

王少芳,陈 贤,崔艳荣,等. 基于 HTW-YOLO 的轻量化草莓病害检测方法[J]. 江苏农业科学,2025,53(20):262-271.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2025.20.029

基于 HTW-YOLO 的轻量化草莓病害检测方法

王少芳,陈 贤,崔艳荣,陈中举,詹 炜

(长江大学计算机科学学院,湖北荆州 434023)

摘要:针对草莓容易受到多种病害侵袭,且病害形态各异,传播速度快,导致草莓病害检测效率低下、检测精度不高等问题,提出一种基于 YOLO v8s 改进的 HTW-YOLO 轻量化草莓病害检测模型。首先,将颈部网络替换为高层次特征筛选融合金字塔网络,通过高层特征筛选低级特征信息的多层次筛选和融合,以增强模型对病害特征信息的捕捉能力,并融合坐标注意力机制,进一步提高模型对病害的定位和识别;其次,采用任务对齐检测头,以共享卷积进行特征提取,降低检测头参数的同时,利用病害的分类定位特征交互信息,提高模型的病害检测性能;最后,将原损失函数优化为 WIoU 损失函数,增强模型的泛化能力,使模型在各个优劣样本中取得平衡,提高整体检测性能。结果表明,所提出的模型检测精确率为 94.0%,召回率为 89.8%,平均精度均值为 94.5%,参数量和模型大小分别为 6.1、12.4 M,与基准模型 YOLO v8s 相比,在参数量和模型大小分别降低 45.0%、45.1% 的情况下,精确率、召回率和平均精度值分别提升 2.6、3.2、4.3 个百分点。改进的模型与 Faster R-CNN、YOLO v5s、YOLO v7-tiny、YOLO v9s、YOLO v10s 相比,仅模型参数量和大小略高于 YOLO v7-tiny,精确率比 YOLO v9s 低 0.5 个百分点,其他性能均为最优,在实现模型轻量化的同时取得了较高的草莓病害识别能力。

关键词:草莓病害;YOLO v8;目标检测;轻量化;深度学习;HTW-YOLO

中图分类号:TP391.41;S126 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2025)20-0262-10

草莓作为一种广受欢迎的水果,被誉为“水果皇后”,不仅因其鲜艳的色泽和甜美的口感而备受消费者喜爱,更因其在农业经济中的重要地位而备受关注^[1]。它不仅为农民提供了稳定的收入来源,还促进了相关产业链的发展,如食品加工、包装、运输和销售等,为经济发展做出了显著贡献。虽然草莓产业的经济潜力巨大,但它也面临着一些严峻的挑战,其中最为严重的就是各种病害的威胁。由于草莓根茎矮小,浆果柔软,没有保护性果皮,在生长过程中很容易受到多种病原体、真菌和细菌的侵袭^[2]。这些病害不仅会导致果实品质下降,减少产量,还可能引起整个作物的严重损失,给农民带来巨大的经济损失^[3]。

因此,在草莓种植业中,实时对病害进行管理是至关重要的一环,因为它直接影响到草莓的产量和质量。传统的病害检测方法往往依赖于人工观察,这不仅耗时耗力,而且容易受到主观因素的影响

响^[4]。机器学习技术的发展,为快速、高效、准确地检测草莓病害提供了可能。

在农作物病害检测领域,许多研究人员利用机器学习技术,根据图像数据来检测和分类植物病害。疾病特征的提取和选择是根据先验知识和前人经验设计的^[5]。算法的检测性能主要取决于提取和选择的特征是否能够充分代表疾病特征以及分类器的兼容性。此外,它还受到植物类型、疾病类型和环境照明条件等因素的影响。例如,石晶晶等对水稻健康叶片和卷叶损伤叶片的光谱进行测量和分析,选取提取的参数作为支持向量机的输入向量,设计用于识别稻卷叶机损伤叶片的支持向量分类器,在特定参数下,分类精度高达 100%^[6]。李冠林等提出一种基于 K-Means 硬聚类算法的葡萄病害彩色图像非监督性分割处理方法,对葡萄病害彩色图像的分割处理比较理想,平均分割准确率达到 90.77%^[7]。传统的图像分析技术结合农作物的病害、质地、形状等生物学特征,能够快速识别农作物病害。然而,由于农作物病害症状的复杂性,手动特征设计优化具有挑战性,导致复杂场景下的农作物病害识别性能不佳。

与早期的病害检测方法相比,许多研究人员已将重点转向利用深度学习技术进行病害检测。这

收稿日期:2024-10-03

基金项目:国家自然科学基金(编号:62077018、62276032);湖北省教育厅科学技术研究项目(编号:B2021052)。

作者简介:王少芳(1985—),女,湖北荆州人,博士,讲师,主要从事人工智能、深度学习、分数阶忆阻神经网络研究。E-mail: wangshaofang2022@yangtzeu.edu.cn。

得益于深度学习模型所展现出的强大特征表示能力、自动特征学习以及在复杂自然环境中的鲁棒性。深度学习表现出卓越的性能和适应性,使其非常适合解决不同农业环境中农作物病害检测相关的挑战。例如, Ferentinos 训练了多个用于植物叶病检测的卷积神经网络模型^[8]。李滨等以稻纵卷叶螟等 14 类水稻害虫为研究对象,通过引入高效通道注意力机制与 EIoU 损失函数,并结合 Ghost 卷积,提出一种基于改进的 YOLO v5 的水稻害虫识别方法,以 7.38 MB 的模型大小达到了 94.21% 的平均检测率^[9]。Anandhakrishnan 等提出一种基于深度卷积神经网络(CNN)的番茄叶病自动识别系统,该模型减少了识别番茄叶病所需的时间^[10]。

许多研究人员已将深度学习技术应用于草莓病害的检测和控制。Nie 等提出了一种更快的 R-CNN 和基于多任务学习的网络来检测草莓黄萎病,该网络考虑了叶柄和幼叶疾病的多态性特征,并自动进行分类^[11]。刘小刚等提出利用改进的 YOLO v3 识别方法在复杂环境中对草莓进行连续识别检测,通过训练大量的草莓图像数据集,得到最优权值模型,其平均精度均值达到了 87.51%^[12]。Li 等研究了复杂环境下草莓白粉病和感染叶片的检测,提出了一种采用深度卷积和混合注意力机制的 DAC-YOLO v4 网络,为自然环境中草莓白粉病的早期检测提供了解决方案^[13]。

目前,大多数检测草莓病害的深度学习模型更注重准确性,检测模型和参数量较大,无法兼顾检

测的准确性和模型的大小。此外,这些模型大多是在实验室环境中进行测试,无法有效模拟真实条件,从而限制其在生产中的实际应用。因此,应用深度学习技术解决草莓病害识别领域的问题不仅具有重要的理论研究意义,还具有重要的实际价值。针对这些问题,本研究提出了一种基于改进 YOLO v8s 的轻量化检测算法,能在满足需求的同时,确保其可以部署在计算性能和存储资源有限的嵌入式设备中。

