翟正坤,张艺河,闫江林,等.基于改进YOLOv8n的谷子谷瘟病检测方法[J].山西农业大学学报(自然科学版),2025,45(4):78-87.
Zhai Z K, Zhang Y H, Yan J L, et al. Foxtail millet blast detection method based on improved YOLOv8n[J]. Journal of Shanxi Agricultural University(Natural Science Edition), 2025,45(4):78-87.
doi: 10.13842/j.cnki.issn1671-8151.202412011

基于改进YOLOv8n的谷子谷瘟病检测方法

翟正坤[1],张艺河[1],闫江林[1],韩渊怀[2],张宇波[1],成丽君[1*]

(1.山西农业大学 软件学院,山西 晋中 030801;2.山西农业大学 农学院,山西 晋中 030801)

摘　要:[目的]田间背景下谷子谷瘟病的智能化识别环境干扰强、病斑尺度多变,现有研究采用的模型在实际应用场景中的适应性仍需进一步优化。[方法]本研究依托构建的大样本谷瘟病数据集,提出了一种基于改进YOLOv8n的谷瘟病检测模型YOLOv8-SDL。该模型在YOLOv8n基础上,通过强化主干网络特征提取、引入轻量高效上采样增强特征融合能力、引入注意力机制提高模型对重要特征选择能力这3个方面进行改进,以提升模型在复杂背景下对谷瘟病实例检测的稳定性与准确性。首先,对可切换空洞卷积(SAC)的结构进行优化,在上下文结构中的1×1卷积前添加1层3×3卷积,并结合通道注意力(SE)构建了SE_SAC,将其嵌入主干网络C2f模块中,以强化模型主干网络对病斑区域多尺度特征的提取能力。其次,引入DySample上采样替代邻近插值上采样,利用该上采样的基于点采样的动态上采样策略,在降低模型计算量的同时,减少上采样过程中的特征信息丢失以提高模型的特征融合能力,进而提升模型对小目标病斑的定位精度。最后,在颈部网络引入大可分离核注意力(LSKA),利用该注意力的可分离卷积机制来增强模型对复杂背景中病斑特征的聚焦能力。[结果]YOLOv8-SDL的检测精度为91.5%,mAP@0.5为93.9%,mAP@0.5~0.95达到62.0%,相较于原模型分别提升了4.4%、1.4%和2.2%。[结论]本研究结果可为复杂环境背景下的谷瘟病病害精准检测提供坚实可靠的技术支持。

关键词:深度学习;目标检测;谷瘟病;YOLOv8n
中图分类号:S435.15TP39　　**文献标识码**:A　　**文章编号**:1671-8151(2025)04-0078-10

Foxtail millet blast detection method based on improved YOLOv8n

Zhai Zhengkun[1], Zhang Yihe[1], Yan Jianglin[1], Han Yuanhuai[2], Zhang Yubo[1], Cheng Lijun[1*]

(*1.Software College, Shanxi Agricultural University, Jinzhong 030801, China; 2.College of Agriculture, Shanxi Agricultural University, Jinzhong 030801, China*)

Abstract: [Objective] Intelligent detection of foxtail millet blast disease in field environments faces challenges such as strong background interference, varying lesion scales, and limited adaptability of existing models in real-world applications. [Methods] To address these issues, this study leveraged a large-scale foxtail millet blast dataset and proposed an improved detection model, YOLOv8-SDL, based on YOLOv8n. [Results] The model enhanced detection stability and accuracy in complex backgrounds through three key modifications: strengthening backbone network feature extraction, introducing lightweight and efficient upsampling to improve feature fusion, and incorporating an attention mechanism to enhance critical feature selection. First, the Switchable Atrous Convolution (SAC) structure was optimized by adding a 3×3 convolution layer before the 1×1 convolution in its context structure. Combined with the Squeeze-and-Excitation (SE) channel attention mechanism, the SE-SAC module was constructed and embedded into the C2f module of the backbone network to enhance multi-scale feature extraction of lesion areas. Second, DySample upsampling replaced nearest-neighbor interpolation. By employing a dynamic point-

收稿日期:2024-12-06　　**修回日期**:2025-03-18
基金项目:山西省基础研究计划青年科学研究项目(202303021222039);山西省教学改革创新项目(J20220247)
作者简介:翟正坤(ORCID:0009-0006-4681-8002),硕士研究生,研究方向:农业信息化
*通信作者:成丽君(ORCID:0009-0009-5727-8015),副教授,硕士生导师,E-mail:cljzyb@sxau.edu.cn

sampling strategy, DySample reduced computational overhead while minimizing feature information loss during upsampling, thereby improving feature fusion and small lesion localization accuracy. Third, the Large Separable Kernel Attention (LSKA) mechanism was integrated into the neck network. Its separable convolution design enhanced the model's ability to focus on disease lesion features in complex backgrounds. Experimental results showed that YOLOv8-SDL achieved a detection accuracy of 91.5%, mAP@0.5 of 93.9%, and mAP@0.5~0.95 of 62.0%, outperforming the original model by 4.4%, 1.4%, and 2.2%, respectively. [Conclusion] This model provided robust and reliable technical support for accurate foxtail millet blast detection in challenging field environments.

