

严露露,朱赞彬,冯世杰,等. 基于改进 FixMatch 算法的半监督番茄病虫害识别[J]. 江苏农业科学,2024,52(20):244–250.

doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2024.20.029

基于改进 FixMatch 算法的半监督番茄病虫害识别

严露露,朱赞彬,冯世杰,龚守富,程湔湔

(信阳农林学院,河南信阳 464000)

摘要:为了快速准确地识别番茄叶片病虫害,从而提升番茄产量和品质,在有限设备资源条件下实现番茄病虫害的精准防治,针对以往番茄病虫害识别算法数据标注成本过高的问题,提出一种基于改进 FixMatch 算法的半监督番茄病害图像识别方法。首先,对真实场景采集的番茄病虫害数据进行深入分析,挖掘出数据集规模不明、类间数据不均衡性较为严重的特性,在原始 FixMatch 算法的基础上,引入 k -means 聚类算法筛选出代表性数据进行标注,以提高标注数据的性价比。其次,设计一种自适应伪标签数据补充模块,使得在半监督分类算法迭代过程中,自适应地调整不同类别的伪标签判定阈值,并且引入 Focal Loss,以保证模型免受类别不均衡的影响。试验结果表明,在 kaggle 提供的公开数据集 New Plant Diseases Dataset 的 10 种番茄病害上,本研究提出的半监督番茄病虫害识别算法仅使用 2 000 张(约训练数据的 10%)的标注数据进行模型训练,在测试集上的准确率可达到 98.16%,比原始 FixMatch 算法提高了 1.34 个百分点。经过对比试验表明,本研究提出的基于 k -means 聚类算法的代表数据预选模块比随机挑选的准确率提高 23.92 百分点,基于自适应阈值截断的伪标签判断模块在困难样本类别上比原始 FixMatch 算法高出 5.00 百分点。综上所述,本研究所提出的基于改进 FixMatch 算法的半监督番茄病虫害识别算法能够提高半监督图像识别任务的准确率,对于真实场景下如何挑选数据标注以及如何制定训练过程中的伪标签监督策略都有着积极的参考意义,降低了番茄病虫害识别模型的数据标注成本,助力智慧农业发展。

关键词:番茄;病虫害;改进 FixMatch 算法;半监督学习;图像分类

中图分类号:S126;TP391.41 文献标志码:A 文章编号:1002-1302(2024)20-0244-06

番茄是我国重要的蔬菜之一,在我国的栽培面积和总产量均居世界首位^[1]。番茄种植过程中常遭遇多种病害,严重影响番茄的产量,导致番茄品质降低,对病害的防治也大大增加了作物种植成本。针对番茄的病虫害检测可以进行早期预警,基于准确的病虫害诊断进行精准施药,是番茄病虫害防控体系中至关重要的一个环节^[2-3]。传统农业生产中,番茄病虫害识别主要依靠种植者的经验和生物检验。前者主观性强,容易出现误判,后者损伤植物组织且呈现滞后性,影响药剂的及时喷施^[4-5]。因此,提供一种快速、无损且准确的番茄病虫害识别方法十分必要。

随着人工智能领域的发展,图像处理、神经网络等技术广泛应用到农业作物图像提取与分类中^[6-8]。近几年,基于神经网络的方法进一步应用于番茄叶片病虫害识别。倪智涛等提出了一种将图像分类技术与目标检测技术协同融合的细粒度病虫害识别方法,提高了番茄细粒度病虫害识别的精确度^[9]。张俊宁等提出了一种基于注意力机制与改进 YOLO v5s 的温室番茄目标快速检测方法,提高了边界框回归速率和果实目标定位精度^[10]。郭小燕等在 ResNet 50 中引入双层注意力机制与通道特征提取机制,设计并验证了基于全局特征提取的深度神经网络的有效性^[11]。马丽等改进了 MobileNet v3 模型用于番茄病害识别,改进后模型平均识别准确率可达 97.29%^[12]。陈林琳等利用计算机视觉中的图像识别与特征提取技术建立了芋头病害识别监测理论模型和识别系统,该系统对芋头病害的识别率平均维持在 88% 以上^[13]。与传统基于特征分类的病虫害识别算法相比,深度神经网络图像分类算法的识别精度更高,应用场景更广泛^[14-16]。为了充分训练深度神经网络模型,提高识

收稿日期:2024-04-24

基金项目:河南省重点研发与推广专项(科技攻关)(编号:232102111118);
信阳农林学院青年基金(编号:QN2022020、QN2021046);信阳农林学院科技创新团队项目(编号:XNKJTD-011)。