1 数据与方法

1.1 数据集

本研究选择韩国全北国立大学计算机科学与工程系 AI 实验室的成员所公开的实例分割草莓病害数据集作为试验数据集^[14],并将数据集转换为 YOLO 格式,以评估本研究提出的检测算法的有效性。数据集中的草莓病害图像采集自韩国自然光照条件下的多个温室,共有 2 500 张图像。该数据集由 7 种不同类型的草莓病害组成,包含病害初期、中期和末期的图像。由于该数据集由在真实田野或者温室而不是实验室收集的图像组成,因此它包含了多种挑战,例如背景变化、复杂的田野条件、不同的照明设置等。因此,这些变化使本研究设计的模型更加稳健和通用。图 1 为 7 种草莓病害的示例。

1.2 数据预处理

为了有效提升数据质量,提高模型训练的泛化

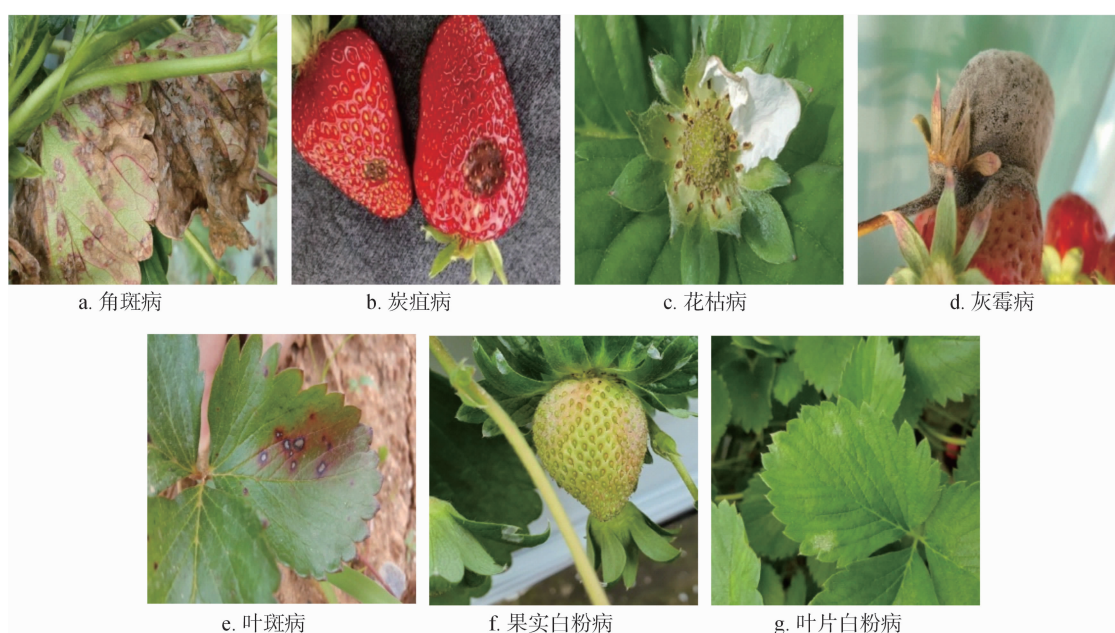


图1 7种草莓病害图示

能力,防止过拟合现象,本研究对训练集中部分图像进行了数据增强。通过旋转、镜像、亮度调整、添加高斯噪声、随机遮挡等手段,将数据扩展至 3 260 张图像,进一步增强数据的代表性。增强后的数据示例如图 2 所示。最终,获得的训练集、测试集和验证集图像分别为 2 210、743、307 张,保持接近 7 : 2 : 1 的比例,满足综合训练和模型评估的要求。这个过程旨在保证模型能够在各种环境下准确地进行病害识别,为模型训练和性能提升创造更有利的条件,同时为模型提供充足且准确的训练数据,进一步增强模型的鲁棒性,以提高其在实际应用中的性能。

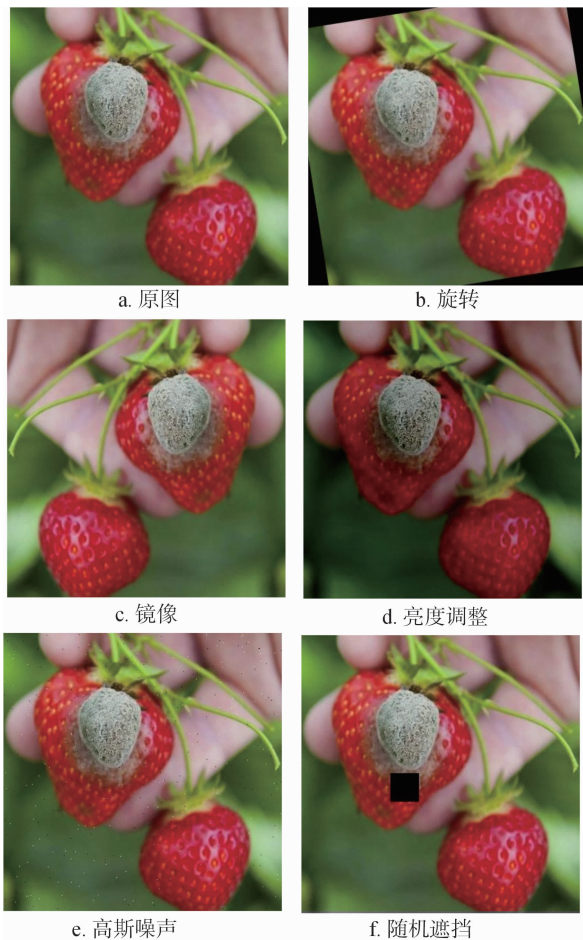


图2 数据增强示例

1.3 提出的方法

1.3.1 YOLO v8 网络结构简介 YOLO v8 是 YOLO 目标检测算法系列的第 8 个版本,不管是相较于使用较为流行的 YOLO v5 网络还是最新的 YOLO v10 网络^[15],YOLO v8 网络经过广泛的测试和应用,在多个数据集和实际场景中展现出较高的稳定性和可靠性,无论是在检测精度还是速度方面都有其优势。作为单级检测网络中的典型算法,

YOLO 系列检测器可以快速可靠地识别图像中的物体。根据检测场景的不同需求,基于缩放因子有 5 个版本:YOLO v8n、YOLO v8s、YOLO v8m、YOLO v8l、YOLO v8x。从草莓病害检测部署的实际情况出发,需要做到轻量级、高精度和高响应性,因此本研究选择 YOLO v8s 作为基准模型,其模型大小仅为 11.2 M,满足了嵌入式设备的部署要求,也是检测精度和响应速度的最佳选择。YOLO v8 网络由 4 个部分组成:图像输入、特征提取网络、特征融合模块、检测头。YOLO v8 在输入阶段对数据进行预处理,处理方法延续了 YOLO v5 使用 Mosaic、Mixup、随机透视、HSV 增强等数据增强的方式。受 YOLO v7 网络中高效层聚合网络模块的启发^[16],提出了 C2f 模块。在特征融合阶段,利用路径聚合特征金字塔网络结构构建特征金字塔^[17-18],充分融合浅层和深层特征信息。受到 YOLOX 网络检测头的启发^[19],YOLO v8 检测头采用解耦头结构来分离分类和定位任务。YOLO v8 网络结构如图 3 所示,作为最先进的单阶段目标检测器之一,它从草莓病害检测的实际需求出发,集成了当前许多先进的检测方法,本研究将基于 YOLO v8s 模型进行后续研究。

