doi:10.6041/j.issn.1000-1298.2023.12.028

基于 Faster - NAM - YOLO 的黄瓜霜霉病菌孢子检测

乔　琛[1]　韩梦瑶[1]　高　苇[2]　李凯雨[1]　朱昕怡[1]　张领先[1]

(1. 中国农业大学信息与电气工程学院, 北京 100083; 2. 天津市农业科学院植物保护研究所, 天津 300384)

摘要: 黄瓜霜霉病由古巴假霜霉病菌孢子通过侵染引起,严重影响了黄瓜的品质和产量;病菌孢子数量与病情严重度相关,因此建立快速、简便和高效的病菌孢子定量检测方法,实现黄瓜霜霉病防治关口前移。基于 YOLO v5 模型提出了一种基于 Faster - NAM - YOLO 的黄瓜霜霉病菌孢子定量检测模型,该模型首先提出了一种特征提取模块 C3_Faster,使用 C3_Faster 替换 YOLO v5 中的 C3 模块,有效降低了模型参数计算量和模型深度,提升了对黄瓜霜霉病菌孢子检测速度和精度;其次在主干网络中加入了 NAM 注意力模块,通过应用权重稀疏性惩罚抑制不显著权重,进而提高模型的特征提取能力和计算效率;最后实现了对黄瓜霜霉病菌孢子的定量检测。实验结果表明,Faster - NAM - YOLO 模型在测试集上 mAP@0.5 和 mAP@0.5:0.95 分别达到 95.80% 和 60.90%,对比原始 YOLO v5 模型分别提升 1.80、1.20 个百分点,较原始 YOLO v5 模型内存占用量和每秒浮点运算次数分别减少 5.27 MB 和 1.49×10^{10};通过与 YOLO v3、THP - YOLO v5、YOLO v7、YOLO v8、Faster RCNN、SSD 目标检测模型对比,Faster - NAM - YOLO 在检测精度、模型内存占用量、每秒浮点运算次数和推理时间方面均具有显著优势;在1 200 像素 × 1 200 像素、1 500 像素 × 1 500 像素和 1 800 像素 × 1 800 像素 3 种不同分辨率尺度及不同图像数量下进一步验证了 Faster - NAM - YOLO 模型具有较强的鲁棒性和泛化能力。

关键词: 黄瓜霜霉病; 孢子; 目标检测; YOLO v5; FasterNet; NAM 注意力

中图分类号: TP391　　**文献标识码**: A　　**文章编号**: 1000-1298(2023)12-0288-12　　**OSID**:

Quantitative Detection of Cucumber Downy Mildew Spores at Multi-scale Based on Faster - NAM - YOLO

QIAO Chen[1]　HAN Mengyao[1]　GAO Wei[2]　LI Kaiyu[1]　ZHU Xinyi[1]　ZHANG Lingxian[1]

(1. *College of Information and Electrical Engineering*, *China Agricultural University*, *Beijing* 100083, *China*
2. *Institute of Plant Protection*, *Tianjin Academy of Agricultural Sciences*, *Tianjin* 300384, *China*)

Abstract: Cucumber downy mildew is caused by the spores of cucumber downy mildew from Cuba through infection, which seriously affects the quality and yield of cucumber. The number of the spores is closely related to the severity of the disease. Accordingly, there urgently needs to establish a rapid, simple and efficient quantitative detection method for the spores of cucumber downy mildew, in order to explore the way forward to achieve the control of cucumber downy mildew. Based on YOLO v5 model, an exploratory model was proposed for quantitative detection of cucumber downy mildew spores by Faster - NAM - YOLO. Firstly, a feature extraction module C3_ Faster was proposed, which was used to replace the C3 module in YOLO v5, which effectively reduced the calculation amount of model parameters and the depth of the model, and also improved the detection speed and accuracy of cucumber downy mildew spores. Secondly, the NAMAttention module was added to the backbone network and also improved the model's feature extraction ability and computational efficiency by applying weight sparsity penalty to suppress insignificant weights. In the end, the quantitative detection of the spores caused by cucumber downy mildew was realized. Faster - NAM - YOLO model on the test set mAP@0.5 and mAP@0.5:0.95 reached 95.80% and 60.90%, respectively, to compare with the original YOLO model. It can be seen that the final results were increased by 1.80 percentage points and 1.20 percentage points,

