

基于微根管图像的作物根系分割和表型信息提取

郑一力^{1,2,3}, 张振翔^{1,2}, 邢达^{1,2}, 刘卫平^{1,2}

(1. 北京林业大学工学院, 北京 100083; 2. 林业装备与自动化国家林业和草原局重点实验室, 北京 100083;
3. 林木资源高效生产全国重点实验室, 北京 100083)

摘要: 微根管法采集的作物根系图像具有复杂的土壤背景和较小的根系占比, 当深度学习的感受野较小或多尺度特征融合不充分时, 会导致根系边缘处的像素被错分为土壤。同时, 微根管法的图像采集周期长且在初期很难采集到大量有效样本, 限制了根系提取模型的快速部署。为提升根系表型测算精度和优化提取模型部署策略, 该研究设计了一种原位自动根系成像系统以实时获取作物的微根管图像, 构建全尺度跳跃特征融合机制, 使用感受野丰富的 U²-Net 模型对微根管图像中的根系像素进行有效分类。结合数据增强以及迁移学习微调训练, 实现对目标种类根系提取模型的快速部署。试验结果表明, 使用加入全尺度跳跃特征融合机制的改进 U²-Net 模型对蒜苗根系分割的 F1 得分和交并比 IoU 分别为 86.54% 和 76.28%, 相比改进前、U-Net、SegNet 和 DeeplabV3+ Resnet50 模型, F1 得分分别提高 0.66、5.51、8.67 和 2.84 个百分点; 交并比分别提高 1.02、8.18、12.52 和 4.31 个百分点。迁移学习微调训练相比混合训练, 模型的 F1 得分和交并比分别提高了 2.89 和 4.45 个百分点。改进 U²-Net 模型分割图像的根系长度、面积和平均直径与手动标注结果的决定系数 R^2 分别为 0.965、0.966、0.830。研究结果可为提升基于微根管图像的根系表型测算精度和根系提取模型的快速部署提供参考。

关键词: 图像分割; 迁移学习; 微根管; U²-Net; 蒜苗; 根系表型

doi: 10.11975/j.issn.1002-6819.202403138

中图分类号: S24; TP391.4

文献标志码: A

文章编号: 1002-6819(2024)-18-0110-10

郑一力, 张振翔, 邢达, 等. 基于微根管图像的作物根系分割和表型信息提取[J]. 农业工程学报, 2024, 40(18): 110-119. doi: 10.11975/j.issn.1002-6819.202403138 <http://www.tcsae.org>

ZHENG Yili, ZHANG Zhenxiang, XING Da, et al. Crop root segmentation and phenotypic information extraction based on images of minirhizotron[J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering (Transactions of the CSAE), 2024, 40(18): 110-119. (in Chinese with English abstract) doi: 10.11975/j.issn.1002-6819.202403138 <http://www.tcsae.org>

0 引言

根系是作物吸收土壤水分以及氮、磷等营养物质的重要传输通道和介质, 其表型参数是影响根系吸收养分效率的关键因素^[1-2]。研究作物根系对理解作物与土壤间的相互作用和作物生长具有重要意义。

受限于根系取样的困难, 根系研究相较于地上部分研究进展缓慢。采用挖掘法等手动取样时, 不可避免地造成根系样本的缺失, 尤其是细根部分^[3]。取样后的根系无法在原位进行生长, 难以实现对土壤中根系的动态观测, 不利于测算根系的生长量和死亡量^[3]。微根管是观察细根生长、衰败、死亡以及分解过程的有效工具^[4]。将观测管插入待测根系的周围土壤中, 使用管内相机可动态观测沿管壁生长的根系, 方便观测根系在原位的生长变化, 分析不同土壤层中根系的生长差异。

常见的微根管产品包括 CID Bio-Science 公司的 CI 系列以及 Vienna-scientific 公司的 MS-190 等, 需要利用标定手柄将观测器件手动导入预埋管中进行捕捉拍照,

无法长期连续对根系自动采集图像。根据根系自动观测任务需要, RAHMAN 等^[5]研制了一种自动采集图像和多光谱成像的微根管设备, 应用于野外油菜根系。NAIR 等^[6]提出一种微根管图像高频采集设备, 获取了根系表型参数的日时间序列数据。

为计算根系表型参数, 需要提取图像中的根系像素, 提取像素的精度直接影响表型参数的分析结果。相比人工手动标注, 计算机图像处理技术可有效提高根系像素提取的效率和精度。DEFRENNE 等^[7]对真菌微根管图像使用 RootTrack 软件提取菌丝表型参数, 分析泥炭地温度对菌丝性状的影响。SVANE 等^[8]在多光谱根系图像中, 通过增强活根像素和血管形态增强滤波器等手段提取根系像素, 区分不同的根部成分。李燕丽等^[9]通过灰度转化、对比度增强、二值化以及中值滤波去噪等方式提取根系像素并计算表型参数, 研究不同盐胁迫的小麦根系响应。微根管图像存在土壤背景复杂、根系占比小和生长结构不一致等难题, 传统图像处理算法依赖阈值、对比度等超参数, 没有足够的泛化能力。

基于卷积神经网络 (convolutional neural network, CNN) 的深度学习模型是一种端到端的图像处理^[10], 在医学^[11]和交通^[12]等领域的小目标分割任务中具有优异表现, 为微根管图像的根系像素提取提供了有益借鉴。

收稿日期: 2024-03-21 修订日期: 2024-06-14

基金项目: 国家自然科学基金青年基金项目 (32101590); 北京林业大学“5·5 工程”科研创新团队项目 (BLRC2023C05)

作者简介: 郑一力, 博士, 教授, 研究方向为智慧农林监测等。

Email: zhengyili@bjfu.edu.cn

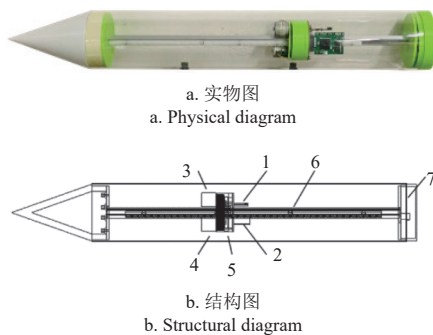
SMITH 等^[13] 基于 CNN 方法开发了一款根系图像分析软件, 该软件计算的根系表型参数与手动注释间存在显著的相关性。YU 等^[14] 使用多实例学习和类激活图方法, 在分析中重新权衡了根系和土壤像素, 提高了分割性能。HUANG 等^[15] 通过加入全局注意力机制 (global attention mechanism, GAM)^[16] 改进 OCR-Net^[17] 网络模型, 分割高分辨率棉花微根管图像, 准确率达到 98.66%。乌兰等^[18] 用内容感知特征重组模块改进 DeepLabV3+^[19] 模型的上采样, 分割马铃薯根系图像, 平均交并比达到 94.05%。深度学习模型的感受野较小或尺度融合不充分时, 会影响根系边缘处像素识别能力^[18]。上述研究中, 微根管需要较长周期采集足够的有效图像, 导致模型的部署时间延长。

在微根管图像中, 部分作物根系会被土壤覆盖且根系边缘和环境间的区分度较小。为此, 本研究设计了一种原位自动根系成像系统以获取作物的微根管图像, 同时在感受野丰富的 U²-Net 模型中构建全尺度跳跃特征融合机制, 以提高微根管图像中根系边缘像素的识别能力。在采样初期, 结合数据增强与迁移学习微调训练方法改善根系图像的分割效果, 以期为提升微根管图像中根系表型参数的测算精度和根系提取模型的快速部署提供有效支撑。

