中国油料作物学报
Chinese Journal of Oil Crop Sciences
2026,48(4):236-247
doi:10.19802/j.issn.1007-9084.2026074

# 基于智能手机与深度学习的田间花生根瘤表型高通量数字化解析方法

赵亚[1,2],刘兆东[2,3§],张文[2],王督[2],姜俊[2],张良晓[2],王伟[1*],张奇[2*],李培武[2*]
(1.中国农业大学工学院,北京,100083;
2.中国农业科学院油料作物研究所/农业农村部油料作物生物学与遗传育种重点实验室/农业农村部生物毒素检测重点实验室/农业农村部油料产品质量安全风险评估实验室/农业农村部油料及制品质量检验测试中心,湖北 武汉,430062;
3.湖北大学,湖北 武汉,430062)

**摘要:**针对花生根瘤微小密集、易粘连遮挡、田间成像条件复杂以及不同手机设备间图像差异较大等问题,建立了基于智能手机的花生根瘤表型田间快速解析方法。通过搭建封闭式白光定标采集装置,集成标准色卡与刻度标尺,实现根系图像颜色与尺度的标准化采集,从源头提高田间图像获取的一致性与可比性。提出适用于复杂田间背景的轻量化根瘤检测模型STAC-YOLO11n,可在手机端实现根瘤图像的快速分析与计数。结果表明,方法在复杂环境下具有较好的根瘤检出能力和计数稳定性,准确率为86.85%,且在不同手机设备的泛化能力较好。该研究为花生根瘤田间高通量、低成本、可复现表型获取提供了技术支撑,也为深入解析根瘤固氮机制、精准育种提供了新路径。

**关键词:**花生根瘤;智能手机;田间高通量表型;轻量化目标检测;跨设备泛化
**中图分类号:**S565.2　　**文献标识码:**A　　**文章编号:**1007-9084(2026)04-0236-12

## High-throughput digital phenotyping of peanut nodules in field using smartphones and deep learning

ZHAO Ya[1,2], LIU Zhao-dong[2,3§], ZHANG Wen[2], WANG Du[2], JIANG Jun[2], ZHANG Liang-xiao[2], WANG Wei[1*], ZHANG Qi[2*], LI Pei-wu[2*]
(1. *College of Engineering, China Agricultural University, Beijing* 100083, *China*; 2. *Oil Crops Research Institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Key Laboratory of Biology and Genetic Improvement of Oil Crops, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Key Laboratory of Detection for Mycotoxins, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Laboratory of Risk Assessment for Oilseeds Products, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Quality Inspection and Test Center for Oilseeds Products, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Wuhan* 430062, *China*; 3. *Hubei University, Wuhan* 430062, *China*)

**Abstract:** For high-throughput, low-cost, and reproducible field phenotyping of peanut nodules, and for a new avenue in deep investigation of nodulation and nitrogen fixation mechanisms on precision breeding, this study developed a smartphone-based rapid field phenotyping method. It is to address the challenges associated with peanut nodule phenotyping in field, including small size nodules and dense distribution, frequent adhesion and occlusion, complexity of field imaging conditions, and substantial image variability across smartphone devices. A closed white-light calibrated imaging device integrating a standard color card and scale ruler was constructed to enable standardized acquisition of root images in terms of both color and scale, thereby improving the consistency and comparability of field images at the source. In addition, a lightweight nodule detection model, STAC-YOLO11n, was proposed for complex field backgrounds, enabling

收稿日期:2026-03-06
基金项目:国家自然科学基金专项(32441047);湖北省科技重大专项(2023BBA002);中国农业科学院科技创新工程(CAAS-ZDRW202416)
作者简介:赵亚(1996- ),女,博士研究生,研究方向为计算机视觉与图像处理,E-mail: zhaoya1109@163.com;§ 共同第一作者:刘兆东(1999- ),男,硕士研究生,研究方向为计算机视觉与图像处理,E-mail: 420717273@qq.com
* 通讯作者:王伟(1975- ),男,教授,研究方向为图像与信息处理,E-mail: playerww@cau.edu.cn;
张奇(1975- ),男,研究员,研究方向为农产品质量安全,E-mail: zhangqi01@caas.cn;
李培武(1961-),男,院士,研究方向为农产品质量安全,E-mail: peiwuli@oilcrops.cn

rapid image analysis and nodule counting on smartphones. The results demonstrated that the proposed method achieved robust nodule detection and stable counting performance under complex environmental conditions, with an accuracy of 86.85%, and exhibited good cross-device generalization across different smartphone platforms.

**Key words:** peanut nodules; smartphone; field high-throughput phenotyping; lightweight object detection; cross-device generalization

根瘤是豆科作物进行生物固氮的重要结构,其数量、大小、颜色等表型性状,是衡量固氮效率的重要指标[1]。在豆科作物遗传育种、根瘤菌筛选、土壤养分调控等相关研究中,准确高效地获取根瘤表型信息具有重要的应用价值[2]。然而,由于根瘤体积较小,颜色与根系接近,在有氧环境下容易被氧化,并且错综复杂的根系会遮挡部分根瘤,因此根瘤的分析和评估一直是研究的难点[3]。目前,根瘤的识别与表型测定主要依赖人工,属于劳动密集型工作,不仅效率低、耗时长,而且准确度受操作人员的主观因素影响较大,不能提供颜色、尺寸等信息[4]。此外,近年来以ARC微生物菌剂为代表的促结瘤固氮技术使花生、大豆结瘤数量显著增加[5-7]。在高结瘤条件下,根瘤在根系上的空间分布呈现更高密度与成簇粘连特征,导致人工计数与形态测量难以完成,且更易产生漏检、重检等误差累积,难以满足现代农业对高通量、高精度表型数据的需求[8]。因此,建立根瘤智能化识别与计数方法成为迫切需求。尤其是面向根系原位、密集粘连及非受控田间成像条件,智能、便携方法需同时兼顾检测精度、计数一致性与端侧可部署性。

随着机器视觉与深度学习的发展,基于图像的目标检测与分割方法为根瘤表型的自动分析提供了可行路径[9]。目前已有如WinRHIZO等商业软件可对根长、根密度等指标进行分析,但对于小目标、弱纹理、密集粘连的根瘤表型的自动评估和分析方法相对欠缺[10]。1993年,Vikman等人[11]首次使用图像分析技术评估根瘤,为根瘤的自动分析开辟了新途径。在此基础上,许多研究利用扫描仪、数码相机、电子束成像等设备获取根瘤图像用于自动分析[12-14]。但均需人为把根瘤从根部摘下,限制了自动化程度,并失去了根瘤在根系的空间信息。近年来,基于目标检测、语义分割和实例分割的深度学习方法为植物根瘤的自动识别提供了有效手段[15]。Chung等人[16]在大豆根瘤分割中采用UNet与迁移学习进行像素级分割,显著提升了检测精度;Jubery等人[17]开发了基于RetinaNet与UNet的SNAP流水线,在大豆根瘤识别中准确率达到70%。但在根系密集、遮挡严重等复杂场景中,现有方法仍存在识别困难,检测精度与稳定性有待进一步优化。此外,本团队前期利用扫描仪构建大规模根瘤图像数据集,并在YOLOv8s中引入Transformer与CBAM注意力机制,结合Otsu分割将密集根瘤的识别准确率提高至95.83%。但其高度依赖受控平台与固定设备的成像一致性,限制了田间环境中的规模化部署及实时原位监测[18]。

