

DOI: 10.12264/JFSC2022-0173

基于卷积神经网络的仿刺参非侵入式标记方法的初步研究

刘洋^{1,4}, 王扬帆^{1,4}, 胡景杰¹, 包振民¹, 丁君², 常亚青², 杨建敏^{3,4}, 侯虎⁵

1. 中国海洋大学海洋生命学院, 海洋生物遗传学与育种教育部重点实验室, 山东 青岛 266003;
2. 大连海洋大学水产与生命学院, 辽宁 大连 116023;
3. 鲁东大学农学院, 山东 烟台 264025;
4. 山东华春渔业有限公司, 山东 东营 257236;
5. 中国海洋大学食品科学与工程学院, 山东 青岛 266003

摘要: 使用体外标记技术可对仿刺参(*Apostichopus japonicus*)进行种群和个体尺度上的时空行为学研究、种群动态研究、良种繁育、高效采捕方法的研究。由于仿刺参体壁柔软, 排异能力较强, 使得传统的侵入式标记方法留存率较低; 且传统标记对体壁的破坏会导致伤口溃烂, 影响仿刺参的正常生活。为研发非侵入性的仿刺参识别技术, 本研究利用深度学习中的卷积神经网络模型, 对仿刺参图像进行特征提取, 该特征能够表征个体独特的体表纹理模式。对50 d内连续拍摄的仿刺参图像进行特征提取并训练分类器后, 发现分类器在测试集上最高可达到0.996±0.011的精度; 而传统的侵入式标记方法最高只能达到约0.75的精度。对实验仿刺参个体进行个体识别跟踪, 使用前25 d的仿刺参图像进行特征提取并训练模型, 对后25 d的图像进行预测, 可达到0.946±0.058的精度。实验结果表明, 使用ResNet50卷积神经网络可有效地对仿刺参进行预测, 并在时间追踪任务中取得优于传统标记方法的精度。

关键词: 仿刺参; 非侵入式标记; 深度学习; 疣足; 复杂表型

中图分类号: S961

文献标志码: A

文章编号: 1005-8737-(2022)10-1487-13

仿刺参(*Apostichopus japonicus*)又称刺参, 属于棘皮动物门海参纲(Holothuroidea), 是辽宁省和山东省的支柱水产种类之一^[1-2]。仿刺参是优质的蛋白质来源, 具有较高的营养和保健价值, 因此广受消费者欢迎^[3-6]。随着近年来养殖产业规模的急剧扩大, 基础研究滞后于养殖产业的现象愈发突出, 野生资源的过度捕捞、亲本遗传背景不明、累代养殖过程中长期的近亲交配等现象导致了仿刺参种质退化、病害频发, 这些问题对仿刺参养殖的可持续发展构成巨大威胁^[7-10]。因此亟需推动仿刺参的科学养殖, 选育具有优良性状的新品种。仿刺参的养殖需要天然海水, 通常采取

近海围堰、围网或沉箱的方式养殖^[11]。仿刺参身体柔软, 体壁没有硬质部分, 且变形和排异能力极强, 是难以实现体外长效标记的海洋生物之一^[12]。这使得饲养者难以管理仿刺参优良个体, 不利于实施跟踪个体生长的精准育种。

设计有效的体外标记方法, 对海参进行长期而稳定的跟踪识别, 不但是良种繁育的关键, 同时也是生态学家在进行种群动态研究时关注的问题^[13]。已有的体外标记方法包括基于扩增片段长度多态性的DNA指纹技术^[14]、体壁刻蚀标记技术^[15-17]、体壁胶黏标记法^[12]、体壁植入标记技术^[18-21]、荧光色素染色和注射技术^[19]、体腔植入标记法^[22-23]、石

收稿日期: 2022-05-07; 修订日期: 2022-06-07.

基金项目: 国家重点研发计划蓝色粮仓科技创新专项(2018YFD0901); 国家自然科学基金项目(32072976; 31772844); 教育部科学技术研究项目(2021ZL09).

作者简介: 刘洋(1995-), 男, 博士研究生, 研究方向为全基因组选择育种和生物信息学. E-mail: 769277594@qq.com

通信作者: 王扬帆, 教授, 研究方向为基因芯片设计, 全基因组选择育种. E-mail: yfwang@ouc.edu.cn;

胡景杰, 教授, 研究方向为热带海洋生物遗传学、种质资源评价与开发、良种培育. E-mail: hujingjie@ouc.edu.cn

灰环嵌套法^[24]等。这些方法均存在不足之处,大部分需要对体壁穿刺,容易引起表皮溃烂感染,导致海参死亡;受标记刺激的海参易产生排异反应将标记物排出,失去长期标记功能。同时,这些标记也会影响海参的生理和生殖状态,扰乱海参的正常生长发育^[12]。分子标记技术和染色标记技术等对海参物理损伤较小且识别率较高,但需要在实验室条件下进行,难以在现场进行快速识别,无法便捷地运用在实际育种工作中。因此,亟需开发一种对仿刺参的生理状态影响较小、留存率高、操作简单、识别率高、可长期跟踪的体外标记方法。

随着计算机视觉领域的发展,基于深度学习的图像识别算法已经广泛应用于人脸识别、图像分类等领域。其中卷积神经网络(convolutional neuron network, CNN)由于能够捕捉人脸图像中面部特征信息,并通过深层神经元非线性互动,可利用大数据进行个体识别与跟踪,被广泛应用于人脸识别领域^[25-28]。考虑到不同仿刺参个体具有独特的体表纹理与疣足分布模式^[2],借助 CNN 图像识别技术对仿刺参体表特征进行提取、识别,以识别代替标记,是一条值得探索的可靠技术路线。

本研究使用深度学习中的卷积神经网络算法,对实验室条件下 50 d 内连续拍摄的仿刺参图像进行特征提取,并比较不同特征提取方法和分类器组合的预测效果,选出较优模型组合后再进行个体识别追踪实验,以验证其是否可作为标记的替代。最终发现 ResNet50 提取特征+多层感知机的组合可实现对仿刺参图像的精确识别,同时在个体识别跟踪实验中也取得了优于传统标记方法的效果,为仿刺参无侵入式标记的开发提供了新的视野。

1 材料与方法

1.1 数据集

1.1.1 数据获取 本研究使用的 20 头仿刺参个体来自于山东东营,在实验室条件下饲养。在饲养池中加装隔板并标注编号,以方便辨识仿刺参个体。在 2021 年 9 月 3 日-10 月 22 日共 50 日期间,每日将 20 头仿刺参按照隔板的编号自饲养池

中取出,置于光洁的白色泡沫塑料板上,静置 1 min,待其不再吐水,体壁充分舒展后,使用移动设备从正上方拍摄图片并记录编号,拍摄后立即放回养殖池中。拍摄周期结束后,每头个体均被拍摄了 50 张图片,合计 1000 张图片。

1.1.2 图像预处理与数据集的划分 对拍摄得到的仿刺参图像进行裁切,使裁切后仿刺参在图像中所占的面积尽可能大。为适应 ResNet50 和 VGG19 模型所需的输入尺寸,将剪裁后的 RGB 图像的尺寸缩放至 224 像素*224 像素,该步得到的数据集称为原数据集。以 60 : 15 : 25 的比例将原始数据集随机划分为训练集、验证集和测试集。训练集用于对模型进行训练,验证集用于确定包含训练轮数在内的超参数,测试集用于评估模型的泛化能力。

1.1.3 数据增强 在具体应用场景中可获得的数据量较为有限,直接用于训练深度学习模型可能会导致过拟合。使用数据增强的方法对图像进行几何变换、色彩空间增强、随机裁切等处理,可以扩充数据集,提高模型的泛化能力^[29]。为考察数据增强对模型预测效果的影响,对原数据集中的训练集和验证集进行数据增强处理,流程简述如下。