1.3.2 CA - HSFPN 模块 草莓病害涉及的病害种类众多、形态各异,并且尺度各有特点。而 YOLO v8 采用的 PA - FPN 特征融合网络中,高层特征图通过横向连接和上采样与底层特征图融合,这一过程可能导致原始低级特征的部分信息丢失,随后底层开始逐级向上聚合特征,尽管增强了顶层的详细信息,但是底层的原始信息可能再次被削弱。因此,为解决草莓病害数据集中固有的多尺度问题,将原模型的颈部网络 PA - FPN 结构替换为 HSFPN 高层次特征筛选融合金字塔网络结构^[20],使得高层特征筛选低级特征信息,避免无效特征干扰,提升多尺度目标检测能力,通过多层次筛选和融合,确保捕获到全面和准确的病害特征信息。同时,将 CA 坐标注意力机制引入 HSFPN 中,它通过将位置信息嵌入到通道注意力中,使网络能够同时捕获通道间关系以及长距离的位置信息^[21]。CA - HSFPN 结构如图 4 所示。CA - HSFPN 由 2 个主要模块构成:特征选择模块和特征融合模块。

首先,CA 模块将尺寸为 $C \times H \times W$ 的输入特征图 x 在 X 、 Y 方向分别进行平均池化,从特征图中统一获取所有数据信息,最大限度地减少损失。将高度为 H 的第 C 个通道和宽度为 W 的第 C 个通道分