Keywords: Deep learning, Target detection, Foxtail millet blast, YOLOv8n

谷子(*Setaria italica* L.),一年生,种子脱皮后俗称小米,是我国北方传统的粮食作物,因其耐旱、耐瘠、适应性强等特点,是发展有机旱作农业的重要作物[1]。近年来由于缺少抗病品种和单一品种大规模种植,谷瘟病已成为我国谷子生产的主要病害之一[2]。谷瘟病是由灰梨孢菌引起的一种病害,严重时导致叶片枯黄、茎秆倾斜倒伏甚至枯死,对谷子产量和品质造成显著威胁[3]。由于谷瘟病病斑尺度多变,传统的检测方法难以精准识别,还易出现漏检、误检,因此对谷瘟病的智能化快速检测和精准防治开展研究,对减少谷子产量损失、保障其稳产增产具有重要的现实意义。

当前作物病害的识别检测趋向于智能化,在深度学习和目标检测技术快速发展的背景下,现有算法大致可分为2类,一类为one-stage也就是单阶段的目标检测算法,如SSD[4]和YOLO[5]系列,这类算法把输入图像划分成不同大小网格,当物体的中心点落在某一网格时,该物体就由这个网格来确定。例如张领先等[6]对YOLOv5中的PANet结构进行了改进:首先,使用BiFPN增强特征融合模块;其次,在一些特征提取模块中加入CBAM注意力机制;最后,对Detect层的输入通道进行调整,实现对番茄病害的识别,识别精确率达到了96.4%。岳凯等[7]针对复杂环境下柑橘果实大量重叠、枝叶遮挡且现有模型参数量大、计算复杂度高等问题,提出了一种基于改进YOLOv8n的柑橘识别模型YOLOv8-MEIN,采用ME卷积模块改进C2f模块,平均精度达到了96.9%。另一类为two-stage目标检测算法,如R-CNN[8]、Fast R-CNN[9]和Faster R-CNN[10]等,这类算法首先生成候选区域(region proposal,建议框),即一个可能包含待检物体的预选框,然后通过分类回归网络判断有无目标,并调整建议框,调整后的结果即为预测结果。例如毛锐等[11]采用卷积核分解和延迟下采样策略来对ResNet-50网络进行优化,优化后的网络被用作Faster R-CNN的特征提取主干网络,以增强特征的表达能力,同时还采用ROI Align技术来优化ROI池化层以减少特征量化误差,改进后模型的识别平均精度可达98.74%。闫建伟等[12]为实现复杂背景下刺梨果实的高效精准识别,提出了一种改进的Faster R-CNN识别方法,通过对VGG16、VGG_CNN_M1024和ZFnet这3种神经网络结构进行优化调参,对比选择效果最好的结构进行果实检测识别。可见无论是单阶段还是双阶段的深度学习检测方法在特征自主学习和数据适应性方面都有显著优势。目前对谷子病害的智能化识别检测的研究较少,研究者们先后采用机器学习算法和残差网络对小样本谷子病害进行识别研究,主要根据谷子发病叶片的颜色特征,对谷子叶片病害区域进行分割提取,然后对谷子叶片病害进行识别,平均识别精度均达到了95%以上[13-15]。但由于谷瘟病病斑尺度变化大,小样本数据难以包含所有的病斑特征,这限制了模型对目标特征的学习,影响识别准确率,且传统检测识别模型在架构设计等方面存在局限,导致其在复杂的实际应用场景中难以部署。

本研究基于构建的大样本谷瘟病数据集,选取YOLOv8n为基础模型,对谷瘟病进行检测识别研究。在研究过程中,以增强主干网络特征提取融合能力和头部网络特征信息选择能力为研究重点,对YOLOv8n模型进行优化,提出了YOLOv8-SDL模型,旨在为谷瘟病的快速准确识别检测提供有效的技术解决方案。

1　试验数据及预处理

1.1　数据集

1.1.1　数据来源

谷子谷瘟病叶部图像采集地点为山西农业大学杨家庄谷子试验基地,采集时间为2023年6-9

月,使用智能手机(小米CC9 Pro)在自然光照下拍摄,图像分辨率为4512×6016像素,以jpg格式保存。共采集到可用的谷瘟病叶片图像1800余幅,随机划分为训练集、验证集和测试集,其分配比例为8:1:1。

1.1.2 数据处理

首先将图像统一压缩为640×640像素,然后使用LabelImg采用PASCAL VOC格式,对数据集图像进行标注,获得原始数据集。为防止因数据集的数据量不足导致网络模型出现过拟合和泛化性差的现象,随机使用添加噪声、调整亮度、旋转、裁剪、平移、镜像等方法对数据集进行增强。增强后的效果如图1所示。获得训练集(8898张)、验证集(1110张)和测试集(1110张)。

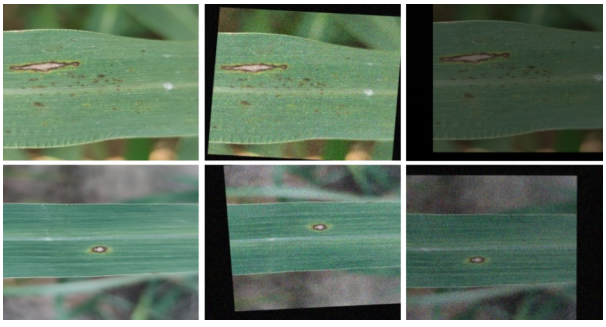


图1 图像数据增强

Fig.1 Image data enhancement

1.2 YOLOv8算法

YOLOv8相较于之前YOLO系列的其它网络,在检测精度和速度方面都有很大的提高,而且YOLOv8可以满足目标检测、目标分类、图像分割和实例分割多种任务需求。根据使用场景的不同,YOLOv8共有5种不同参数量的模型,分别为n、s、l、m、x,参数量由n到x依次递增,参数量越大检测精度也越高。为平衡算法的检测精度和可部署性,本研究使用最轻量的YOLOv8n。

