

文章编号:1672-3961(2025)04-0001-08

DOI:10.6040/j.issn.1672-3961.0.2024.232

# 基于多尺度特征融合的马铃薯疮痂病图像语义分割方法

吴秋兰<sup>1</sup>, 尚素雅<sup>1,2</sup>, 张家辉<sup>3</sup>, 孙守鑫<sup>1</sup>, 张峰<sup>1</sup>, 周波<sup>3,4\*</sup>, 高峥<sup>3</sup>, 史文宠<sup>3</sup>

(1. 山东农业大学信息科学与工程学院, 山东 泰安 271018; 2. 山东省葡萄研究院, 山东 济南 250100; 3. 山东农业大学生命科学学院, 山东 泰安 271018; 4. 真核生物科技(山东)有限公司, 山东 泰安 271000)

**摘要:**为了精确分割马铃薯疮痂病斑,提出一种名为MSFF-UNet的语义分割模型。在模型解码器向上融合的同时进行特征增强,通过进行卷积和归一化操作,增强区分不同尺寸病斑的生长状况,也可增加多维度的特征融合功能,对解码器的高层次数据强化特征提取后与低层次数据进行特征融合,以捕获不同尺度下的马铃薯或疮痂病斑的语义数据。结果表明,改进后的马铃薯疮痂病图像语义分割模型精确率、类别平均像素准确率、平均交并比分别为93.90%、93.51%、87.72%,能够较准确地分割马铃薯与疮痂病斑。

**关键词:**语义分割;特征融合;UNet;马铃薯;疮痂病**中图分类号:**TP391 **文献标志码:**A

**引用格式:**吴秋兰,尚素雅,张家辉,等.基于多尺度特征融合的马铃薯疮痂病图像语义分割方法[J].山东大学学报(工学版),2025,55(4):1-8.

WU Qiulan, SHANG Suya, ZHANG Jiahui, et al. Semantic segmentation method for potato common scab images based on multiscale feature fusion[J]. Journal of Shandong University (Engineering Science), 2025, 55(4):1-8.

## Semantic segmentation method for potato common scab images based on multiscale feature fusion

WU Qiulan<sup>1</sup>, SHANG Suya<sup>1,2</sup>, ZHANG Jiahui<sup>3</sup>, SUN Shouxin<sup>1</sup>, ZHANG Feng<sup>1</sup>, ZHOU Bo<sup>3,4\*</sup>, GAO Zheng<sup>3</sup>, SHI Wenchong<sup>3</sup>

(1. School of Information Science and Engineering, Shandong Agricultural University, Taian 271018, Shandong, China; 2. Shandong Academy of Grape, Jinan 250100, Shandong, China; 3. School of Life Sciences, Shandong Agricultural University, Taian 271018, Shandong, China; 4. Eukaryote Biotechnology (Shandong) Co., Ltd., Taian 271000, Shandong, China)

**Abstract:** To precisely segment potato common scab lesions, a semantic segmentation model named MSFF-UNet was proposed. During the decoder's upward fusion process, feature enhancement was implemented through convolution and normalization operations to improve the differentiation of growth conditions in lesions of varying sizes. Additionally, multi-dimensional feature fusion capability was incorporated, where enhanced feature extraction from the decoder's high-level data was performed and subsequently fused with low-level data to capture semantic information of potatoes or common scab lesions at different scales. The results demonstrated that the improved semantic segmentation model achieved 93.90% precision, 93.51% mean class pixel accuracy, and 87.72% mean intersection over union, effectively enabling accurate segmentation of potatoes and common scab lesions.

**Keywords:** semantic segmentation; feature fusion; UNet; potato; common scab**收稿日期:**2024-09-09**基金项目:**国家自然科学基金资助项目(60903098);山东大学微生物改造技术国家重点实验室开放课题资助项目(M2023-07);山东省自然科学基金面上资助项目(ZR2022MC109);宁夏回族自治区重点研发计划资助项目(2023BCF01015)**第一作者简介:**吴秋兰(1975—),女,山东济宁人,教授,硕士生导师,博士,主要研究方向为农业信息化。E-mail:zyxlsg@sdau.edu.cn**\*通信作者简介:**周波(1972—),男,山东济南人,教授,博士生导师,博士,主要研究方向为马铃薯疮痂病和根结线虫生物防治体系。

E-mail:Zhoubo2798@163.com

## 0 引言

马铃薯是世界第四大粮食作物<sup>[1]</sup>,马铃薯疮痂病是一种常见的马铃薯病害,由链霉菌引起,主要危害块茎,会使马铃薯表皮粗糙木质化并形成疮痂状硬斑块,影响产量、品质和贮藏性<sup>[2-3]</sup>。近年来随着发病趋势的加剧及病原菌种类的增加,疮痂病已经对马铃薯产业健康发展构成威胁<sup>[4-5]</sup>。因此,高效、准确地检测疮痂病害对于马铃薯病情评价以及有效防治具有重要意义。