1 材料与方法

1.1 原位自动根系成像系统

原位自动根系成像系统 (图 1) 主要由透明亚克力管、控制单元、微窥相机、网关模块和步进电机等组成。在内径 80 mm, 厚 2 mm, 长 500 mm 的透明亚克力管中, 2 个步进电机提供动力输出, 滑轨和齿条提供传动引导, 使云台上的 CMOS (complementary metal oxide semiconductor) 微窥相机在管内实现旋转和直线运动, 自动拍摄沿管壁生长的局部根系图像。全志 H3 系统芯片是原位自动根系成像系统的核心控制单元, 控制微窥相机进行拍摄。



1.微窥相机 2.控制单元 3.旋转电机 4.直行电机 5.云台 6.滑轨与齿条 7.网关模块
1. Micro camera 2. Control unit 3. Rotating motor 4. Straight motor 5. Gimbal 6. Sliding rails and racks 7. Gateway module

图 1 原位自动根系成像系统实物图与结构图

Fig.1 Physical and structural diagram of the in-situ automatic root imaging system

原位自动根系成像系统可插入含作物根系的土壤中, 通过网关模块上的以太网接口或 WLAN 方式接入 PC 端或手机端, 控制设备和获取图像 (图 2)。在自动拍摄过程中, 微窥相机先完成一周的旋转拍摄, 之后直线移动一个间距继续拍摄一周, 直到云台移动至底部, 最终完成一个拍摄序列, 从而获得微根管中作物根系的全景图, 如图 3b。

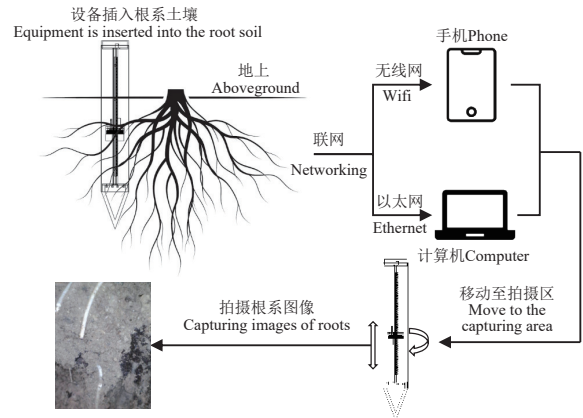
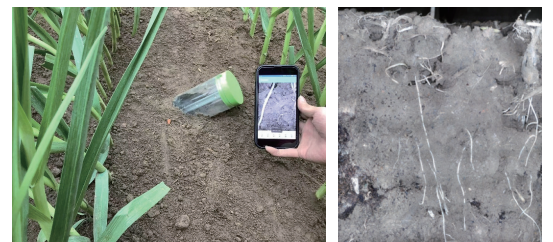


图 2 根系图像获取流程

Fig.2 Acquisition process of root images



a. 图像采集
a. Capturing images
b. 蒜苗根系图像
b. Image of garlic sprout roots

图 3 根系图像采集

Fig.3 Capturing image of roots

1.2 试验数据集

1.2.1 蒜苗根系数据集

本研究采用原位自动根系成像系统于 2023 年 4 月在北京海淀区北京林业大学苗圃 (40°00'76''N, 116°33'80''E) 获取 88 张成熟期蒜苗根系局部图像, 单张图像的分辨率大小为 480×640 像素。结合微根管图像特点, 为扩充蒜苗根系图像数量, 采用色调变换、裁剪、旋转和镜像 4 种增强策略^[15], 每种增强策略相互独立。数据增强后的蒜苗根系图数量共计 440 张, 并按照 7: 2: 1 比例划分训练集、验证集、测试集。图 4 是 4 种数据增强效果图。

具体的数据增强策略: 1) 色调变换: 在 R、G、B 三个通道上进行 0~50 范围的随机色调改变; 2) 裁剪: 对原图的高和宽在 0.5~0.8 倍范围进行裁剪, 最后将裁剪后的图像放大, 分辨率为 512×512 像素; 3) 旋转: 原图在 -45°~45° 范围内进行随机旋转; 4) 镜像: 原图沿 X 或 Y 轴随机进行镜像翻转。

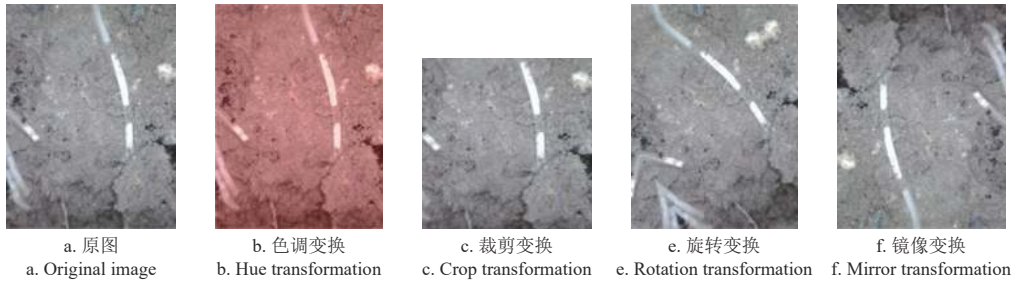


图 4 数据增强效果

Fig.4 Data augmentation effect

1.2.2 PRMI 数据集

为使后续模型筛选试验有足量的训练和测试样本，引入数据种类丰富且数量大的 PRMI (plant root minirhizotron imagery) 数据集^[20]。该数据集涵盖棉花、木瓜、花生、芝麻、向日葵和柳枝稷 6 种作物不同土壤深度和时间的微根管根系图像，其中超过 63 000 个图像已手动标注，并生成了二进制掩码图像作为像素级标签。PRMI 数据集如表 1 所示。

表 1 PRMI 数据集

作物-每英寸像素点 Crops-DPI(dots per inch)	训练集 Training set	验证集 Validation set	测试集 Testing set	总计 Total
棉花-150 Cotton-150	1 271	564	577	2 412
木瓜-150 Papaya-150	282	131	133	546
花生-120 Peanut-120	10 087	3 413	3 542	17 042
花生-150 Peanut-150	11 485	3 347	4 793	19 625
芝麻-120 Sesame-120	1 438	318	404	2 160
芝麻-150 Sesame-150	8 637	2 625	3 084	14 346
向日葵-120 Sunflower-120	2 211	722	967	3 900
柳枝稷-300 Switchgrass-300	2 647	665	600	3 912

1.2.3 迁移学习微调训练与混合训练数据集

针对微根管采样初期训练样本较少的问题，本研究将对比迁移学习微调训练与混合训练在蒜苗数据集集中的实际分割效果，为根系提取模型的快速部署提供优选训练方法。

迁移学习微调训练是在预训练模型的基础上，迁移网络结构与权重参数，针对目标数据集，进一步调整模型权重参数，利用有限的的数据实现良好的任务表现^[21]。混合训练是将不同来源的数据集进行混合，统一参与模型训练过程，可增加参与训练的数据数量，丰富数据和特征种类的多样性，以提高模型的泛化性^[22]。迁移学习微调训练与混合训练流程如图 5 所示。