首先对图像执行几何变换:①中心缩放:将图像以中心为原点缩放,使得缩放前后尺寸比值分别为 0.9 : 1、0.75 : 1、0.6 : 1。②旋转:将图像分别旋转 90°、180°、270°。③翻转:将图像分别进行水平翻转、垂直翻转和转置。④随机裁切:以尺寸为原图像尺寸 0.9、0.8、0.7 倍的正方形对图像进行随机剪裁并缩放至原尺寸。将几何变换后的图像与原数据集合并,再执行如下变换:①添加噪声:在图像上叠加位置服从二维高斯分布的黑色噪点。②改变亮度:在图像上叠加透明度遮罩,改变图片的整体亮度。经过两步数据增强后,增强数据集的样本量扩增为原数据集的 39 倍。

1.1.4 特征提取与可视化 特征提取方法可将复杂的二维图像转化为一维向量,以作为训练分类器时的输入。本研究采用两类方法进行特征提取:HOG方法、基于卷积神经网络(VGG19和ResNet50)的特征提取方法。使用的特征提取方法简介如下。

HOG 方法是一种基于像素梯度的经典特征提取方法, 在对象结构较为稳定的图像识别情景广泛应用, 如人脸识别、车牌号识别等^[30]。使用 HOG 方法对图像进行特征提取, 得到长度为 254016 的一维向量后, 再使用主成分分析(principal component analysis, PCA)对其进行降维, 得到长度为 200 的一维向量, 作为后续训练分类器的输入。

随着深度学习算法的发展, 已有许多卷积神经网络通用模型被提出, 如 AlexNet、Inception、VGGNet、ResNet 等。这些模型使用大型公共数据集(如 CIFAR-10、ImageNet 数据集等)训练, 用于完成对特定物品的多分类任务。模型中多层且大量的卷积核被训练后, 能够提取图像中的通用视觉特征。借助预训练的卷积层对新数据集进行特征提取, 并连接其他分类器, 即可应用于其他分类任务。这种把在特定数据集上训练得到的“知识”运用到新领域中的方法又被称为迁移学习^[31]。本研究选用 VGG19 和 ResNet50 卷积神经网络模型进行特征提取。加载预训练模型并冻结各卷积层权重, 将图像输入模型, 取最后一层池化层的输出作为提取出的图像特征。使用 VGG19 卷积神经网络进行特征提取后, 得到长度为 4096 的一维向量; 使用 ResNet50 卷积神经网络进行特征提取后, 得到长度为 2048 维的一维向量。

使用 HOG 方法与基于卷积神经网络(VGG19 和 ResNet50)的特征提取方法在原数据集和增强数据集上分别进行特征提取, 共产生六种组合的数据集, 分别称为: HOG+原数据集, HOG+增强数据集, VGG19+原数据集, VGG19+增强数据集, ResNet50+原数据集, ResNet50+增强数据集。在特征提取后, 使用 t-SNE 算法对各特征提取方法得到的图像特征进行可视化, 以直观考察几种特征提取方法的效果。

1.2 模型的构建和训练

1.2.1 简单卷积神经网络模型的训练

LeNet-5 卷积神经网络作为经典的浅层神经网络, 只有两层卷积层, 结构简单, 适合对数据集的复杂性进行初步评估。

模型的结构如下: 输入层, 输入为 224*224* 3

的 RGB 三通道图像; 卷积层 1, 包含 6 个尺寸为 5*5 像素的卷积核, 激活函数为 ReLU; 批标准化层 1; 最大值池化层 1, 池化尺寸为 2*2; 卷积层 2, 包含 16 个尺寸为 5*5 像素的卷积核, 激活函数为 ReLU; 批标准化层 2; 最大值池化层 2, 池化尺寸为 2*2; 全连接层 1, 包含 120 个神经元, 激活函数为 ReLU; 批标准化层 3; 全连接层 2, 包含 84 个神经元, 激活函数为 ReLU; 批标准化层 4; 输出层, 包含 20 个神经元, 激活函数为 softmax。

模型训练的参数如下: 损失函数为交叉熵, 优化器为 Adam。训练原数据集时, batch_size 为 30, epoch 为 50; 训练增强数据集时, batch_size 为 128, epoch 为 50。

1.2.2 基于提取特征的分类器的训练

将特征提取后的数据集作为输入, 分别训练随机森林(random forest, RF)、支持向量机(support vector machine, SVM)和多层感知机(multi-layer perceptron, MLP)模型。

随机森林模型的各项参数使用默认设置; 支持向量机的核函数为 RBF 核, 其他各项参数均为默认设置。多层感知机的结构为: 输入层, 包含神经元的个数根据所使用特征的长度而定, 使用 HOG 特征的输入层包含 200 个神经元, 使用 VGG19 特征的输入层包含 4096 个神经元, 使用 ResNet50 特征的输入层包含 2048 个神经元; 全连接层, 包含 1024 个神经元, 激活函数为 ReLU; 批标准化层; 输出层: 包含 20 个神经元, 激活函数为 softmax。多重感知机模型训练的参数如下: 损失函数为交叉熵, 优化器为 Adam。训练原数据集时, batch_size 为 30, epoch 为 50; 训练增强数据集时, batch_size 为 128, epoch 为 50。

1.3 模型评估指标

在多分类任务中, 模型对于不同类别的预测能力存在差异, 预测结果中可能存在类别不均衡的现象。由于准确率只是简单计算预测正确的样本与总样本数的比值, 忽略了模型对于不同类别的预测能力, 因此无法客观衡量模型的预测效果。为衡量模型对于各类别的综合预测能力, 应将模型对于各个类别预测结果的准确程度均考虑在内, 因此选取查准率(precise)、召回率

(recall)和 Macro-F1 score 作为评估指标^[32]。计算方法如下:

对于样本中的某一类别,称预测正确的正样本为真阳性,记为 TP (True Positive);称预测错误的正样本为假阳性,记为 FP (False Positive);称预测正确的负样本为真阴性,记为 TN (True Negative);称预测错误的负样本为假阴性,记为 FN(False Negative)。

查准率为在所有被预测为正样本的样本中,被正确预测的正样本的比例。

$$\text{precision} = \frac{\text{TP}}{\text{TP} + \text{FP}}$$

召回率为所有实际的正样本中(包含被预测错误的正样本),被正确预测的正样本的比例。

$$\text{recall} = \frac{\text{TP}}{\text{TP} + \text{FN}}$$

F1-Score 为查准率和召回率的调和平均数。

$$\text{F1} = 2 \times \frac{\text{precision} \times \text{recall}}{\text{precision} + \text{recall}}$$

Macro-F1 为各类别 F1-Score 的平均数,式中 N 为总类别数。

$$\text{Macro F1} = \frac{\sum_i^N \text{F1}_i}{N}$$

1.4 软件和硬件环境

本研究在 Python 3.8.10 环境中使用 scikit-image 库进行 HOG 特征的提取,使用 scikit-learn 0.24.0 库进行主成分分析并构建随机森林和支持向量机模型,使用 tensorflow 2.3.1 库进行基于 CNN 的特征提取以及多层感知机的训练。在 R 4.1.1 环境中使用 tsne 库进行 t-SNE 降维和可视化。

2 结果与分析

2.1 HOG 特征与 CNN 提取特征的比较

将可视化后的 ResNet50 模型中几层卷积核与 HOG 特征进行比较(图 1),可发现 HOG 特征能够反映各组仿刺参的形状差异,但在细节上受水光反射的干扰,无法反映背部疣足在分布模式上的