作者简介:严露露(1995—),女,河南信阳人,硕士,助教,主要从事温室智能化栽培与环境调控研究。E-mail:2020190001@xyafu.edu.cn。

通信作者:程湔湔,博士,讲师,主要从事图像处理与模式识别研究,
E-mail:2021190008@xyafu.edu.cn。

别效果,需要使用大规模含标注信息的数据集作为支撑,但在实际农业生产中,如此高成本的方案难以施行。

基于以上问题,研究者们提出了多项基于半监督学习的病虫害识别算法^[17-19]。使用半监督病虫害识别算法,仅需要少部分的标注数据,同时训练标注数据和未标注数据,便可实现较好的识别效果。本研究基于 FixMatch 半监督图像分类算法,引入 k -means 聚类算法用于筛选代表数据进行标注,聚焦模型前期能力差和类间数据不均衡性的问题引入了基于自适应阈值截断的伪标签判断和图像分类 Focal Loss,以改善原模型对于类别不均衡情况下样本较少类别识别率差的缺陷,提升半监督模式下番茄病虫害识别的准确率^[20]。

1 材料与方法

1.1 数据集介绍

本试验使用的番茄叶片病害数据集是 Kaggle 提供的 2 个番茄叶片病害数据集 New Plant Diseases Dataset (<https://www.kaggle.com/datasets/ashishmwtwani/tomato/data> 和 <https://www.kaggle.com/datasets/noulam/tomato>) 整理而成,整理后的数据共包含 19 349 张训练集图片和 4 837 张验证集图片,包含 10 种不同类型的番茄病害叶片图像和 1 种类型的番茄健康叶片图像,是专门用于番茄叶片病害识别模型训练和验证的数据集。具体数据详情见表 1。

表 1 数据集图片数量分布

番茄病害类型	训练集图片数量 (张)	验证集图片数量 (张)
细菌性斑点病	1 702	425
早疫病	1 920	480
晚疫病	1 851	463
叶霉病	1 882	470
白粉病	1 004	252
斑枯病	1 745	436
二斑叶螨	1 741	435
轮斑病	1 827	457
花叶病毒病	1 790	448
黄化曲叶病毒病	1 961	490
健康	1 926	481

从表 1 可以看出,不同叶片病害的数据数量差异较大,对于模型训练存在较大干扰,使得模型极

易向数据多、易于识别的病害类别上倾斜,而忽视了数据少、较难识别的病害类别。本研究所提出的半监督番茄病害识别算法针对这种类间数据不均衡问题有较好的表现。

1.2 基于改进 FixMatch 的半监督番茄叶片病害识别算法设计

本研究提出的基于改进 FixMatch 的半监督番茄叶片病害识别模型是基于公认有效的半监督框架构建的,利用一致性正则化和伪标签 2 种技术手段来有效利用未标注数据,使得未标注数据参与模型训练,提升模型在有限标注数据下的学习效果。原始 FixMatch 算法的流程分为 3 步:(1)数据增强策略。半监督的理论依据是:对同一张图像进行不同的数据增强后,模型识别出该图像所属的类别应该是一致的。算法使用双路径数据增强方案,弱增强(如随机反转、裁剪等基本变换)用于生成伪标签,而强增强(如色彩区域变换、随机空洞等进阶变换)用于强化模型对输入扰动的鲁棒性。(2)伪标签生成。模型在训练过程中,对弱增强后的未标注数据进行预测,并设置 1 个截断阈值来筛选具有高度置信度的伪标签,只有当模型对某个样本的预测概率超出预设截断阈值时,才会将其作为可靠的伪标签保留下来参与模型损失计算。(3)一致性正则化。对于未标注样本,模型的目标是在同一个样本强增强后预测出的结果和弱增强后生成的伪标签一致的结果,从而实现一致性约束。

原始 FixMatch 算法对于选择哪些数据进行标注以及类间不均衡问题未进行深入研究,针对这些问题,本研究提出了改进后的 FixMatch 算法。算法框架如图 1 所示。在原始 FixMatch 框架的基础上,新增了基于 k -means 聚类算法的代表数据预选模块、基于自适应阈值截断的伪标签判断模块和多分类 Focal Loss。首先,算法使用 k -means 的聚类结果来预选更具代表性的数据进行标注,有利于模型迅速、准确地迭代训练。随后,使用随机数据增强策略,对未标注数据分别进行弱增强和强增强。针对模型对这 2 种增强方式的预测结果,使用基于自适应阈值截断的伪标签判断模块来确定哪些未标注数据被纳入训练过程,而不是 FixMatch 算法的固定截断阈值。最后,使用多分类 Focal Loss 计算标注数据的监督损失和未标注数据的一致性损失,联合进行模型迭代训练。