收稿日期: 2023-05-20　修回日期: 2023-08-10

基金项目: 国家自然科学基金项目(62176261)

作者简介: 乔琛(1994—),男,博士生,主要从事农业信息技术研究,E-mail: 649112905@qq.com

通信作者: 张领先(1970—),男,教授,博士生导师,主要从事农业信息化研究,E-mail: zhanglx@cau.edu.cn

respectively, reducing the model size and FLOPs of the original YOLO v5 model by 5.27M and 1.49 × 10^{10}, respectively. It was found that Faster－NAM－YOLO had significant advantages in detection accuracy, model size, FLOPs, and inference time compared with single stage target detection models such as YOLO v3, THP－YOLO v5, YOLO v7, YOLO v8, Faster RCNN, and SSD. In addition, under the comparison for the three different resolution scales of 1 200 pixels × 1 200 pixels, 1 500 pixels × 1 500 pixels and 1 800 pixels × 1 800 pixels, as well as the different specifications and the varied amount of images, which suggested that the Faster－NAM－YOLO model was further validated to have strong robustness and generalization ability. The research result not only provided a more accurate basis for early online monitoring of cucumber downy mildew, but also laid a foundation for further exploring the relationship between the dynamic changes of spore number and morphological characteristics and the severity of the disease.

Key words: cucumber downy mildew; spore; target detections; YOLO v5; FasterNet; NAMAttention

0　引言

黄瓜霜霉病是黄瓜种植过程中的主要病害之一，具有发病快、传播迅猛等特点，严重影响了黄瓜植株的正常生长，最终导致黄瓜减产和品质下降[1－3]。黄瓜霜霉病菌孢子囊释放出的游动孢子，在变为休止孢子后萌发芽管，进而通过气孔或细胞间隙侵入寄主，最终导致霜霉病的发生，而病情的严重程度又与侵染寄主的孢子数量相关[4]。因此建立快速、简便和高效的病菌孢子定量检测方法，可为黄瓜霜霉病的早期在线监测提供更为准确的判断依据。

传统病菌孢子定量检测研究中，主要通过人工识别的方法进行，专业人员通过显微镜观察病菌孢子进行判别和计数，对专家知识要求较高且受到主观性判断影响较大[5]，同时存在工作量大、效率低等缺点[6－7]。目前，所用的传统真菌孢子计数方法分别有流式细胞术、平板菌落计数法和比浊法等[8－11]。虽然传统的计数方法可以定量检测病原体孢子，但它们都有严重的缺点，其中平板菌落计数法时间成本和人力成本投入高[12]，比浊法成本较高且仅在菌体分散和干扰少的场景下使用[13]，流式细胞仪测定法由于设备仪器成本较高，造成实验门槛较高[14]。

近年来机器学习、深度学习等计算机技术在图像识别领域具有巨大优势，并逐渐应用到病菌孢子定量分析[15]。文献[16]采用 K-means 算法对孢子图像进行背景与孢子的分割、形态学及基于 Harris 的角点检测等处理，并最终实现孢子的计数。文献[17]利用Canny 算子对稻瘟病菌孢子进行边缘检测，进而提出了一种基于显微图像处理技术的稻瘟病菌孢子自动检测和计数方法，其检测的平均准确率为 98.5%，满足了稻瘟病菌孢子自动检测和计数要求。文献[18]采用 K-means 聚类算法进行图像分割、图像预处理等图像处理方法对小麦条锈病菌孢子进行自动检测和计数，并将该自动计数算法与分水岭变换算法进行了比较。实验结果表明该方法能够有效、准确地对孢子进行自动检测和计数。文献[19]提出了一种基于符号对数高斯混合模型相似度(SLGS)的水平集模型来精确进化孢子轮廓，该模型可以自动调整轮廓的进化方向，保证轮廓的正确进化。最后，可以准确地计算炭疽孢子密度和孢子数。目前，随着深度学习中卷积神经网络的出现，机器视觉技术逐渐被应用到病菌孢子的检测之中，文献[20]提出一种基于改进 CenterNet 的小麦条锈病菌夏孢子自动检测方法，解决了孢子捕捉设备采集的显微图像中真菌夏孢子自动检测存在严重的误检和漏检问题。文献[21]使用逻辑回归、神经网络和深度学习模型描述了 3 种芽孢杆菌的生长/不生长边界，研究结果表明深度学习模型能够更好地预测独立数据，以安全灵活地控制细菌的生长。文献[22]提出了一种基于 U－Net 的改进框架用于对细菌图像进行分割，实验表明改进的 U－Net 结构比 U－Net 具有更好的分割性能，在图像数据集上分割率达到 91.4%，该模型可应用于小麦白粉病孢子的检测和计数。文献[23]提出了一种 MG－YOLO 检测算法来快速检测黄瓜灰霉病孢子，检测准确率为 98.3%，证明该方法能够满足孢子高精度检测的要求。文献[24]提出了一种基于深度学习的真菌孢子检测器 FSNet，用于显微镜图像中真菌孢子的自动识别和计数，该方法能够准确对显微图像中的真菌孢子进行识别和计数。