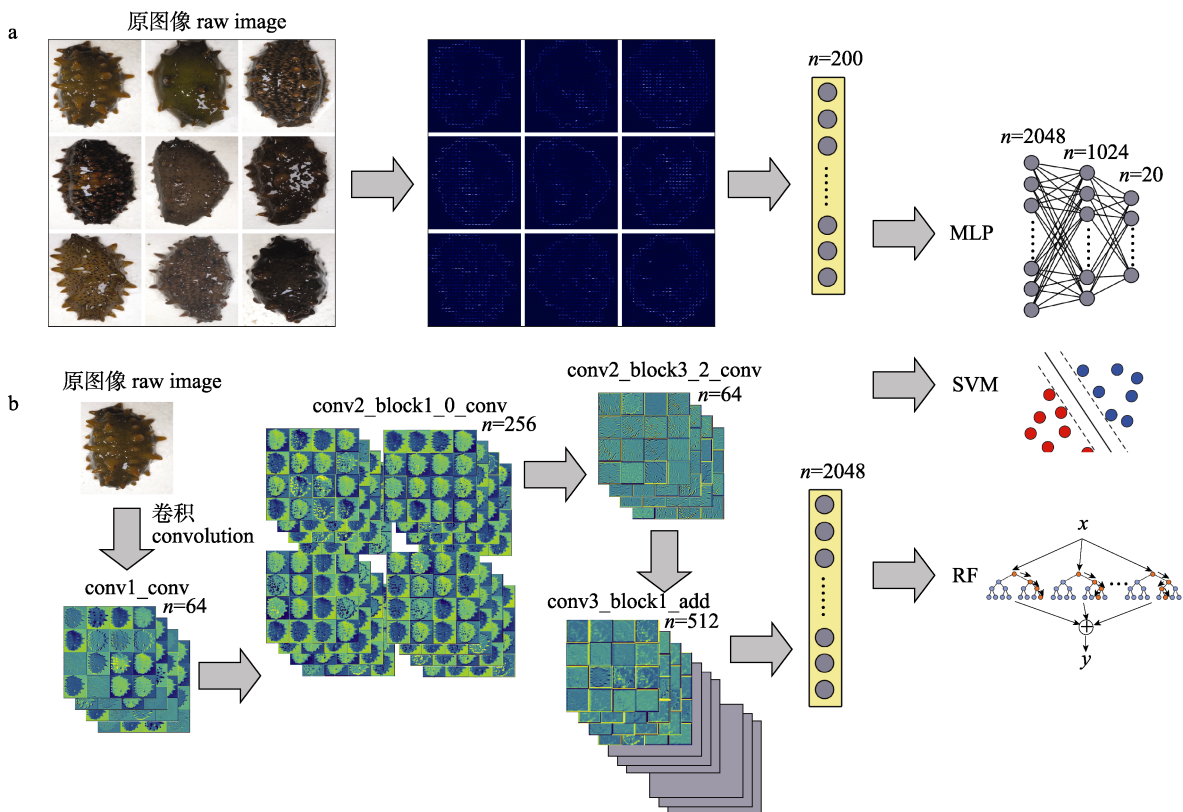


图 1 HOG 特征与基于 CNN 的特征的提取

a. HOG 特征提取流程; b. 基于 CNN 的特征提取流程。

Fig. 1 Extraction of HOG feature and CNN-based feature

a. Protocol of feature extraction based on HOG; b. Protocol of feature extraction based on CNN.

差异; 而观察 ResNet50 模型中的各组卷积核可发现, 部分卷积核能够区分疣足与图像的其他部分, 从而提取出对仿刺参区分效果更佳的特征。

使用 tSNE 算法对提取自原数据集的特征进

行可视化并进行观察(图 2)。各个类别的 HOG 特征在图中相互重叠, 难以区分; 而观察基于 CNN 的特征则可发现部分类别的样本在图中聚集成簇, 与其他类别完全分隔, 体现出类别内的一致性和

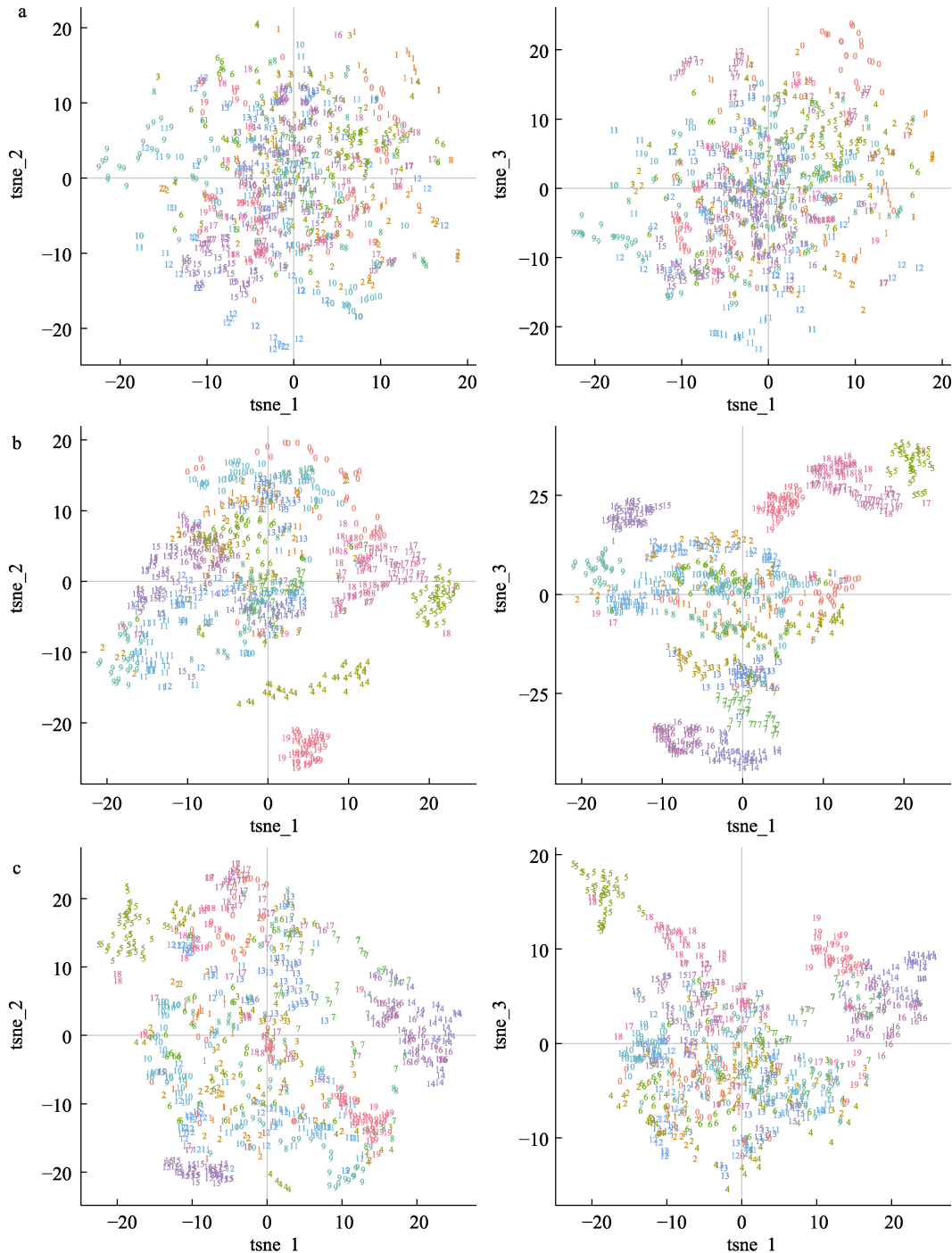


图 2 几种特征提取方法的可视化

图中数字 0~19 为各仿刺参的类别. a. HOG 特征的可视化; b. ResNet50 特征的可视化; c. VGG19 特征的可视化.

Fig. 2 Visualization of feature-extraction methods

Number labels in the range of 0~19 denote categories of *Apostichopus japonicus*.

a. Visualization of HOG feature; b. Visualization of ResNet50 feature; c. Visualization of VGG19 feature.