1.2.1 基于 k -means 聚类算法的代表数据预选模

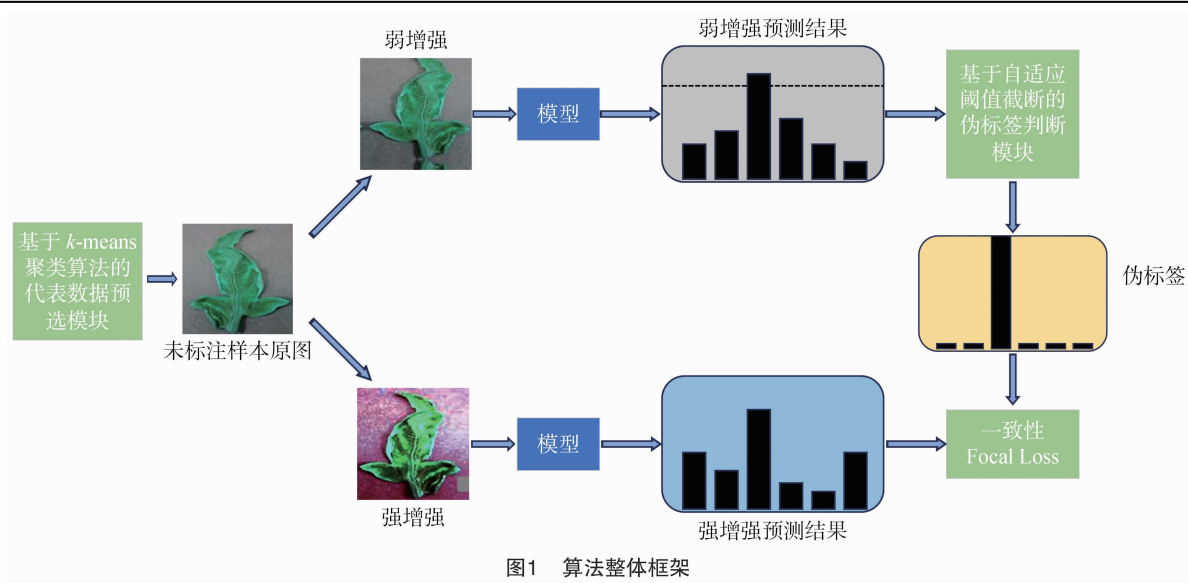


图1 算法整体框架

块 对于现实采集的数据集,相比于有监督数据而言,半监督数据无法知晓数据集的全部信息,仅知道类别的数量却不知道各个类别的数量等信息。而现有的方案均是假设已知各类别数据数量的前提下进行标注数据预选,这是不符合真实情形的。除此之外,在试验过程中本研究还发现,选取不同组合的标注数据,对模型训练结果影响较大,其影响原因是选取的标注数据是否能更好的代表此类数据的平均特征。经过试验发现,选取更具代表性的数据作为半监督模型中的标注数据,比随机选择数据的方式模型效果更好。针对这种情况,本研究提出了基于 k -means 聚类算法的代表数据预选模块。首先,设置数据集 X 的类别种数 N 及半监督抽样比例 μ , μ 为构建代表性待标注数据子集的抽样比例。随后,采用经过 ImageNet 预训练的 ResNet 101 卷积神经网络模型对原始图像数据进行特征提取,生成对应的高维特征向量集合 F ,此步骤利用了深度学习模型强大的特征学习能力,将复杂的图像信息转化为易于处理的特征表示。接着运用 k -means 聚类算法对提取出的特征向量 F 进行迭代优化,以 N 个聚类中心为基础,不断更新类别划分直至收敛。最后进行代表性样本选择,选取原则是距离该类聚类中心越近的数据,在此类数据中的代表性越高。具体过程为:针对每个类别,计算其余图像特征与当前类别中心的距离,并根据距离排序;选取距离当前类别中心最近的 $(X \times \mu)/N$ 个数据为该类别的代表性样本。最终,可以获得一个包含 $X \times \mu$ 个样本的待标注数据集,其中每个类别均有 $(X \times \mu)/N$ 个最具代表性的样本,这些数据可用于进

一步的人工标注,从而丰富有监督信息,更有效地提升后续分类任务的性能。图 2 为基于 k -means 聚类算法的代表数据预选模块选出的各类前 3 名代表性数据和最不具有代表性的数据。可以看出,具有代表性的数据更能代表该类的平均特征,而最不具有代表性的数据往往与该类其余数据特征差异较大。