目前,已经很多学者对马铃薯疮痂病的检测技术进行研究,文献[6]提出一种检测马铃薯表面缺陷的方法,通过采用闭合键控方法获取马铃薯表面掩码图像的像素面积,并通过添加卷积块注意力模块来增强网络模型的特征提取能力,最终实现对马铃薯块茎表皮缺陷的定量检测。文献[7]使用卷积神经网络方法,研究了包括疮痂病在内的5类马铃薯病害,通过使用包含5000张马铃薯图像的数据集对模型进行预训练,结果表明,所提出的深度学习方法的检测准确性高于 Alexnet、Googlenet 等方法。文献[8]利用改进的支持向量机和卷积神经网络模型进行马铃薯图像的分割和特征提取,提出了一种用于马铃薯产品质量检查的深度学习模型,准确率达到97%。文献[9]提出了一种基于PCNN神经网络的影像分离模式,并加入遗传蛙跳算法,实现对马铃薯菌核病的长期监测。文献[10]采集了多种马铃薯病害的数据并通过预训练的神经网络进行分类,成功实现检测马铃薯图像中疮痂病、黑皮病等病害。文献[11]提出一种疮痂病斑迹定位以及回归识别的方法,建立BP神经网络模型,实现对马铃薯疮痂病的准确定位和识别。尽管以上方法能够有效检测并识别疮痂病,但仅限于病斑的识别,无法实现病情程度的可视化。

为了解决上述问题,本研究提出一种基于多尺度特征融合(multi scale feature fusion, MSFF)的马铃薯疮痂病图像语义分割模型 MSFF-UNet。在卷积神经网络模型 VGG16-UNet<sup>[12]</sup>的基础上,优化了模型的上采样过程<sup>[13]</sup>,引入深度特征提取模块并将其整合到解码器的上采样过程中,以进一步学习输入特征,提升疮痂病斑的识别及定位的能力;引入了多尺度特征融合模块,融合来自不同层次的特征图,从而捕获各尺度下疮痂病斑的语义信息,使得模型能够有效区分病害区域与健康区域,实现了病害区域的可视化。

## 1 相关工作

此次数据采集的疮痂病马铃薯样本来自山东农业大学泮河校区生命科学学院实验站。图像采集使用了LED摄影棚和荣耀X10智能手机,拍摄高度与摄影棚保持一致,距离约为0.5m。标注工作则采用Labelme<sup>[14]</sup>工具进行,将标注后的图像从json格式转换为.png格式,以便用于分割模型的训练。为确保数据集质量,标注过程遵循马铃薯疮痂病的诊断标准<sup>[15]</sup>。数据采集场景如图1所示,标注结果如图2所示。

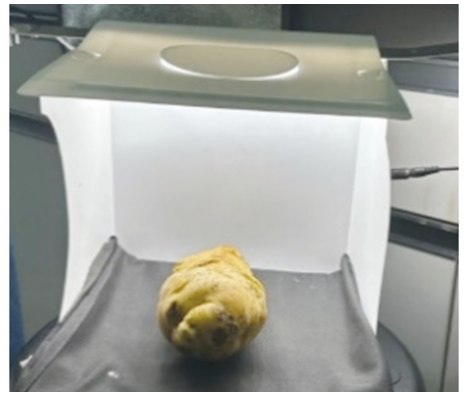


图1 马铃薯疮痂病图像采集场景

Fig.1 Image collection scene of potato scab disease

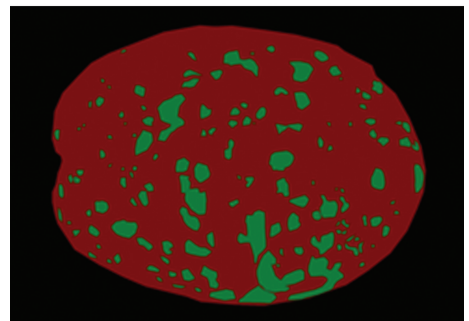


图2 疮痂病马铃薯标注图像

Fig.2 Label image of potato with common scab

## 2 基于 MSFF-UNet 的语义分割模型

### 2.1 MSFF-UNet 网络模型的结构

MSFF-UNet 马铃薯疮痂病识别模型的特征提取部分以视觉几何组16层网络(Visual Geometry Group 16-layer network, VGG16)作为主干结构。在编码器中,模型通过堆叠卷积层和池化层实现下采样,逐步增大感受野,以便提取马铃薯疮痂病图像中的重要特征。编码器首先通过多次卷积操作提取包含边缘、纹理等基础信息的低层次特征,接着利用池化层减少空间尺寸,将高维特征图压缩为

更小的表示,同时保留关键信息。为进一步增强对病斑纹理及其位置特征的学习,模型在 VGG16 的后三个卷积块中分别增加了卷积和激活操作,从而使模型更深入地学习特征表示。同时 ReLU 激活函数引入了非线性变换,使得模型能够学习到更复杂的特征关系。

在解码器部分,MSFF-UNet 采用双线性插值方法替代传统的反卷积(转置卷积)进行上采样特征融合。这一改进不仅提高了上采样的效果,还减少了由反卷积带来的棋盘效应。通过这种方式,模型

能够在解码过程中更平滑地恢复图像的空间结构。此外,解码器中引入了深度特征增强和多尺度特征融合模块,从而进一步提升特征融合的效果,使模型在特征重建时能更好地结合来自不同层次的信息,从而增强对马铃薯疮痂病病斑的识别能力。模型的神经网络结构如图 3 所示。图中  $F_1, F_2, F_3, F_4, F_5$  为上采样过程中各个阶段输出的特征图,DFEB 为深度特征增强模块, $U_1, U_2, U_3, U_4$  为深度特征增强模块输出的特征图,MSFFB 为多尺度特征融合模块, $Y_1, Y_2, Y_3$  为多尺度特征融合模块输出的特征图。