类别间的差异性,例如 ResNet50 特征中编号为 4、5、14、15、16、17、18、19 号的仿刺参类别和 VGG19 特征中编号为 5、15、19 号的仿刺参类别。ResNet50 特征与 VGG19 特征相比,同类别样本聚集成簇和类别间相互分隔的现象更为明显,说明 ResNet50 特征可能更好地捕捉了不同仿刺参类别的特征。

2.2 不同特征与分类器组合在仿刺参识别任务中的预测效果

使用特征提取后的数据集训练随机森林(RF)、支持向量机(SVM)、多层感知机(MLP),使用原数据集和增强数据集中未经特征提取的 224 像素*224 像素的图像训练 LeNet-5 卷积神经网络(表 1)。

表 1 不同特征和分类器组合的预测效果
Tab. 1 The results for prediction using different combination of features and classifiers

数据集 dataset	输入 input	分类器 classifiers	评价指标 metrics		
			查准率 precision	召回率 recall	macro-F1 score
原数据集 rawdataset	224*224 图像 224*224 image	LeNet-5	0.769±0.158	0.741±0.161	0.736±0.114
		RF	0.948±0.059	0.954±0.048	0.950±0.038
		SVM	0.948±0.078	0.956±0.052	0.950±0.049
	ResNet50 特征 ResNet50-extracted feature	MLP	0.987±0.038	0.992±0.023	0.989±0.022
		RF	0.758±0.149	0.773±0.190	0.756±0.155
		SVM	0.799±0.151	0.801±0.181	0.786±0.141
		MLP	0.892±0.092	0.895±0.102	0.891±0.072
		RF	0.506±0.177	0.499±0.271	0.447±0.165
		SVM	0.636±0.317	0.449±0.307	0.411±0.205
	HOG 特征 HOG feature	MLP	0.748±0.184	0.714±0.218	0.689±0.128
		LeNet-5	0.920±0.091	0.932±0.073	0.922±0.064
		RF	0.947±0.065	0.951±0.065	0.945±0.039
增强数据集 augmentationdataset	224*224 图像 224*224 image	SVM	0.983±0.041	0.989±0.025	0.985±0.023
		MLP	0.995±0.018	0.997±0.012	0.996±0.011
		RF	0.779±0.135	0.800±0.184	0.781±0.148
	VGG19 特征 VGG19-extracted feature	SVM	0.905±0.070	0.914±0.096	0.907±0.072
		MLP	0.935±0.062	0.946±0.085	0.937±0.056
		RF	0.470±0.152	0.473±0.230	0.425±0.119
	HOG 特征 HOG feature	SVM	0.742±0.164	0.759±0.160	0.739±0.129
		MLP	0.691±0.148	0.696±0.150	0.680±0.124

在使用 HOG 特征训练的分类器中, HOG+增强数据集+SVM 可取得最优预测效果(0.739±0.129), HOG +原数据集+MLP 可取得次优预测效果(0.689±0.128)。RF 的预测效果则较差,在 RF 分类器中表现最好的组合为 HOG+原数据集+RF,其 macro-F1 score 仅达到 0.447±0.165。

与使用 HOG 特征训练的分类器相比,结构较为简单的卷积神经网络 LeNet-5 在预测效果上有大幅提升。增强数据集+LeNet-5 模型可取得 0.922±0.064 的 macro-F1 score;在不进行数据增

强的情况下,原数据集+LeNet-5 也能取得 0.736±0.114 的 macro-F1 score,与使用 HOG 特征训练的分类器能取得的最优预测效果(0.739±0.129)相仿。

在使用 VGG19 卷积神经网络提取的特征进行训练的分类器中, VGG19+增强数据集+MLP 可取得最优预测效果(0.937±0.056), VGG19+增强数据集+SVM 可取得次优预测效果(0.907±0.072)。在使用原数据集进行特征提取和训练的情况下, VGG19+原数据集+任意分类器在预测效果上均优于原数据集+LeNet-5 模型(0.736±0.114);在使

用增强数据集进行特征提取和训练的情况下, 仅有 VGG19+增强数据集+MLP(0.937±0.056)优于增强数据集+LeNet-5 模型(0.922±0.064), 但提升幅度仅为~0.015。

使用 ResNet50 卷积神经网络进行特征提取后, 使用任意分类器均能在数据集相同时取得优于其他模型组合的预测效果。ResNet50+增强数据集+MLP 可取得最优预测效果(0.996±0.011), ResNet50+原数据集+MLP 可取得次优预测效果(0.989±0.022)。值得注意的是, 在使用 ResNet50 特征训练 SVM 后, 也可取得较好的预测效果, ResNet50+增强数据集+SVM 可取得 0.985±0.023 的 Macro-F1 score, ResNet50+原数据集+SVM 可取得 0.950±0.049 的 Macro-F1 score。综合考虑模型的预测结果和训练成本后, 在后续部分的研究中选取 ResNet50+原数据集+MLP 作为实验模型, 选取 ResNet50+原数据集+SVM 作为对照模型。

2.3 模型在不同规模训练集上的预测效果

实际应用场景中存在时间和人力成本的限制, 难以获得较大规模的数据集。为解决可能存在的小样本量问题, 需要考察分类器在不同规模训练集上的预测效果, 以权衡训练集的规模和预测效果, 得到性价比最高的方案。分别取 ResNet50+原数据集中第 1~5 天、第 1~10 天、第 1~15 天、第 1~20 天、第 1~25 天、第 1~30 天、第 1~35 天、第 1~40 天、第 1~45 天的仿刺参图像作为训练集,

对 MLP 和 SVM 分类器进行训练。使用训练完成后分类器对各自训练集对应剩余天数的全部图像进行预测(例如对使用第 1~5 天的图像训练的分类器而言, 需对第 6~50 天的图像进行预测, 以此类推), 再对第 46~50 天的图像进行预测(图 3)。

在训练集规模较小时, 两种分类器的 macro-F1 score 均随训练集规模的扩大而提高。当使用第 1~25 天的图像作为训练集时, 模型在两种测试集上的预测效果均达到较高水平, ResNet50+MLP 预测剩余全部图像的 macro-F1 score 为 0.946±0.058, 预测第 46~50 天图像的 macro-F1 score 为 0.917±0.121。此后 macro-F1 score 曲线趋于平稳, 预测效果不再随训练集规模的扩大而明显提升。使用第 1~45 天的图像作为训练集时, 两种测试集均为第 46~50 天, ResNet50+MLP 取得最高 macro-F1 score (0.970±0.047)。此外, 在各组实验中 ResNet50+MLP 的 macro-F1 score 几乎均高于 ResNet50+SVM, 只有在使用第 1~40 天图像作为训练集预测第 46~50 天样本时, ResNet50+SVM(0.928±0.091)取得了优于 ResNet50+MLP(0.921±0.078)的预测效果。

2.4 在不同时间尺度上对仿刺参的追踪识别

在实际育种工作中需在一定时间内对个体进行持续跟踪, 因此将上一部分中使用不同时间跨度训练集进行训练的 ResNet50+原数据集+MLP 对剩余天数的预测效果进行汇总, 以考察模型在时间尺度上对仿刺参追踪识别的效果(图 4)。