本文以显微镜采集的田间黄瓜霜霉病菌孢子作为研究对象，提出一种基于 Faster－NAM－YOLO 的多尺度黄瓜霜霉病菌孢子定量检测模型，该模型首先通过引入 FasterNet 网络降低模型参数计算量和模型深度，提升对黄瓜霜霉病菌孢子检测速度和精度。其次引入 NAM 注意力机制，应用权重稀疏性惩罚抑制不显著权重，进而提高模型的特征提取能力和计算效率。最后实现对黄瓜霜霉病菌孢子的定

量检测，同时通过与 YOLO v3、THP - YOLO v5、YOLO v7、YOLO v8、Faster RCNN 和 SSD 目标检测模型对比验证模型的有效性，并在不同分辨率尺度下验证模型的鲁棒性和泛化能力。

1 图像数据采集、预处理及半自动化标注

1.1 图像获取

黄瓜霜霉病病原图像采集于天津市北辰区青光镇，将采集到的黄瓜霜霉病病叶先用自来水洗去表面霉层，再用无菌水冲洗 3 次后，放入保湿袋中，于 20℃培养箱中完全黑暗保湿 12 h。待病部长出新的孢子囊，用灭菌的毛笔刷将孢子囊刷入无菌水中，在 15℃下低温预冷 1 h，随机放入 25℃培养箱中培养 1 h，诱导孢子释放，释放后的黄瓜霜霉病菌孢子为圆形或椭圆形，直径为 21.1 ~ 39.8 μm[25]，整体呈半透明。用血球计数板调节霜霉病菌孢子悬浮液菌体浓度，并采用梯度稀释的方法将其稀释至每毫升 1×10^6、1×10^5个孢子。通过奥林帕斯 BX51 型荧光显微镜放大至 200 倍，采集分辨率为 4 608 像素 ×3 456 像素的图像，并由索尼 IMX363 后置摄像头的 MI8 型相机进行拍摄和收集，以 JPG 格式存储（图 1）。

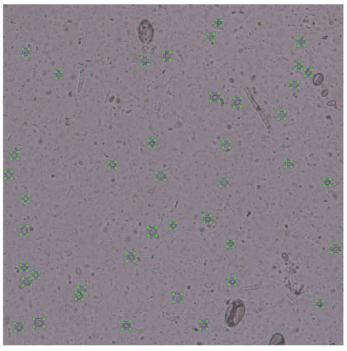
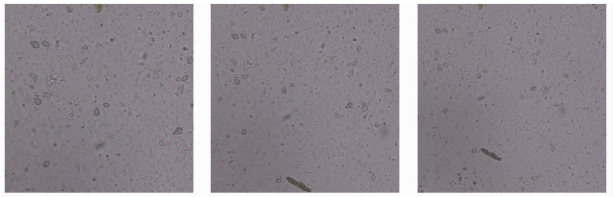


图 1 黄瓜霜霉病菌孢子显微图像

Fig. 1 Microscopic image of cucumber downy mildew spores

1.2 图像预处理及数据半自动化标注

显微图像由于受到杂质、孢子囊及孢子梗等多种因素影响，且受到待检测目标形态特性影响，存在病菌孢子与杂质和孢子囊形态差异较弱、待检测的黄瓜霜霉病目标小和显微图像数据量少等问题，从而增大了模型的训练以及对待检测目标的识别难度。因此本文基于原始显微图像采用滑动窗口扩充数据集，将滑动窗口步长设置为 1 500 像素，重叠区域设置为 60 像素进而生成子图像，进一步扩充了数据样本量，有利于提升目标检测精度。扩充后的数据按照 8∶1∶1 比例划分训练集、验证集、测试集，分别为 1 805、225、230 幅。此外，同理生成 1 200 像素 × 1 200 像素和 1 800 像素 ×1 800 像素子图，如图 2 所示。