1.2.2 基于自适应阈值截断的伪标签判断模块

在半监督训练过程中,公认的难点在于如何判断未标注数据经过模型推理得到的伪标签是否可纳入无监督训练。先进的半监督算法一般采用对预测分布进行置信度截断的方式来作为判断标准,如 FixMatch 算法便是将预测分布中最大置信度大于 0.9 的数据纳入到无监督训练中。但这种方法存在 2 个局限性,首先是未考虑到模型前期预测能力弱的问题,在模型训练前期,由于尚未学习到有效分类能力,乱预测的结果参与到训练过程会导致模型整体学偏,产生恶性循环。其次是未考虑到类别不平衡问题,对于少样本的类别而言,其参与到训练的未标注数据自然也比多样本类别要少,从而导致模型向多样本类别偏向。针对以上 2 个局限性,本研究提出了基于自适应阈值截断的伪标签判断模块。该模块的工作流程如下:(1)判断当前训练处于哪个阶段,若当前参与进训练的未标注数据比例在 50% 以下,则处于训练前期,否则处于训练后期。(2)若当前处于训练前期,在判断当前样本是否应该被纳入训练中时,其截断阈值还需加入该样本的 k -means 聚类结果来辅助评估。若该样本的模型推理结果和 k -means 聚类结果一致,则截断阈值设置为 0.80,若不一致,则截断阈值设置为 0.95。

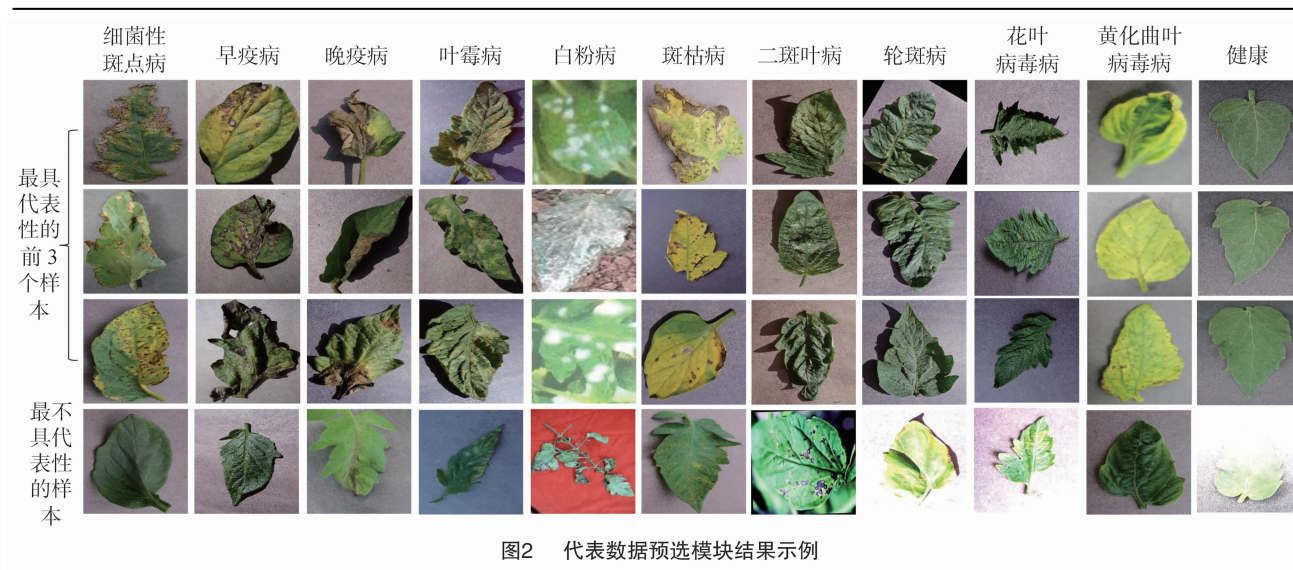


图2 代表数据预选模块结果示例

(3)若当前处于训练后期,仅通过模拟的推理结果来判断,不再借用 k -means 的聚类结果来辅助评估。且在判断过程中,根据上一轮各类别已纳入训练的非标注样本数量比例,来自适应地调整每一类的截断阈值。自适应截断阈值的计算准则为:具有最多纳入训练样本数量的类别的截断阈值设为 0.95,最少的类别设为 0.80,其余类别分别按比例在二者之间取值。