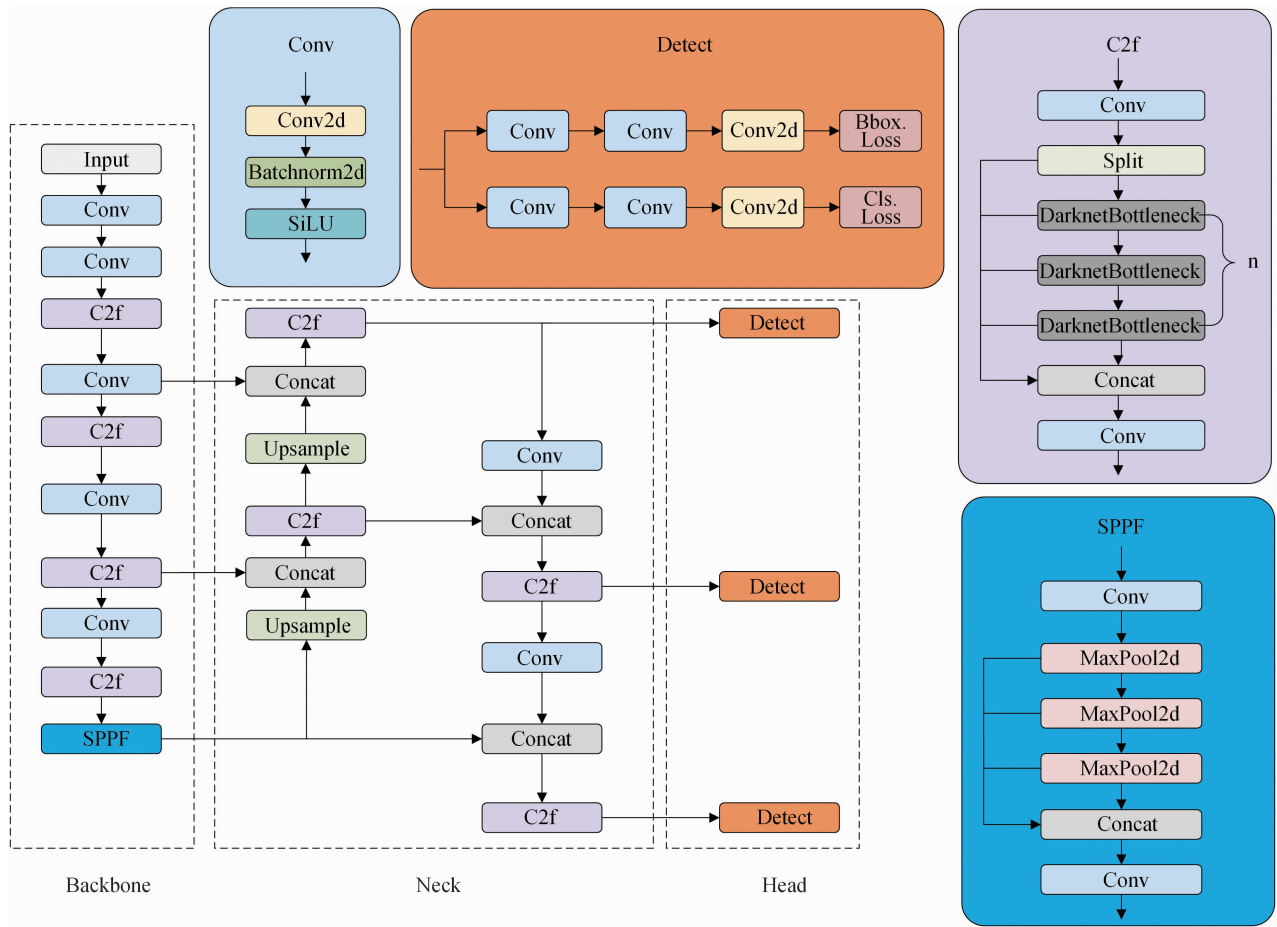


图3 YOLO v8 网络结构

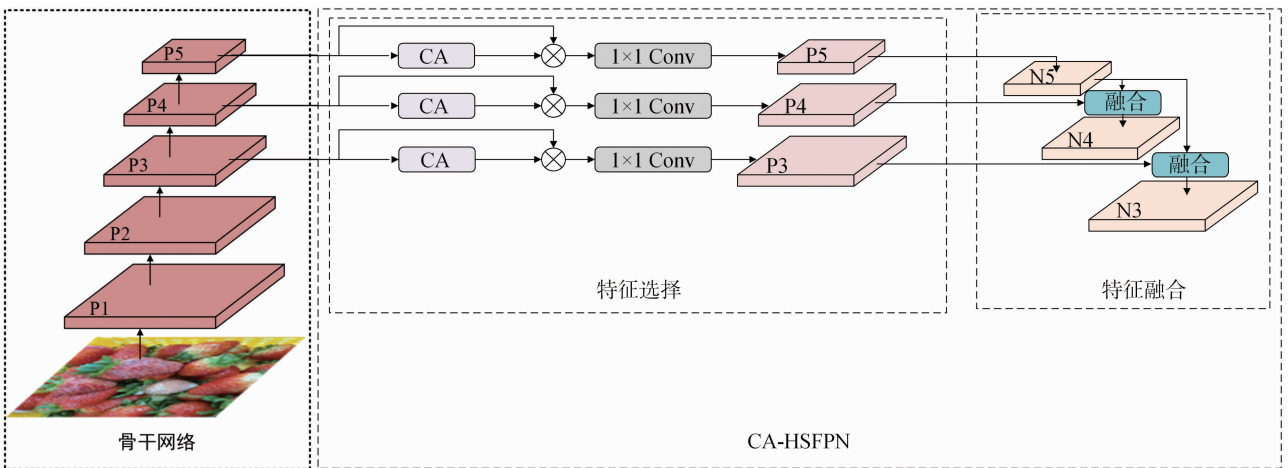


图4 CA-HSFPN 结构

别输出,如公式(1)、公式(2)所示。

$$z_c^h(h) = \frac{1}{W} \sum_{i=0}^W x_c(h, i); \quad (1)$$

$$z_c^w(w) = \frac{1}{H} \sum_{j=0}^H x_c(j, w). \quad (2)$$

式中: C 表示通道数; H 表示特征图的高度; W 表示

特征图的宽度。

随后将输出的特征图拼接,并经过 1×1 卷积变换函数 F_1 与 ReLU 非线性激活函数,得到通道数压缩的特征图,如公式(3)所示。

$$f = \delta[F_1(z^h, z^w)]. \quad (3)$$

再从空间维度上将输出的特征图 f 拆分成 2 个

张量 f^h 和 f^w , 利用另外 2 个 1×1 卷积变换函数 F_h 和 F_w 分别将 f^h 和 f^w 变换为与输入特征图 x 具有相同通道数的张量, 经过 Sigmoid 激活函数 σ 得到 2 个张量, 如公式(4)、公式(5)所示。

$$g^h = \sigma[F_h(f^h)]; \quad (4)$$

$$g^w = \sigma[F_w(f^w)]. \quad (5)$$

最后, 将这 2 个输出张量进行拓展, 作为注意力权重, 与输入特征图 x 加权融合, 得到加权后的输出结果, 如公式(6)所示。

$$y_c(i, j) = x_c(i, j) \times g_c^h(i) \times g_c^w(j). \quad (6)$$

坐标注意力机制结构如图 5 所示。

随后通过将 CA 注意力机制得到的权重信息与相应尺度的特征图相乘来生成过滤后的特征图。由于得到过滤后的特征图通道数是不一致的, 为了在特征融合之前, 对骨干网络中不同尺度的特征图进行维度匹配, 因此应用 1×1 卷积将每个尺度特征图的通道数减少到 256。

特征融合模块如图 6 所示, 首先使用转置卷积来处理高级特征 f_{high} , 其步幅大小为 2, 卷积核为 3×3 。得到转置后的特征图 f_{high}' , 如公式(7)所示。

$$f_{high}' = T-Conv(f_{high}). \quad (7)$$

接下来, 利用 CA 模块将高层特征转换为相应的注意力权重。这个权重将被用来过滤低级特征 f_{low} , 以便获得维度一致的特征。最后, 将过滤后的

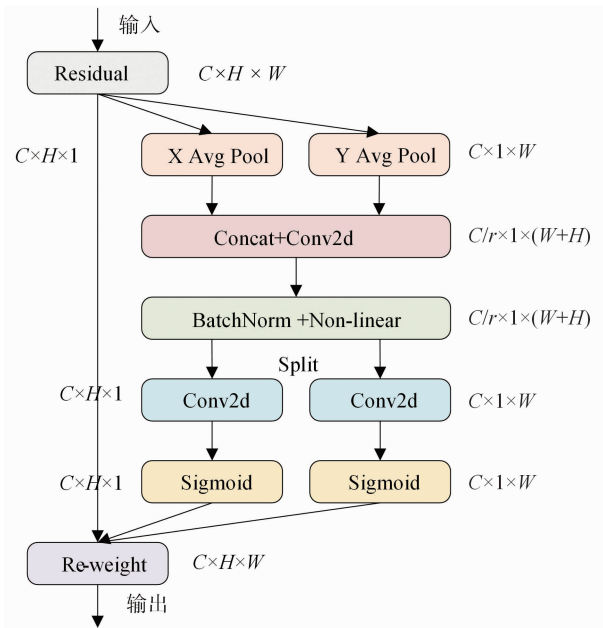


图5 坐标注意力机制

低级特征与高级特征融合, 以增强模型的特征表示。这个融合过程具体如公式(8)所示。

$$f_{out} = f_{low} \times CA(f_{high}') + f_{high}'. \quad (8)$$

特征融合模块通过高级特征引导的坐标注意力机制来筛选和融合低级特征, 从而提取出更加丰富和有用的特征表示, 这对于后续的疾病检测是非常有益的。

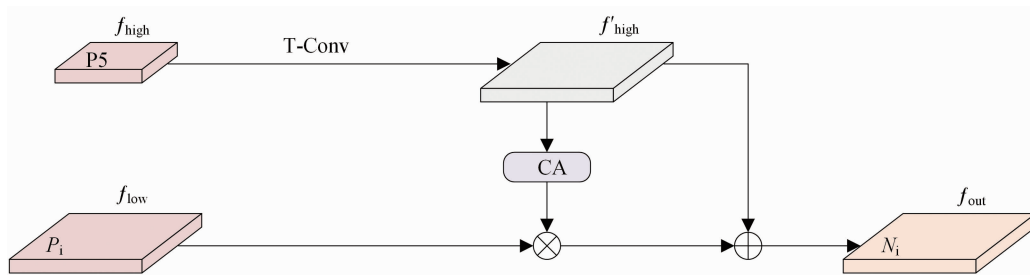


图6 特征融合模块

1.3.3 TADH 检测头 在 YOLO v8 中, 原始的解耦头包括 3 个分支, 每个分支处理不同尺度上的特征信息。这些分支独立运行, 可以提高检测精度, 但它可能会导致分类和回归任务之间的特征空间错位。为了解决这些问题, 本研究引入 TADH 任务对齐检测头。该模块的结构如图 7 所示。

首先, 将输入特征经过一个卷积核大小为 3×3 的共享卷积, 将原始卷积中的批归一化替换为组归一化。这已经被 Tian 等证明可以大大提高定位和分类性能^[22]。接着, 再通过一个共享卷积将提取到