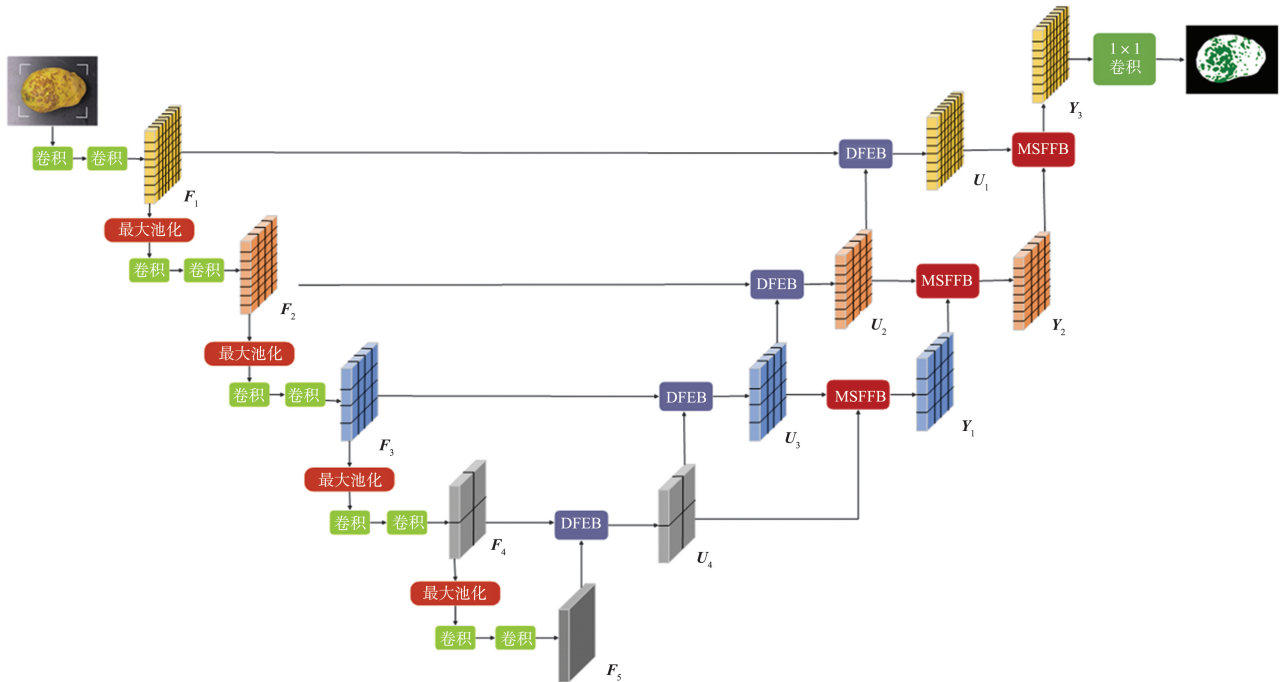


图 3 MSFF-UNet 的网络结构图

Fig.3 Network structure diagram of MSFF-UNet

### 2.2 深度特征增强模块

马铃薯疮痂病在不同的尺度和抽象层面上展现出多样的特征,特征各异且连片分布<sup>[16-17]</sup>。此外,数据集中还存在色调和亮度信息的差异。为了应对这些挑战并提升对疮痂病斑细节的提取能力,本研究设计了深度特征提取模块,模块结构如图 4

所示。图中  $X$  为低级特征图; $Y$  为编码器输出的不同尺寸的特征图; $X_1$  为  $X$  经上采样操作后的输出图; $F$  为  $X_1$  与  $Y$  连接后的输出图; $F_1$  为  $F$  经卷积、ReLU 激活操作后的输出图; $F_2$  为  $F$  经卷积、批量归一化操作后的输出图; $O$  为输出特征图。

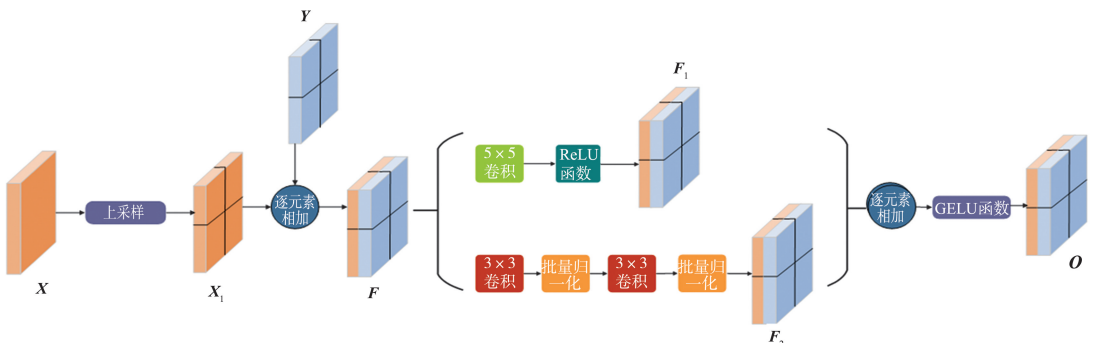


图 4 深度特征提取模块结构图

Fig.4 Structure of depth feature extraction module

在深度特征提取模块中,首先对解码器输出的低级特征图进行上采样,通过双线性插值法生成初步特征图,通过扩大特征图的尺寸来更好融合高分辨率图像,确保细节信息不会丢失。上采样后的特征图在空间尺度上得到增加,使得后续的特征融合更加有效。接下来,初步特征图与解码器输出的高层特征图在通道维度进行堆叠合并,确保低级特征的细节和高级特征的语义信息得到整合,形成更加全面的特征表示。合并后的特征图经过两条处理路径,分别进行一系列卷积和批归一化操作。通过引入不同卷积核的组合,以捕捉多尺度信息,从而提高模型对复杂图像特征的识别能力。通过使用多个卷积核,模型能够在不同的感受野上提取特征,这对于处理具有多种尺寸和形式的病斑尤为重要。同时,也引入批归一化层增强特征表达的丰富性和稳定性。批归一化通过对每个特征图通道的均值和标准差进行归一化,优化特征分布<sup>[18]</sup>。深度特征增强的过程不仅加速了网络的训练速度,还减轻了内部协变量偏移的问题,使模型在不同训练阶段保持更好的学习性能。此外,批归一化能防止梯度消失或爆炸,从而提升模型的整体鲁棒性。批归一化的计算方式为

$$\text{BatchNorm}(x_i) = \frac{\gamma(x_i + \mu)}{\sqrt{\sigma^2 + \epsilon + \beta}}, \quad (1)$$