智能手机凭借其集成的感知能力与边缘计算性能,为根瘤田间原位表型的高通量获取提供了技术载体[19],但仍存在以下瓶颈:首先,异构硬件传感器的成像链路差异导致跨设备几何尺度与颜色特征存在非线性偏移,严重削弱了表型数据的测量一致性与物理可比性。其次,田间复杂背景下的根尖、侧根截面及附着土壤颗粒等与真实根瘤特征高度重叠,导致端侧轻量化模型在有限算力约束下极易产生误检与漏检。此外,现有研究多依赖纯数据驱动的通用检测器,缺乏对根瘤依附于根系这一生物学拓扑先验的深度集成,导致模型在面对形态变异场景时的可信度与泛化力受限。

针对上述问题,本研究建立了一种面向智能手机端侧的花生根瘤表型分析方法,包括标准化采集与质量控制、结构先验约束下的轻量检测以及跨设备泛化评估。通过封闭式定标装置与端侧质量控制,在物理层面实现了成像特征的归一化,降低田间环境及异构图像信号处理器(ISP)差异导致的根瘤图像色彩偏差与尺度差异。并在算法层面引入Root-head提供根系区域语义先验,结合拓扑一致性筛选与自适应级联注意力模块,从空间合理性约束和局部特征增强两个层面提升复杂背景下的候选质量与判别稳定性。进一步地,通过跨设备泛化测试评估模型的跨平台稳健性,为移动端表型数据的跨机型可比性提供技术支撑。

## 1 材料与方法

### 1.1 田间样品采集与预处理

供试花生品种为中花34,2025年6月18日种植于湖北省武汉市中国农业科学院油料作物研究所

武昌试验基地。采用穴播方式,行距25 cm,株距10 cm。播种后定期灌溉,清除杂草。样品采集覆盖作物全生育期以确保数据集的表型多样性。采样时使用铁锹沿植株根系外围挖取花生根系,尽可能完整地挖掘出主根和侧根。从植株的基部裁剪,切除地上部分,获得完整根部。将根部浸泡在水中清洗,轻柔搅动使附着在根表面的泥沙脱落,然后用纸巾吸取根瘤表面的水分,确保根系湿润但无明显水滴,以减少拍摄时的高光反射。

### 1.2 图像采集装置设计

为构建稳定且可重复的成像环境,搭建了基于智能手机的封闭式图像采集装置。如图1所示,装置主体为45 cm × 45 cm × 45 cm的封闭箱体。内壁及顶部喷涂消光黑涂层,吸收杂散光、抑制田间多变的环境光干扰及内部反射,提高背景纯净度和目标边缘对比度;箱体底部为高白度哑光背景板,减少背景纹理差异。箱体顶部中央设有圆形取景孔,智能手机固定于取景孔上方,镜头光轴垂直于样品平面进行正投影拍摄。拍摄过程中锁定对焦和曝光参数,并通过蓝牙遥控触发快门,减少机械抖动。此外,箱体内顶部安装高显色LED面板,提供1000 lux均匀白光照明,用于根瘤图像采集、颜色特征提取与色彩校正,避免环境光变化导致的色温与亮度漂移。成像视野内配置24色标准色卡(ColorChecker)与分度值为1 mm的精密线性标尺,用于色彩归一化和几何尺度标定。

### 1.3 智能手机端侧质量控制

在稳定成像装置的基础上,本研究进一步建立端侧质量控制流程,提升跨设备条件下数据采集与测量结果的可比性。几何层面依托标尺区域自动估算空间分辨率(px/mm),实现像素尺度到物理尺度的转换。色彩层面基于ColorChecker色卡中各色块的观测值与参考值建立颜色映射模型,并采用带偏置项的线性校正算子对图像进行色彩空间对齐[20],计算公式如下:

$$\min_{M,b}\sum_{k=1}^{K}\left\| c_{ref}^{(k)} - (Mc_{obs}^{(k)} + b)\right\|_2^2 \tag{1}$$

$$\hat{c} = Mc + b \tag{2}$$

其中,$c_{obs}^{(k)}$和$c_{ref}^{(k)}$分别为第$k$个色块的观测颜色向量与参考颜色向量;$M$为3 × 3颜色映射矩阵,$b$为偏置项,二者通过最小二乘法计算得到;$c$为原始像素颜色向量,$\hat{c}$为校正后颜色向量。颜色映射在统一白光照明条件下拟合应用,并在拟合前对sRGB像素执行逆伽马变换获得线性RGB,从而减少跨设备成像链路差异导致的系统性偏移。

端侧质量控制通过多指标实时检测对采集图像进行质量筛查。采用拉普拉斯方差评估图像清晰度,失焦判别阈值为120;曝光状态通过高亮饱和像素比例进行评估,当该比例超过2.5%时判定为过曝;同时监测色卡及标尺的位姿状态。通过质量控制的图像可用于后续分析,从源头降低低质量数据对分析结果的影响。

### 1.4 数据集构建与跨机型泛化验证

采用以样品为中心的严格配对策略构建跨设备数据集,共采集823株花生根系样品,并为每株样品关联唯一ID。使用苹果(iPhone 15)、华为(Mate 70)与小米(Redmi K80)三种不同系统环境的主流智能手机对每株样品同步采集,形成1:1:1的跨设备配对观测库,共获得2469张根系根瘤图像。数据标注采用边界框(BBox)形式,对图像中可辨识的根瘤目标逐一进行人工标注。仅对与根系存在附着关系且边界可判别的可见根瘤进行标注;土壤颗粒、根尖、侧根截面及高光反射等非根瘤结构均不纳入标注范围。另外,数据集划分严格按照植株ID隔离原则,确保同一植株在不同设备下采集的图像被划入同一数据子集。

模型训练与超参数选择使用iPhone 15采集并标注的训练集与验证集。为评估跨设备域迁移鲁棒性,从与iPhone测试集配对的样本中分别抽取Mate 70与Redmi K80各100株图像进行边界框标注,构成外部设备域测试集。外测数据仅用于独立评估,外测样本与iPhone测试样本在植株ID层面严



**图1 基于移动终端的封闭式根瘤图像采集装置结构示意图**

**Fig. 1 Schematic illustration of the enclosed mobile-terminal-based image acquisition system for peanut nodules**

格配对,减少样本差异产生的影响。

### 1.5 算法评估基准与端侧部署

为评估建立的方法在计算资源受限环境下的性能增益,构建统一的对比实验基准,选取单阶段检测器 YOLO11n[21]、RT-DETR[22]及两阶段检测器 Faster R-CNN[23]作为对照模型。所有基准模型均在一致的数据集划分、输入分辨率及预处理流程下进行训练与评估。训练阶段集成复合数据增强算子,包括随机多尺度缩放、亮度-对比度扰动及掩码式局部遮挡,模拟田间轻微光照波动与根系重叠遮挡,提高模型在非受控扰动下的泛化边界。

部署阶段遵循边缘计算准则,针对异构移动生态执行差异化适配:iOS 平台基于 CoreML 框架实现加速;Android 及兼容系统采用 TensorFlow Lite 引擎;HarmonyOS 端侧推理根据系统版本采用 MindSpore Lite 等原生推理引擎进行适配,若为 Android 兼容环境则采用 TFLite。基于上述部署策略,构建智能手机原型系统,并将训练得到的检测模型部署于手机本地推理环境,用于根瘤图像的端侧分析。系统包括图像采集与本地导入、根瘤检测、计数统计和结果显示等功能模块。对于输入的根系图像,系统首先检测其清晰度、曝光状态以及色卡和标尺的有效性;在质量控制通过后,调用部署模型进行根瘤识别与计数,并输出叠加目标框的识别结果及对应的根瘤数量统计信息。

### 1.6 模型结构

针对花生根瘤微小密集、田间背景干扰复杂的特性,本研究提出集成拓扑先验的轻量化检测模型 STAC-YOLO11n,构建了融合语义引导、空间拓扑约束与特征重标定的协同检测框架。STAC-YOLO11n 的整体结构如图 2 所示。