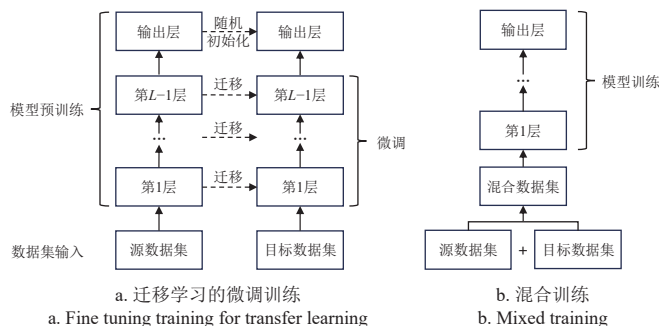


图 5 迁移学习的微调训练与混合训练流程

Fig.5 Process of fine tuning training for transfer learning and mixed training

上述 2 种训练方法的训练和测试样本划分如下：

- 1) 蒜苗数据集：即目标数据集；
- 2) 混合数据集：为平衡参与混合训练的样本种类，参考蒜苗数据集总量，从 PRMI 数据集的每种作物根系图像中约抽取 463 张，共 2 780 张图像与蒜苗数据集合并，用于混合训练；
- 3) 源数据集：使用混合数据集中的 2 780 张图像，按照 7: 3 比例划分为训练集与验证集，用于模型预训练。试验数据集划分如表 2 所示。

表 2 试验数据集划分

数据集 Datasets	训练集 Training set	验证集 Validation set	测试集 Testing set	总计 Total
蒜苗数据集 Garlic sprout set	308	88	44	440
源数据集 Source set	1 945	835		2 780
混合数据集 Mixed set	2 253	923	44	3 320

1.3 根系分割模型构建

1.3.1 U²-Net 模型

微根管图像的根系像素占比小且分布不均，属于小目标分割任务，利用感受野丰富的深度学习模型扩大输出特征的感知范围，有助于提升图像分割效果。U²-Net 模型是一种两级 U 型嵌套深度学习网络^[23]，如图 6。该模型采用对称式编码器-解码器结构，其中 En_1 到 En_6 为编码器部分，De_1 到 De_5 为解码器部分。残差 U 模块 (residual U-block, RSU) 代替了 U-Net^[24] 模型中编码器和解码器的单流卷积模块。

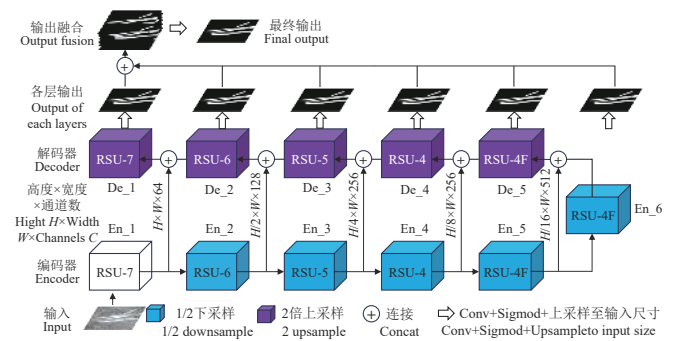


图 6 U²-Net 模型结构

Fig.6 Structural of U²-Net model

在神经网络中，感受野 (receptive field) 代表了网络中某一层的输出特征受到相对输入层中的影响范围^[25]。在 U²-Net 中，每一层的 RSU 模块都可被视为 U-Net 模

型的一部分，因此具备更丰富的感受野，有利于全局信息的捕捉。式 (1) 为感受野的计算公式，其中 R_n 表示当前层的感受野大小； R_{n-1} 表示上一层感受野大小； K_n 表示当前层卷积核大小； S_n 表示当前层卷积核步幅。

$$R_n = R_{n-1} + (K_n - 1) \times S_n \quad (1)$$

图 7a 的 RSU-L 模块用于浅层的高分辨率图像阶段， L 代表模块深度， L 值越大，对应层的上下采样操作越多，从而获取更多种类的感受野以及尺度特征信息。由于深层结构处的分辨率较低，每 1 次池化操作后，下一层的 RSU-L 模块深度减少 1 层，以减少信息丢失，减轻计算负荷。图 7b 的 RSU-4F 模块应用于模型的最后两层，将原先的上下采样操作替换成膨胀卷积。该阶段的输入分辨率相较于原输入缩小 16 倍，继续在模块内进行池化操作并不能有效提高模型性能，通过膨胀卷积可增大感受野，提高模型深层结构中上下文信息捕捉能力^[23]。

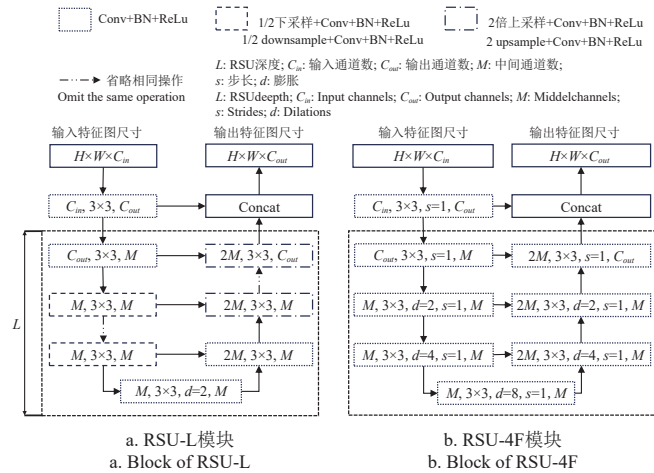


图 7 RSU 模块

Fig.7 Block of RSU(residual U-block)

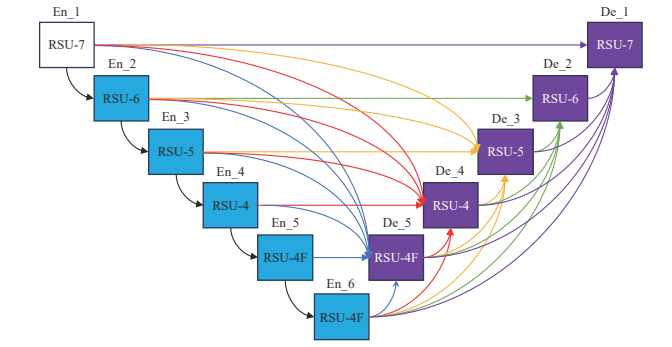
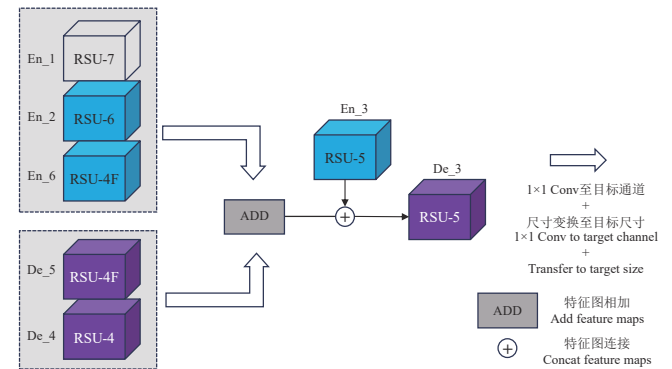
1.3.2 全尺度跳跃特征融合

在根系图像中，增强模型对根系周围环境的理解可以有效提高对根系边界的识别精度。在 U^2 -Net 中加入全尺度跳跃特征融合机制，即解码器的输入由上下层在全尺度范围上提供更多的特征信息组成，使网络实现不同层之间的信息传递^[26]。结合不同尺度特征信息来强化根系与土壤之间的对比，使模型能够更好地理解根系与土壤之间的相互关系，以此加强对根系边缘处像素的识别能力。全尺度跳跃为网络提供了额外的特征信息传递路径，帮助网络从不同角度进行多样性的特征学习，进一步提高了模型的泛化能力。

如图 8a，每个解码器的输入由上层编码器和下层解码器的输出特征共同组成，以提供不同路径的特征信息。其中，上层编码器提供了浅层的初级语义特征信息，下层解码器提供了深层次的高级语义特征信息，提高了模型对多尺度特性信息的保留能力，利用多尺度特征信息提高解码器的信息还原能力。