式中, $x_i$ 为输入特征数据, $\mu$ 为批次内样本的均值, $\sigma^2$ 为方差, $\gamma$ 为缩放因子, $\beta$ 为平移因子, $\epsilon$ 为趋于0的正数。

最后,模型通过对不同层次的特征图进行跳跃连接融合<sup>[19]</sup>,确保细节和语义信息的全面性。跳跃

连接不仅有助于缓解深度网络中的梯度消失问题,还能在特征传递中保持信息的完整性。通过将低层特征与高层特征相结合,模型可以更好地捕捉到不同尺寸病灶及其分布的细微变化。在融合后的特征图上,应用GELU激活函数优化,在保留非线性特性的同时,为特征图引入更丰富的表达能力。经过这些处理后的最终输出结果将被传递到下一个特征融合阶段,以实现特征优化。在此阶段,模型将继续对特征细化处理,通过额外的卷积和归一化操作,确保解码器完成最终上采样融合过程时,所得到的特征图具备更高的辨识度和准确性。

深度特征增强模块的整体目标是强化特征在深度和通道方向的表达,从而提升模型对不同尺寸病灶及其分布的区分能力。这一操作不仅提高了病斑检测的精度,也为后续的图像分析任务提供更加坚实的基础。通过有效地整合和优化各层特征,模型能够更全面地理解输入数据,展现更出色的特征表示。

### 2.3 多尺度特征融合模块

在马铃薯疮痂病的图像中,病变区域的边界特征较为模糊,呈现出渐变效果,这些特征影响模型的识别性能。为此,本研究提出多尺度特征融合模块,以增强模型的上下文感知能力,使其能够学习非规则特征,从而实现马铃薯疮痂病斑边缘特征的精细提取与识别。模块的结构如图5所示。图中 $X_1$ 为深度特征增强模块输出的特征图; $Y_1$ 为 $X_1$ 经转置卷积操作后的输出图; $X_2$ 为高尺寸特征图; $Y_2$ 为 $X_2$ 经卷积、批归一化、ReLU激活操作后的输出图; $O$ 为 $Y_1$ 、 $Y_2$ 经跳跃连接操作后输出的特征图。

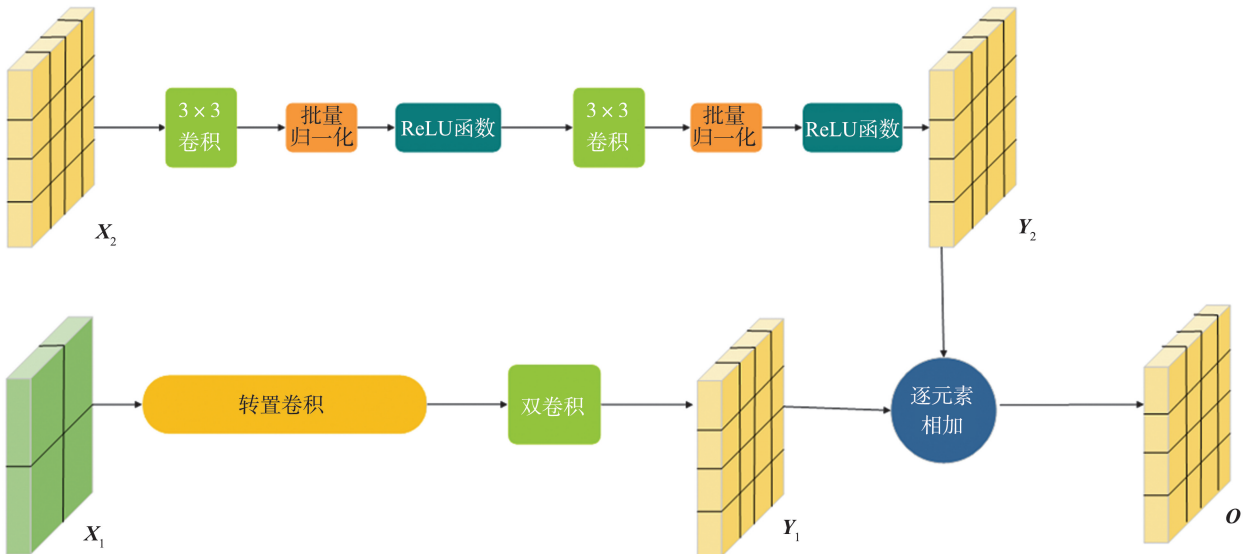


图5 多尺度特征融合模块结构图

Fig.5 Structure of multi-scale feature fusion module

通过对输入特征图进行转置卷积<sup>[19]</sup>操作,获得输出特征图。转置卷积的计算公式为

$$T_{\text{size}} = (I-1)S-2P+k, \quad (2)$$

式中, $I$ 为输入特征图尺寸, $S$ 为原始卷积步长, $P$ 为原始卷积填充量, $k$ 为转置卷积核尺寸。

输出特征图  $Y_1$  的计算方式为

$$Y_1 = \text{TransposeConv}(X_1), \quad (3)$$

针对另一高尺寸特征图  $X_2$  采取一系列增强特征提取措施生成特征图  $Y_2$ ,包括  $3 \times 3$  卷积核进行局部特征提取、批归一化稳定训练过程并加速收敛,以及采用 ReLU 激活函数引入非线性因素,增强模型的表达能力。通过这些多次的卷积和归一化处理,模型的感受野扩大,能够捕获到更广泛、更丰富的特征信息,进而提升对不同尺度特征的学习和表达能力,显著增强模型的泛化性能。 $Y_2$  的计算方式可以表示为