(a) 1200像素×1200像素 (b) 1500像素×1500像素 (c) 1800像素×1800像素

图 2 切分后不同分辨率的显微图像

Fig. 2 Segmented microscopic images with different resolutions

LabelMe[26]是由麻省理工学院创建的一个开放数据注释工具。以数据为基础的模型效果很大程度上取决于所使用数据的质量，由于采集的显微图像数据受杂质、孢子囊及孢子梗等多种噪声影响，同时在对黄瓜霜霉病菌孢子进行标注时，受黄瓜霜霉病菌孢子自身尺寸小、密度高和数据量大等特点影响，因此需投入大量的时间和人力成本。为了减轻黄瓜霜霉病菌孢子检测等研究工作的负担，本文提出基于 YOLO v5m 的黄瓜霜霉病菌孢子半自动化标注方法（图 3）。应用 YOLO v5m 模型对部分标记后的图像进行训练后得到最优权重文件，进而对剩余显微图像数据进行半自动化标注，标注结果采用人工进一步调整错标、漏标等情况，受领域知识影响，整个数据标注过程均在天津市农业科学院相关植物保护专家指导下完成，该方法极大节约了数据标注的时间和人力成本投入。

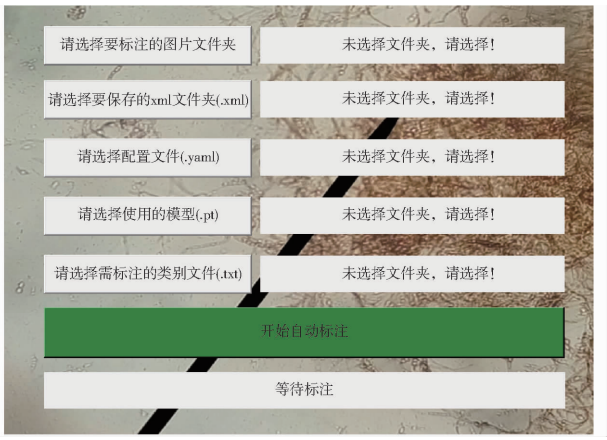


图 3 黄瓜霜霉病菌孢子自动标注

Fig. 3 Automatic labeling method for cucumber downy mildew spores

1.3 实验平台和评估指标

实验运行环境为 Windows 10（64 位）操作系统，计算机内存为 16 GB，使用 Inter（R） core（TM） i7 - 11700k@3.60 GHz CPU，搭载 NVIDIA GeForce RTX 3070 显卡，显存容量为 8 GB。使用的深度学习框架为 PyTorch 1.10.2，Cuda 版本为 11.5。

评价指标是评价目标检测算法性能的重要依据，Faster - NAM - YOLO 模型分别将精确度 P、召回

率 R 和平均精度均值(mAP)作为自身和与其他模型对比的评价指标。mAP@0.5 和 mAP@0.5:0.95 分别表示将 IoU 设置为 0.5 和 0.5～0.95 时,计算每一类的所有图像的平均精度(AP),然后所有类别求平均。

2　Faster－NAM－YOLO 定量检测模型构建

为满足对黄瓜霜霉病菌孢子定量检测所需的轻量化网络结构和实时精准检测要求,本文构建了 Faster－NAM－YOLO 模型(图 4)。为降低模型参数计算量和模型深度,首先在模型中引入 FasterNet 模块,原始 C3 模块拥有一个或多个 bottleneck 模块,每个 bottleneck 模块包含一个 1×1 卷积和一个 3×3 卷积,尽管这种设计使得 C3 模块能够学习到丰富的特征表示,但同时也增加了模型的计算负载和复杂度,因此本文通过引入 FasterNet 模块替换 C3 模块中的 bottleneck 模块。此外 FasterNet 模块还包含了一个特殊的卷积操作 PConv,该卷积通过在输入特征图上使用多个小的、不重叠的 patch 进行并行卷积,有效地减少了计算冗余和内存访问。通过与 YOLO 中 C3 模块拼接形成一种新的特征提取模块 C3_Faster,并将 YOLO 中的 C3 模块替换为 C3_Faster,经实验证明,C3_Faster 模块提升了对黄瓜霜霉病菌孢子检测速度和精度;其次,为了进一步提高模型特征提取能力和计算效率,引入 NAM 注意力模块,该模块通过应用权重稀疏性惩罚抑制不显著权重,使权重计算更加高效的同时提高了对黄瓜霜霉病菌孢子的定量检测精度。