图 8b 为 De_3 解码器的特征融合流程。上层编码器 En_1、En_2 和 En_6，与下层解码器 De_5 和 De_4，对

输出特征图先后进行 1×1 卷积操作和双线性插值，以调整特征图尺寸和通道大小。考虑到计算资源以及模型轻量化，采用相加操作对输出特征图进行融合，实现特征信息的保留。融合后的特征图与 En_3 进行连接操作，并作为输入传递到该层解码器的 RSU 模块，最终对特征图像进行信息还原。

a. 改进 U^2 -Net 模型结构
a. Structure of improved U^2 -Net modelb. De_3 解码器特征融合流程
b. Feature fusion process of De_3 decoder图 8 改进 U^2 -Net 结构与特征融合流程Fig.8 Improved U^2 -Net structure and process of feature fusion

1.4 根系表型计算方法

先对土壤背景下的微根管 RGB 图像中根系像素进行提取，根据像素的实际大小以及数量计算根系表型参数^[27-29]。本研究对模型分割的蒜苗根系二值图像的根系长度、平均直径、投影面积 3 个性状进行计算。

图 9 为原位自动根系成像系统在 $1 \text{ mm} \times 1 \text{ mm}$ 方格图中的相机标定图，其中 A、B 两点的像素坐标分别为 (0, 0) 和 (453, 604) 像素，尺寸坐标分别为 (0, 0) 和 (6, 8) mm。DPI_X 为 X 轴方向上每英寸的像素点数，DPI_Y 为 Y 轴方向上每英寸的像素点数。根据 A、B 两点的像素点位坐标 (A_{iX} 、 A_{iY} 、 B_{iX} 、 B_{iY}) 与尺寸点位坐标 (A_{sX} 、 A_{sY} 、 B_{sX} 、 B_{sY}) 间的比值，如式 (2) ~ (3)，计算 DPI_X 与 DPI_Y 约为 1 900，即单个像素长度约为 0.013 mm。

$$DPI_X = 25.4 \times \frac{B_{iX} - A_{iX}}{B_{sX} - A_{sX}} \quad (2)$$

$$DPI_Y = 25.4 \times \frac{B_{iY} - A_{iY}}{B_{sY} - A_{sY}} \quad (3)$$

根系投影面积 A 是原位自动根系成像系统拍摄根系

图像在平面上的投影面积大小,即图像中根系的二维面积,通过图像中实际像素单位面积 l^2 和实际根系像素数量 b 计算,如式(4)。

$$A = b \times l^2 \quad (4)$$

定义垂直和水平方向的像素点距离为1,斜对角 45° 方向的像素点距离为 $\sqrt{2}$,则根系长度 L 由垂直和水平方向的像素统计数量 N 和斜对角 45° 方向的像素统计数量 M 计算,如式(5)。

$$L = (N \times 1 + M \times \sqrt{2}) \times l \quad (5)$$

本文将根系二元图像进行多段式分割,分段数量为 n ,求和每段根系的投影面积 A_i 与长度 L_i 的比值均值计算整体的根系直径 R ,如式(6)。

$$R = \frac{\sum_{i=1}^n \frac{A_i}{L_i}}{n} \quad (6)$$

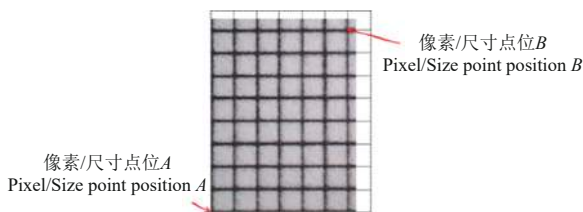


图9 相机标定板

Fig.9 Camera calibration board

1.5 模型对比试验

1.5.1 试验流程

为优化微根管根系提取模型快速部署模型和训练方法,首先在PRMI数据集中进行模型筛选,然后在蒜苗数据集中进行模型验证,选出最优模型。其中,对比模型包括改进前后的U²-Net、U-Net^[24]、SegNet^[30]以及DeeplabV3+_Resnet50^[18]模型。最后对比迁移学习微调训练和混合训练在蒜苗测试集的实际分割效果,为模型快速部署选出最优训练方法。试验流程如图10。

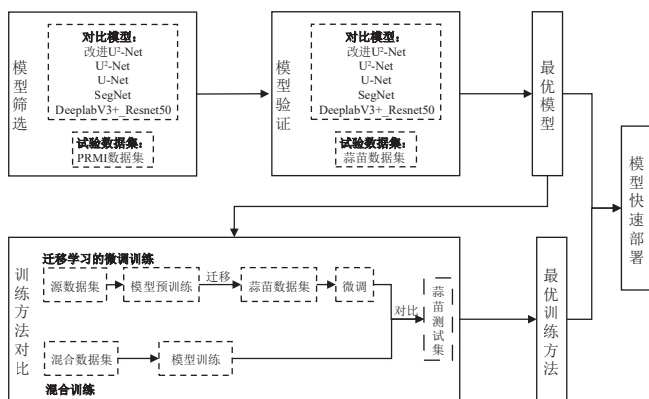


图10 试验流程图

Fig.10 Experimental flow chart

U-Net、SegNet 以及 DeeplabV3+_Resnet50 模型是图

像语义分割领域中较为常用的模型。其中, U-Net 和 SegNet 模型均为对称的编码器和解码器结构, U-Net 通过跳跃连接帮助网络保留细节信息, SegNet 的解码器采用最大池化索引恢复低层次特征信息。DeeplabV3+_Resnet50 模型通过空洞卷积和空间金字塔池化模块在不损失空间分辨率下捕捉多尺度信息,并以 Resnet50 为骨架网络,帮助网络进行更深层次的训练。

1.5.2 试验环境

以 NVIDIA RTX3080×2 (显存 20 G) 为训练硬件平台,模型框架由 Pytorch1.10 和 Python3.8 搭建。微根管图像的根系提取属于二分类问题,在对比试验中,模型的输出层采用 Sigmoid 激活函数,并将输出阈值统一设置为 0.5。损失计算采用二元交叉熵损失函数。

学习率优化器选用 AdamW, 动态调整训练过程中的学习率,以加快模型收敛速度。初始学习率设置 0.001,权重衰减设置 0.0001,训练次数为 200,批数据处理大小为 16。为避免模型过拟合,以最大 F1 得分作为训练过程的验证指标,输出最优训练模型。

由于数据集中各图像的分辨率不同,在训练前,将所有图像分辨率统一调整为 320×320 像素,便于统一训练。

1.5.3 评价指标

试验采用准确率 (Accuracy)、精确率 (Precision)、召回率 (Recall)、F1 得分 (F1 score) 和交并比 (intersection over union, IoU) 5 个指标评估微根管图像分割模型性能^[15]。