$$Y_2 = \text{ReLU}\{\text{BatchNorm}[\text{Conv}(X_2)]\}, \quad (4)$$

在特征提取和增强的基础上进行特征融合,将  $Y_1$  与  $X_2$  生成的输出特征图  $Y_2$  进行融合。值得注意的是,高尺寸特征图  $X_2$  本身便来源于一个复杂的深度特征增强模块,该模块通过多层卷积、池化等操作深入挖掘了图像中的深层次特征。此次融合生

成的特征图不仅整合了多尺度、多层次的特征信息,还将作为后续特征融合模块的输入特征图。这种多尺度特征融合策略,使网络能够同时关注并整合来自不同尺度的信息,从而提升模型的泛化能力。不仅能够精确地捕捉病斑等细微特征,还能保持对图像整体结构的深刻理解,确保网络在处理复杂图像任务时的高效性能。

### 2.4 MSFF-UNet 分割网络模型的解码器

MSFF-UNet 语义分割模型的解码器结合了深度特征提取和多尺度特征融合模块,优化了上采样流程,使来自不同层次的特征图能够有效整合,从而增强特征学习能力,更好地捕捉各层次疮痂病斑的关键语义信息。解码器的结构如图6所示。图中  $F_1、F_2、F_3、F_4、F_5$  为解码器输出的特征图;特征提取1为深度特征增强模块中去掉上采样操作的部分;特征提取2为多尺度特征融合模块中去掉转置卷积操作的部分; $U_1、U_2、U_3、U_4$  为经过特征提取1模块得到的输出图; $X_1、X_2、X_3$  为经特征提取2操作后的输出图; $Z_1$  为  $Y_1、X_3$  经过多尺度特征融合模块操作后的输出图; $Z_2$  为  $X_2、Y_2$  经过多尺度特征融合模块操作后的输出图; $Z_3$  为  $X_1、Y_3$  经过多尺度特征融合模块操作后的输出图。

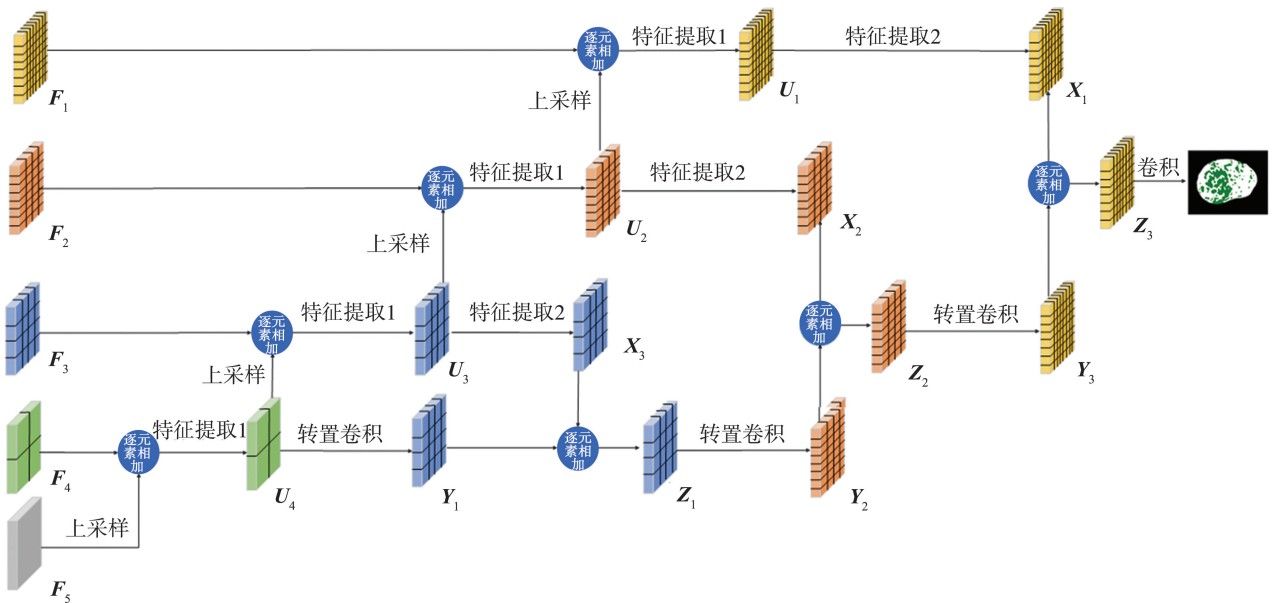


图6 MSFF-UNet 分割网络模型的解码器结构  
Fig.6 Decoder structure of MSFF-UNet partition network model

在解码器中,首先将特征图  $F_5$  输入到深度特征增强模块,通过双线性插值进行上采样,扩大尺寸。接下来进行卷积核为5的卷积操作,同时执行两次卷积核为3的卷积和批归一化操作,最后通过跳跃连接生成  $U_4$ 。采用相同的方法分别得到  $U_3、U_2$  和  $U_1$ 。在后续步骤中,对  $U_4$  进行转置卷积以提