的特征层进行特征提取, 以生成更具有判别性的特征表示, 再将第 1 个共享卷积的特征层与 2 次共享卷积的特征层沿通道维度拼接起来, 得到特征图 f_{feat} , 如公式(9)所示。

$$f_{feat} = GN(f_{in}) + GN[GN(f_{in})]. \quad (9)$$

式中: f_{in} 代表输入的特征图; GN 代表一次共享卷积处理。

再将特征图 f_{feat} 进行任务拆解, 任务拆解如公式(10)所示。

$$f_{feat}' = \sigma(F_l'(\delta\{F_l[Avg(f_{feat})]\})). \quad (10)$$

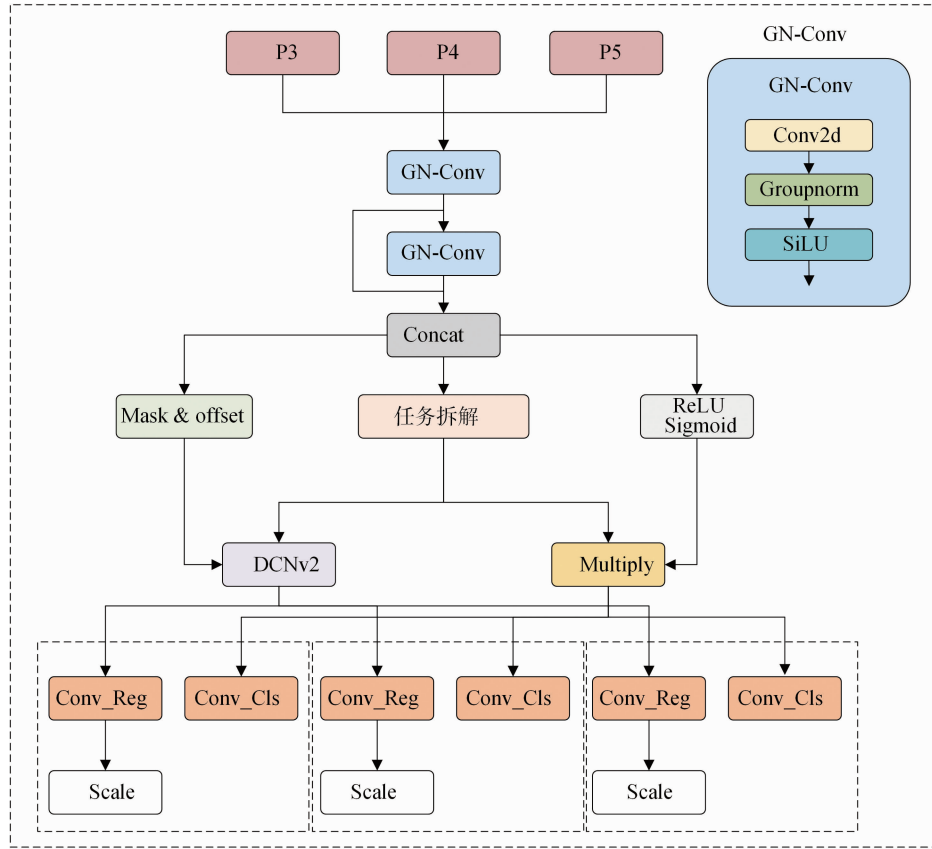


图7 TADH 检测头

式中: Avg 表示平均池化; F_l 、 F_l' 分别为 2 个不同的 1×1 卷积变换函数; δ 、 σ 分别为 ReLU 激活函数和 Sigmoid 激活函数。

同时, 将得到的特征图 f_{feat} 由 1 个卷积核大小为 3×3 的卷积变换函数 F_s 计算出空间偏移量 offset 和 mask 掩码。然后, 使用可变形卷积将拆解后的特征图 f_{feat}' 、 offset 和 mask 作为输入^[23], 得到自适应调整后的边界框回归定位 P_{reg} , 如公式(11)、公式(12)所示。

$$\text{mask \& offset} = F_s(f_{\text{feat}}); \quad (11)$$

$$P_{\text{reg}} = \text{DCNv2}(f_{\text{feat}}', \text{offset}, \text{mask})。 \quad (12)$$

并使用 1 个卷积核大小为 1×1 的卷积变换函数 F_c , 卷积核大小为 3×3 的卷积变换函数 F_c' , 计算出特征图为某个类别的概率 F_{cls} , 如公式(13)所示。

$$P_{\text{cls}} = \sigma(F_c'(\delta[F_c(f_{\text{feat}})]))。 \quad (13)$$

最后, 将任务拆解后的特征图 f_{feat}' 、类别概率 P_{cls} 两者相乘后的结果与边界框回归定位 P_{reg} 进行张量拼接, 同时, 为了应对每个检测头所检测的目标尺度不一致的问题, 使用 scale 缩放因子对特征进行缩放, 得到最终的输出检测结果, 如公式(14)

所示。

$$y = \text{cat}(\text{scale} \times P_{\text{reg}}, f_{\text{feat}}' \times P_{\text{cls}})。 \quad (14)$$

1.3.4 改进的损失函数 在目标检测中, 边界框回归损失函数对算法非常重要, 它能有效指导模型的学习过程, 在很大程度上决定了检测性能的优劣。YOLO v8 采用的 CIoU 损失函数能够全面地评估预测框和真实框之间的相似性, 从而提高模型的定位精度^[24]。然而, 它并未直接解决边界框回归任务中的样本不平衡问题。这意味着, 与目标框重叠较少的锚框可能会对损失贡献较小, 从而影响模型的学习效率。与 CIoU 相比, WIoU 优化了梯度增益分配策略, 使模型在训练过程中能够很好地平衡大、中、小物体的学习, 从而提高检测器的整体性能^[25]。因此, 本研究将边界框回归损失函数替换为 WIoU。WIoU 损失函数定义如公式(15)~公式(18)所示。

$$L_{\text{WIoU}} = rR_{\text{WIoU}}L_{\text{IoU}}; \quad (15)$$

$$r = \frac{\beta}{\delta\alpha^{\beta-\delta}}; \quad (16)$$

$$R_{\text{WIoU}} = \exp\left\{\frac{[(x-x_{\text{gt}})^2 + (y-y_{\text{gt}})^2]}{(W_g^2 + H_g^2)^*}\right\}; \quad (17)$$

$$L_{\text{IoU}} = 1 - \text{IoU}。 \quad (18)$$

式中： x 和 y 是锚框的中心坐标； x_{gt} 和 y_{gt} 为目标框中心点的坐标； W_g 和 H_g 为最小包围框的尺寸，梯度增益 r 通过超参数 α 、 δ 和非单调聚焦因子 β 动态调整， L_{IoU} 是 IoU 损失函数。

WIoU 损失函数通过引入动态非单调的聚焦机制和合理的梯度增益分配策略，显著提高目标检测模型的性能。它不仅能够优化模型对多尺度目标的学习，还能通过动态分配策略提高定位目标的能力。同时，在训练过程中平等对待高质量和低质量的样本，这意味着低质量锚框的梯度增益下降时，高质量锚框的梯度增益也会下降，在整个训练过程中可以稳定地学习有效的病害特征。

1.3.5 改进的网络结构 实际种植中，草莓容易受到多种病害的侵袭，每种病害都可能导致不同的症状和损害，且这些病害传播速度快、途径广，导致提取的图像特征中包含的病害信息量有限，这进一步

加剧了草莓病害检测精度的差异。为增强网络对于不同尺度和形状病害的检测能力，本研究提出了一种基于改进 YOLO v8s 的轻量化草莓病害检测方法，基于以上描述，改进如下：将颈部网络替换为 HSFPN 结构，并添加 CA 坐标注意力机制，综合利用多尺度特征和空间位置信息以增强网络对病害的提取能力。采用任务对齐检测头 TADH，通过这种检测头，网络能够学习病害的交互特征，得到联合特征，捕捉到更加精细和抽象的信息，从而更好地理解图像内容，自适应地选择最有助于识别和分类病害的特征。最后，为了提升网络模型的边界框回归性能和梯度增益分配策略，引入 Wiou 损失函数，使模型更好地聚焦于普通质量的锚框，从而提高整体检测性能。改进的 HTW - YOLO 网络结构如图 8 所示。