YOLOv8网络包含主干网络(Backbone)、颈部网络(Neck)和头部网络(Head)。主干网络采用CSPDarknet结构用于特征提取;颈部网络用于对多尺度特征进行融合,采用PANet[16]结构;头部网络采用Decoupled-Head作为输出头部。主干网络部分包含Conv、C2f、SPPF模块。Conv模块是对输入图像进行卷积、BN和SiLU操作;C2f模块是针对YOLOv5中C3模块的替换,该模块采用阶段间局部交互网络,可根据尺度模型的不同调整相应的通道数,实现轻量化的同时增强梯度信息的丰富度;SPPF模块即空间金字塔池化,将不同尺寸的特征图调整为固定大小的特征张量。颈部网络部分为PANet结构、整合特征金字塔网络(FPN)[17]和路径聚合网络,实现跨层级的特征信息融合,并通过上采样、通道拼接将多尺度特征图传递给头部网络。头部网络部分根据输入的不同尺度特征图来精确识别和定位目标物体的类别与位置,此外头部网络通过将回归与预测分开处理,使模型的泛化性能得到显著提升。

2 谷瘟病病害检测改进方法

针对当前谷子病害智能化识别检测存在的问题,本研究提出了一种YOLOv8n的优化模型,命名为YOLOv8-SDL,该模型主要在以下几个方面进行了优化和提升。

为增强主干网络的特征提取能力,基于可切换空洞卷积(Switchable atrous convolution, SAC)[18]和通道注意力(SE)[19]模块设计了SE_SAC模块。利用SE_SAC模块改进C2f中的Bottleneck结构,命名为Bottleneck-SE_SAC,从而构建C2f-SE_SAC特征提取模块,随后将原主干网络中的C2f替换为改进后的C2f-SE_SAC。其次,为了使模型在特征融合时更加高效,引入了轻量级上采样机制DySample[20],该上采样方法采用点采样技术,减少了参数量的同时提高了检测精度。最后,在网络的颈部引入大可分离核注意力机制(Large separable kernel attention, LSKA)[21],有效整合全局信息,以较低的计算成本实现对重要特征的高效准确选取。改进后的YOLOv8-SDL总体结构如图2所示。

2.1 基于SAC设计的C2f—SE_SAC

为解决在田间复杂环境中检测时出现的漏检和误检问题,提高检测准确性,本研究基于SAC设计了一种全新的SE_SAC模块,以提升模型在复杂背景下的特征提取能力。SAC可以在训练过程中自动选择最合适的空洞卷积来增强特征提取能力。空洞卷积(Dilated convolution,Dconv)又叫作扩张卷积,如图3所示,通过引入扩张率(Dilated rate)这一超参数到卷积核中,使得卷积的采样区域得以增加,从而扩大网络的感受野。

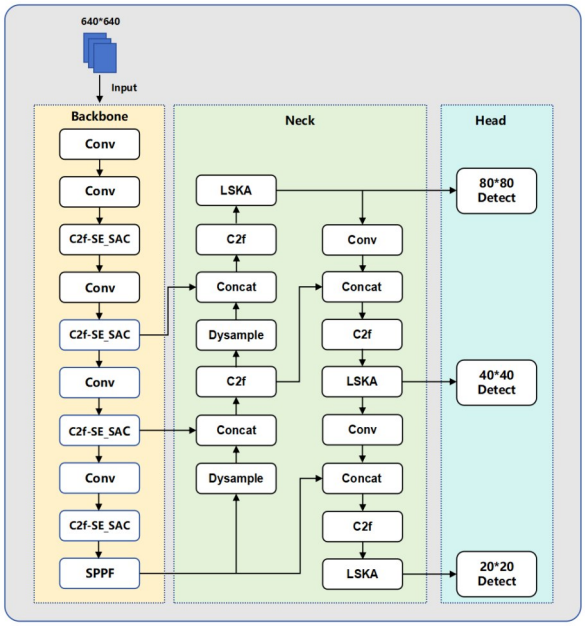


图2　YOLOv8-SDL结构图

Fig.2　Structure of YOLOv8-SDL

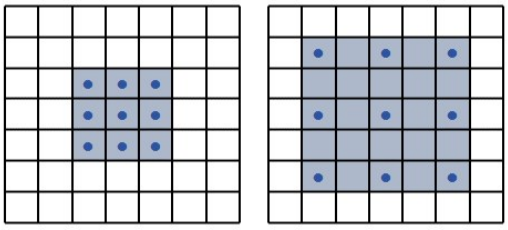


图3　空洞卷积

Fig.3　Dilated convolution

SAC模块应用不同扩张率的空洞卷积于同一输入特征,然后通过特殊的开关函数来融合这些不同卷积的结果,更好地提取特征信息。SAC模块由3个主要部分组成:2个全局上下文组件和1个SAC组件。SAC组件的前后分别连接了1个全局上下文组件,这些组件可以全面地理解图像内容,使SAC组件能够更加有效地工作。图像特征信息首先输入Pre-Global Context组件,该组件首先通过全局平均池化,然后接1个1×1的卷积层,将这个输出与输入特征相加,然后传递到SAC组件的开关函数中。在SAC组件中,对前一个组件的输入信息应用不同扩张率(1或3)的空洞卷积,接着,将这些卷积结果与开关函数的输出相乘并输入到Post-Global Context模块进行处理后,得到输出结果。SAC的计算如公式(1)所示。

$$\mathrm{Conv}(x,w,1)\xrightarrow{\text{convert to SAC}}S(x)\cdot \mathrm{Conv}(x,w,1)+(1-S(x))\cdot\mathrm{Conv}(x,w+\Delta w,r) \tag{1}$$