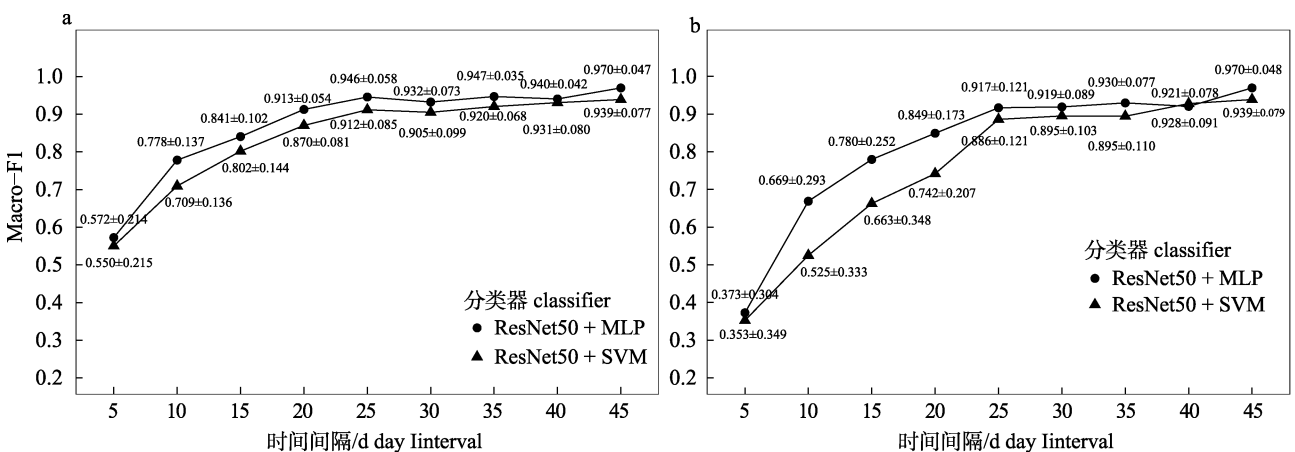


图 3 使用不同规模数据集训练的分类器的预测效果
 a. 对剩余天数的全部图像进行预测的结果; b. 对第 46~50 天的图像进行预测的结果。
 Fig. 3 The results for prediction using classifiers trained by datasets with different size
 a. The results for prediction of the whole images of the rest days;
 b. The results for prediction of the images of the 46th-50th days.

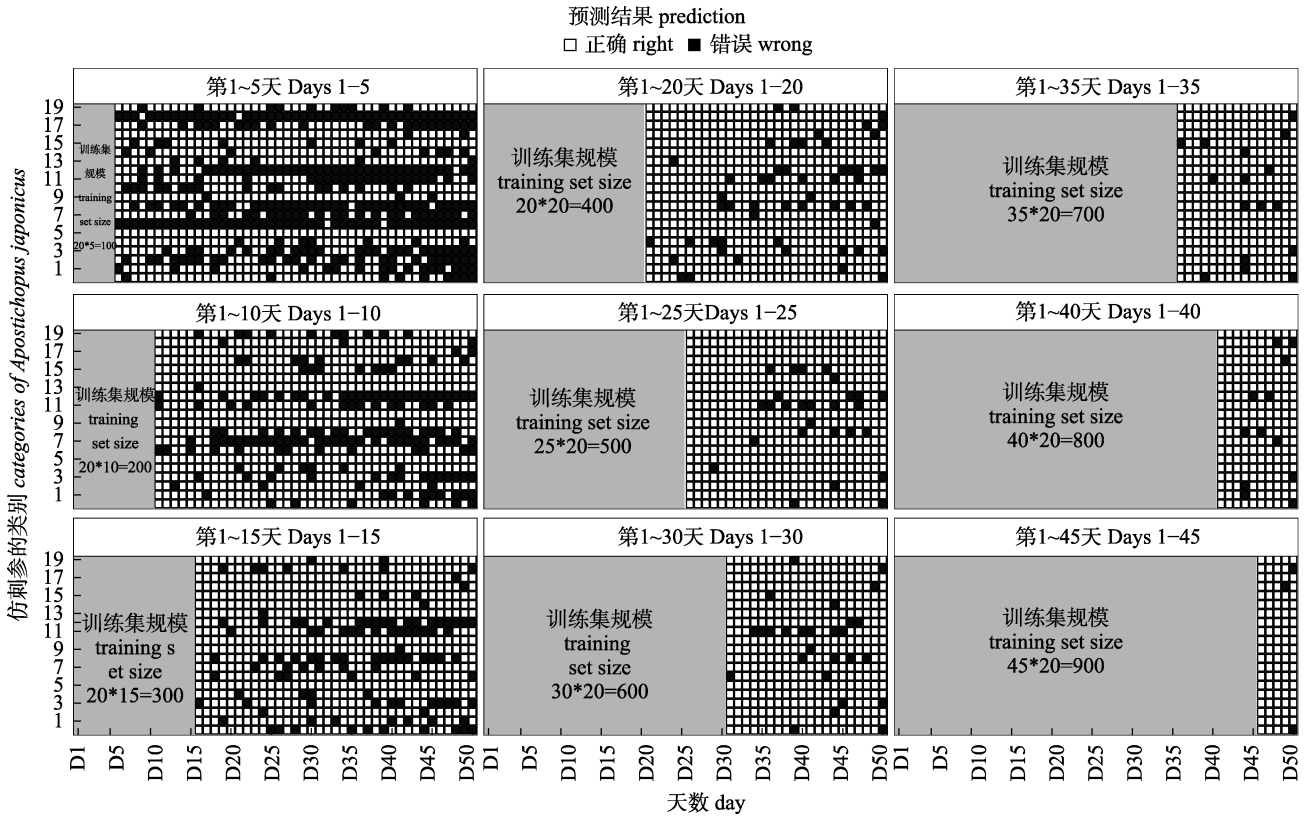


图 4 在不同时间尺度上对仿刺参追踪识别的效果

Fig. 4 The result of tracking recognition of *Apostichopus japonicus* on different time scales

当使用第 1~5 天、第 1~10 天、第 1~15 天的图像进行训练时，训练集规模较小，模型对于某些个体的预测准确率极低。例如使用第 1~5 天的图像进行训练时，模型对第 6、7、8、12、18 号仿刺参个体的预测效果极差。随着训练集规模的扩大，这些难以预测的个体逐渐能被模型正确识别。在使用 1~25 天的图像进行训练时，已不存在

难以识别的个体，对于某些个体已经能达到 100% 的识别率。

若某类别在剩余时间内被预测错误次数 ≤ 2 ，则记该类别为可被追踪类别，使用此标准对预测效果进行统计(表 2)。在训练集规模较小时，可被追踪的类别数随训练集规模的扩大而增加。当使用第 1~25 天的图像作为训练集时，可被追踪的类

表 2 在不同时间尺度上追踪识别效果的统计

Tab. 2 The statistics for results of tracking recognition on different time scales

数据集 dataset		100% 识别的类别数 number of categories 100% indentified	判错 1 次的类别数 number of categories misclassified once	判错 2 次的类别数 number of categories misclassified twice	可被追踪的类别数 number of trackable categories	可被追踪类别的占比/% percentage of trackable categories
训练集 training set	预测集 test set					
1-5 d	6-50 d	1	0	1	2	10
1-10 d	11-50 d	3	2	2	7	35
1-15 d	16-50 d	2	5	2	9	45
1-20 d	21-50 d	3	5	5	13	65
1-25 d	25-50 d	9	6	1	16	80
1-30 d	31-50 d	7	7	4	18	90
1-35 d	36-50 d	9	7	3	19	95
1-40 d	41-50 d	11	1	6	18	90
1-45 d	46-50 d	17	3	0	20	100

别数为 16, 占总类别数的 80%, 其中可被 100% 识别的类别数为 9 种, 判错 1 次的类别数为 6 种, 判错 2 次的类别数为 1 种。此后可被追踪类别的占比的增长趋于平稳, 当使用第 1~45 天的图像作为训练集时, 可被追踪类别的占比达到 100%, 其中可被 100% 识别的类别数为 17 种, 判错 1 次的类别数为 3 种。

3 讨论

3.1 深度卷积神经网络在仿刺参个体图像识别中的优势

为探索适用于仿刺参识别的特征提取方式和机器学习模型, 本研究选用在目标识别领域较为经典 HOG 特征与基于 CNN 的特征, 并用提取的特征对 SVM、RF 和 MLP 进行训练; 以经典的浅层卷积神经网络 LeNet-5 作为基线模型进行对照。LeNet-5 模型作为早期的卷积神经网络, 层数较少, 结构简单, 通过观察原数据集和增强数据集在 LeNet-5 模型上的效果, 可对数据集的复杂程度以及机器学习算法所能取得的效果进行初步评估, 以便选出最好的特征与分类器组合。