1.2.3 图像多分类 Focal Loss 虽然在“1.2.2”节中针对类别不平衡问题进行了优化,但由于 k -means 聚类结果的不确定性和自适应阈值截断方案的滞后性,少样本类别在模型训练过程中的重要程度依然偏弱。为了进一步优化类别不平衡问题,本研究引入了多分类 Focal Loss^[21]作为损失函数,在损失反向传播过程中均衡各类别间的重要性。本研究用到的多分类 Focal Loss 见公式(1)。

$$FL(p_i) = -\alpha_i(1-p_i)^\gamma \lg(p_i) \quad (1)$$

式中: $FL(p_i)$ 为第 t 类数据计算得到的损失值; α_i 是第 t 类的加权因子,类别样本数越少的加权因子越大; γ 为常数,用于提高困难样本的权重; p_i 为该样本被预测为真值类的估计概率。

1.3 评价指标

为了评估所提出算法在番茄叶片病害识别任务上的有效性,本研究使用平均识别准确率和各类识别准确率来进行模型效果评估。除此之外,为了评估模型筛选健康番茄和患病番茄的能力,本研究还采用了健康样本识别精确率(health precision, HP,所有健康样本被正确识别为健康的比例)和病害样本识别精确率(disease precision, DP,所有病害

样本被正确识别为病害的比例)2个指标来进行算法效果评估。本研究中平均识别准确率是所有样本被正确识别的比例。

2 结果与分析

2.1 试验平台和参数设置

试验平台设置:试验所涉及到的全部模型均在 CPU 为 18 vCPU AMD EPYC 9754 128 - Core Processor、GPU 为 NVIDIA GeForce RTX 4090D、显存为 24 GB 的台式计算机上进行训练和测试。该计算机的操作系统为 Unbutu 20.04, CUDA 库版本为 11.3,深度学习框架为 Python 3.8、Pytorch 1.10.0。

训练参数设置:整体训练分为 2 个阶段,训练前期和后期,通过判断当前参与训练的未标注数据比例是否大于 50%来区分。在训练前期,对模型推理结果与 k -means 聚类结果一致的样本,其置信度截断值设置为 0.80,不一致的样本设置为 0.95。在训练后期,根据该类别被纳入训练样本的数量,置信度最大截断值固定设置为 0.95,而最小截断值设定为 0.80。模型共训练 100 轮,样本批量大小(batchsize)设置为 4,每次迭代均使用 batchsize 个标注样本和 batchsize $\times 7$ 个未标注样本。初始学习率设置为 0.03,学习率衰减策略为余弦退火衰减,优化器为 SGD、nesterov 动量系数为 0.9。损失函数中,Focal Loss 的值设置为 2.0。半监督训练数据抽取比例 μ 为 10% (2 000 张)。

试验使用的模型为 WideResNet (wide residual networks),是 ResNet 的变种网络模型。在本研究中,使用了深度为 28 层、宽度为 2 的 WideResNet 模

型。本研究中使用到的所有数据增广方式均与 FixMatch 算法一致。

2.2 消融试验

2.2.1 基于 k -means 聚类算法的代表数据预选模块消融试验 为了判断基于 k -means 聚类算法的代表数据预选模块的有效性,本研究设置了 3 组试验,第 1 组为从全部数据中随机挑选 $X \times \mu$ 个数据

作为标注数据,第 2 组为从 k -means 聚类结果中在各类别数据中随机挑选 $X \times \mu/N$ 个样本组成训练数据,第 3 组为本研究实际应用的方案,即从 k -means 聚类结果中抽取距离各聚类中心最近的 $X \times \mu/N$ 个数据作为标注数据。基于这 3 种方案选取的数据,本研究分别使用相同的试验设置进行模型训练和测试,测试结果如表 2 所示。

表 2 代表数据预选模块消融试验结果

方案	精度最差类别准确率 (%)	病害样本识别精确率 (%)	健康样本识别精确率 (%)	平均识别准确率 (%)
第 1 组:随机挑选	30.60	96.76	95.84	73.39
第 2 组:类间随机挑选	87.50	99.20	98.54	96.82
第 3 组:本研究方案	90.62	99.82	99.89	97.31

从表 2 可以看出,本研究实际使用方案的平均识别准确率最高,超出第 2 组方案 0.49 百分点,超出第 1 组方案 23.92 百分点。在精度最差类别上以及健康/病害样本识别任务上,本研究方案的识别精度同样大幅领先。这充分说明了本研究提出的基于 k -means 聚类算法的代表数据预选模块在半监督图像分类任务中发挥了正向作用。试验中发现,使用第 1 组随机挑选方案的试验出现多次无法收敛的情况,这是由于抽取到的数据过于偏向于某一类或极其不具备代表性导致的。