式中:Conv(x, w, R)、x、w、$S(x)$和R分别为卷积运算、权重、输入特征图、切换操作和空洞率。

SE模块主要包含压缩模块和激励模块,结构如图4所示,在压缩部分,全局平均池化被用来将卷积层的输出特征图缩减为一个特征向量,捕捉通道间的全局信息,使网络注意到每个通道的信息。然后使用激励模块的全连接层来学习通道间的相关性。这个全连接层对全局平均池化后的结果进行非线性变换,依据各通道的重要性来选取特征。SE的计算公式如(2)~(4)所示。

$$F_{sq}(u_c)=\frac{1}{W\times H}\sum_{i=1}^{W}\sum_{j=1}^{H}u_c(i,j) \tag{2}$$

$$F_{ex}(z,W)=\sigma(g(z,W))=\sigma(W_2\delta(W_{1z})) \tag{3}$$

$$F_{scale}(u_c,s_c)=s_c u_c \tag{4}$$

式中:F_{sq}为压缩操作,u_c为特征图U中第c个通道所对应的二维特征,W和H为特征图尺寸、F_{ex}为激励操作,δ为ReLU函数、σ为Sigmoid函数、W_1和W_2为可学习的权重、s_c为对应通道的权重、F_{scale}为

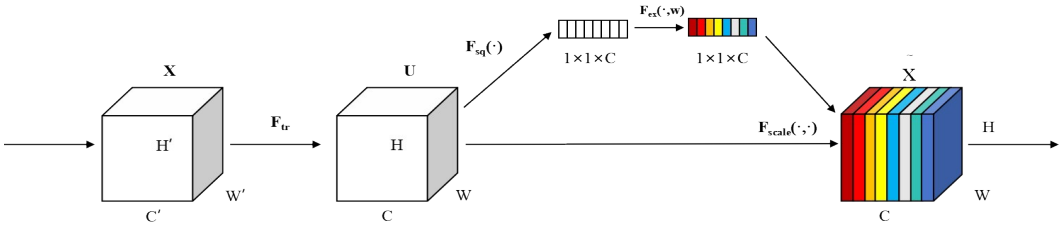


图4　SE模块结构图

Fig.4　SE module structure diagram

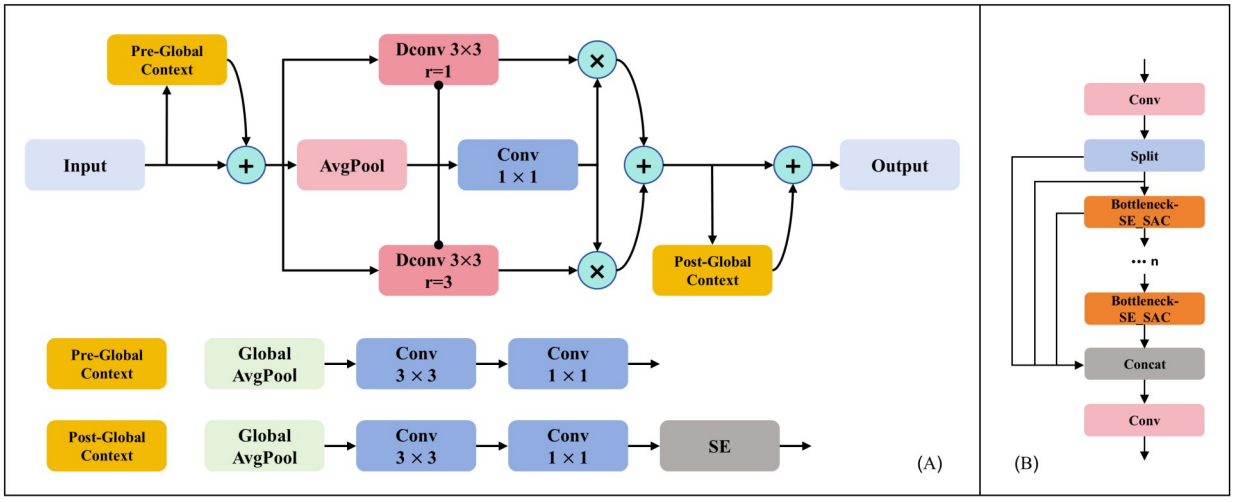
第c个通道的特征图。

SAC模块的上下文组件中,输入特征经过全局平均池化层压缩后,仅通过1个线性的1×1卷积层与输入特征相加,缺乏非线性层,这限制了模型对图像特征信息的有效提取。为增强特征提取能力,本研究对SAC结构进行了重新设计:首先,在1×1卷积之前引入1个3×3卷积,以增强局部特征提取能力;其次,在Post-Global Context组件之后加入SE模块。借助SE模块,网络得以添加非线性层,从而增强其对关键特征信息的筛选与关注能力。改进后的SAC模块命名为SE_SAC。其结构如图5(A)所示。

为了使SE_SAC模块更好地发挥作用,将其引入C2f结构中的Bottleneck中,构成名为Bottleneck-SE_SAC的新模块并替换原始的Bottleneck,从而构建了高效的C2f-SE_SAC特征提取模块,其结构如图5(B)所示。

2.2 轻量级上采样机制DySample

在YOLOv8网络结构中,主干网络提取的特征信息通过邻近插值上采样来实现特征图的融合,使网络的不同层级间可以传递和整合上下文信息。邻近插值上采样运算简单,速度快,对图像空间位置信息敏感,但会忽略掉图像的细节。为了解决这些问题,研究人员开发了CARAFE[22]、FADE[23]等基于内核驱动的动态上采样,明显提升了模型的性能,但也导致了工作量的大幅增加。



(A):SE_SAC结构示意图;(B):C2f-SE_SAC结构示意图

(A):SE_SAC structure schematic;(B):C2f-SE_SAC structure Schematic

图5 SE_SAC和C2f-SE_SAC结构图

Fig.5 The diagram of SE_SAC and C2f-SE_SAC structure

在谷瘟病病害检测任务中,为使检测模型更加高效和轻量化,选择更加轻量的DySample上采样替换邻近插值上采样。DySample上采样从点采样的角度出发,不需要动态卷积,在保持较低运算成本同时提高网络模型的特征融合能力。图6为DySample上采样的设计原理。DySample的主要计算公式如(5)~(7)所示。