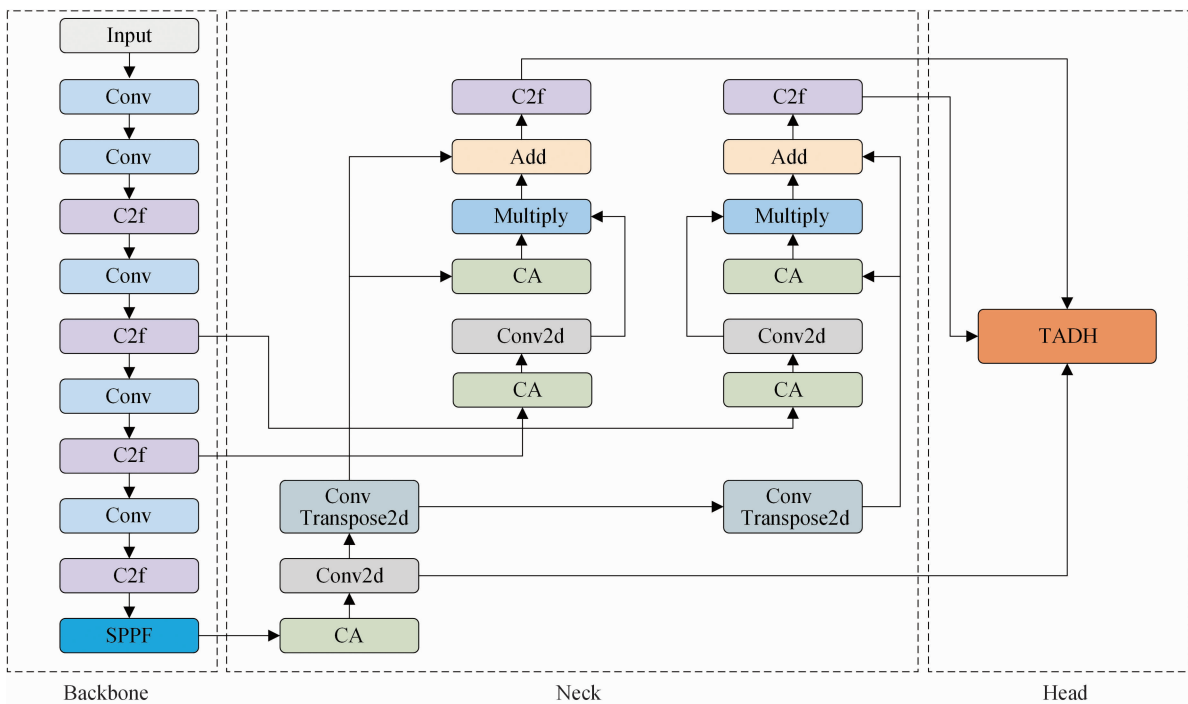


图8 HTW-YOLO 网络结构

2 结果与分析

2.1 试验环境

为了保证试验公平，所有试验均在同一试验环境下进行，本研究的试验环境：Ubuntu 18.04 操作系统；CPU 为 Intel® Core™ i5 - 12490F@ 3.00 GHz；GPU 为 NVIDIA GeForce RTX4060；运行内存为 16 GB；Python 3.8、CUDA 11.8 作为编译环境，以

PyTorch 2.0.1 作为网络训练框架。训练参数：输入图像分辨率为 640 像素 × 640 像素，并且以随机梯度下降优化器对模型进行优化，总的训练迭代次数设置为 300，批次大小设置为 16。试验时间为 2024 年 5—9 月，试验地点为长江大学计算机科学学院。

2.2 评价指标

本研究主要采用精确率(P)、召回率(R)、平均精度均值(mAP)、总参数量和模型大小作为评价标

准,并将改进的模型与其他模型进行评估和比较。相关公式如公式(19)~公式(22)所示。

$$P = \frac{TP}{TP + FP}; \quad (19)$$

$$R = \frac{TP}{TP + FN}; \quad (20)$$

$$AP = \int_0^1 P(R) dR; \quad (21)$$

$$mAP = \frac{\sum_{i=1}^k AP_i}{k}。 \quad (22)$$

式中: TP 表示正样本被正确识别为正样本; FP 表示负样本被错误地识别为正样本; FN 表示正样本被错误地识别为负样本; AP 表示精确率-召回率曲线下的面积; mAP 表示所有类别的平均精度值。

2.3 试验结果分析

2.3.1 消融试验 为验证本研究所提出的方法对 YOLO v8s 识别精度的影响,采用表 1 所示的消融试验进行测试比较。由表 1 可知,与基准模型 YOLO v8s 相比,可以明显看出,CA-HSFPN 模块的引入,使得模型的检测性能有较大提升,尽管召回率下降了 0.4 个百分点,但关键性能得到了有效提高。其中,精确率、 mAP 分别提升 1.6、2.1 百分点,参数量下降 4.0 M,这进一步说明了 CA-HSFPN 模块的多层次特征金字塔融合结构可以有效将病害的低级别特征图与高级别特征图综合起来,充分利用定位信息与语义信息,在降低模型参数的同时提高精度。将 TADH 检测头替换为原始检测头后,摒弃了原始检测头中的解耦多分支结构导致的参数量冗余问题,不仅使得参数量下降 2.2 M,而且精确率、召回率、 mAP 分别提升 0.5、1.3、2.4 百分点。此外,WIoU 损失函数使得模型的精确率和 mAP 均提升 0.6 百分点,尽管召回率下降了 0.1 百分点,但它加快了模型训练时的收敛速度,在训练过程中均衡不同质量的样本,降低了训练时的损失函数,与原 CIoU 损失函数对比曲线如图 9 所示。与基准模型 YOLO v8s 相比,CA-HSFPN 颈部模块、TADH 检测头模块、WIoU 损失函数与 YOLO v8s 所构成的 HTW-YOLO 网络模型在大幅降低网络参数量与模型大小,实现网络轻量化的同时,精确率、召回率、 mAP 分别提升 2.6、3.2、4.3 百分点,改进的 HTW-YOLO 模型对 7 种不同草莓病害的检测结果如表 2 所示。

表 1 消融试验

| 模块 | | | 精确率 (%) | 召回率 (%) | mAP (%) | 总参数量 (M) | 模型大小 (M) |
|----------|------|------|---------|---------|-----------|----------|----------|
| CA-HSFPN | TADH | WIoU | | | | | |
| × | × | × | 91.4 | 86.6 | 90.2 | 11.1 | 22.6 |
| √ | × | × | 93.0 | 86.2 | 92.3 | 7.1 | 14.5 |
| × | √ | × | 91.9 | 87.9 | 92.6 | 8.9 | 18.0 |
| × | × | √ | 92.0 | 86.5 | 90.8 | 11.1 | 22.6 |
| √ | √ | × | 93.5 | 88.4 | 93.3 | 6.1 | 12.4 |
| √ | √ | √ | 94.0 | 89.8 | 94.5 | 6.1 | 12.4 |