1.6.1 多任务语义引导与 Root-head 设计 为提高模型对根系全局结构的感知能力,在 YOLO11 检测分支之外并行引入轻量级语义分割分支(Root-head),用于生成根系区域概率图 $M_r$,为根瘤检测提供根系空间先验,并支撑后续拓扑一致性筛选,结构示意图如图 3 所示。该分支与检测任务共享骨干特征,通过多任务学习增强模型对根瘤局部特征和根系整体分布的联合表征能力,减弱土粒、反光和阴影等背景噪声对检测结果的干扰。

由于根系区域分割对空间细节信息较为敏感,本研究将 Root-head 设置在高分辨率特征分支上。Root-head 以颈部网络输出的 P3 特征为主要输入,经轻量级卷积和上采样后生成单通道根系区域概

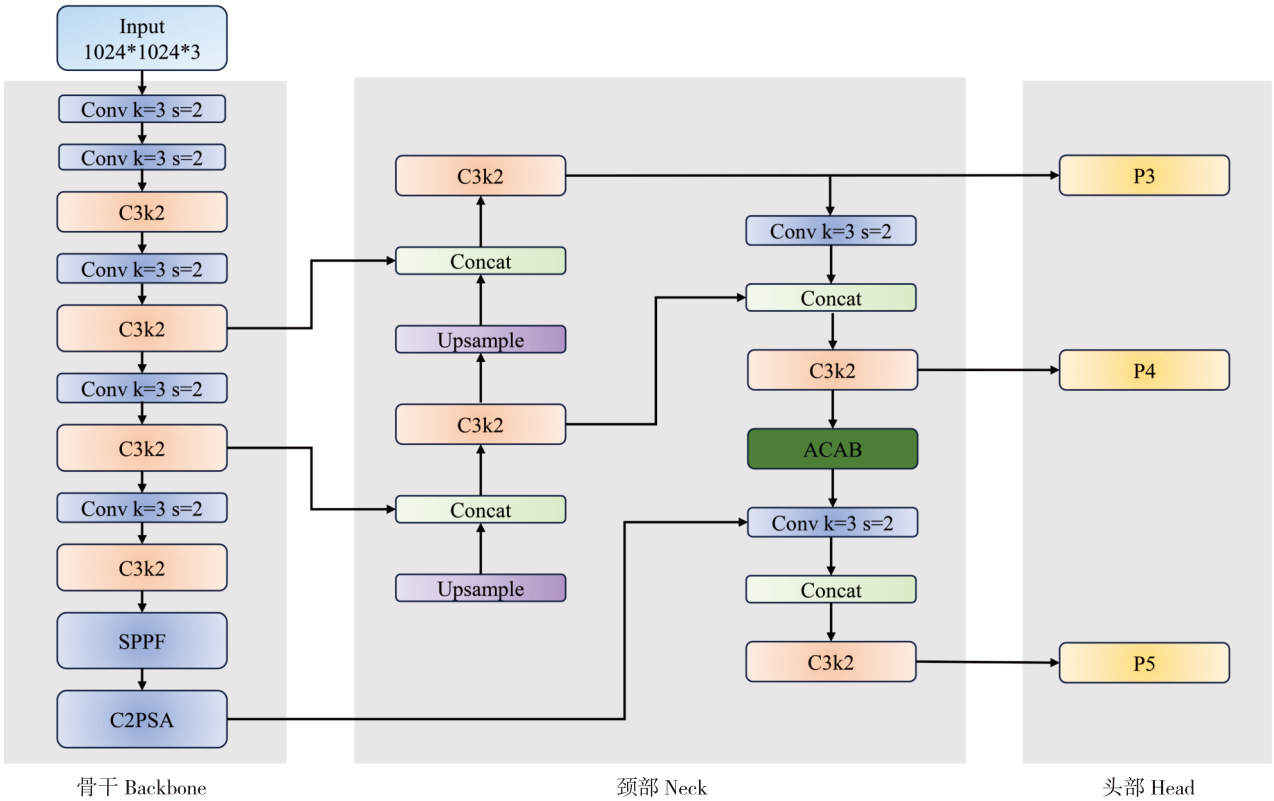



**图 2 STAC-YOLO11n 模型整体结构图**

**Fig. 2 Overall architecture of the proposed STAC-YOLO11n model**

率图$M_r$。Root-head预测的对象是整幅图像中的根系区域,并非根瘤实例本身,其主要作用是为主检测任务提供辅助语义约束。检测分支仍采用P3、P4和P5三个尺度特征完成多尺度目标检测,而Root-head则侧重于根系空间先验的构建。训练阶段,Root-head输出与检测分支同步优化;推理阶段,其结果用于后续检测结果筛选。

鉴于像素级标注成本较高,Root-head所需根系区域掩膜采用弱监督方式构建。首先,在标准化背景条件下,结合阈值分割与GrabCut批量生成初始根系掩膜。然后,按照根系覆盖率、背景噪声和图像清晰度进行分层随机抽样,选取训练集20%的样本进行人工交互修正。修正时保留主根及其连通侧根,去除与根系主体分离的土粒、反光和阴影伪前景,并填补局部孔洞。以修正结果为参考,采用交并比(IoU)和连通性指标评价初始掩膜质量,其中IoU定义为自动掩膜与参考掩膜前景区域的交并比,连通性定义为最大前景连通域面积占总前景面积的比例。在此基础上,模型采用联合损失函数进行端到端优化:

$$L_{total} = L_{det} + \lambda L_{root} \tag{3}$$

其中,$L_{det}$为目标检测损失,$L_{root}$为二值交叉熵语义分割损失,$\lambda$为权重系数。通过联合优化,骨干网络在学习根瘤局部判别特征的同时,引入根系区域的全局语义约束,提升模型对复杂背景下根瘤目标的判别能力,为后续拓扑一致性筛选提供可靠先验。

1.6.2 *根瘤拓扑一致性空间筛选* 在推理阶段,检测分支首先输出候选边界框{$b_i$},Root-head分支同步生成根系区域概率图$M_r$。为提高检测结果与根系空间分布的一致性,在常规检测后处理基础上,引入拓扑一致性空间约束。将概率图$M_r$以阈值$t=5$二值化得到根系区域二值掩膜$M_{mask}$,去除面积小于图像总面积0.05%的小连通域后,采用基于Zhang-Suen细化原理的骨架提取方法[24],从二值根系掩膜中提取单像素宽度的根系中心骨架$S_r$,表征根系主体的空间拓扑结构。仅保留满足以下几何约束的预测目标:

$$I_{valid} = \left[IoU(b_i, M_{mask}) \geqslant \alpha\right] \wedge \left[dis(p_i, S_r) \leqslant \beta\right] \tag{4}$$

其中,$I_{valid}$为候选框有效性判别变量;$p_i$为候选框几何中心;$\alpha$为候选框与根系区域二值掩膜的最小重叠阈值;$\beta$为候选框中心到根系骨架的最大允许距离;$IoU(b_i, M_{mask})$表示候选框与根系掩膜之间的交并比;$dis(p_i, S_r)$表示候选框中心到根系中心骨架的最小欧氏距离。当候选框同时满足区域重叠约束和骨架邻近约束时,判定其为与根系拓扑一致的有效目标,否则予以剔除。该策略能够有效剔除土粒、反光点等脱离根系分布的离散伪目标。

1.6.3 *自适应级联注意力模块(ACAB)* 为增强密集微小根瘤目标的特征表达能力,如图2所示,进一步在YOLO11n颈部P4特征分支中引入ACAB模块,该模块通过通道注意力与空间注意力的级联重加权,对中间特征进行自适应增强与冗余抑制[25]。其中,通道注意力分支通过全局统计建模提取特征响应的分布规律,动态增强与根瘤相关的关键特征通道,并抑制背景噪声。空间注意力通过生成位置权重,对特征图进行空间聚焦,强化根瘤分布区域的特征显著性,削弱根尖、土粒及非均匀光影扰动对识别结果的影响。针对全生育期根瘤目标的跨尺度分布特性,ACAB在空间分支中对特征图进行位置相关的自适应增强与冗余抑制,提升模型对不同尺度根瘤区域的响应一致性和判别能力。