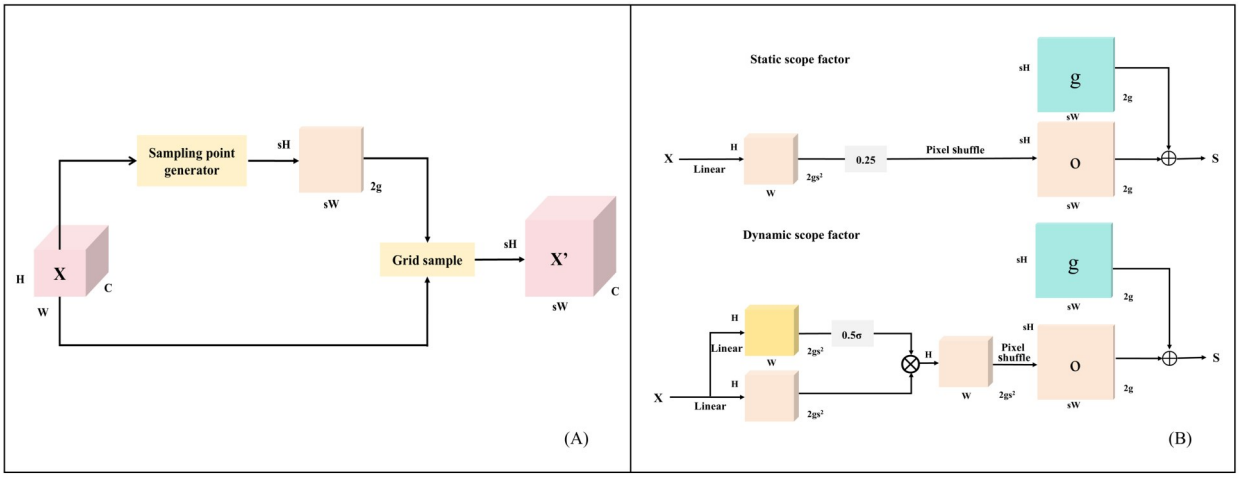
$$X'=\text{grid_sample}(X,S) \tag{5}$$

$$o=\text{Linear}(X) \tag{6}$$

$$S=g+o \tag{7}$$

式中:X、X'、o、g和S分别为输入特征、上采样特征、生成偏移量、原始采样网格和采样集。

DySample在上采样时需要利用采样点生成器来创建采样集合,具体流程为:基于给定的上采样比例因子和输入特征图X,通过1个线性转换层,该层将c个输入通道映射到$2s^2$个输出通道,生成1个具有$2s^2$个通道和$H\times W$尺寸的偏移量o;然后采用像素混洗操作(Pixel shuffling)将像素重新排列到新的位置,形成1个新的图像,以实现对偏移量o的重塑,形成$2\times sH\times sW$尺寸的原始采样网格g;最终将偏移量o与原始采样网格g相加而得



(A):基于点采样的动态上采样;(B):DySample中的采样点生成器

(A):Dynamic upsampling based on point sampling; (B):Sample point generator in DySample

图6　DySample结构图

Fig.6　DySample structure diagram

到采样集S。在获得采样集S后,DySample使用该采样集和输入特征X,执行网格采样(grid_sample)操作以生成新的上采样特征图X'。

2.3　LSKA机制

在谷瘟病病害检测任务中,由于田间环境复杂多变,需要进一步提高模型对于关键特征的选择能力。传统的注意力机制通常是全局的,缺乏对局部重要特征的有效选择,导致网络模型计算参数量大且训练不稳定。因此,本研究选择在网络颈部添加LSKA,使模型可以在田间复杂背景中将注意力集中在重要特征上,减少对噪声等不相关信息的关注,提高检测的准确性。LSKA结构如图7所示。

特征图输入到LSKA注意力模块时,首先经过2个并行的一维卷积,这2个一维卷积分别在水平和垂直方向上提取特征,来捕捉不同方向上的特征信息,融合生成初步的注意力图。接着,使用大核可分离卷积处理融合后的特征,进一步提取空间信息。可分离卷积将大核分解为深度卷积和逐点卷积,深度卷积在每个输入通道上独立进行卷积,而逐点卷积通过1×1卷积对深度卷积的输出通道进行组合,使模型能够集中关注重要的信息,从而提高特征表达能力。最后,LSKA模块通过1个额外的1×1卷积来整合得到的特征,输出最终的注意力图。LSKA通过这样的设计,提升网络对于重要特征关注度的同时,减少了运算的复杂性,从而提高模型的运算效率。LSKA的计算公式如(8)~(11)所示。

$$X^C=\sum_{H,W}W^C_{(2d-1)}*\left(\sum_{H,W}W^C_{1\times(2d-1)}*F^C\right) \tag{8}$$

$$Z^C=\sum_{H,W}W^C_{\left[\frac{k}{d}\right]\times 1}*\left(\sum_{H,W}W^C_{1\times\left[\frac{k}{d}\right]}*X^C\right) \tag{9}$$

$$A^C=W_{1\times 1}*Z^C \tag{10}$$

$$T^C=A^C\otimes F^C \tag{11}$$

式中:*表示卷积操作,⊗表示哈达玛乘积,d表示扩张率,k表示内核大小。X^C、W^C、F^C、Z^C、A^C和T^C分别为深度卷积输出、卷积核、输入特征图、全局空间信息、注意力图和输入特征图。