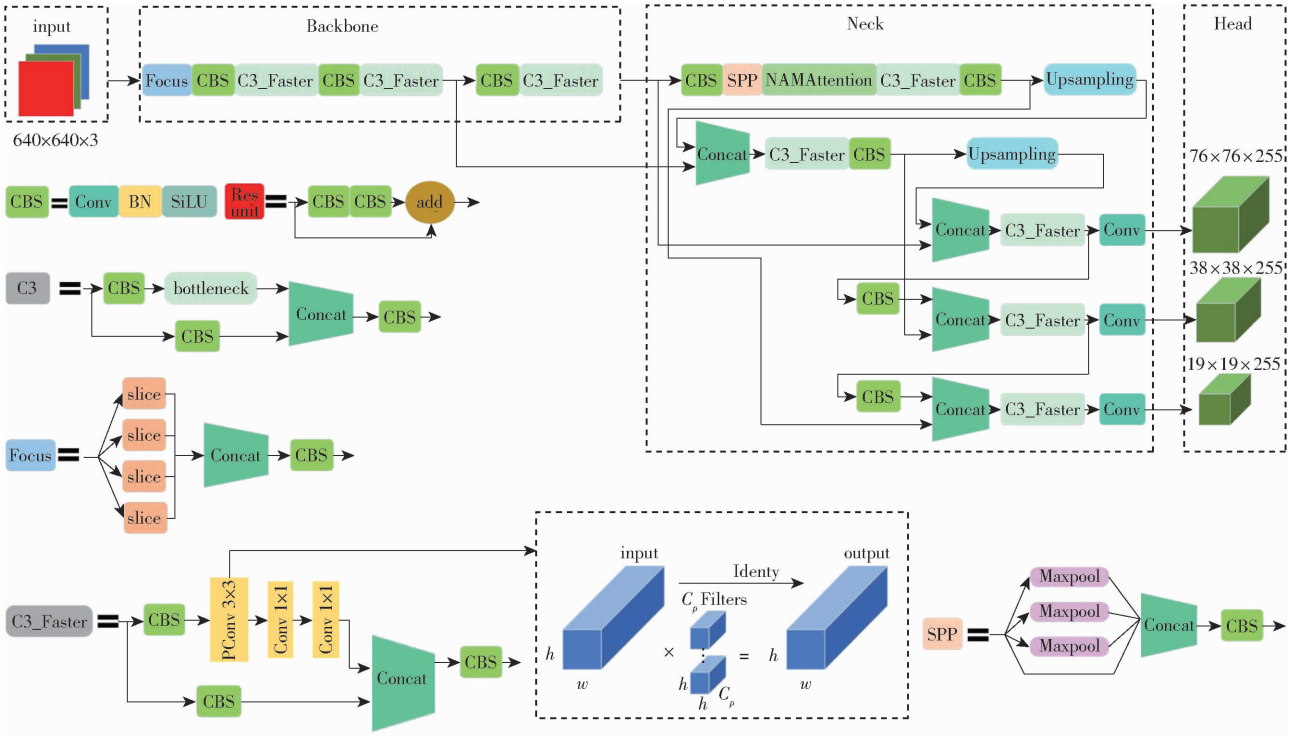


图 4　Faster－NAM－YOLO 网络结构

Fig. 4　Network structure of Faster－NAM－YOLO

2.1　FasterNet

FasterNet[27] 是 2023 年 CVPR 提出的一种新的神经网络,其在 GPU、CPU 和 ARM 处理器等多种设备上对比 MobileVit 等其他网络具有运行速度更快、检测精度更高、运行状态更好,且不影响各种视觉任务的准确性的优点,经过广泛的任务实验,FasterNet 的高速性和有效性得到了有效验证,网络结构如图 5 所示。