## 1.7 模型评估

利用精确率(Precision)、召回率(Recall)、F1分数以及mAP50等指标评价模型性能;根瘤计数性能以每幅图像中人工标注框总数作为真实根瘤数量,采用拟合优度($R^2$)与计数准确度(Accuracy)量化。具体计算公式如下:

$$Precision = \frac{TP}{TP + FP} \tag{5}$$

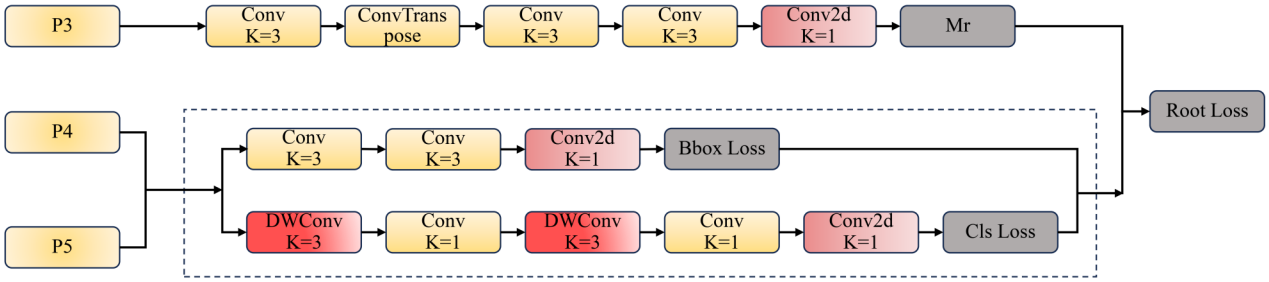



**图3 Root-head语义分割分支结构示意图**

**Fig. 3 Architecture of the Root-head semantic segmentation branch**

$$Recall = \frac{TP}{TP + FN} \tag{6}$$

$$F1 = 2*\frac{Precision*Recall}{Precision + Recall} \tag{7}$$

其中,$TP$为模型正确检出且类别判定正确的根瘤数;$FP$为模型误将非根瘤检出为根瘤的数量;$FN$为样本中实际存在但未被检出的根瘤数。精确率表示所有被预测为正样本中实际为正样本的概率,召回率表示测试集中所有正样本中被正确识别为正样本的比例,F1分数反映模型的整体性能。

平均精度(average precision,AP)为精确率与召回率的曲线下面积,用于衡量模型中单个目标的检测性能。分类器的性能越好,AP值越高。平均精度均值(mean average precision,mAP)为每个检测器类别AP的平均值,用于衡量模型的整体性能,计算公式为:

$$AP = \int_0^1 P(R)dR \tag{8}$$

$$mAP = \frac{1}{N}\sum_{i=1}^{N} AP_i \tag{9}$$

此外,拟合优度$R^2$表示模型计数结果与人工真值之间的一致性,反映模型对根瘤数量变异的解释能力;Accuracy则用于量化模型预测根瘤数相对于人工真值的偏离程度,表征单株样本计数准确率,计算公式为:

$$R^2 = 1 - \frac{\sum_{i=1}^{n}(y_i - \hat{y}_i)^2}{\sum_{i=1}^{n}(y_i - \bar{y})^2} \tag{10}$$

$$Accuracy = \left(1 - \frac{|y_i - \hat{y}_i|}{\max(y_i,1)}\right)*100\% \tag{11}$$

其中,n是测试集中图像的总数,$y_i$是第i张图像的实际根瘤数量,$\hat{y}_i$为模型预测的根瘤数量,$\bar{y}$是根瘤实际数量的平均值。$\max(y_i,1)$旨在避免全生育期采样中零根瘤样本导致的除零风险。

## 2 结果与分析

### 2.1 模型检测性能

表1系统比较了不同检测模型在iPhone测试集上的综合性能表现,评估其在根瘤小目标密集场景中的检测能力。结果显示,两阶段检测器Faster R-CNN虽具备一定的目标定位能力,但其计算复杂度高且计数准确度较低,难以满足田间移动端应用对效率与精度的综合要求;RT-DETR在mAP指标上具有一定优势,但其计算复杂度与模型体积仍较高,且计数准确率提升有限;YOLO11n具有较强的端侧适配性,但原生模型在处理密集粘连目标与复杂背景伪响应时存在一定局限,导致计数准确度较低。相比之下,本研究提出的STAC-YOLO11n在保持较低运算复杂度与模型体积的条件下,实现了检测性能与根瘤计数准确度的同步提升。

在分类与定位质量方面,Faster R-CNN的精确率和召回率分别为0.752、0.774,mAP@0.5为0.741,表明其在复杂背景中能维持一定的检出能力,但对密集小目标的综合识别精度较低。RT-DETR的mAP@0.5提升至0.829,说明端到端检测框架在该类数据分布下具备较好的特征表征能力。但其精确率与召回率提升有限。YOLO11n的精确率和mAP@0.5分别为0.801、0.833,体现了轻量单阶段检测在实时性与精度平衡上的优势。此外,相较于原始YOLO11n,STAC-YOLO11n的整体性能进一步提升。精确率、召回率与F1分别达到0.832、0.780和0.805,mAP@0.5提升至0.866,且其P-R曲线(图4A)整体保持在较高精度区间,表明模型在维持较高召回率的同时能够有效控制误检。该性能提升主要与Root-head分支提供的根系区域语义先验、拓扑一致性筛选对候选结果空间合理性的约束,以及ACAB对复杂局部区域判别能力的增强有关。图4B所示的归一化混淆矩阵进一步验证了模型分类稳定性的提升,STAC-YOLO11n在真实根瘤类别上的预测准确度达0.87,且背景误判率较低,说明模型能够有效抑制伪目标激活并减少重复检测。

对于根瘤检测任务,计数一致性与识别准确度比模型精度更为关键。表1显示,Faster R-CNN与RT-DETR的$R^2$仅为62.74%、70.24%,说明其预测值离散度较大。YOLO11n的$R^2$为82.94%,STAC-YOLO11n进一步提升至85.69%,且准确度由66.78%提升至86.85%,进一步说明模型不仅提高了总体相关性,也明显降低了绝对计数偏差,对后续品种差异比较和根瘤空间分布统计具有重要意义。

此外,在端侧部署方面,Faster R-CNN与RT-DETR的计算复杂度分别为133.92 GFLOPs和103.40 GFLOPs,且模型体积也明显高于轻量模型。相比之下,STAC-YOLO11n在保持较小模型体积(5.70 MB)的同时,将计算量控制在9.90 GFLOPs,在检测性能与轻量化部署之间取得了较优平衡。因此,STAC-YOLO11n通过引入根系语义先验、拓扑一致性约束与特征重标定机制,实现了检测质量与计数一致性的同步提升,为根瘤表型的高通量、