2.2.2 基于自适应阈值截断的伪标签判断模块消融试验 为了优化半监督图像分类任务中模型训练前期乱预测和类别不均衡的问题,本研究提出了基于自适应阈值截断的伪标签判断模块,为验证此模块的有效性,本研究设计了 2 组试验,第 1 组是将原始 FixMatch 的伪标签判断模块替换到本研究提出的方案中,第 2 组是本研究提出的方案,其他试验设置均相同,测试结果如表 3 所示。从表 3 可以看出,使用自适应阈值截断伪标签判断模块的第 2 组模型在番茄叶片病害识别任务上比第 1 组表现更优异,平均识别准确率超出 0.81 百分点。除此之外,第 2 组模型在少样本类别(白粉病)上的识别准确率比第 1 组模型更是超出 2.27 百分点,在困难类别(早疫病)上超出 5.00 百分点。这充分说明了本研究所提出的伪标签判断模块的有效性。

2.2.3 图像多分类 Focal Loss 在其他试验设置均使用最优方案的基础上,本研究还设置了 2 组对比试验用于验证引入的图像多分类 Focal Loss 的有效性,分别使用原始交叉熵损失和使用多分类 Focal Loss 作为模型损失函数。从表 4 可以看出,使用 Focal

表 3 伪标签判断模块消融试验结果

类别	识别准确率 (%)	
	第 1 组	第 2 组
细菌性斑点病	97.88	98.82
早疫病	91.04	96.04
晚疫病	93.30	94.60
叶霉病	99.15	99.30
白粉病	97.33	99.60
斑枯病	97.25	97.24
二斑叶螨	99.31	99.54
轮斑病	96.06	94.96
花叶病毒病	100.00	100.00
黄化曲叶病毒病	99.59	99.38
健康	100.00	99.79
平均值	97.35	98.16

Loss 使得困难类别早疫病识别准确率提升 1.67 百分点,少样本类别叶霉病识别准确率提升 0.55 百分点,平均识别准确率超出 0.52 百分点,由此可见,在数据均衡度较严重的数据上,Focal Loss 一定程度上可以提升半监督图像分类模型识别番茄叶片病害的准确率。

表 4 图像多分类 Focal Loss 消融试验结果

方案	识别准确率 (%)		
	早疫病	叶霉病	平均值
无 Focal Loss	94.37	98.75	97.64
使用 Focal Loss	96.04	99.30	98.16

2.3 算法性能分析

为了验证改进后的 FixMatch 算法相比于原始 FixMatch 算法的优越性,将二者在番茄叶片病害识别任务上进行对比测试,除本研究所提出的 3 个创新点外,其余的试验设置均一致,以保证试验结果

对比的公平性。除此之外,使用同一个网络模型和训练设置,使用挑选出来的数据进行有监督训练,和半监督结果进行对比测试。

本研究提出的改进后 FixMatch 和原始 FixMatch 算法在番茄叶片病害识别任务上的最终结果对比结果(表 5)显示,在抽样比例为 10% 的情况下,改进后的 FixMatch 算法在番茄叶片病害识别任务上均表现的更好,平均识别准确率达到 98.16%,相比于原始 FixMatch 算法提升了 1.34 百分点,相比于部分标注数据进行有监督训练的方案提升了 3.92 百分点。除此之外,改进后 FixMatch 算法在健康样本识别和病害样本识别任务上的识别精确率也超出原始 FixMatch 算法。图 3 为原始 FixMatch 方法和本研究方法在测试集上的准确率迭代曲线图,可以看出,本研究方法相比于原始 FixMatch 方法而言迭代流程更稳定,收敛的更快。

表 5 算法性能对比结果

方案	病害样本识别精确率 (%)	健康样本识别精确率 (%)	平均识别准确率 (%)
标注数据仅进行有监督训练	97.16	98.58	94.24
原始 FixMatch	98.90	98.77	96.82
本研究方法	99.82	99.79	98.16

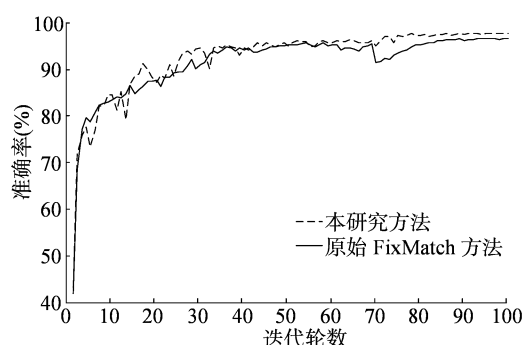


图3 测试集准确率迭代曲线

3 讨论与结论

本研究提出的改进后的 FixMatch 算法经过试验验证,在番茄叶片病害识别半监督任务上表现优异。改进后的 FixMatch 算法在原始 FixMatch 算法的基础上做了 3 个方面的改进:(1)提出了基于 k -means 聚类算法的代表数据预选模块。通过预先使用 k -means 聚类算法,挑选出各类的代表性数据进行标注,保证半监督模型向着收敛更快、更精确的方向迭代训练。(2)提出了基于自适应阈值截断的

