,浙江省教学成果奖二等奖。连续7年担任浙江省科技特派员,助力乡村振兴,并获得省优秀科技特派员称号。