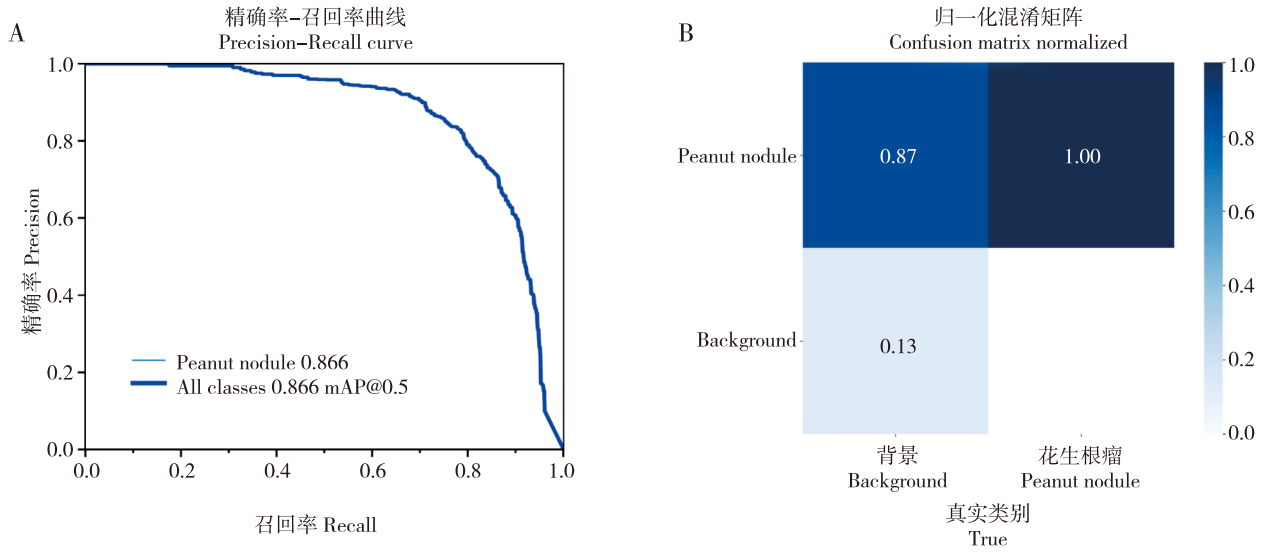
表1 不同检测模型性能对比

Table 1 Comparison of performance across different detection models

| 模型 Model | 精确率 Precision | 召回率 Recall | F1分数 F1 score | 平均精度均值 mAP@0.5 | 拟合优度 $R^2$/% | 计数准确度 Accuracy /% | 计算复杂度 GFLOPs | 体积 Model size /MB |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Faster R-CNN | 0.752 | 0.774 | 0.763 | 0.741 | 62.74 | 50.90 | 133.92 | 158.40 |
| RT-DETR | 0.794 | 0.759 | 0.776 | 0.829 | 70.24 | 75.17 | 103.40 | 60.30 |
| YOLO11n | 0.801 | 0.774 | 0.787 | 0.833 | 82.94 | 66.78 | 6.30 | 5.31 |
| STAC-YOLO11n | 0.832 | 0.780 | 0.805 | 0.866 | 85.69 | 86.85 | 9.90 | 5.7 |

注:表中计数准确度为测试集中各图像根瘤计数准确率的算术平均值;所有模型结果均基于iPhone测试集计算,且训练、验证与测试样本在植株ID层面严格隔离

Note: Accuracy in the table is defined as the arithmetic mean of per-image nodule counting accuracy on the test set. All model results are obtained on the iPhone test set, with strict separation of the training, validation, and test samples at the plant ID level




注:A:精确率-召回率(P-R)曲线;B:归一化混淆矩阵

Note: A: Precision - Recall (P-R) curve; B: normalized confusion matrix

图4 STAC-YOLO11n模型性能

Fig. 4 Performance of the STAC-YOLO11n model

高保真获取提供了关键技术支撑。

## 2.2 消融实验与误检抑制机理

表2通过消融实验进一步揭示了模型各组成模块对性能提升的贡献。结果显示,原始YOLO11n在密集小目标与复杂背景下的假阳性率高达0.310,模型易受根尖、侧根等非目标结构的干扰。加入Root-head、拓扑约束与ACAB后,假阳性率降至0.198,较基线模型下降约36.1%,同时精确率与mAP@0.5分别提升至0.832、0.866。

单独引入Root-head语义分支时,召回率由0.774提高至0.817,但精确率由0.801下降到0.772。这种高召回、低精确率的特征符合Root-head的先验引导逻辑:语义先验作为空间底图,促使模型将响应区间锁定于根系覆盖区域,有效扩大了真实目标的检出范围;但由于缺乏后续的结构约束,Root-head的候选扩张会将根尖、侧根断面等相似结构纳入候选范畴,增加误检并降低精度。由此可见,Root-head的核心贡献在于增强根系相关区域的空间关注,并提升真实目标的检出率[26]。

在Root-head基础上叠加拓扑一致性筛选后,精确率回升至0.807,F1达到0.801,表明该模块有助于改善检测结果的整体空间合理性。需要指出的是,该阶段假阳性率由0.251上升至0.289,说明仅依赖空间拓扑筛选,对误检的抑制并不稳定。结合精确率与F1的回升可知,拓扑一致性筛选的主要贡献在于基于根系区域掩膜与骨架邻近关系,对候选结果进行结构化过滤,从而提升候选框的空间一致性;但对于根域内形态相近的结构性伪目标,其区分能力仍然有限[27]。ACAB模块的加入则在不牺牲召回率的前提下,将假阳性率降低至0.198,并将精确率和mAP分别提高至0.832、0.866。其性能增益主要来自对误检的有效抑制,而非通过提高召回

率获得表观提升。这与ACAB的结构特征相一致:通道注意力基于全局统计建模强化根瘤相关的纹理特征,空间注意力则在密集粘连场景中增强目标区域聚焦并抑制非目标区域响应。同时,ACAB通过通道与空间注意力的级联重加权增强根瘤相关区域的特征响应,增强模型对复杂局部区域中非目标噪声的判别鲁棒性,从而在召回率保持稳健的前提下有效降低假阳性率并提升mAP[28]。

综上所述,Root-head、拓扑一致性筛选与ACAB共同构建了由“根系相关区域关注”到“空间一致性过滤”再到“局部判别增强”的协同路径。各模块分别针对漏检扩展、结构筛选和误检抑制等不同误差来源发挥作用,从而解释了STAC-YOLO11n在轻量化条件下仍能实现较高检测性能与较好计数量化一致性的原因。

### 2.3 跨设备泛化性能与域偏移抑制机理

表3展示了在iPhone单源训练条件下,模型对异构成像设备的外部泛化能力。结果显示,STAC-YOLO11n在跨设备迁移后整体性能保持稳定。相较于iPhone内测结果,迁移至Mate 70外测时,精确率仅下降0.032,召回率提升0.025,mAP@0.5的波动控制在0.009;迁移至Redmi K80外测时,精确率和mAP@0.5的降幅分别为0.039和0.011,召回率提升0.025。这种精确率略降、召回率反升,且mAP波动极小的结构性变化特征,说明跨设备域偏移并未导致明显的系统性性能塌陷,模型在外部设备域上仍保持较高且稳定的判别能力。

在封闭式白光照明、统一背景板与ColorChecker颜色校准的共同作用下,不同设备间的成像差异在一定程度上被限制在局部纹理和细节表征层面,而未导致显著的全局分布漂移。结合外部测试结果可以看出,跨设备域偏移可能主要表现为局部纹理响应差异所引起的轻微误检波动,而模型对真实根瘤目标的整体检出能力仍保持相对稳定。同时,拓扑一致性筛选能够进一步抑制不符合根系空间分布规律的伪响应,从而提高跨设备应用中的结果稳健性。总体而言,物理标准化采集与算法层结构约束的结合,有助于减轻设备差异对端侧表型输出一致性的影响,为后续跨机型应用提供了基础保障。

### 2.4 检测结果可视化与手机端应用验证

为验证方法在移动终端上的实际应用可行性,开发了智能手机端原型系统,图5展示了该系统的主要界面及运行结果。由图可知,该系统能够在手机端实现花生根系图像的根瘤识别与计数,并完成检测结果可视化与数量统计输出。图中检测结果表明,预测框主要分布于主根基部、侧根发生区及根系交汇区域,背景区域响应较少,模型在手机端