原数据集+LeNet-5 在训练集上可取得 0.736 ± 0.114 的 macro-F1 score, 而增强数据集+LeNet-5 模型在训练集上可取得 0.922 ± 0.064 的 macro-F1 score, 说明当训练集规模较小时, 特征提取能力相对较弱的浅层卷积神经网络难以充分捕捉到仿刺参图像的特征, 导致过拟合, 模型泛化能力下降; 而使用数据增强后的训练集进行训练后(扩充 39 倍), LeNet-5 模型在训练集上的 macro-F1 score 取得了 ~ 0.19 的提高, 说明在训练集规模足够大时, 使用浅层的卷积神经网络也可取得较好的识别效果。在使用 HOG 特征的组合中, macro-F1 score 最高的组合是 HOG+增强数据集+SVM(0.739 ± 0.129), 其效果远低于 LeNet-5 在相同数据集上的表现。HOG 特征是一种对边缘较为敏感的特征, 适用于描述几何形状稳定、形变幅度不大的个体^[30]。仿刺参易形变, 且个体间的差异有相当部分体现在背部疣足排布模式上, 因此 HOG 特征难以充分反映仿刺参个体之间的差别。这说明在仿刺参识别任务中, 不仅需要充足的样本量, 也需要有

效的特征提取技术。

基于 CNN 的特征分为两类, 分别是用 VGG19 网络提取的特征与用 ResNet50 网络提取的特征, 其中 VGG19 网络拥有 16 层卷积层^[27], 而 ResNet50 网络拥有 49 层卷积层^[25], 与二者相比 LeNet-5 只有 2 层卷积层^[33]。在使用 VGG19 特征训练的分类器中, VGG19+增强数据集+MLP 可取得最高的 macro-F1 score (0.937 ± 0.056), 相较于增强数据集+LeNet-5 (0.922 ± 0.064)有 ~ 0.01 的提高; 而在使用原数据集时, VGG19+原数据集+MLP (0.891 ± 0.072)相较于原数据集+LeNet-5 (0.736 ± 0.114)可获得 ~ 0.16 的提高。这与上文结论相仿, 在训练集规模较小时, 由于 VGG19 的卷积层层数较高, 特征提取能力较强, 因此能够比卷积层层数较低的 LeNet-5 更好地表征仿刺参个体之间的差异性; 而在训练集规模较大时, LeNet-5 取得的 macro-F1 score 虽仍低于 VGG19+MLP, 但相差仅有 ~ 0.01 , 这说明数据量的增大可以弥补模型在特征提取能力方面的不足。在用 ResNet50 特征训练的分类器中, ResNet50+增强数据集+MLP 可取得最优预测效果(0.996 ± 0.011), ResNet50+原数据集+MLP 可取得次优预测效果(0.989 ± 0.022), 均优于相同数据集下的 VGG19+MLP 和 LeNet-5 所取得的效果。在增强数据集上, ResNet50 与 VGG19 相比有约 0.05 的提升, 说明卷积层的增加能够明显提升特征提取的效果; 数据增强对 ResNet50+MLP 的提升仅有约 0.007, 说明 ResNet50 网络中深度的卷积层已能较为充分地提取仿刺参图像的特征, 即使数据集较小也能取得较为理想的效果。通常认为, 深度卷积神经网络通过堆叠多层卷积核, 允许模型捕捉到更高维而抽象的特征, 乃至传统上因肉眼不可见而被认为是噪音的高频特征^[34]。本研究中 ResNet50 的多层卷积层可能捕捉到了仿刺参背部的纹理和疣足分布的某种模式。

3.2 在不同时间尺度上的预测实验确定了最佳数据集规模

在实际应用中由于可供收集图像数据的时间窗口有限, 且需要尽量减少对仿刺参的扰动, 这使得研究者通常无法取得较多的数据, 因此需要

对数据量和预测效果之间进行权衡。使用不同时间尺度上的图像作为训练集训练分类器,并将余下时间的图像作为测试集进行预测(图 3a)。当使用第 1~25 天的图像进行训练时(即每头个体 25 幅图像,共 500 幅图像),即可得到较好的效果(0.946 ± 0.058);此后曲线趋于平缓,直到使用第 1~45 天的图像进行训练时,预测效果又得到较大的提升(0.970 ± 0.047)。由于在使用 1~45 d 的图像作为训练集时,测试集只有第 46~50 天的图像,规模较小(100 幅图像),模型对于某些特定个体识别率可能较高,此时预测效果的提升可能存在一定的偶然性。

把测试集固定为 46~50 d 的仿刺参图像后,除使用第 1~45 天图像训练的分类器的效果不变外,使用其他时间尺度的图像训练的分类器的预测效果均有所下降(图 3b)。使用第 1~25 天的图像进行训练可得到 0.917 ± 0.121 的 macro-F1 score;此后预测效果趋于平稳,几乎不受训练集规模增大的影响。直到使用第 1~45 天的图像训练后,效果才有明显提升(0.970 ± 0.047),这可能是测试集较小导致的偶然性结果。此外,考虑到图像忠实反映了仿刺参随时间的体态变化,第 1~45 天的图像包含了第 41~45 天的图像,与训练集中第 46~50 天的图像存在时间上的连续性,有利于模型捕捉到仿刺参在体态连续变化中稳定不变的特征,这可能是模型在由第 46~50 天图像组成的测试集上取得较好预测效果的另一个原因。

结果表明,选用第 1~25 天的仿刺参图像(500 幅图像)进行基于 ResNet50 的特征提取后对模型进行训练,即可得到较好的预测结果。本实验中,为使图像充分包含仿刺参的不同体态,也为防止影响实验室条件下仿刺参的生活状况,每头仿刺参每天只拍摄 1 幅图像,这使得拍摄周期有所延长。在实际应用中,可以适当增加单日拍摄次数,例如每天每头个体均拍摄 5 幅图像,则只需 5 d 即可完成采样工作,如此可以大幅缩短数据收集周期。

3.3 基于卷积神经网络的仿刺参识别方法在长时间跟踪中的可靠性

在育种工作中需对个体进行长时间跟踪,因

此需保证模型能够实现对仿刺参个体的长时间准确识别。在长时间跟踪识别实验中可以发现,模型对于不同个体的预测效果存在差异。例如当训练集规模较小时,模型对第 6、7、8、12、18 号仿刺参个体的预测效果较差,这可能是由于这些个体与其他个体在疣足分布和形态上相似性较高,在小样本量下模型难以学习到它们与其他个体的差异。而当训练集规模扩大后,模型对于这些难识别的个体也可以进行准确识别。此外当样本规模较小时,模型在对测试集中距训练集时间较近(例如 5 d 内)的样本进行预测时,预测效果较好;当对测试集中距训练集时间较远的样本进行预测时,效果则相对较差,这也说明逐日拍摄的仿刺参图像数据具有连续性和时间性。但是当样本规模扩大后,这种时间上的差异性逐渐消失,也说明当样本量充足时,模型提取的特征在时间上具有稳定性。

若将预测中错判数 ≤ 2 的仿刺参类别认为是可被追踪的类别,使用第 1~25 天的图像训练模型后,有 16 只仿刺参个体是可被追踪的。随着数据集规模继续扩大,可被追踪的类别随之提升,直至使用第 1~45 天的图像训练模型后,可被追踪的类别数达到 20,覆盖了实验中所有的仿刺参类别。这说明使用基于 CNN 的图像识别算法对仿刺参进行长时间识别和追踪是可行的。

传统的标记方法大多涉及对海参体壁的穿刺和破坏,容易使得海参因伤口溃烂而死亡,同时其标签的留存率受标签工具的选择、实验个体、操作方式的影响而波动较大,通常来说 1 个月的留存率在 50%~80%,以上两类问题导致传统的标记方法难以应用于仿刺参育种的标记工作中^[24, 35-36]。本研究中,使用第 1~25 天的图像训练得到的模型预测第 26~50 天共 25 d 刺参图像时,可以达到 0.946 ± 0.058 的 F1-score,准确率较高。本研究所用的图片均为手机拍摄,不需要严格的拍摄流程,数据的获取较为简便;数据的获取不涉及对仿刺参体壁的物理性介入,对仿刺参的生活状态影响较小。综上,使用基于 CNN 的图像识别方法在仿刺参育种的标记工作中具有较大的应用潜力。