伪标签判断模块,优化了原始 FixMatch 算法未考虑到模型前期预测能力弱以及类别不均衡的问题。(3)通过将 k -means 算法的聚类结果作为训练前期的参考值来弥补模型前期预测置信度较低的情况,并且使用自适应阈值截断的方案来使得各类别参与无监督训练的样本数量尽可能维持均衡,以使得模型更好的迭代训练。与原始 FixMatch 算法相比,本研究提出的改进后的 FixMatch 算法在番茄叶片病害识别任务上仅用 10% 的标注数据便取得了 98.16% 的平均识别准确率,相比原始 FixMatch 算法有较大提升,且训练过程收敛更快、迭代更平稳,这表明本文提出的改进后 FixMatch 算法可以很好地解决现实场景中的番茄叶片病害识别任务。

本研究所提出的改进后 FixMatch 半监督算法目前仅在公开数据集上进行真实采集情况模拟,后续将进行番茄叶片病害数据集的真实采集,并且将此算法推广到其他半监督植物病害识别任务上去。

参考文献:

- [1] 高艳娜,牛华琳,李 营,等. 基于主成分分析和聚类分析对不同番茄品种的综合评价[J]. 江苏农业科学,2023,51(12):106-113.
- [2] 张领先,景嘉平,李淑菲,等. 基于图像自动标注与改进 YOLO v5 的番茄病害识别系统[J]. 农业机械学报,2023,54(11):198-207.
- [3] 储 鑫,李 祥,罗 斌,等. 基于改进 YOLO v4 算法的番茄叶部病害识别方法[J]. 江苏农业学报,2023,39(5):1199-1208.
- [4] 柴 帅,李壮举. 基于迁移学习的番茄病虫害检测[J]. 计算机工程与设计,2019,40(6):1701-1705.
- [5] 李大华,仲 婷,王 算,等. 基于改进 ShuffleNet v2 的轻量化番茄叶片病害识别[J]. 江苏农业科学,2024,52(3):220-228.
- [6] 王哲豪,范丽丽,何 前. 基于 MobileNet v2 和迁移学习的番茄病害识别[J]. 江苏农业科学,2023,51(9):215-221.
- [7] 程演滇,祁力钧,程一帆,等. 基于 M-LP 特征加权聚类的果树冠层图像分割方法[J]. 农业机械学报,2020,51(4):191-198,260.
- [8] 冯世杰,王艳平. 基于机器视觉的温室作物行间杂草的识别[J]. 信阳农林学院学报,2012,22(2):115-117.
- [9] 倪智涛,胡伟健,李宝山,等. 一种基于图像分类与目标检测协同的番茄细粒度病害识别方法[J]. 江苏农业科学,2023,51(22):221-228.
- [10] 张俊宁,毕泽洋,闫 英,等. 基于注意力机制与改进 YOLO 的温室番茄快速识别[J]. 农业机械学报,2023,54(5):236-243.
- [11] 郭小燕,于帅卿,沈航驰,等. 基于全局特征提取的农作物病害识别模型[J]. 农业机械学报,2022,53(12):301-307.
- [12] 马 丽,周巧黎,赵丽亚,等. 基于深度学习的番茄叶片病害分类识别研究[J]. 中国农机化学报,2023,44(7):187-193.

叶 琪,王丽芬,马明涛,等. 基于改进 YOLO v8 的草莓病害检测方法[J]. 江苏农业科学,2024,52(20):250-259.

doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2024.20.030

基于改进 YOLO v8 的草莓病害检测方法

叶 琪^{1,2}, 王丽芬², 马明涛², 赵 鑫^{1,2}, 段必冲^{1,2}

(1. 吉林化工学院信息与控制工程学院, 吉林吉林 132022; 2. 吉林农业科技学院电气与信息工程学院, 吉林吉林 132101)