注:√表示加入该模块,×表示未加入该模块。

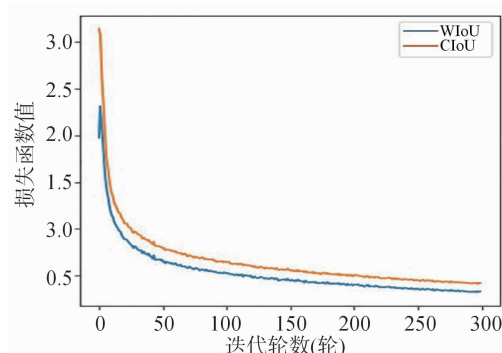


图 9 WIoU 与 CIoU 训练损失函数对比曲线

表 2 改进的模型对不同病害的检测结果

| 病害类别 | 精确率 (%) | 召回率 (%) | mAP (%) |
|-------|---------|---------|-----------|
| 角斑病 | 97.7 | 94.2 | 96.5 |
| 炭疽病 | 92.1 | 84.3 | 91.9 |
| 花枯病 | 96.8 | 93.7 | 97.3 |
| 灰霉病 | 91.0 | 85.2 | 92.3 |
| 叶斑病 | 96.5 | 95.0 | 97.6 |
| 果实白粉病 | 94.6 | 93.1 | 95.2 |
| 叶片白粉病 | 89.5 | 83.4 | 90.5 |

2.3.2 对比试验 为了评估本研究所提出的 HTW-YOLO 网络模型对草莓病害的检测性能,与现如今主流神经网络模型进行比较分析。试验使用 YOLO v5s、YOLO v7-tiny、YOLO v9s、YOLO v10s 和 Faster R-CNN 模型进行对比^[26-27]。使用相同的试验参数在相同的数据集下进行训练和测试,最终结果如表 3 所示。表 3 的数据表明,不论是与目前使用最为广泛的一阶段目标检测算法还是经典的二阶段目标检测算法相比较,本研究设计的 HTW-YOLO 网络模型在相同参数下,达到了 94.0% 的准确率和 89.8% 的召回率,其所有类别的平均精度为 94.5%。

HTW-YOLO 模型通过对 YOLO v8 的改进,实

表 3 不同模型的对比结果

| 模型 | 精确率 (%) | 召回率 (%) | mAP (%) | 总参数量 (M) | 模型大小 (M) |
|----------------------|---------|---------|---------|----------|----------|
| Faster R - CNN | 82.5 | 74.4 | 75.9 | 41.4 | 349.1 |
| YOLO v5s | 90.8 | 84.4 | 88.7 | 7.0 | 14.5 |
| YOLO v7 - tiny | 86.3 | 88.4 | 89.7 | 6.0 | 12.3 |
| YOLO v9s | 94.5 | 87.3 | 92.5 | 9.6 | 20.3 |
| YOLO v9s - converted | 94.5 | 87.3 | 92.5 | 7.1 | 15.1 |
| YOLO v10s | 91.3 | 83.9 | 90.8 | 7.2 | 16.6 |
| HTW - YOLO | 94.0 | 89.8 | 94.5 | 6.1 | 12.4 |

现精确率、召回率和 *mAP* 上的显著提升。具体来说,相较于 Faster R - CNN、YOLO v5s、YOLO v7 - tiny、YOLO v10s 模型,其性能有了明显提升,精确率分别提升 11.5、3.2、7.7、2.7 个百分点,召回率分别提升 15.4、5.4、1.4、5.9 百分点,*mAP* 分别提升 18.6、5.8、4.8、3.7 百分点。与 YOLO v9s 相比,只有精确率略低 0.5 百分点,召回率、*mAP* 分别提升 2.5、2.0 百分点。

除了在以上方面的提升外,HTW - YOLO 模型还在模型参数规模上实现了优化。其总参数量较 Faster R - CNN、YOLO v5s、结构重参数化后的 YOLO v9s - converted、YOLO v10s 模型分别降低 35.3、0.9、1.0、1.1 M,模型大小分别降低 336.7、2.1、2.7、4.2 M。与 YOLO v7 - tiny 相比,仅以 0.1 M 的参数量和模型大小为代价,取得了精度上的大幅提升。这种轻量化的改进使得 HTW - YOLO 模型在保持高性能的同时,减少了对计算资源的需求,从而能够更好地适应移动设备或嵌入式系统中的实时目标检测任务等资源受限的应用场景。

2.3.3 实例检测 为了进一步验证 HTW - YOLO 网络模型的实际检测效果,使用训练得出的最佳权重对测试集图像进行检测。检测过程中,置信度阈值和交并比分别设置为 0.25 和 0.7。同时,在相同参数下评估了 HTW - YOLO、业界使用最为广泛的 YOLO v5 和检测性能较为突出的 YOLO v9 这 3 种模型的检测性能,检测结果如图 10 所示。由检测结果可知,当病害处于亮度较为昏暗的环境中时,HTW - YOLO 依然能够保持较高的检测性能,其他 YOLO 算法对此环境的病害识别能力较差,甚至出现了错检。其次,当存在尺度较小的病害图像时,HTW - YOLO 仍然能够精准检测出病害,这进一步表明,本研究所提出的网络模型能够在不同的环境中识别细节信息丰富的小尺度目标。最后,面对多

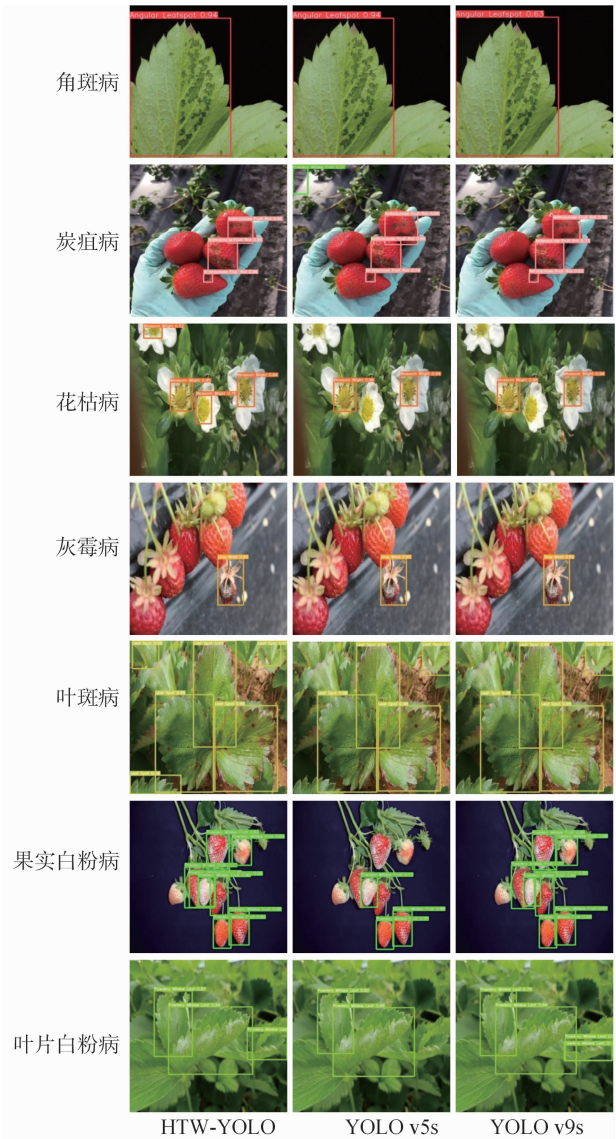


图10 不同模型实例检测结果

尺度目标病害图像时,其他模型均表现出了漏检、错检、重检等问题,虽然这些模型能够识别出形态特征较为完整的草莓病害,但对于同一病害的不同特征表现或病害尺度变化的适应性较差。综上所述,HTW - YOLO 以较低的参数量和模型大小,在实现轻量化的同时,保证了检测准确率,实现了二者之间的平衡。