2 结果与分析

2.1 模型性能对比与分析

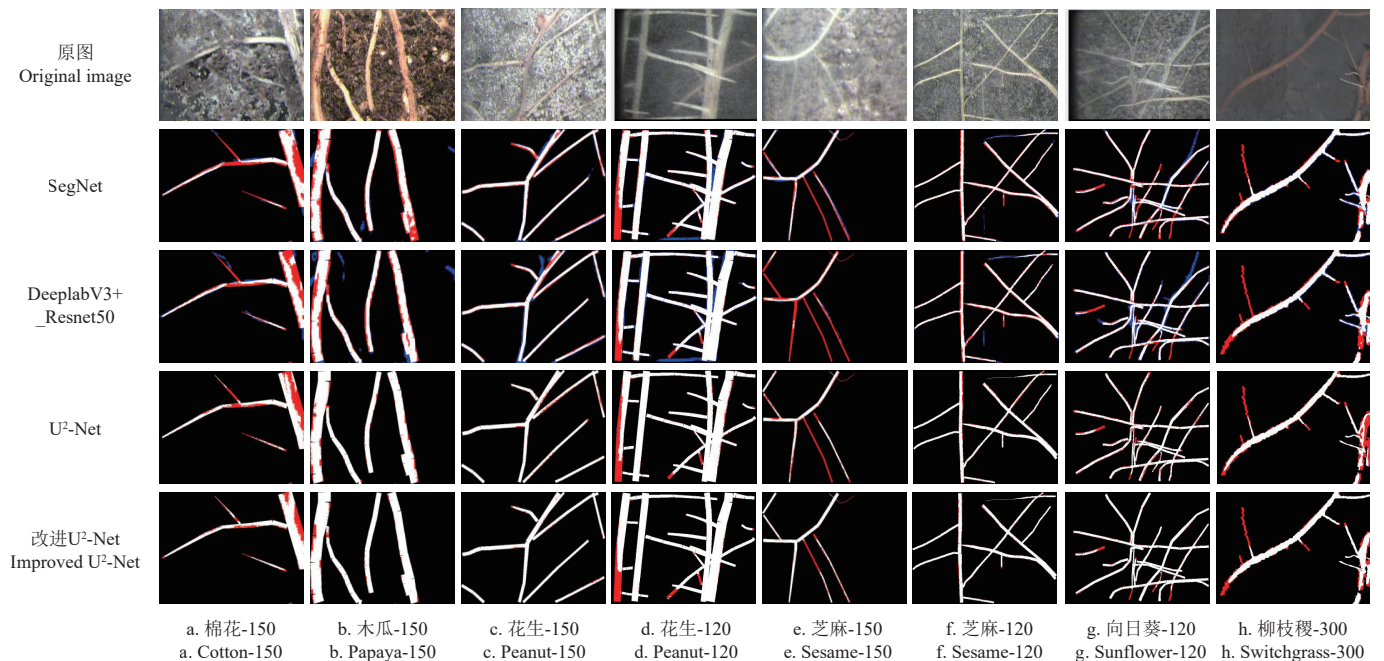
2.1.1 PRMI 数据集中各模型评价指标与分割效果对比

为合理筛选模型,在 PRMI 数据集中进行对比试验,结果如表 3 所示。加入全尺度跳跃特征融合后的 U²-Net 模型性能最佳,其 IoU 以及 F1 得分最高,在 PRMI 数据集的 8 个类别中,其平均 F1 得分以及 IoU 分别为 61.55% 和 45.71%。平均 F1 得分相比改进前、U-Net、SegNet、DeeplabV3+_Resnet50 模型分别提高了 3.54、12.84、2.11 和 2.7 个百分点;平均 IoU 分别提高了 3.58、11.22、1.62 和 2.08 个百分点。表明改进 U²-Net 模型的鲁棒性以及泛化性得到进一步改善。

图 11 为各模型在 PRMI 数据集的根系分割效果。对于棉花-150 和木瓜-150,部分根系被土壤遮挡,SegNet 以及 DeeplabV3+_Resnet50 模型没有正确识别此处的根系像素,而改进 U²-Net 模型可以识别此部分连续的根系像素,使根系分割图像更加连贯,提高根系表型的计算精度。在根系清晰的原图中,SegNet 以及 DeeplabV3+_Resnet50 将与土壤相近的根系边缘像素错分成土壤像素,而改进 U²-Net 模型在根系边缘处的欠分割现象明显减少,表明模型对根系边缘的识别能力得到改善。

表 3 PRMI 中模型评价指标对比
Table 3 Comparison of model evaluating indicators in PRMI (plant root minirhizotron imagery)

作物-每英寸像素点 Crops-DPI	SegNet		DeeplabV3+_Resnet50		U ² -Net		改进 U ² -Net Improved U ² -Net		
	F1 得分 F1 score/%	交并比 IoU/%	F1 得分 F1 score/%	交并比 IoU/%	F1 得分 F1 score/%	交并比 IoU/%	F1 得分 F1 score/%	交并比 IoU/%	
棉花-150 Cotton-150	43.50	27.79	51.46	34.64	50.30	33.60	53.46	36.48	
木瓜-150 Papaya-150	76.79	62.33	77.89	63.78	76.30	61.70	78.49	64.61	
花生-150 Peanut-150	77.48	63.24	77.49	54.16	64.70	47.80	68.19	51.73	
花生-120 Peanut-120	70.86	54.87	70.26	56.25	70.70	54.70	75.42	60.53	
芝麻-150 Sesame-150	32.39	19.32	25.00	14.29	36.10	22.00	41.31	26.03	
芝麻-120 Sesame-120	44.33	28.48	44.66	28.75	39.90	24.90	43.99	28.20	
向日葵-120 Sunflower-120	61.83	44.75	58.20	41.08	60.10	43.00	64.07	47.13	
柳枝稷-300 Switchgrass-300	68.37	51.94	65.86	49.10	66.00	49.30	67.50	50.94	
平均值 Average value	59.44	44.09	58.85	43.63	58.01	42.13	61.55	45.71	
基线模型 Baseline models		U-Net		IR-Net					
基线平均值 Average value of baseline		F1 得分 F1 score/%	交并比 IoU/%	F1 得分 F1 score/%	交并比 IoU/%				
		48.71	34.49	10.26	5.56				



注：蓝色表示过分割像素，红色表示欠分割像素。下同。
Note: Blue represent over segmented pixels, and red represent under segmented pixels. The same below.

图 11 PRMI 数据集中各模型分割效果
Fig.11 Segmentation effect of various models for PRMI dataset

2.1.2 蒜苗数据集中各模型性能对比

为进一步验证模型，在蒜苗数据集中对各模型的表现进行定量分析。记录 5 种模型在训练过程中的损失以及验证集的最大 F1 得分，结果如图 12。U-Net、SegNet 以及 DeeplabV3+_Resnet50 模型在第 25 个 epoch 损失趋于收敛至 0.01，而 U²-Net 及改进 U²-Net 模型在第 125 个 epoch 损失趋于收敛至 0.09。由于 U²-Net 模型在每一个编解码阶段都需要将输入经过多次特征提取操作，且改进后模型的解码器输入需要对上下层的输出特征图进行融合，导致模型收敛速度较慢。改进 U²-Net 模型在验证学习曲线中表现最好，表明模型能更好地识别根系特征，拟合能力更强。

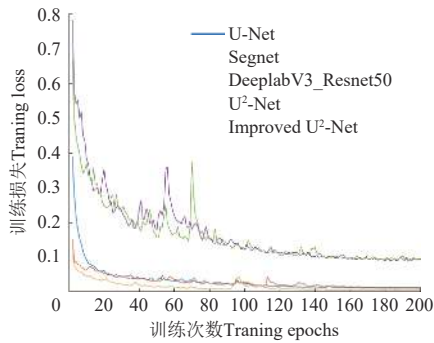
5 种模型在蒜苗数据集中的评价指标如表 4。各模型

的准确率都在 99% 左右，但微根管图像的目标区域小，背景像素多，是准确率指标较高的主要原因。改进 U²-Net 模型的 F1 得分以及 IoU 分别达到 86.54% 和 76.28%。相比改进前、U-Net、SegNet 和 DeeplabV3+_Resnet50 模型，F1 得分分别提高 0.66、5.51、8.67 和 2.84 个百分点；IoU 分别提高 1.02、8.18、12.52 和 4.31 个百分点。验证了改进 U²-Net 模型的性能。