**表2 关键模块消融与误检率对比**

**Table 2 Ablation of key modules and comparison of false positive rates**

| YOLO11n | Root-head | 拓扑约束 Topological constraint | ACAB | 精确率 Precision | 召回率 Recall | F1分数 F1 score | 平均精度均值 mAP@0.5 | 假阳性率 FP |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| √ | — | — | — | 0.801 | 0.774 | 0.787 | 0.833 | 0.310 |
| √ | √ | — | — | 0.772 | 0.817 | 0.794 | 0.844 | 0.251 |
| √ | √ | √ | — | 0.807 | 0.795 | 0.801 | 0.846 | 0.289 |
| √ | √ | √ | √ | 0.832 | 0.780 | 0.805 | 0.866 | 0.198 |

**表3 单设备训练的跨设备迁移评估结果**

**Table 3 Cross-device transfer evaluation under single-device training**

| 训练集 Training set | 测试集 Test set | 精确率 Precision | 召回率 Recall | F1分数 F1 score | 平均精度均值 mAP@0.5 |
|---|---|---|---|---|---|
| iPhone 15 | iPhone 15(内测) iPhone 15 (internal testing) | 0.810 | 0.824 | 0.817 | 0.864 |
| iPhone 15 | Mate 70(外测) Mate 70 (external testing) | 0.778 | 0.849 | 0.812 | 0.855 |
| iPhone 15 | Redmi K80(外测) Redmi K80 (external testing) | 0.771 | 0.850 | 0.809 | 0.853 |

注:采用单设备训练策略,结果基于100张跨设备配对图像子集统计;其中内测使用与外测样本严格对应的100张图像进行评估

Note: Results are obtained under a single-device training strategy and are calculated on a subset of 100 cross-device paired images; the internal test is evaluated using 100 images strictly matched to the external test samples

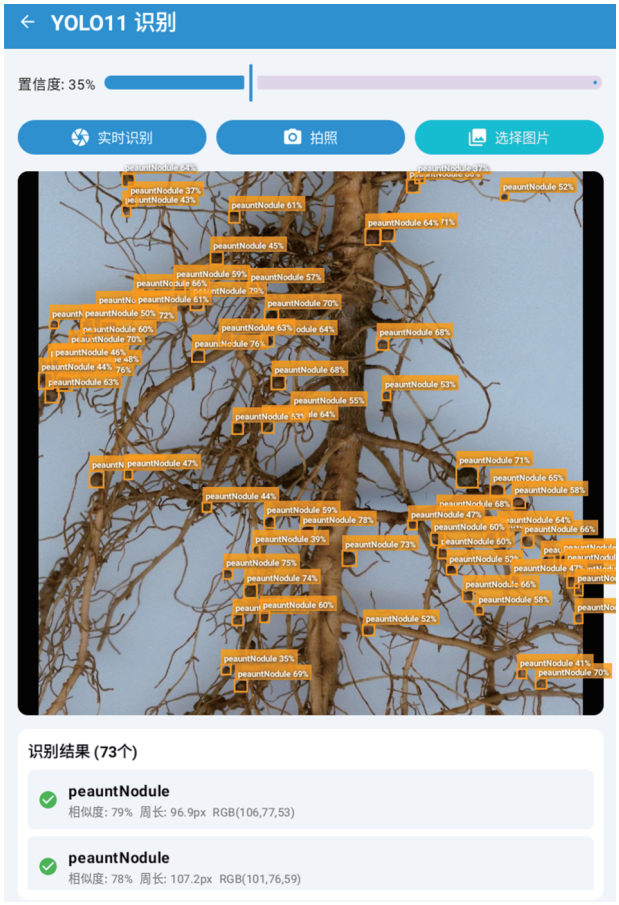



**图5 智能手机端原型系统界面与根瘤检测结果展示**

**Fig. 5 Interface of the smartphone-based prototype system and visualization of root nodule detection results**

应用条件下仍具有较好的空间分布一致性。此外，较高置信度预测框多出现在根瘤附着关系明确、结构相对清晰的区域，而中低置信度响应更多出现在根系交汇、局部遮挡、目标粘连及纹理复杂位置，反映模型在复杂局部场景下仍存在一定不确定性。尤其在高密度结瘤区域，模型虽仍具有较强检出能力，但对粘连目标和模糊边界的实例区分能力仍有待提升。

为进一步评估其在真实样品中的应用表现，选取不同结瘤水平的花生根系样品进行测试，并以人工计数结果作为参照，分析手机端计数结果的准确度。根据人工计数结果，将样品划分为低结瘤（真值 < 50）、中等结瘤（50 ≤ 真值 < 200）和高结瘤（真值 ≥ 200）三个水平。表4为部分代表性样品的计数结果。在低结瘤样品中，手机端计数结果与人工计数结果差异较小，相对误差为5.88% ~ 10.00%，计数准确度为90.00% ~ 94.12%；在中等结瘤样品中，相对误差增大至12.00% ~ 12.86%，计数准确度为87.14% ~ 88.00%；在高结瘤密集样品中，受目标粘连、局部遮挡及边界模糊等因素影响，相对误差进一步增大至13.67% ~ 17.73%，计数准确度为82.27% ~ 86.33%。这一结果表明，随着根瘤密度的升高，复杂局部结构对端侧计数结果的影响更加明显，高密度粘连与遮挡仍是制约手机端计数精度进一步提升的主要因素。

此外，手机端计数与人工计数结果之间的相关关系如图6所示。两者呈较好的线性关系，多数样本分布于拟合直线附近，表明手机端及人工计数在总体趋势上保持一致。随着结瘤密度增加，部分样品与拟合直线的偏离程度增大，这与高密度场景下目标粘连增强、局部遮挡加重以及边界判别困难等问题相一致。需要注意的是，手机端计数结果整体低于人工计数结果，表明当前模型在高密度场景下仍存在一定程度的系统性漏计。总体而言，构建的智能手机端原型系统不仅能够完成根瘤图像的端侧检测与计数，而且在真实田间花生样品中表现出较好的稳定性，为后续高通量表型计数及统计分析提供了技术支撑。

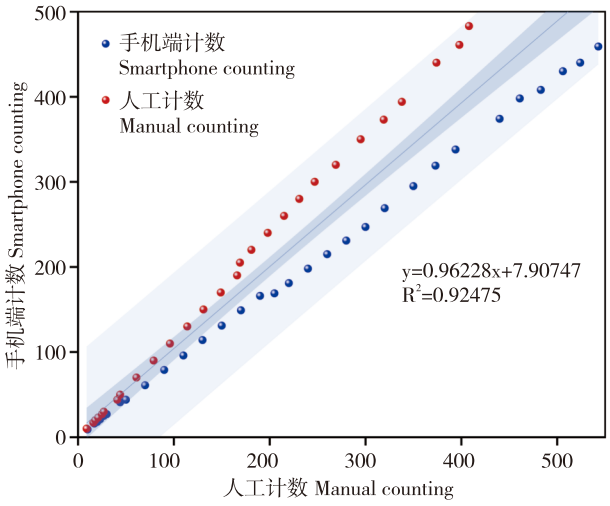



**图6 手机端花生根瘤计数结果与人工计数结果的相关关系**

**Fig. 6 Correlation between smartphone-based and manual counting results for peanut nodules**

## 3 讨论与结论

针对根瘤小目标、密集粘连与遮挡等问题，现有研究多基于相对稳定的成像条件，通过改进检测与分割网络结构，增强对小目标与粘连目标的表征能力，提高识别准确度。Jubery等人[17]提出SNAP方法，将RetinaNet与U-Net结合构建了检测-分割高通量分析流程，验证了深度学习在大豆根瘤识别中的可行性。但对密集根瘤的识别效果较差，且其研究重点为离线流程的自动化与性状输出，缺乏对移