高分辨率,并将通道数减半得到特征图  $Y_1$ 。同时,对  $U_3$  进行一系列卷积和归一化处理,得到特征图  $X_3$ 。由于  $Y_1$  和  $X_3$  的尺寸一致,因此可以逐通道相加,生成特征图  $Z_1$ ,保持尺寸不变。同理,将  $X_2$  与  $Y_2$  结合得到  $Z_2$ ,最终将  $X_1$  与  $Y_3$  结合得到特征图  $Z_3$ 。

这一设计使得解码器通过上采样和特征融合逐步恢复编码器生成的低分辨率特征图,并在此基础上整合额外的多尺度特征。解码器各层特征图的特征提取与融合增加了语义分割网络的深度,在上采样过程中更有效地捕捉了不同尺度下的马铃薯疮痂病的语义信息,显著提升了模型表现。

### 3 试验

#### 3.1 试验参数

MSFF-UNet 模型的训练在以下硬件环境下进行:处理器为 Intel(R) Core(TM) i9-12900,主频为 2.40 GHz,内存为 64 GB,固态硬盘(SSD)容量为 512 GB;图形处理单元(GPU)为 NVIDIA GeForce

RTX 3090,显存为 24 GB。操作系统采用 Windows Server 2022 Standard,搭建了 Pytorch 1.12.1 深度学习框架和 CUDA 11.7 并行计算框架。用于训练的马铃薯疮痂病数据集的图像分辨率为 512×512 像素,迭代次数设定为 200,最小批处理大小为 4 张图像,学习率为 0.001。

#### 3.2 消融试验

为探究深度特征提取及多尺度特征融合模块的优化效果,进行了消融试验。通过评估交并比(intersection over Union, IoU)、均交并比(mean Intersection over Union, mIoU)、平均像素精度(mean Pixel Accuracy, mPA)、精确率(precision)等指标,验证了改进 MSFF-UNet 的有效性,试验结果见表 1。

表 1 不同改进方法消融试验对比  
Table 1 Comparison of ablation experiments with different improved methods 单位:%

方案	语义分割模型	平均像素精度	均交并比	图像精确率	疮痂病交并比	马铃薯交并比	疮痂病识别精确率	马铃薯识别精确率
1	U-Net	82.98	82.31	92.41	63.72	85.25	89.12	88.28
2	U-Net+VGG16	88.65	86.52	93.33	74.45	88.31	87.69	91.21
3	U-Net+VGG16+深度特征增强	90.31	87.39	93.42	74.79	88.23	88.92	92.17
4	U-Net+VGG16+多尺度特征融合	93.29	87.58	93.79	75.11	88.52	89.65	92.59
5	MSFF-UNet	93.51	87.72	93.90	75.28	89.64	89.98	93.74

此次消融试验中,方案 1 采用了 U-Net,方案 2 则以 VGG16 作为模型的主干网络。结果表明,模型的各项指标均有所改善,特别是 mPA 提高了 5.67%,这表明像素级分类准确度显著改善。方案 3 引入了深度特征提取模块,与 VGG16-UNet 相比,mPA、mIoU 和 Precision 分别达到了 90.31%、87.39%和 93.42%,显示出该模块在特征表达能力上的提升。方案 4 加入了多尺度特征融合模块进一步加深了模型的层次,mPA、mIoU 和 Precision 分别达到 93.29%、87.58%和 93.79%。方案 5 的 MSFF-UNet 整合了前述所有优势模块,各项指标均达到了

最高水平,相较于初始的 U-Net, mPA、mIoU 和 Precision,以及疮痂病斑与马铃薯的 IoU 和 Precision,分别提高了 10.53、5.41、1.49、11.56、4.39、0.86 和 5.46 个百分点。因此 MSFF-UNet 能够捕获更丰富的语义信息,选择其作为后续试验的最佳模型。

#### 3.3 模型评估

为全面评估基于 MSFF-UNet 的马铃薯疮痂病分割模型,本研究将其与 U-Net<sup>[20]</sup>、U-Net++<sup>[21]</sup>、VGG16-UNet、Segnet<sup>[22]</sup>、DeepLabV3+<sup>[23]</sup>等 5 种语义分割方法比较,结果详见表 2。

表 2 不同分割模型对比  
Table 2 Comparison of segmentation models 单位:%

语义分割模型	平均像素精度	均交并比	精确率	召回率	$F_1$ 分数
U-Net	82.98	82.31	92.41	82.31	87.30
U-Net++	83.73	85.78	92.77	85.91	89.29
VGG16-UNet	88.65	86.52	93.33	86.33	89.92
Segnet	83.28	82.73	91.22	78.11	83.12
DeepLabV3+	89.55	87.20	93.06	86.90	89.71
MSFF-UNet	93.51	87.72	93.90	87.72	90.80