摘要:针对自然条件下草莓病害检测难度大、人工检测效率低下、传统计算机检测方式步骤繁琐、检测精度差以及模型的参数量与计算量大的问题,构建一种基于改进 YOLO v8 的草莓病害检测模型。该模型使用 Slim-Neck 结构代替原 YOLO v8 网络的颈部(Neck)结构以降低深度可分离卷积特征提取和融合能力差的缺陷对模型造成的负面影响,在降低模型参数量和计算量的同时不会损失检测的准确度,并且该结构能使模型更好地应用于复杂的草莓种植环境。模型还引入了通道注意力和空间注意力机制(CBAM)以提高病害特征的提取能力同时忽略图片中不相关的信息。最后模型将 YOLO v8 中的边界框损失函数替换为 MPDIoU 以提升检测和目标定位的能力。结果表明,本模型在一个含有 7 类草莓病害的开源数据集可以实现 96.5% 的平均精度(*mAP*),同时仅有 2.9 M 参数量和 7.4 GFLOPs 值,相比于原始 YOLO v8n、YOLO v7-tiny、YOLO v6n 和 YOLO v5s 模型的 *mAP* 分别提升 1.2、1.9、3.7 和 2.5 百分点。改进后的模型具有更高的检测精度和更小的参数量与计算量,可为实际草莓种植环境下的病害检测提供参考。

关键词:病害检测;YOLO v8;注意力机制;Slim-Neck;MPDIoU

中图分类号:S126;TP391.41 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2024)20-0250-10

草莓是一种深受人们喜爱的水果,在世界范围内被广泛种植。根据联合国粮食及农业组织(FAO)的调查数据,2008 年到 2018 年 10 年间全球草莓数量增加了 39.4%,我国的草莓产量也从 2008 年的 190 万 t 增长到 2018 年的 300 万 t^[1]。但是草莓在种植过程中极易受到各种病害的侵蚀,细菌、真菌和病毒等会对草莓的叶片果实等造成危害,影响草莓成长甚至造

成草莓植株的死亡^[2]。因此,精准识别并控制草莓病害的传播对草莓种植产业显得尤为重要。

传统的人工检测植物病害的方法成本高、效率差且误检率高,随着精准农业的兴起,计算机辅助检测植物病害技术开始在实际农业生产过程中得到应用^[3]。蒋龙泉等提出了一种基于多特征融合和支持向量机(support vector machine,简称 SVM)分类器的植物病虫害检测方法,使用 Bag Of Features (BoF) 多特征融合技术后,检测正确度达到 95.91%^[4]。Eaganathan 等提出一种基于 *k* 均值分割和 *k* 近邻(*k*-nearest neighbors,简称 KNN)分类器的甘蔗病害识别算法,该方法对甘蔗叶片焦枯病的监测准确率达 95%^[5]。

近年来,凭借自动化学学习和特征提取的优势,

收稿日期:2023-11-02

基金项目:吉林省科技发展规划(编号:20230201073GX);吉林省重点新兴交叉学科“数字农业”课题。

作者简介:叶 琪(2000—),男,福建泉州人,硕士研究生,研究方向为计算机视觉。E-mail:1564633612@qq.com。

通信作者:王丽芬,硕士,副教授,主要从事计算机图形学、软件工程研究,E-mail:306923482@qq.com;马明涛,博士,教授,主要从事电子电路和信号的检测、传输研究,E-mail:35172318@qq.com。

[13] 陈林琳,姜大庆,蔡银杰,等. 基于计算机视觉的芋头病害监测与识别[J]. 农机化研究,2020,42(6):224-229.

[14] 姜晟久,钟国韵. 基于可分离扩张卷积和通道剪枝的番茄病害分类方法[J]. 江苏农业科学,2024,52(2):182-189.

[15] 胡文艺,王洪坤,杜育佳. 基于 SE 模块和 ResNet 的番茄病虫害识别方法[J]. 农业工程,2022,12(9):33-40.

[16] 杨英茹,吴华瑞,张 燕,等. 基于复杂环境的番茄叶部图像病虫害识别[J]. 中国农机化学报,2021,42(9):177-186.

[17] 孔江波,朱 贺,张延文,等. 基于实例置信度推断的半监督小样本植物病害图像识别[J]. 江苏农业科学,2022,50(12):229-237.

[18] 贾俊杰,李 捷. 基于半监督生成对抗网络的病虫害图像识别算法[J]. 武汉轻工大学学报,2019,38(4):45-52.

[19] 江侯涛,马善农. 基于半监督的植物病害智能检测研究[J]. 机电工程技术,2024,53(2):221-224,290.

[20] Sohn K, Berthelot D, Li C L, et al. FixMatch: simplifying semi-supervised learning with consistency and confidence[C]//Advances in Neural Information Processing Systems, 2020, 33: 596-608.

[21] Lin T Y, Goyal P, Girshick R, et al. Focal loss for dense object detection[C]. 2017 IEEE International Conference on Computer Vision (ICCV), 2017: 2980-2988.