表4 代表性花生根瘤手机端计数与人工计数结果对比

Table 4 Comparison of smartphone-based and manual counts for representative peanut root nodule samples

| 结瘤水平 Nodulation level | 人工计数 Manual count | 手机端计数 Smartphone count | 绝对误差 Absolute error | 相对误差 Relative error /% | 计数准确度 Accuracy /% |
|---|---|---|---|---|---|
| 低结瘤 Low nodulation | 10 | 9 | 1 | 10.00 | 90.00 |
| | 17 | 16 | 1 | 5.88 | 94.12 |
| | 20 | 18 | 2 | 10.00 | 90.00 |
| | 23 | 21 | 2 | 8.70 | 91.30 |
| | 27 | 25 | 2 | 7.41 | 92.59 |
| | 30 | 27 | 3 | 10.00 | 90.00 |
| | 44 | 41 | 3 | 6.82 | 93.18 |
| 中等结瘤 Moderate nodulation | 50 | 44 | 6 | 12.00 | 88.00 |
| | 70 | 61 | 9 | 12.86 | 87.14 |
| | 90 | 79 | 11 | 12.22 | 87.78 |
| | 110 | 96 | 14 | 12.73 | 87.27 |
| | 130 | 114 | 16 | 12.31 | 87.69 |
| | 150 | 131 | 19 | 12.67 | 87.33 |
| | 170 | 149 | 21 | 12.35 | 87.65 |
| | 190 | 166 | 24 | 12.63 | 87.37 |
| 高结瘤 High nodulation | 205 | 169 | 36 | 17.56 | 82.44 |
| | 220 | 181 | 39 | 17.73 | 82.27 |
| | 240 | 198 | 42 | 17.50 | 82.50 |
| | 260 | 215 | 45 | 17.31 | 82.69 |
| | 280 | 231 | 49 | 17.50 | 82.50 |
| | 300 | 247 | 53 | 17.67 | 82.33 |
| | 320 | 269 | 51 | 15.94 | 84.06 |
| | 350 | 295 | 55 | 15.71 | 84.29 |
| | 373 | 319 | 54 | 14.48 | 85.52 |
| | 394 | 338 | 56 | 14.21 | 85.79 |
| | 440 | 374 | 66 | 15.00 | 85.00 |
| | 461 | 398 | 63 | 13.67 | 86.33 |
| | 483 | 408 | 75 | 15.53 | 84.47 |
| | 506 | 430 | 76 | 15.02 | 84.98 |
| | 524 | 440 | 84 | 16.03 | 83.97 |
| | 543 | 459 | 84 | 15.47 | 84.53 |

注:绝对误差为手机端计数与人工计数之差的绝对值;相对误差为绝对误差占人工计数的百分比;计数准确度按式(11)计算

Note: Absolute error is calculated as the absolute difference between smartphone-based count and manual count; relative error is calculated as the percentage of absolute error relative to manual count; counting accuracy is calculated according to Eq. (11)

动端应用中跨设备成像链路差异的系统性约束。Chung 等[16]虽强调像素级分割对小目标的识别优势,但同样未解决跨设备输入的一致性与可比性问题。此外,本团队前期研究基于高分辨率扫描仪将密集根瘤的识别准确度提高至95.83%,但受采集平台限制,其应用场景主要为实验室精准解析。相比之下,本研究面向田间便携应用,将根瘤检测拓展至智能手机端。通过封闭式定标装置与端侧质量控制,并在算法中引入根瘤附着于根系的生物学结构先验[29],在一定程度上补偿了端侧成像不足带来的影响。虽然其识别准确度为86.85%,低于扫描平台,但实现了根瘤识别由实验室高精度测定向田间快速、便携应用的转变。

消融实验结果进一步阐明了STAC-YOLO11n中语义先验、空间过滤与特征重标定的协同作用。原始YOLO11n在根尖、侧根等细粒度结构与复杂背景干扰并存的情况下,假阳性率达到0.310,说明其对非目标结构的抑制能力有限。引入Root-head后,召回率提升至0.817,表明根系区域语义先验能够扩展有效候选区域的覆盖范围,但缺少进一步的结构性约束,形态相近的根系结构噪声容易被纳入候选,导致精度下降[30]。在此基础上进一步叠加拓扑一致性筛选后,精确率回升至0.807,表明结构化空间过滤有助于提升候选集合的空间合理性。但假阳性率出现波动,反映拓扑一致性筛选虽改善了候选结果的空间合理性,但对误检的抑制作用并不

稳定。最终引入ACAB后,在召回率基本保持稳定的条件下,假阳性率进一步降至0.198,较原始模型下降36.1%。表明其性能提升主要源于对误检的有效抑制[31]。因此,STAC-YOLO11n的改进重点并非单纯提高单目标定位精度,而在于通过根系区域语义先验、结构过滤、局部判别增强的逐层协同,削弱密集场景下误检累积造成的关键误差。此外,跨设备测试进一步表明,本研究构建的物理标准化采集体系与算法层结构约束具有较好的协同效果。在iPhone单源训练条件下,模型在Mate 70与Redmi K80外测中的mAP@0.5仅下降0.009–0.011,并呈现出精确率小幅下降、召回率补偿性上升的结构性特征。该现象提示跨设备域偏移可能主要表现为局部纹理表征差异,而非整体外观分布的显著漂移[32]。总体而言,物理标准化采集体系将设备差异控制在局部表征层面,减轻了全局分布漂移,为移动端表型测量的跨平台可比性奠定了基础。

尽管本研究在一定程度上提升了根瘤表型测量的智能化与一致性,但仍存在局限。首先,手机端计数结果整体低于人工计数结果,特别是在高结瘤密度样品中,系统性漏计更为明显,说明当前模型在高密度粘连目标条件下的实例分离能力仍显不足。其次,根系泥膜污染可能降低前景分离质量,削弱掩膜的连通性。此外,样品铺展不足引发的骨架断裂会使基于拓扑距离的约束在局部失效。最后,极端反光可能在根区概率图$M_r$中形成空洞,从而增加漏检或误检风险。未来研究可从数据质量诊断、采集策略与算法改进等方面进一步完善。一方面,可将掩膜连通性与骨架断裂率指标作为后验质量诊断信号,结合不确定性驱动的主动学习优先修正高影响样本。另一方面,可引入多视角采集并在个体层面进行特征融合,缓解遮挡导致的系统性漏检。此外,也可将硬性拓扑约束转变为可学习的置信校准或可微约束,增强模型对非典型附着形态的适应性。同时,可进一步开展跨品种、跨地区的泛化验证,明确端侧模型在不同设备与复杂表型条件下的适用范围,并将提取的高通量表型数据与作物遗传机理研究深度融合,构建涵盖数据采集、智能识别、性状提取、决策支持的闭环体系,为数字化表型、精准育种与田间智能管理等提供支撑。

综上所述,本研究针对田间根瘤小目标密集、粘连遮挡及跨设备成像差异导致的表型测定不稳定问题,构建了集成封闭式定标采集、端侧质量控制、轻量检测与结构约束的移动端根瘤识别方法。提出的STAC-YOLO11n在保持轻量部署的条件下(5.70 MB,9.90 GFLOPs),实现了花生根瘤田间检测效能与表型量化可靠性的同步提升,mAP@0.5达0.866,$R^2$为85.69%,计数准确度为86.85%。在iPhone单源训练条件下,模型在Mate 70与Redmi K80外部测试上仍表现出较好的稳定性。该研究为田间根瘤表型的快速获取、批量分析和标准化评价提供了技术基础,为豆科作物品种筛选和根瘤固氮能力研究提供了方法支持。

**参考文献:**


[1] Lin J S, Bjørk P K, Kolte M V, et al. Zinc mediates control of nitrogen fixation *via* transcription factor filamentation[J]. Nature, 2024, 631(8019): 164-169. DOI: 10.1038/s41586-024-07607-6.