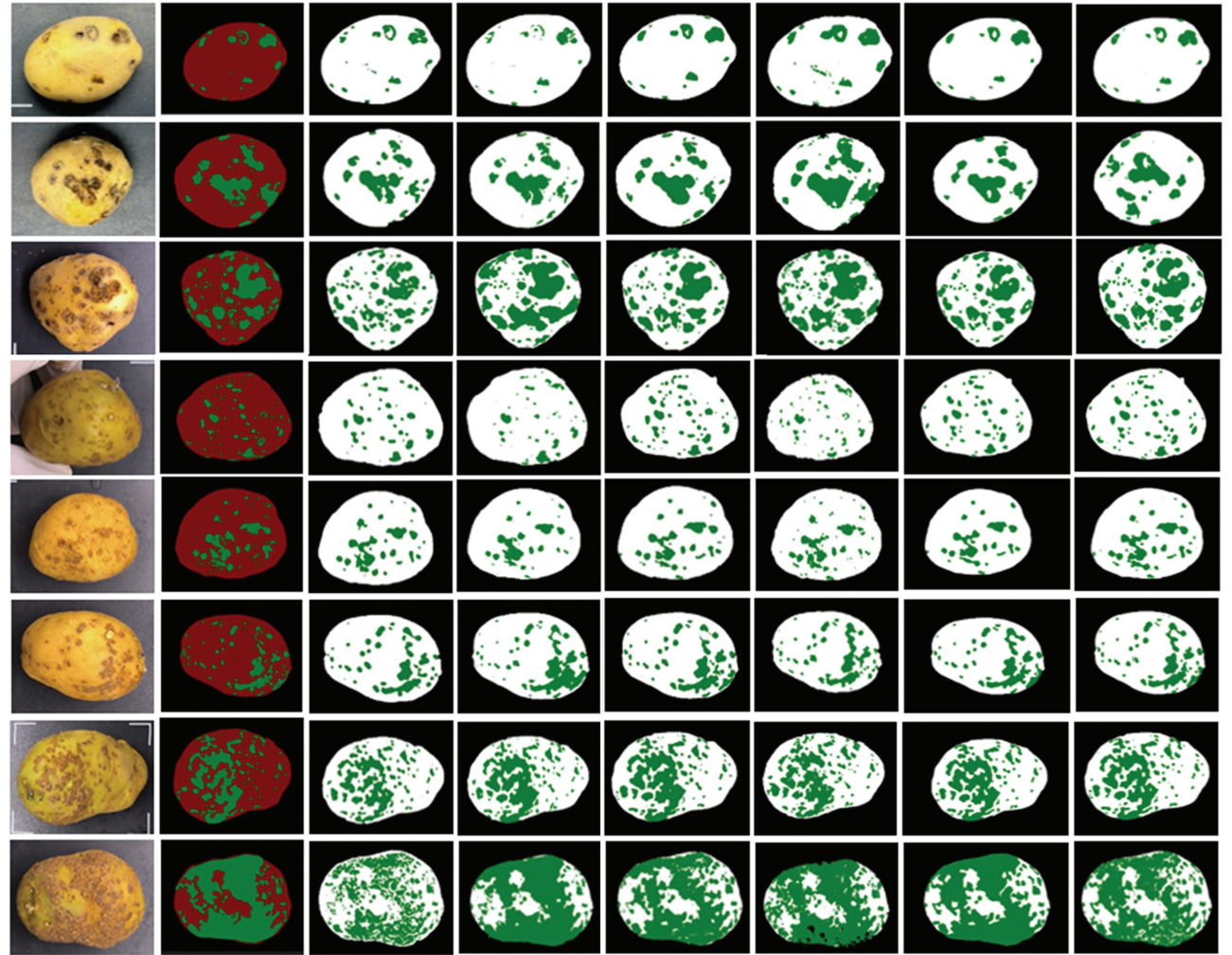
从表 2 可以看出,MSFF-UNet 模型在精度上表现优越,mPA、mIoU、Precision、召回率和  $F_1$  分数均为最高,分别达到了 93.51%、87.72%、93.90%、

87.72%和 90.80%。该模型的精度优势主要源于深度特征提取和多尺度特征融合模块,这些设计不仅强化了特征学习,还有效整合了远距离信息,从而

获得了丰富的多尺度上下文信息,显著提升了分割准确性。

为了更直观地展示分割效果,对包括 U-Net、U-Net++、VGG16-UNet、SegNet 和 DeepLabV3+ 与 MSFF-UNet 在内的模型进行了效果比较,其中第一

列图像为疮痂病马铃薯数据集原图,第二列图像为 LabelMe 标注图,后七列分别为 U-Net、U-Net++、VGG16-UNet、SegNet、DeepLabV3+ 以及改进的 MSFF-UNet 模型的分割结果图像,对比结果如图 7 所示。



(a)原图 (b) LabelMe标注图 (c) U-Net (d) U-Net++ (e) VGG16-UNet (f) SegNet (g) DeepLabV3+ (h) MSFF-UNet

图7 不同模型分割马铃薯和疮痂病斑的结果

Fig.7 The results of segmenting potato and scab lesions using different models

由图7可知,U-Net的分割结果较为粗糙,无法有效识别小尺度的疮痂病斑;而U-Net++在处理此类病斑时表现出色,能够提取到细节,但对于连片病斑则可能出现过度分割的现象;VGG16-UNet的效果相较于U-Net++有一定提升,但同样存在过度分割的问题,特别是忽视了连片病斑中的健康区域;SegNet由于采用了独特的空洞卷积结构,难以有效提取集中区域的语义信息,导致只能部分分割病斑,无法捕捉细节特征,且从SegNet对最后一张马铃薯图像的分割结果来看,其在边界特征提取上表现不佳,未能完成马铃薯边缘的有效分割;DeeplabV3+尽管在捕捉上下文信息和边界定位方面表现出色,由于

在多次卷积和池化过程中特征会逐渐消失,因此对于一些极小尺寸的物体分割效果未达到预期。而MSFF-UNet的分割结果更接近真实标注图像,不仅准确分割了马铃薯与疮痂病斑的边缘信息,同时也能够对不同尺寸的病斑进行有效分割。

## 4 结论

本研究提出了一种马铃薯疮痂病图像语义分割模型,设计了深度特征提取和多尺度特征融合模块。在解码器中,通过叠加多个卷积和批量归一化操作,实现了多层次特征的逐步向上融合,从而实