3　试验与分析

3.1　试验环境和参数配置

本试验的环境和参数配置如表1所示。在网络的训练过程中,批次大小为16,输入的图像尺寸为640×640,训练轮次设为100。

3.2　评价指标

本研究采用了多个评价指标来衡量不同模型对谷瘟病实例的检测效果,主要包括精度(Precision, P)、召回率(Recall, R)、mAP@0.5、mAP@

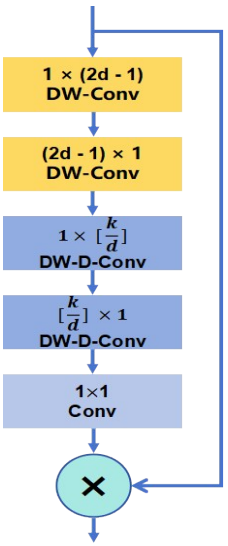


图7 LSKA结构图

Fig.7 LSKA structure diagram

表1 试验环境和参数配置

Table 1 Experimental environment and parameter configuration

硬件及软件 Hardware and software	配置 Configuration	运行包及版本 Running packages and versions
OS	Windows 10	Python 3.9
CPU	Intel(R) Core(TM) i7－12650	PyTorch 1.12.1
GPU	NVIDIA GeForce RTX 4060	CUDA 11.6

0.5～0.95。其中,精度表示模型正确检测为谷瘟病实例的比例;召回率表示模型正确检测到的谷瘟病实例占所有谷瘟病实例的比例;mAP表示模型对谷瘟病实例的平均检测精度;mAP@0.5表示在IoU阈值为0.5时,检测模型的平均精度;mAP@0.5～0.95表示在多个不同IoU阈值(0.5～0.95,以0.05为步长)下的平均精度。精度、召回率、AP、mAP的计算公式如(12)～(15)所示。

$$P=\frac{TP}{TP+FP} \tag{12}$$

$$R=\frac{TP}{TP+FN} \tag{13}$$

$$AP=\int_0^1 p(r)dr \tag{14}$$

$$mAP=\frac{1}{m}\sum_{i=1}^{m}AP_i \tag{15}$$

式中:AP为单个类别平均精确率,TP为预测为正的正样本数,FP为预测为正的负样本数,FN为预测为负的正样本数。

在模型的性能评价上,本研究选用了浮点量、参数量、模型大小作为主要评价依据。浮点量即浮点运算量(Floating point operations per second,FLOPs),用来衡量模型在训练时运算的复杂度,反映了模型对硬件运算能力的要求。参数量(Parameters)表示模型的复杂程度,模型结构越简单则参数量越少。模型大小指的是训练完成后模型所占存储空间的大小,它直接影响到模型的可部署性和运行效率。评价模型性能时必须综合考虑上述各指标。

3.3 结果分析

3.3.1 对比试验

为了验证本研究算法在性能上优于当前热门目标检测模型,将改进后的YOLOv8-SDL模型分别与YOLOv5s、YOLOv8n、YOLOv10、YOLOv11进行模型对比试验,如表2所示。对比试验结果显示,YOLOv5s模型在精度和mAP方面均低于其它模型,仅在召回率上略有优势。同时,YOLOv5s的浮点量、参数量和模型大小都显著高于其它模型,表明它在处理本数据集时并不具备竞争力。YOLOv8n与较新的YOLOv10和YOLOv11相比在大多数指标上处于劣势,改进的YOLOv8-SDL模型在除参数量和模型大小外的所有指标上均超越了原始的YOLOv8n,与YOLOv10及YOLOv11相比,YOLOv8-SDL同样在除参数量和模型大小外的其它指标上表现出色。通过以上分析可以看出,本研究提出的YOLOv8-SDL算法在多数性能评价指标上均展现出了其优越性。

3.3.2 消融试验

为进一步评估本研究中改进算法模块的实际效果,以基础的YOLOv8n模型为对照标准,选取精度、召回率、mAP@0.5、mAP@0.5～0.95、浮点量、参数量和模型大小作为评估指标,对不同改进

表2　模型对比

Table 2　Model comparison

模型 Models	精度/% Precision	召回率/% Recall	mAP@0.5/%	mAP@0.5～0.95/%	浮点量/G FLOPs	参数量/M Parameters	模型大小/MB Models size
YOLOv5s	86.5	87.2	92.3	58.3	15.8	7.0	14.4
YOLOv8n	87.1	84.9	92.5	59.8	8.1	3.0	6.3
YOLOV10n	89.0	85.0	92.3	59.2	8.2	2.7	5.8
YOLOv11	87.9	86.5	92.6	60.2	6.3	2.6	5.5
YOLOv8－SDL	91.5	86.2	93.9	62.0	7.6	3.9	8.1

模块的各种组合方式进行了消融试验(表3)。结果显示,采用设计的SE-SAC模块改进的YOLOv8n模型在精度和mAP上实现了显著提升,然而参数量和模型大小也随之增加。这一增加主要是由于在SAC的上下文组件中引入了SE模块,从而增加了模型的参数量。采用DySample上采样后,在浮点量、参数量、模型大小保持不变的情况下,精度、召回率和mAP均实现了不同程度的提升,表明基于点采样的DySample上采样比传统的线性插值上采样更为高效,并且在提升精度方面的效果更为显著。引入LSKA注意力模块后,模型的精度、召回率和mAP均显著提高,而浮点量、参数量和模型大小的增加却相对较小,这表明LSKA注意力模块能在不显著增加计算负担的情况下,有效提升模型性能。

综上所述,相较于YOLOv8n的基线模型,改进后的YOLOv8-SDL模型虽然参数量和模型大小有所增加,但是精度、召回率、mAP@0.5和mAP@0.5～0.95分别提高了4.4%、1.3%、1.4%和2.2%,同时模型的浮点量下降了0.5 G。这些结果表明了该改进算法的有效性。