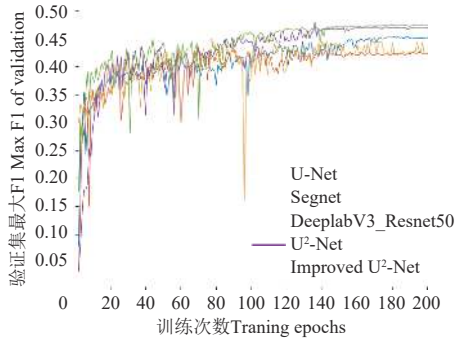
2.1.3 迁移学习微调训练与混合训练对比

为提升采样初期模型性能，选取改进 U²-Net 模型，对比微调训练和混合训练在蒜苗测试集中的评价指标，如表 5。混合训练采用混合数据集，微调训练采用蒜苗数据集。相比混合训练，微调训练的 F1 得分和 IoU 分别提高 2.89 和 4.45 个百分点，有效调整了模型参数以改善

分割效果。相比微调训练前 (表 4), 微调训练的精确率下降 1.38 个百分点, 召回率提升 3.35 个百分点, 提升了模型对根系像素的敏感度。在模型训练损失的迭代过程中 (图 13), 经过源数据集的预训练后, 模型的训练损失收敛更快, 收敛值进一步降低, 表明迁移学习微调训练有效地利用有限的原始数据提升模型分割效果, 在采样初期, 可作为模型快速部署的优选训练方法。



a. 模型训练损失曲线
a. Model training loss curves



b. 模型验证学习曲线
b. Model learning curves for validations

图 12 训练损失与学习曲线
Fig.12 Training loss and learning curves

表 4 蒜苗数据集中各模型评价指标对比

Table 4 Comparison of model evaluating indicators in garlic sprout datasets

模型 Models	准确率 Accuracy/%	精确率 Precision/%	召回率 Recall/%	F1 得分 F1 score/%	交并比 IoU/%
U-Net	99.07	84.89	77.50	81.03	68.10
SegNet	98.90	80.46	75.43	77.87	63.76
DeeplabV3+_Resnet50	99.19	86.47	81.11	83.70	71.97
U ² -Net	99.28	85.51	86.26	85.88	75.26
改进 U ² -Net	99.31	86.45	86.63	86.54	76.28

表 5 微调训练与混合训练对比

Table 5 Comparison between fine tuning training and mixed training

训练方法 Training methods	准确率 Accuracy/ %	精确率 Precision/ %	召回率 Recall/ %	F1 得分 F1 score/ %	交并比 IoU/ %
混合训练 Mixed training	99.18	81.58	87.77	84.56	73.26
微调训练 Fine tuning training	99.34	85.07	89.98	87.45	77.71

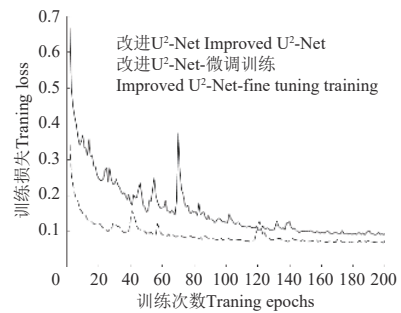


图 13 微调训练前后的训练损失

Fig.13 Training loss before and after fine tuning

2.1.4 蒜苗数据集中各模型分割效果对比

5 种模型和微调训练后对蒜苗根系图像的分割效果如图 14。

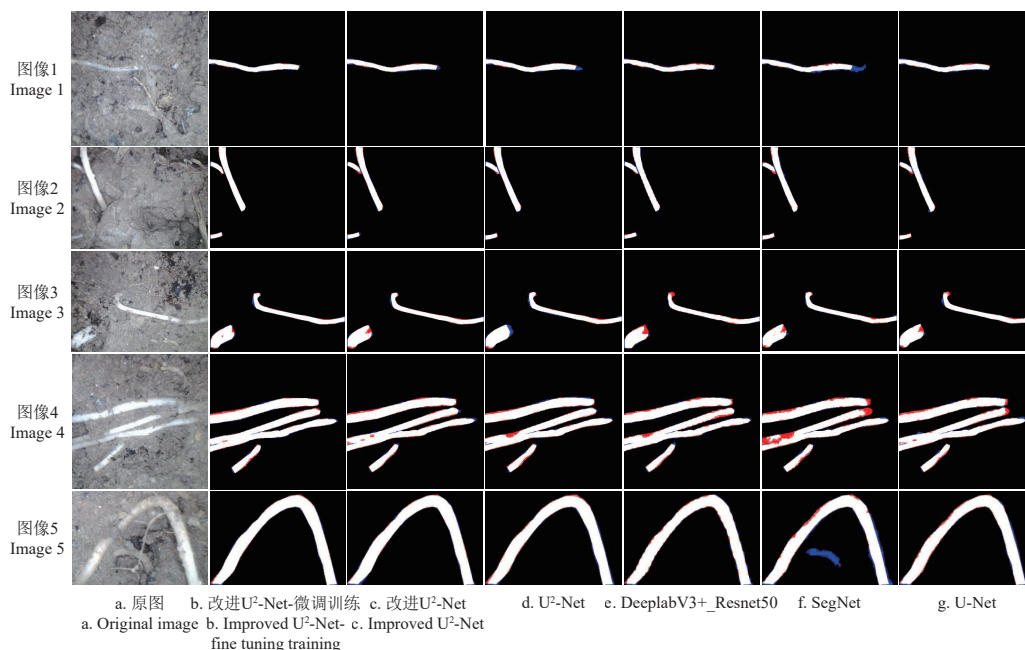


图 14 蒜苗根系中各模型分割效果

Fig.14 Segmentation effect of various models for garlic sprout roots

其中, U-Net、SegNet 以及 DeeplabV3+_Resnet50 模型在根系边缘处的欠分割以及过分割现象较为显著, 表明这 3 种模型对于土壤和根系的区分能力不足, 并且 SegNet 对图像中类似根系结构的土壤产生误判, 说明该模型并没有很好地学习到根系的颜色特征。由于全尺度跳跃特征融合机制的加入, 改进 U²-Net 模型有效保留了上下层的特征信息, 增强了模型对根系与土壤之间区分能力, 根系边缘处的过分割以及欠分割现象明显减少。并且, 微调训练后的模型分割效果更加细腻平滑, 接近手动标签, 表明改进 U²-Net 模型与迁移学习微调训练有效改善了根系边缘像素的分类效果。

2.2 根系表型分析

使用改进 U²-Net 模型分割蒜苗根系图像, 从根系长度、根系投影面积以及根系平均直径 3 个性状进行根系表型分析。

根据式 (5), 根系长度计算需要中心线处像素的方向及数量, 因此, 本研究使用 skeletonize 函数对分割图像进行中心线提取操作。由于模型预测的分割图像中存

在像素噪点或缺失的情况, 会产生多余分支影响长度计算结果, 需要对二值图像进行腐蚀膨胀处理, 如图 15。此外, 依照式 (4) 和式 (6) 计算根系投影面积与根系平均直径。

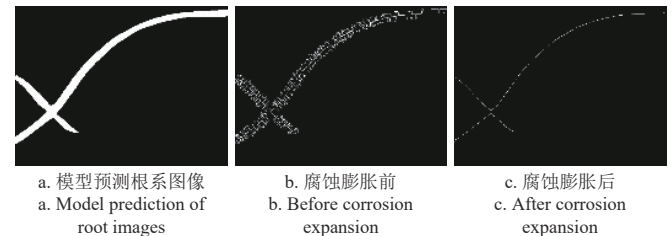


图 15 腐蚀膨胀前后中心线对比

Fig.15 Comparison of centerline before and after corrosion expansion

为评估改进 U²-Net 模型的分割精度, 本研究对 44 张蒜苗根系图像分别使用模型分割方法与手动标注方法, 在根系长度、面积以及平均直径 3 个性状中, 通过线性回归方法进行相关性分析, 如图 16。