3 结论

为了实现对草莓病害的高效、精确检测,本研究提出了一种轻量化的草莓病害检测方法 HTW - YOLO。首先,对颈部网络进行优化并引入 CA - HSFPN,增强网络对病害信息的提取能力。其次,使用 TADH 检测头,充分利用分类和定位的特征交互

信息,在提高检测精度的同时降低模型参数与大小。最后,优化损失函数为 WIoU,以增强模型的泛化能力。试验结果表明,与其他主流算法模型相比,HTW-YOLO 以 6.1 M 的参数大小和 12.4 M 的模型大小,实现了 94.0% 的检测精确率、89.8% 的召回率以及 94.5% 的 *mAP*,能够满足草莓病害监测部署的需求,同时有助于提高草莓种植生产的效率和质量,为草莓病害的实际管理防治提供有力支持。

参考文献:

- [1] 陈迪娟,成英. 赣榆区草莓发展现状及对策[J]. 农业技术与装备,2019(6):91-93.
- [2] Ji Y, Li X, Gao Q H, et al. Colletotrichum species pathogenic to strawberry: discovery history, global diversity, prevalence in China, and the host range of top two species[J]. Phytopathology Research, 2022,4(1):4.
- [3] 杨涵,关统伟,徐红星,等. 草莓有害病毒种类与防治技术[J]. 现代农业科技,2020(2):88-91.
- [4] 蒯瑶,曾晏林,刘金涛,等. 基于 EBP-YOLO v8 的葡萄叶病害检测与识别方法研究[J]. 山东农业大学学报(自然科学版),2024,55(3):322-334.
- [5] Dargan S, Kumar M, Ayyagari M R, et al. A survey of deep learning and its applications; a new paradigm to machine learning [J]. Archives of Computational Methods in Engineering, 2020, 27(4): 1071-1092.
- [6] 石晶晶,刘占宇,张莉丽,等. 基于支持向量机(SVM)的稻纵卷叶螟危害水稻高光谱遥感识别[J]. 中国水稻科学,2009,23(3):331-334.
- [7] 李冠林,马占鸿,黄冲,等. 基于 K-means 硬聚类算法的葡萄病害彩色图像分割方法[J]. 农业工程学报,2010,26(增刊2):32-37.
- [8] Ferentinos K P. Deep learning models for plant disease detection and diagnosis[J]. Computers and Electronics in Agriculture,2018,145:311-318.
- [9] 李滨,樊健. 基于 YOLO v5 的水稻害虫分类[J]. 江苏农业科学,2024,52(2):175-182.
- [10] Anandhakrishnan T, Jaisakthi S M. Deep Convolutional Neural Networks for image based tomato leaf disease detection [J]. Sustainable Chemistry and Pharmacy,2022,30:100793.
- [11] Nie X, Wang L Y, Ding H X, et al. Strawberry *Verticillium* wilt detection network based on multi-task learning and attention[J]. IEEE Access,2019,7:170003-170011.
- [12] 刘小刚,范诚,李加念,等. 基于卷积神经网络的草莓识别方法[J]. 农业机械学报,2020,51(2):237-244.
- [13] Li Y, Wang J C, Wu H R, et al. Detection of powdery mildew on strawberry leaves based on DAC-YOLO v4 model[J]. Computers and Electronics in Agriculture,2022,202:107418.
- [14] Afzaal U, Bhattarai B, Pandeya Y R, et al. An instance segmentation model for strawberry diseases based on mask R-CNN [J]. Sensors,2021,21(19):6565.
- [15] Wang A, Chen H, Liu L, et al. YOLO v10: real-time end-to-end object detection [EB/OL]. (2024-05-23) [2024-09-15]. <https://arxiv.org/pdf/2405.14458v1>.
- [16] Wang C Y, Bochkovskiy A, Liao H M. YOLO v7: trainable bag-of-freebies sets new state-of-the-art for real-time object detectors [C]//2023 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). Vancouver, BC, Canada. IEEE, 2023: 7464-7475.
- [17] Liu S, Qi L, Qin H F, et al. Path aggregation network for instance segmentation [C]//2018 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition. Salt Lake City, UT, USA. IEEE, 2018:8759-8768.
- [18] Lin T Y, Dollár P, Girshick R, et al. Feature pyramid networks for object detection [C]//2017 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). Honolulu, HI, USA. IEEE, 2017:936-944.
- [19] Ge Z. Yolox: exceeding yolo series in 2021 [EB/OL]. (2021-07-18) [2024-09-15]. <https://arxiv.org/abs/2107.08430v1>.
- [20] Chen Y F, Zhang C Y, Chen B, et al. Accurate leukocyte detection based on deformable-DETR and multi-level feature fusion for aiding diagnosis of blood diseases [J]. Computers in Biology and Medicine,2024,170:107917.
- [21] Hou Q B, Zhou D Q, Feng J S. Coordinate attention for efficient mobile network design [C]//2021 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). Nashville, TN, USA. IEEE,2021:13708-13717.
- [22] Tian Z, Shen C, Chen H, et al. FCOS: fully convolutional one-stage object detection [EB/OL]. (2019-08-20) [2024-09-15]. <https://arxiv.org/abs/1904.01355v5>.
- [23] Zhu X Z, Hu H, Lin S, et al. Deformable ConvNets v2: more deformable, better results [C]//2019 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). Long Beach, CA, USA. IEEE,2019:9308-9316.
- [24] Zheng Z H, Wang P, Liu W, et al. Distance-IoU loss: faster and better learning for bounding box regression [J]. Proceedings of the AAAI Conference on Artificial Intelligence,2020,34(7):12993-13000.
- [25] Tong Z, Chen Y, Xu Z, et al. Wise-IoU: bounding box regression loss with dynamic focusing mechanism [EB/OL]. (2023-04-08) [2024-09-15]. <https://arxiv.org/abs/2301.10051v>.
- [26] Wang C Y, Yeh I H, Mark Liao H Y. YOLO v9: learning what you want to learn using programmable gradient information [EB/OL]. (2024-02-29) [2024-09-15]. <https://arxiv.org/abs/2401.13616v>.
- [27] Ren S Q, He K M, Girshick R, et al. Faster R-CNN: towards real-time object detection with region proposal networks [J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence,2016,39(6):1137-1149.