3.4 仿刺参的疣足分布模式可能是一种复杂性状

由于不同类别仿刺参的背部图像可被基于深度卷积网络的分类器所区分, 说明不同类别的仿刺参存在有某种在个体间存在显著差异的特征。考虑到仿刺参的图像均被剪裁和缩放至同样大小和形状, 并不存在相对大小的差异, 因此疣足数量和排布的差异极有可能是将仿刺参个体区分出来的特征。先前已有研究者对仿刺参疣足数量的 SNP 遗传力进行评估, 证明疣足数量是一个中等遗传力的复杂数量性状^[37]。而在扇贝中的研究表明, 扇贝壳表面的纹理分布模式存在种属间的差别, 可用于区分不同的扇贝品种^[38]。本研究中, 疣足的分布模式既包括疣足的数量, 也包括疣足的排列方式。据此我们推测, 仿刺参的疣足分布模式可能也是由多种基因共同作用下的复杂性状, 但在如何对该性状进行精确表征的问题上仍有待探索。疣足是与仿刺参经济价值密切相关的部位, 对仿刺参背部疣足的分布模式进行量化的描述和解析, 有助于加深对疣足相关性状的理解, 为仿刺参育种工作提供参考。

3.5 模型的可改进方向

在已有的海参标记的方法学研究中, 对单个方法进行实验的样本量通常在 10~40^[35-36, 39], 据此本研究选取 20 的样本量大小。在训练模型时, 由于在 50 d 内进行连续拍摄, 样本在时间上可以前后对照, 因此对于模型训练来说样本量较为充足。但在实际育种工作中往往需要涉及较多个体, 因此在后续研究中有必要增加仿刺参的类别数, 对模型所能识别的个体上限进行探索, 以最大化识别系统的收益, 满足实际生产生活需要。本研究中在对样本预处理时对仿刺参图像进行了裁切和缩放处理, 未将仿刺参个体之间相对大小的差异考虑在内。后续研究中可在拍摄图像时在视野中添加长度标定物(如标尺), 据此对图像进行缩放, 即可将仿刺参个体间相对大小的差异包含在数据集内。在考虑仿刺参的相对大小后, 可能会提高模型在时间追踪任务中的效果。此外, 如果使用更为轻量化的网络架构, 例如 MobileNets 等^[40], 则有希望在移动端部署识别系统(如编写手机 app), 以实现仿刺参识别的移动化和实时化。

4 结论

本研究通过连续 50 d 续拍摄得到 20 头仿刺参个体的图像数据集, 并在此数据集上比较了不同特征提取方法和分类器组合的预测效果。结果显示, 基于深度卷积网络的特征提取方法在仿刺参识别任务中表现优异, 其中的 ResNet50+MLP 模型在原数据集和增强数据集上均可取得最优效果。在不同规模训练集上的预测结果表明, 当每头仿刺参的图像数达到 25 幅时, 模型即可取得稳定的预测效果。在不同时间尺度上的追踪识别实验表明, ResNet50+MLP 模型在较长的时间跨度中可稳定识别不同的仿刺参类别, 且准确率优于其他侵入式标记方法。对仿刺参个体的成功识别, 也暗示其疣足分布模式可能是一种可被表征的复杂性状。本研究结果将为基于深度学习的仿刺参非侵入式标记方法的开发和仿刺参复杂性状的表征提供重要参考。

参考文献:

- [1] Liao Y L. Fauna Sinica Echinodermata Holothuroidea[M]. Beijing: Science Press, 1997, 148-150. [廖玉麟. 中国动物志 棘皮动物门 海参纲[M]. 北京: 科学出版社, 1997: 148-150.]
- [2] Ding J, Han L S, Chang Y Q. Application of germplasm innovation technology in sea cucumber and sea urchin genetic breeding[J]. Progress in Fishery Sciences, 2021, 42(3): 1-16. [丁君, 韩冷姝, 常亚青. 水产动物种质创新新技术及在海参、海胆遗传育种中的应用[J]. 渔业科学进展, 2021, 42(3): 1-16.]
- [3] Anderson S C, Flemming J M, Watson R, et al. Serial exploitation of global sea cucumber fisheries[J]. Fish and Fisheries, 2011, 12(3): 317-339.
- [4] Ferdouse F. World markets and trade flows of sea cucumber/beche-de-mer[J]. Advances in sea cucumber aquaculture and management, 2004, 463: 101-117.
- [5] Zhang C Y, Wang Y G, Rong X J, et al. Natural resources, culture and problems of sea cucumber worldwide[J]. Marine Fisheries Research, 2004, 25(3): 89-97. [张春云, 王印庚, 荣小军, 等. 国内外海参自然资源、养殖状况及存在问题[J]. 海洋水产研究, 2004, 25(3): 89-97.]
- [6] Chang Y Q, Ding J, Song J, et al. Biological research and culture of sea cucumber and sea urchin[M]. Beijing: Ocean Press, 2004. [常亚青, 丁君, 宋坚, 等. 海参、海胆生物学研究与养殖[M]. 北京: 海洋出版社, 2004.]
- [7] Qu H X, Liu X T, Yang Y N. Problems and countermeasures of *Stichopus japonicus* industry development[J]. Agriculture