[2] Zubrod M. Counting the nodules that count, relationships between seed nitrogen and root nodules[J]. Nat Sci Educ, 2022, 51(2): e20088. DOI:10.1002/nse2.20088.

[3] Wang X Y, Yu N P, Sun Y Z, et al. An efficient and low-cost deep learning-based method for counting and sizing soybean nodules[J]. Agronomy, 2024, 14(9): 2041. DOI:10.3390/agronomy14092041.

[4] Dias P A S, Santos Melo P G, Santos Pereira H, et al. Automated and estimation methods to count nodule number in common bean[J]. Aust J Crop Sci, 2017, 11(8): 968-973. DOI:10.21475/ajcs.17.11.08.pne452.

[5] 李培武,岳晓凤,张奇,等. 一种促进豆科作物增加根瘤数量与根瘤固氮酶活性的微生物菌剂及其应用[P]. CN113980854A,2022-01-28.

[6] 赵亚,张文,王督,等. ARC微生物菌剂缓解黑暗胁迫下花生根瘤功能衰退的效应[J]. 中国农业科学,2025,58(22):4617-4627. DOI: 10.3864/j.issn.0578-1752.2025.22.005.

[7] 周扬,岳晓凤,唐晓倩,等. 黄曲霉毒素阻控与花生超级结瘤耦合效应研究初报[J]. 中国油料作物学报,2021,43(6):947-960. DOI: 10.19802/j.issn.1007-9084.2021300.

[8] Das Choudhury S, Samal A, Awada T. Leveraging image analysis for high-throughput plant phenotyping [J]. Front Plant Sci, 2019, 10: 508. DOI: 10.3389/fpls.2019.00508.

[9] Woo D, Ghimire A, Jeong S, et al. Soybean root image dataset and its deep learning application for nodule segmentation [J]. Comput Electron Agric, 2023, 215: 108465. DOI:10.1016/j.compag.2023.108465.

[10] Hui F, Xie Z W, Li H G, et al. Image-based root phenotyping for field-grown crops: an example under maize/soybean intercropping[J]. J Integr Agric, 2022, 21(6):

1606-1619. DOI:10.1016/s2095-3119(20)63571-7.

[11] Vikman P $, Vessey J K. Ontogenetic changes in root nodule subpopulations of common bean (*Phaseolus vulgaris*L.): Ⅲ. Nodule formation, growth and degradation [J]. J Exp Bot, 1993, 44(3): 579-586. DOI:10.1093/jxb/44.3.579.

[12] Downie H F, Adu M O, Schmidt S, et al. Challenges and opportunities for quantifying roots and rhizosphere interactions through imaging and image analysis [J]. Plant Cell Environ, 2015, 38(7): 1213-1232. DOI:10.1111/pce.12448.

[13] Barbedo J G A. Method for automatic counting root nodules using digital images [C]//2012 12th International Conference on Computational Science and Its Applications. June 18-21, 2012. Salvador, Bahia, Brazil. IEEE, 2012: 159-161. DOI:10.1109/iccsa.2012.39.

[14] Novikova T I, Gordienko N I. Study of the root nodules in some species of the Papilionaceae subfamily by scanning electron microscopy[J]. Tsitologiia, 2001, 43(2): 107-113.

[15] Smith A G, Han E, Petersen J, et al. RootPainter: deep learning segmentation of biological images with corrective annotation[J]. New Phytol, 2022, 236(2): 774-791. DOI:10.1111/nph.18387.

[16] Chung Y S, Lee U, Heo S, et al. Image-based machine learning characterizes root nodule in soybean exposed to silicon[J]. Front Plant Sci, 2020, 11: 520161. DOI:10.3389/fpls.2020.520161.

[17] Jubery T Z, Carley C N, Singh A, et al. Using machine learning to develop a fully automated soybean nodule acquisition pipeline (SNAP)[J]. Plant Phenomics, 2021, 2021: 9834746. DOI:10.34133/2021/9834746.

[18] Zhao Y, Zhang W, Zhang L X, et al. Development of an enhanced hybrid attention YOLOv8s small object detection method for phenotypic analysis of root nodules[J]. Artif Intell Agric, 2026, 16(1): 12-43. DOI:10.1016/j.aiia.2025.07.001.

[19] Liu L B, Yu L J, Wu D, et al. PocketMaize: an Android-smartphone application for maize plant phenotyping [J]. Front Plant Sci, 2021, 12: 770217. DOI:10.3389/fpls.2021.770217.

[20] Cheung V, Westland S, Connah D, et al. A comparative study of the characterisation of colour cameras by means of neural networks and polynomial transforms[J]. Color Technol, 2004, 120(1): 19-25. DOI:10.1111/j.1478-4408.2004.tb00201.x.

[21] Zhang X, Du B Y, Jia Y X, et al. MSD-YOLO11n: an improved small target detection model for high precision UAV aerial imagery[J]. J King Saud Univ Comput Inf Sci, 2025, 37(5): 100. DOI:10.1007/s44443-025-00116-0.

[22] Xiao Y, Guo Y, Pang Q H, et al. STar-DETR: a lightweight real-time detection transformer for space targets in optical sensor systems[J]. Sensors, 2025, 25(4): 1146. DOI:10.3390/s25041146.

[23] Liu Y J, Zhou S J, Liu X Y, et al. Unbiased faster R-CNN for single-source domain generalized object detection[C]//2024 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). June 16-22, 2024. Seattle, WA, USA. IEEE, 2024: 28838-28847. DOI:10.1109/cvpr52733.2024.02724.

[24] Zhang T Y, Suen C Y. A fast parallel algorithm for thinning digital patterns[J]. Commun ACM, 1984, 27(3): 236-239. DOI:10.1145/357994.358023.

[25] Zafar A, Aftab D, Qureshi R, et al. Single stage adaptive multi-attention network for image restoration [J]. IEEE Trans Image Process, 2024, 33: 2924-2935. DOI:10.1109/tip.2024.3384838.

[26] Kirillov A, He K M, Girshick R, et al. Panoptic segmentation[C]//2019 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). June 15-20, 2019. LongBeach, CA, USA. IEEE, 2019. DOI:10.1109/cvpr.2019.00963.

[27] 张灵西. 基于拓扑结构约束和特征增强的医学影像标志点定位算法[J]. 计算机系统应用,2022,31(9):173-182. DOI: 10.15888/j.cnki.csa.008700.

[28] 刘建伟,刘俊文,罗雄麟. 深度学习中注意力机制研究进展[J]. 工程科学学报,2021,43(11):1499-1511. DOI: 10.13374/j.issn2095-9389.2021.01.30.005.

[29] Wyburd M K, Dinsdale N K, Jenkinson M, et al. Anatomically plausible segmentations: Explicitly preserving topology through prior deformations[J]. Med Image Anal, 2024, 97: 103222. DOI:10.1016/j.media.2024.103222.

[30] 孙婧,苏剑波. 先验信息驱动的跨模态通用特征空间构建与分析[J]. 电子学报,2025,53(8):2614-2623. DOI: 10.12263/DZXB.C250022.

[31] 郭文豪,郝斌,张飞.改进YOLOv11的轻量化水下生物目标检测算法[J/OL].电子测量与仪器学报,1-17[2026-03-19]. https://link. cnki. net/urlid/11.2488.TN.20260226.1623.046.

[32] dos Santos C F G, Arrais R R, Santos da Silva J V, et al. ISP meets deep learning: a survey on deep learning methods for image signal processing[J]. ACM Comput Surv, 2025, 57(5): 1-44. DOI:10.1145/3708516.

(责任编辑:郭学兰)