3.3.3　算法验证

为更直观地验证改进模型的性能表现,基于模型对比结果,选取检测效果较为出色的YOLOv8n、YOLOv11以及本研究改进模型YOLOv8-SDL,对随机选取的病害图像进行检测验证,检测结果如图8所示。对比结果表明,改进后的YOLOv8-SDL算法在检测精度上优于YOLOv8n和YOLOv11,证明改进的算法可有效应用于复杂背景下的谷瘟病病害识别任务。

表3　消融试验

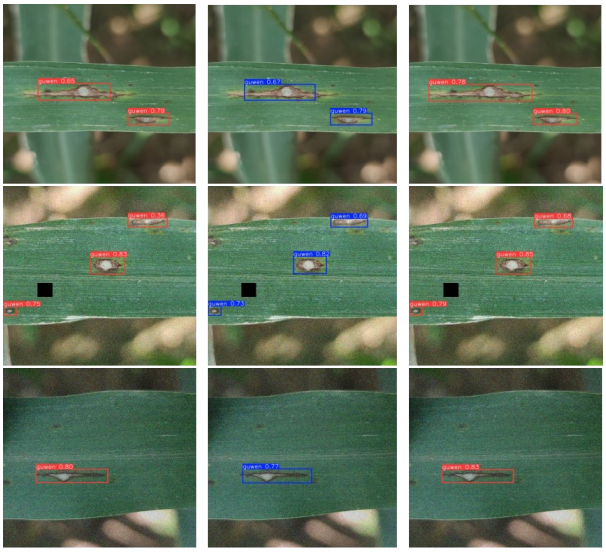
Table 3　Ablation experiment

C2f－SE_SAC	上采样 DySample	注意力 LSKA	精度/% Precision	召回率/% Recall	mAP@0.5/%	mAP@0.5～0.95/%	浮点量/G FLOPs	参数量/M Parameters	模型大小/MB Models size
－	－	－	87.1	84.9	92.5	59.8	8.1	3.0	6.3
√	－	－	90.2	85.0	93.0	60.6	7.4	3.8	7.9
－	√	－	89.1	85.7	93.5	60.3	8.1	3.0	6.3
－	－	√	89.4	86.2	93.4	61.5	8.3	3.1	6.5
√	√	－	90.0	85.3	93.3	60.9	7.4	3.8	7.9
－	√	√	88.8	88.0	93.5	61.3	8.3	3.1	6.5
√	－	√	89.3	86.0	92.9	60.5	7.6	3.9	8.1
√	√	√	91.5	86.2	93.9	62.0	7.6	3.9	8.1

为进一步评估改进后的模型在田间复杂环境,尤其是存在遮挡情况下的检测性能,选取部分被遮挡的谷瘟病斑图片来模拟田间遮挡情况,选用YOLOv8n、YOLOv11及本研究改进模型YOLOv8-SDL进行检测对比验证,检测结果如图9所示。对比结果表明,改进后的YOLOv8-SDL在目标遮挡情况下的检测精度优于YOLOv8n和YOLOv11,证明改进的算法可应用于复杂环境下的谷瘟病病害识别任务。

4　结论

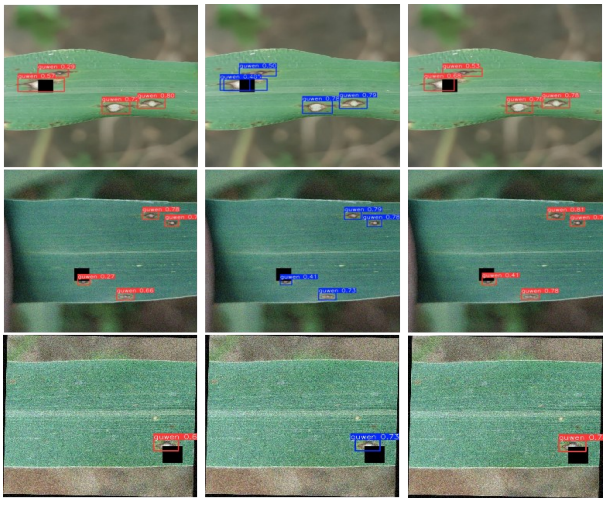
本文提出了一种改进的YOLOv8n谷瘟病识



(A)YOLOv8n (B)YOLOv11 (C)YOLOv8-SDL

图8 模型检测性能对比

Fig.8 Model detection performance comparison



(A)YOLOv8n (B)YOLOv11 (C)YOLOv8-SDL

图9 遮挡环境下模型检测性能对比

Fig.9 Comparison of model detection performance in occluded environments

别模型YOLOv8-SDL。该模型在谷瘟病病例识别检测任务中的平均精度达到了93.9%,为复杂田间背景下的谷子病害检测提供新的解决方案。

以增强特征提取、特征融合和重要特征选择能力为研究重点,对YOLOv8n模型进行了创新:设计了SE-SAC模块并将其嵌入到C2f模块中用来替换原始的C2f模块,以增强主干网络对重要特征信息的提取能力;引入DySample上采样来替换邻近插值上采样,使检测模型更加高效和轻量化;在网络颈部引入了LSKA注意力机制,以增强网络对重要特征信息的选择能力。最终设计出计算量更小且检测精度较高的谷瘟病病害检测模型。然而,改进后的模型也存在一些不足,由于数据量的限制,模型的检测精度和稳定性还有进一步验证和优化的空间。

综上,本研究提出的检测算法在谷瘟病病害检测任务中取得了较好的效果,为谷瘟病的快速识别提供了一定的技术支持。下一步计划在丰富本研究数据集以进一步提升检测精度的同时,扩充其它谷子病害的样本数据,并对模型进行移动平台的移植验证和改进。

参 考 文 献

[1]李广岩,白兴勇,尹传坤,等.山东省谷子线虫病的发生状况和病原鉴定[J].山东农业科学,2024,56(3):125-131.
Li G Y, Bai X Y, Yin C K, et al. Occurrence status and pathogen identification of millet nematode disease in Shandong Province [J]. Shandong Agricultural Sciences, 2024, 56(3): 125-131.