- and Technology, 2016, 36(22): 138. [曲洪霞, 刘心田, 杨燕妮. 刺参产业发展存在的问题及应对措施[J]. 农业与技术, 2016, 36(22): 138.]
- [8] Wang Y G, Rong X J, Liao M J, et al. Sea cucumber culture and disease control technology[M]. Beijing: China Agriculture Press, 2014. [王印庚, 荣小军, 廖梅杰, 等. 刺参健康养殖与病害防控技术丛解[M]. 北京: 中国农业出版社, 2014.]
- [9] Chang Y Q, Sui X L, Li J. The Current situation, problem and prospect on the *Apostichopus japonicus* aquaculture[J]. Fisheries Science, 2006, 25(4): 198-201. [常亚青, 隋锡林, 李俊. 刺参增养殖业现状、存在问题与展望[J]. 水产科学, 2006, 25(4): 198-201.]
- [10] Li C L, Song A H, Hu W, et al. Status analysis and sustainable development strategy of sea cucumber *Apostichopus japonicus* Selenka aquaculture industry in Shandong Province[J]. Progress in Fishery Sciences, 2010, 31(4): 126-133. [李成林, 宋爱环, 胡炜, 等. 山东省刺参养殖产业现状分析与可持续发展对策[J]. 渔业科学进展, 2010, 31(4): 126-133.]
- [11] (Mou/Mu) S G, Li Y S, Liu G, et al. Development status of sea *Stichopus japonicus* breeding technology in Shandong Province[J]. Transaction of Oceanology and Limnology, 2000(2): 63-65. [牟绍鄂, 李元山, 刘岗, 王颖. 山东省刺参增养殖技术发展现状[J]. 海洋湖沼通报, 2000(2): 63-65.]
- [12] Sun L, Qiu T L, Xu Q, et al. Evaluation of different methods for external tagging of *Apostichopus japonicus*[J]. Marine Sciences, 2013, 37(7): 1-6. [孙璐, 邱天龙, 许强, 等. 仿刺参不同体外标记方法效果的比较[J]. 海洋科学, 2013, 37(7): 1-6.]
- [13] Conand C. Methods of studying growth in holothurians (beche-de-mer), and preliminary results from a beche-de mer tagging experiment in new caledonia[J]. SPC Fisheries Newsletter, 1983, 26: 31-38.
- [14] Uthicke S, Benzie J. A genetic fingerprint recapture technique for measuring growth in 'unmarkable' invertebrates: Negative growth in commercially fished holothurians (*Holothuria nobilis*)[J]. Marine Ecology Progress Series, 2002, 241: 221-226.
- [15] Shiell G R. Effect of invasive tagging on the activity of *Holothuria whitmaei*[Echinodermata: Holothuroidea]: A suitable mark-recapture method for short-term field studies of holothurian behaviour[J]. Marine and Freshwater Behaviour and Physiology, 2006, 39(2): 153-162.
- [16] Mercier A, Battaglene S C, Hamel J F. Periodic movement, recruitment and size-related distribution of the sea cucumber *Holothuria scabra* in Solomon Islands[M]//Island, Ocean and Deep-Sea Biology. Dordrecht: Springer Netherlands, 2000: 81-100.
- [17] Yanagisawa T. Sea-cucumber ranching in Japan and some suggestions for the South Pacific[C]. Tonga: Aquaculture Workshop, 1995, 387-400.
- [18] Harriott V J. The ecology of holothurian fauna of Heron Reef and Moreton Bay[D]. Townsville: University of Queensland, 1980.
- [19] Purcell S W, Blockmans B F, Nash W J. Efficacy of chemical markers and physical tags for large-scale release of an exploited holothurian[J]. Journal of Experimental Marine Biology and Ecology, 2006, 334(2): 283-293.
- [20] Morgan A D. Induction of spawning in the sea cucumber *Holothuria scabra* (Echinodermata: Holothuroidea)[J]. Journal of the World Aquaculture Society, 2000, 31(2): 186-194.
- [21] Kirshenbaum S, Feindel S, Chen Y. A study of tagging methods for the sea cucumber *Cucumaria frondosa* in the waters off Maine[J]. Fishery Bulletin, 2006, 104(2): 299-302.
- [22] Gibbons W J, Andrews K M. PIT tagging: Simple technology at its best[J]. BioScience, 2004, 54(5): 447-454.
- [23] Purcell S W, Agudo N S, Gossuin H. Poor retention of passive induced transponder (PIT) tags for mark-recapture studies on tropical sea cucumbers[J]. SPC Beche-de-mer Information Bulletin, 2008, 28: 53-55.
- [24] Xu Q, Gao F, Zhang L B, et al. A new tagging method and its early stress effect on the sea cucumber *Apostichopus japonicus*[J]. Aquaculture, 2017, 468: 156-161.
- [25] He K M, Zhang X Y, Ren S Q, et al. Deep residual learning for image recognition[C]//2016 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition. Las Vegas, NV, USA. IEEE: 770-778.
- [26] Girshick R. Fast R-CNN[C]//2015 IEEE International Conference on Computer Vision. Santiago, Chile. IEEE: 1440-1448.
- [27] Simonyan K, Zisserman A. Very deep convolutional networks for large-scale image recognition[EB/OL]. 2014: arXiv: 1409.1556. <https://arxiv.org/abs/1409.1556>
- [28] Redmon J, Divvala S, Girshick R, et al. You only look once: Unified, real-time object detection[C]//2016 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition. Las Vegas, NV, USA. IEEE: 779-788.
- [29] Shorten C, Khoshgoftaar T M. A survey on image data augmentation for deep learning[J]. Journal of Big Data, 2019, 6(1): 1-48.
- [30] Dalal N, Triggs B. Histograms of oriented gradients for human detection[C]//2005 IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition. San Diego, CA, USA. IEEE: 886-893.
- [31] Bengio Y. Deep Learning of Representations for Unsupervised and Transfer Learning[C]. Proceedings of ICML Workshop on Unsupervised and Transfer Learning, 2012, 27: 17-36.
- [32] Asgari E, Garakani K, McHardy A C, et al. MicroPheno: Predicting environments and host phenotypes from 16S rRNA gene sequencing using a k-mer based representation of shallow sub-samples[J]. Bioinformatics, 2018, 34(13): i32-i42.
- [33] LeCun Y, Bottou L, Bengio Y, et al. Gradient-based learning applied to document recognition[C]//Proceedings of the IEEE. IEEE: 2278-2324.

- [34] Wang H H, Wu X D, Huang Z Y, et al. High-frequency component helps explain the generalization of convolutional neural networks[C]//2020 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). Seattle, WA, USA. IEEE: 8681-8691.
- [35] Rodríguez-Barreras R, López-Morell J, Sabat A M. Effectiveness of two tagging devices in the sea cucumber *Holothuria* (*Halodeima*) *grisea*[J]. Marine and Freshwater Research, 2017, 68(3): 563.
- [36] Fujino T, Sawada H, Mitamura H, et al. Single spaghetti tagging as a high-retention marking method for Japanese common sea cucumber *Apostichopus japonicus*[J]. Fisheries Science, 2017, 83(3): 367-372.
- [37] Ni P, Ren Q, Wang J, et al. Estimating SNP heritability for papillae number in sea cucumber *Apostichopus japonicus*[J]. Progress in Fishery Sciences, 2021, 42(3): 68-76. [倪萍, 任强, 王静, 等. 仿刺参疣足数量 SNP 遗传力评估[J]. 渔业科学进展, 2021, 42(3): 68-76.]
- [38] Xing Q, Wei T D, Chen Z H, et al. Using a multiscale image processing method to characterize the periodic growth patterns on scallop shells[J]. Ecology and Evolution, 2017, 7(5): 1616-1626.
- [39] Cieciel K, Pyper B J, Eckert G L. Tag retention and effects of tagging on movement of the giant red sea cucumber *Parastichopus californicus*[J]. North American Journal of Fisheries Management, 2009, 29(2): 288-294.
- [40] Howard A G, Zhu M L, Chen B, et al. MobileNets: Efficient convolutional neural networks for mobile vision applications[EB/OL]. 2017: arXiv: 1704.04861. <https://arxiv.org/abs/1704.04861>

A non-invasive tagging method for *Apostichopus japonicus* based on convolutional neural networks

LIU Yang¹, WANG Yangfan^{1,4}, HU Jingjie¹, BAO Zhenmin¹, DING Jun², CHANG Yaqing², YANG Jianmin^{3,4}, HOU Hu⁵

1. Key Laboratory of Marine Genetics and Breeding, Ministry of Education; College of Marine Life Sciences, Ocean University of China, Qingdao 266003, China;
2. College of Fisheries and Life Science, Dalian Ocean University, Dalian 116023, China;
3. School of Agriculture, Ludong University, Yantai 264025, China;
4. Shandong Huachun Fishery Co., Ltd, Dongying 257236, China;
5. College of Food Science and Engineering, Ocean University of China, Qingdao 266003, China

Abstract: External tagging methods facilitate the study of the spatio-temporal behavior of *Apostichopus japonicus* at population and individual levels, as well as population dynamics, breeding, and efficient harvesting methods. However, due to the soft body wall and strong exclusion ability of *Apostichopus japonicus*, the retention rate of traditional invasive tagging methods is low. Moreover, damage caused to the body wall by traditional tagging methods often leads to wound ulceration, which affects the quality of life of *Apostichopus japonicus*. In this study, a non-invasive identification method for *Apostichopus japonicus* is developed by processing images using a deep convolutional neural network model to extract features and characterize the unique body texture patterns of individual specimens. After feature extraction and the training of the classifier on consecutive images of *Apostichopus japonicus* taken in a period of 50 d, the classifier achieved a maximum accuracy of 0.996±0.011 on the test set compared to traditional invasive tagging methods that only achieved an accuracy of up to 0.75. For individual temporal tracking recognition, feature extraction and model training were performed using images taken in a period of 1 to 25 d. The classifier achieved an accuracy of 0.946±0.058 on the test set consisting of images taken in the periods of 26–50 d. These results indicate that the use of the ResNet50 convolutional neural network can effectively predict the categories of *Apostichopus japonicus* and achieve a better accuracy than traditional tagging methods in the temporal tracking task.

Key words: *Apostichopus japonicus*; non-invasive tagging method; deep learning; papillae; complex trait

Corresponding author: WANG Yangfan. E-mail: yfwang@ouc.edu.cn; HU Jingjie. E-mail: hujingjie@ouc.edu.cn