现马铃薯疮痂病病斑的有效分割。

(1) 与 U-Net 模型相比, MSFF-UNet 在平均像素精度、均交并比、疮痂病交并比、马铃薯识别精确率等指标上分别提升了 10.53%、5.41%、11.56%、5.46%, 这表明该模型在马铃薯疮痂病图像分割任务中的改进效果显著。

(2) 将 MSFF-UNet 与 U-Net、U-Net++、VGG16-UNet、SegNet、DeepLabV3+ 等 5 种模型进行了对比实验, 结果显示 mPA 分别提高了 10.53%、9.78%、4.86%、10.23%、3.96%。这表明该模型能够较为准确地分割马铃薯及其疮痂病斑, 有助于实现对病情的精准评估。

#### 参考文献:

- [1] WANG Z J, LIU H, ZENG F K, et al. Potato processing industry in China: current scenario, future trends and global impact [J]. *Potato Research*, 2023, 66 (2): 543-562.
- [2] 杨冰, 平原, 杜春梅. 马铃薯疮痂病的致病机制及防治研究进展[J]. *中国农学通报*, 2021, 37(18): 131-137. YANG Bing, PING Yuan, DU Chunmei. Pathogenic mechanism and control method of potato scab: research progress [J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2021, 37(18): 131-137.
- [3] 袁东华, 王承芳, 干华磊, 等. 解淀粉芽孢杆菌制剂与铜制剂联合防治马铃薯疮痂病研究[J]. *生物灾害科学*, 2022, 45(2): 165-168. YUAN Donghua, WANG Chengfang, GAN Hualei, et al. Combined control of potato scab with bacillus amyloliquefaciens preparation and copper preparation [J]. *Biological Disaster Science*, 2022, 45(2): 165-168.
- [4] LI Y T, LIU J Y, DÍAZ-CRUZ G, et al. Virulence mechanisms of plant-pathogenic *Streptomyces* species: an updated review [J]. *Microbiology*, 2019, 165 (10): 1025-1040.
- [5] 夏善勇, 牛志敏, 李庆全, 等. 马铃薯疮痂病菌及防控手段研究进展[J]. *中国瓜菜*, 2022, 35(8): 12-17. XIA Shanyong, NIU Zhimin, LI Qingquan, et al. Disease caused by streptomyces spp. and its control measures [J]. *China Cucurbits and Vegetables*, 2022, 35(8): 12-17.
- [6] ZHANG K L, WANG S X, HU Y H, et al. Evaluation method of potato storage external defects based on improved U-net [J]. *Agronomy*, 2023, 13 (10): 2503-2520.
- [7] AL-ADHAILEH M H, VERMA A, ALDHYANI T H H, et al. Potato blight detection using fine-tuned CNN architecture [J]. *Mathematics*, 2023, 11(6): 1516.
- [8] SAMATHA B, KUMAR G R, RAO P A, et al. IoT-enabled potato diseases prediction using deep learning [C]//2023 International Conference on Innovative Data Communication Technologies and Application (ICIDCA). Uttarakhand, India, IEEE, 2023: 878-883.
- [9] 张菁. 基于遗传蛙跳神经网络的马铃薯病斑图像分割研究[D]. 兰州: 甘肃农业大学, 2018. ZHANG Jing. The image segmentation of potato diseased spots based on genetic frog leaping neural network [D]. Lanzhou: Gansu Agricultural University, 2018.
- [10] OPPENHEIM D, SHANI G, ERLICH O, et al. Using deep learning for image-based potato tuber disease detection [J]. *Phytopathology*, 2019, 109(6): 1083-1087.
- [11] 祁雁楠. 基于机器视觉的马铃薯疮痂检测方法[D]. 北京: 中国农业机械化科学研究院, 2019. QI Yannan. Detection method of potato scab based on machine vision [D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Mechanization Science, 2019.
- [12] CHOWDARY G J. Impact of machine learning models in pneumonia diagnosis with features extracted from chest X-rays using VGG16 [J]. *Turkish Journal of Computer and Mathematics Education (TURCOMAT)*, 2021, 12 (5): 1521-1530.
- [13] LEE H, LIM S. PU-MFA: point cloud up-sampling via multi-scale features attention [J]. *Sensors*, 2022, 22 (23): 9308-9319.
- [14] RUSSELL B C, TORRALBA A, MURPHY K P, et al. LabelMe: a database and web-based tool for image annotation [J]. *International Journal of Computer Vision*, 2008, 77(1): 157-173.
- [15] 甘肃省粮食作物栽培标准化技术委员会. 马铃薯疮痂病测报技术规程: DB62/T 4080—2019 [S]. [S.1.]: [s.n.], 2019.
- [16] 马丹丹, 关欢欢, 李寿如, 等. 马铃薯疮痂病菌在植株和田间的分布与动态分析[J]. *植物病理学报*, 2022, 52(1): 61-67. MA Dandan, GUAN Huanhuan, LI Shouru, et al. Analysis of *Streptomyces scabies* distribution in plants and population dynamics in the field [J]. *Acta Phytopathologica Sinica*, 2022, 52(1): 61-67.
- [17] 王鹏程, 金光辉, 张春雨, 等. 不同生防菌剂组合及施用方式对马铃薯疮痂病的防治效果及促生作用[J]. *西南农业学报*, 2022, 35(4): 797-803. WANG Pengcheng, JIN Guanghui, ZHANG Chunyu, et al. Biological control and growth promoting effect of potato common scab with different biocontrol agents and application method [J]. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 2022, 35(4): 797-803.
- [18] DUAN C T, DING J H, CHEN S Y, et al. Temporal effective batch normalization in spiking neural networks [J]. *Advances in Neural Information Processing Systems*, 2022, 35: 34377-34390.