[2]刘佳悦,贾丽霞,王苗苗,等.抗(感)谷瘟病谷子品种内生菌多样性分析[J].华北农学报,2022,37(5):187-193.
Liu J Y, Jia L X, Wang M M, et al. Analysis of endophytic diversity of foxtail millet varieties resistant(susceptible)to foxtail millet blast[J]. Acta Agriculturae Boreali-Sinica, 2022, 37(5): 187-193.

[3]吕佩珂,苏惠芝,吕超,等.中国粮食作物、经济作物、药用植物病虫原色图鉴[M].呼和浩特:远方出版社,1999:169-170.
Lv P K, Su H Z, Lü C, et al. An illustrated book of primary colors of diseases and pests of Chinese food crops, economic crops, and medicinal plants[M]. Hohhot: Yuanfang Publishing House, 1999: 169-170.

[4]Sun H N, Xu H W, Liu B, et al. MEAN-SSD: a novel real-time detector for apple leaf diseases using improved light-weight convolutional neural networks[J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2021, 189: 106379.

[5]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 (CVPR), Las Vegas: IEEE, 2016: 779-788.

[6]张领先,景嘉平,李淑菲,等.基于图像自动标注与改进YOLOv5的番茄病害识别系统[J].农业机械学报,2023,54(11):198-207.
Zhang L X, Jing J P, Li S F, et al. Tomato disease recognition system based on image automatic labeling and improved YOLOv5 [J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2023, 54(11): 198-207.

[7]岳凯,张鹏超,王磊,等.基于改进YOLOv8n的复杂环境下柑橘识别[J].农业工程学报,2024,40(8):152-158.

Yue K, Zhang P C, Wang L, et al. Recognizing citrus in complex environment using improved YOLOv8n [J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering, 2024,40(8):152-158.

[8]Dong C, Zhang K, Xie Z Y, et al.An improved cascade RCNN detection method for key components and defects of transmission lines [J]. IET Generation, Transmission & Distribution,2023,17(19):4277-4292.

[9]Wang X L, Shrivastava A, Gupta A. A-fast-RCNN: hard positive generation via adversary for object detection[C]. 2017 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR),Honolulu:IEEE,2017: 3039-3048.

[10]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,2017,39(6):1137-1149.

[11]毛锐,张宇晨,王泽玺,等.利用改进Faster-RCNN识别小麦条锈病和黄矮病[J].农业工程学报,2022,38(17):176-185.
Mao R, Zhang Y C, Wang Z X, et al. Recognizing stripe rust and yellow dwarf of wheat using improved Faster-RCNN[J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering,2022,38(17):176-185.

[12]闫建伟,赵源,张乐伟,等.基于残差网络的自然环境中刺梨果实的识别[J].中国农机化学报,2020,41(10):191-196.
Yan J W, Zhao Y, Zhang L W, et al. Recognition of Rosa roxbunghii fruit in natural environment based on residual network[J]. Journal of Chinese Agricultural Mechanization, 2020,41(10):191-196.

[13]张红涛,李艺嘉,谭联,等.基于CS-SVM的谷子叶片病害图像识别[J].浙江农业学报,2020,32(2):274-282.
Zhang H T, Li Y J, Tan L, et al. Image recognition of millet leaf disease based on CS-SVM [J]. Acta Agriculturae Zhejiangensis,2020,32(2):274-282.

[14]李艺嘉.基于机器视觉的谷子叶片病害的图像识别[D].郑州:华北水利水电大学,2020.
Li Y J. Image recognition of millet leaf disease based on machine vision [D]. Zhengzhou: North China University of Water Resources and Electric Power,2020.

[15]张红涛,罗一铭,谭联,等.基于迁移学习和残差网络的谷子病害识别研究[J].河南农业科学,2023,52(12):162-171.
Zhang H T, Luo Y M, Tan L, et al. Research on millet disease identification based on transfer learning and residual network[J]. Journal of Henan Agricultural Sciences, 2023, 52 (12):162-171.

[16]Liu S, Qi L, Qin H, et al. Path aggregation network for instance segmentation [C]. 2018 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, Salt Lake City: IEEE, 2018: 8759-8768.

[17]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: IEEE,2017:936-944.

[18]Qiao S, Chen L C, Yuille A. DetectoRS: detecting objects with recursive feature pyramid and switchable atrous convolution [C]. 2021 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR), Nashville: IEEE, 2021: 10208-10219.

[19]Hu J, Shen L, Sun G. Squeeze-and-excitation networks [C]. 2018 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, Salt Lake City:IEEE, 2018:7132-7141.

[20]Liu W Z, Lu H, Fu H T, et al. Learning to upsample by learning to sample [C]. 2023 IEEE/CVF International Conference on Computer Vision (ICCV), Paris: IEEE, 2023, 6004-6014.

[21]Lau K W, Po L M, Rehman Y A U. Large separable kernel attention: rethinking the large kernel attention design in CNN [J]. Expert Systems with Applications,2024,236:121352.

[22]Wang J, Chen K, Xu R, et al. CARAFE: Content-Aware ReAssembly of FEatures[C]. 2019 IEEE/CVF International Conference on Computer Vision (ICCV), Seoul: IEEE, 2019: 3007-3016.

[23]Lu H, Liu W Z, Fu H, et al. FADE: fusing the assets of decoder and encoder for task agnostic upsampling[C]//Avidan S, Brostow G, Cissé M, et al. Computer Vision – ECCV 2022, Cham: Springer, 2022: 231-247.

(编辑:马荣博)