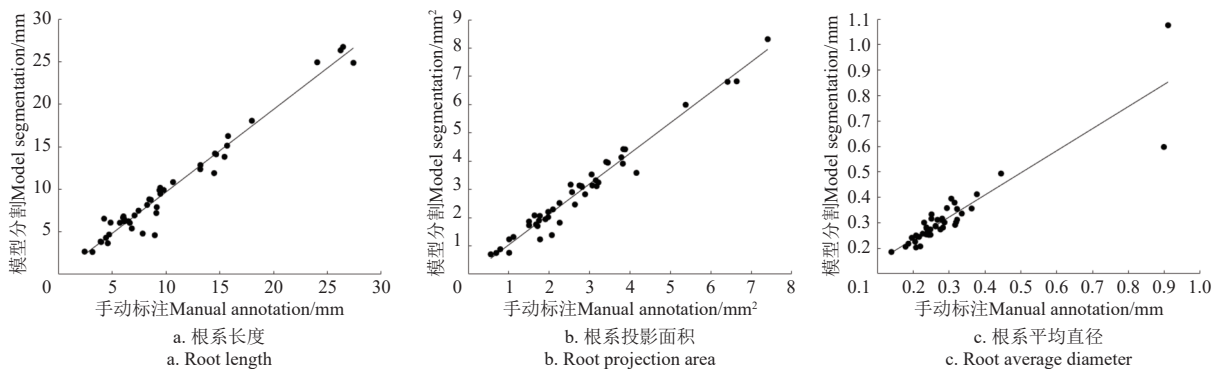


图 16 表型参数回归分析

Fig.16 Regression analysis of phenotype parameters

通过计算结果可知, 改进 U²-Net 模型分割图像的根系长度、面积以及平均直径与手动标注间的决定系数 R^2 分别为 0.965、0.966、0.830, 存在高度相关性, 模型分割的根系二值图像可以替代手动标注根系。表明在有限的微根管图像条件下, 使用改进 U²-Net 模型, 结合数据增强和迁移学习微调训练方法, 是提升根系表型测算精度和快速部署根系提取模型的有效方法。

3 结论

针对微根管图像中根系边缘像素错误识别问题, 本文提出一种原位自动根系成像系统, 并以该系统获取的微根管图像为研究对象, 在 U²-Net 模型中构建全尺度跳跃特征融合机制。针对微根管采集样本的周期较长的问题, 对比迁移学习微调训练和混合训练方法, 为根系提取模型的快速部署提供优选训练方法, 主要结论如下:

1) 通过模型在蒜苗数据的验证试验可知, 改进 U²-Net 模型的 F1 得分和 IoU 分别为 86.54% 和 76.28%, 相比改进前、U-Net、SegNet 和 DeeplabV3+_Resnet50 模型, F1 得分分别提高 0.66、5.51、8.67 和 2.84 个百分点; IoU

分别提高 1.02、8.18、12.52 和 4.31 个百分点, 且过分割和欠分割现象明显减少。表明加入全尺度跳跃特征融合后的 U²-Net 模型, 有效改善了模型对微根管图像中根系边缘的识别能力。

2) 相比混合训练, 迁移学习微调训练模型的 F1 得分以及 IoU 分别提高了 2.89 和 4.45 个百分点, 微调训练有效调整了模型参数, 改善分割效果。相比微调训练前, 微调训练加快了模型训练速度并提高模型性能, 是模型快速部署的优选训练方法。

3) 使用改进 U²-Net 模型与手动标注计算根系长度、根系投影面积以及根系平均直径间的决定系数 R^2 分别为 0.965、0.966、0.830, 存在高度相关性。表明在有限的微根管图像条件下, 使用改进 U²-Net 模型结合数据增强和迁移学习微调训练方法, 是提升根系表型测算精度和根系提取模型的快速部署的有效方法。

[参 考 文 献]

- [1] LYNCH J. Root architecture and plant productivity[J]. *Plant Physiology*, 1995, 109(1): 7-13.
- [2] BONSER A M, LYNCH J, SNAPP S. Effect of phosphorus

- deficiency on growth angle of basal roots in *Phaseolus vulgaris*[J]. *New Phytologist*, 1996, 132(2): 281-288.
- [3] 周本智, 张守攻, 傅懋毅. 植物根系研究新技术 Minirhizotron 的起源、发展和应用[J]. *生态学杂志*, 2007, 26(2): 253-260. ZHOU Benzhi, ZHANG Shougong, FU Maoyi. Minirhizotron, a new technique for plant root system research: its invention, development and application[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2007, 26(2): 253-260. (in Chinese with English abstract)
- [4] 史建伟, 于水强, 于立忠, 等. 微根管在细根研究中的应用[J]. *应用生态学报*, 2006, 17(4): 4715-4719. SHI Jianwei, YU shuiqiang, YU Lizhong, et al. Application of minirhizotron in fine root studies[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2006, 17(4): 4715-4719. (in Chinese with English abstract)
- [5] RAHMAN G, SOHAG H, CHOWDHURY R, et al. SoilCam: A Fully Automated Minirhizotron using Multispectral Imaging for Root Activity Monitoring[J]. *Sensors*, 2020, 20(3): 787.
- [6] NAIR R, STRUBE M, HERTEL M, et al. High frequency root dynamics: sampling and interpretation using replicated robotic minirhizotrons[J]. *Journal of Experimental Botany*, 2023, 74(3): 769-786.
- [7] DEFRENNE C E, CHILDS J, FERNANDEZ C W, et al. High-resolution minirhizotrons advance our understanding of root-fungal dynamics in an experimentally warmed peatland[J]. *Plants, People, Planet*, 2021, 3(5): 640-652.
- [8] SVANE S F, DAM E B, CARSTENSEN J M, et al. A multispectral camera system for automated minirhizotron image analysis[J]. *Plant and Soil*, 2019, 441(1): 657-672.
- [9] 李燕丽, 王昌昆, 卢碧林, 等. 基于微根管技术的盐胁迫下小麦根系生长原位监测方法[J]. *土壤学报*, 2021, 58(3): 599-609. LI Yanli, WANG Changkun, LU Bilin, et al. In-situ monitoring method of wheat root growth under salt stress using minirhizotron technique[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2021, 58(3): 599-609. (in Chinese with English abstract)
- [10] 甘雨, 郭庆文, 王春桃, 等. 基于改进 EfficientNet 模型的作物害虫识别[J]. *农业工程学报*, 2022, 38(1): 203-211. GAN Yu, GUO Qingwen, WANG Chuntao, et al. Recognizing crop pests using an improved EfficientNet model[J]. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering (Transactions of the CSAE)*, 2022, 38(1): 203-211. (in Chinese with English abstract)
- [11] VALANARASU J M J, PATEL V M. UNeXt: MLP-based rapid medical image segmentation network[C]// *Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention – MICCAI 2022*. Sentosa Island, Singapore, 2022: 23-33.
- [12] PORZI L, HOFINGER M, RUIZ I, et al. Learning multi-object tracking and segmentation from automatic annotations[C]// *Proceedings of the IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition(CVPR)*. Seattle, WA, USA, 2020: 6846-6855.
- [13] SMITH A G, HAN E, PETERSEN J, et al. RootPainter: deep learning segmentation of biological images with corrective annotation[J]. *New Phytologist*, 2022, 236(2): 774-791.
- [14] YU G, ZARE A, XU W, et al. Weakly supervised minirhizotron image segmentation with MIL-CAM[C]// *Computer Vision – ECCV 2020 Workshops*. Glasgow, UK, 2020: 433-449.
- [15] HUANG Y, YAN J, ZHANG Y, et al. Automatic segmentation of cotton roots in high-resolution minirhizotron images based on improved OCRNet[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2023, 14: 1147034.
- [16] LIU Y, SHAO Z, HOFFMANN N. Global attention mechanism: Retain information to enhance channel-spatial interactions[EB/OL]. (2021-12-10)[2024-06-05]. <http://arxiv.org/abs/2112.05561>.
- [17] YUAN Y, CHEN X, WANG J. Object-contextual representations for semantic segmentation[C]// *Computer Vision – ECCV 2020*. Glasgow, UK, 2020: 173-190.
- [18] 乌兰, 苏力德, 贾立国, 等. 基于改进 DeepLabv3+网络的马铃薯根系图像分割方法[J]. *农业工程学报*, 2023, 39(3): 134-144. WU Lan, SU Lide, JIA Liguang, et al. Image segmentation of potato roots using an improved DeepLabv3+ network[J]. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering (Transactions of the CSAE)*, 2023, 39(3): 134-144. (in Chinese with English abstract)
- [19] CHEN L C, ZHU Y, PAPANDREOU G, et al. Encoder-decoder with atrous separable convolution for semantic image segmentation[C]// *Proceedings of the European Conference on Computer Vision (ECCV)*. Munich, Germany, 2018: 801-818.
- [20] XU W, YU G, CUI Y, et al. PRMI: A dataset of minirhizotron images for diverse plant root study[EB/OL]. (2022-01-20)[2024-03-08]. <http://arxiv.org/abs/2201.08002>.
- [21] XU W, YU G, ZARE A, et al. Overcoming small minirhizotron datasets using transfer learning[J]. *Computers and Electronics in Agriculture*, 2020, 175: 105466.
- [22] ZHAO B, CHEN C, XIAO X, et al. Towards a category-extended object detector with limited data[J]. *Pattern Recognition*, 2022, 132: 108943.
- [23] QIN X, ZHANG Z, HUANG C, et al. U²-Net: Going deeper with nested U-structure for salient object detection[J]. *Pattern Recognition*, 2020, 106: 107404.
- [24] RONNEBERGER O, FISCHER P, BROX T. U-Net: Convolutional networks for biomedical image segmentation[C]// *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention – MICCAI 2015*. Munich, Germany, 2015: 234-241.
- [25] ARAUJO A, NORRIS W, SIM J. Computing receptive fields of convolutional neural networks[J]. *Distill*, 2019, 4(11): e21.
- [26] HUANG H, LIN L, TONG R, et al. U-Net3+: A full-scale connected U-Net for medical image segmentation[C]// *ICASSP 2020 - 2020 IEEE International Conference on Acoustics, Speech and Signal Processing (ICASSP)*. Virtual Conference, 2020: 1055-1059.
- [27] 宗泽, 张雪, 郭彩玲, 等. 基于骨架提取算法的作物表型参数提取方法[J]. *农业工程学报*, 2015, 31(增刊2): 180-185. ZONG Ze, ZHANG Xue, GUO Cailing, et al. Crop phenotypic parameters extraction method based on skeleton extraction

- algorithm[J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering (Transactions of the CSAE), 2015, 31(Supp.2): 180-185. (in Chinese with English abstract)
- [28] 孙国祥, 蔡嘉奇, 周新竹, 等. 基于阵列式 ESP32-CAM 的番茄根系表型原位测量方法[J]. 农业工程学报, 2023, 39(18): 172-182.
SUN Guoxiang, CAI Jiaqi, ZHOU Xinzhu, et al. In-situ measuring tomato root phenotype using array ESP32-CAM[J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering (Transactions of the CSAE), 2023, 39(18): 172-182. (in Chinese with English abstract)
- [29] 刘九庆, 汤晓华, 陈健, 等. 基于线阵 CCD 植物微根系图像监测分析系统[J]. 林业科学, 2005, 41(3): 121-124.
LIU Jiuqing, TANG Xiaohua, CHEN Jian, et al. The plant fine roots image monitor analysis system based on linear CCD[J]. Scientia Silvae Sinicae, 2005, 41(3): 121-124. (in Chinese with English abstract)
- [30] BADRINARAYANAN V, KENDALL A, CIPOLLA R. SegNet: A deep convolutional encoder-decoder architecture for image segmentation[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2017, 39(12): 2481-2495.

Crop root segmentation and phenotypic information extraction based on images of minirhizotron

ZHENG Yili^{1,2,3}, ZHANG Zhenxiang^{1,2}, XING Da^{1,2}, LIU Weiping^{1,2}

(1. School of Technology, Beijing Forestry University, Beijing 100083, China; 2. Key Laboratory of National Forestry and Grassland Administration on Forestry Equipment and Automation, Beijing 100083, China; 3. State Key Laboratory of Efficient Production of Forest Resources, Beijing 100083, China)

Abstract: The images of crop roots collected by the minirhizotron method have a complex soil background, and roots occupy a relatively small proportion. Common semantic segmentation models used for root extraction may misclassify pixels at the edge of roots as soil when the receptive field is small or multi-scale feature fusion is inadequate. Moreover, the long image acquisition cycle and initial difficulty in collecting a large number of valid samples with the minirhizotron method hindered the rapid deployment of root extraction models. To improve the accuracy of root phenotyping measurements and optimize extraction model deployment strategies, this study devised an in-situ automatic root imaging system to acquire minirhizotron images of crops in real time. A full-scale skip feature fusion mechanism is constructed for the U²-Net model with rich receptive fields for the effective classification of root pixels in minirhizotron images. Integrating data augmentation and fine-tuning method of transfer learning methods to achieve rapid deployment of root extraction models for target species. The full-scale skip feature fusion mechanism involved fusing the output features of the upper encoder and lower decoder of the U²-Net model across all scales, thereby serving as input features for a certain decoder layer and effectively retaining more feature information to enhance the decoder's information restoration capability. In terms of model deployment, this study compared fine tuning method of transfer learning with mixed training to address the issue of model training with limited samples. Experimental materials included self-developed in-situ automatic root imaging systems for collecting garlic sprout root system images and the publicly available minirhizotron dataset PRMI(plant root minirhizotron imagery). The experimental design included performance metric comparisons on the PRMI(plant root minirhizotron imagery)dataset, followed by analysis and validation on garlic sprout data. The control group comprised pre-improvement and post-improvement versions of the U²-Net, U-Net, SegNet, and DeeplabV3+_Resnet50 models. Finally, the predictive effects of fine-tuning and mixed training methods on the garlic sprout test set were compared to identify effective strategies for rapid model deployment. The experimental results demonstrate that on the garlic sprout dataset, the improved U²-Net model achieves average F1 score and IoU (intersection and comparison) of 86.54% and 76.28%, respectively. Compared to the pre-improvement version, U-Net, SegNet, and DeeplabV3+_Resnet50 models, the average F1 increases by 0.66、5.51、8.67 and 2.84 percentage points, respectively, while the average IoU increases by 1.02、8.18、12.52 and 4.31 percentage points, respectively. Practical segmentation shows enhanced recognition capability for root system edges, significantly reducing over-segmentation and under-segmentation phenomena. In the garlic sprout dataset with limited samples, fine-tuning of transfer learning outperformed mixed data and training, with model performance metrics F1 and IoU improving by 2.89 and 4.45 percentage points, respectively. For root length, area, and average diameter, the determination coefficient R^2 values between the result of the model's predicted images and manually labeled images reached 0.965, 0.966, and 0.830, respectively. This study offers a reference for enhancing the accuracy of root phenotype measurement in minirhizotron images and the rapid deployment of root extraction models.

Keywords: image segmentation; transfer learning; minirhizotron; U²-Net; garlic sprout; root phenotype