FasterNet 神经网络主要包含 4 个阶段,每个阶段之前都有一个卷积为 4×4、步幅为 4 的嵌入层或一个卷积为 2×2、步幅为 2 的合并层,用于空间的下采样和通道数扩展。在 FasterNet 模块中均有一个 PConv 层,然后是两个卷积为 1×1 的卷积层,它们一起呈现为倒置的残余块,其中中间层具有扩展的通道数量,并且放置了快捷连接以重用输入特征。在 FasterNet 模块中的 PConv 层只需在输入通道的一部分应用常规卷积来进行空间特征提取,并保持其他通道不变,对于连续或规则的内存访问,将第一个或最后一个连续的 C_p 通道视为整个特征图的代表进行计算。因此,引入 PConv 的 FasterNet 不仅可以更好地利用设备的计算能力,还在提取空间特征方面起到重要作用。

2.2　NAM 注意力机制

在 YOLO 中引入 NAM 注意力机制目的在于利

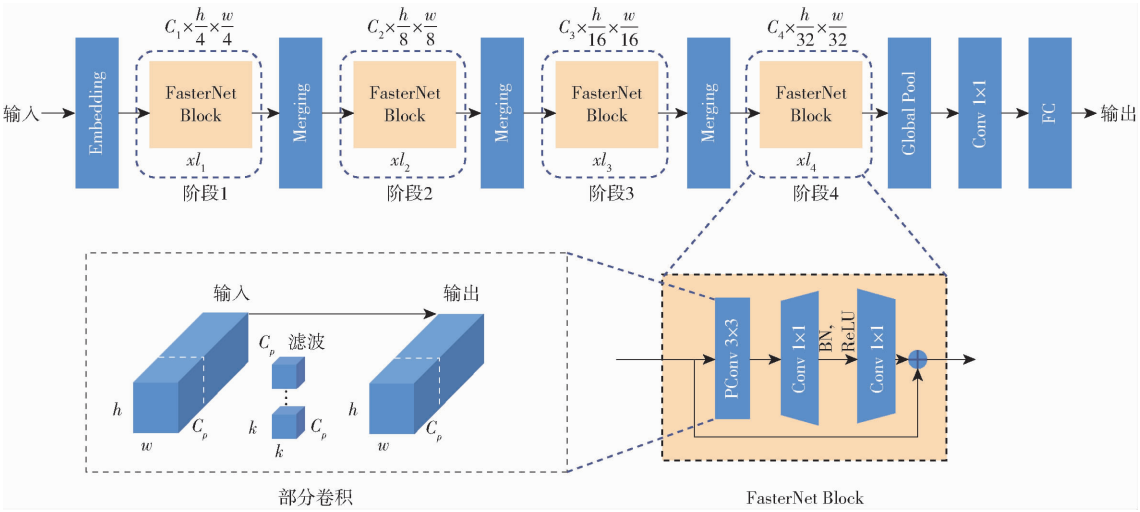


图 5 FasterNet 网络结构

Fig. 5 Network structure of FasterNet

用权重的贡献因子来改善注意力机制，通过应用稀疏的权重惩罚进而降低不太显著的特征的权重，可使模型不仅在权重计算上更加高效，而且能够保持同样的检测性能。

NAM 是一种轻量级的高效的注意力机制，其采用了 CBAM 的模块集成方式，重新设计了通道注意力和空间注意力子模块[28]。对于通道注意子模块，如图 6 所示，使用批处理归一化（BN）中的比例因子计算定义为

$$\boldsymbol{B}_{out}=\mathrm{BN}(\boldsymbol{B}_{in})=\gamma\frac{\boldsymbol{B}_{in}-\boldsymbol{\mu}_B}{\sqrt{\sigma_B^2+\varepsilon}}+\boldsymbol{\beta} \tag{1}$$

式中 $\boldsymbol{\mu}_B$——小批量 B 的值

σ_B——小批量 B 的标准差

γ、$\boldsymbol{\beta}$——可训练的仿射变换参数（尺度和位移）

ε——无穷小量，防止分母为 0

$\boldsymbol{B}_{in}$——输入的特征矩阵

$\boldsymbol{B}_{out}$——比例因子

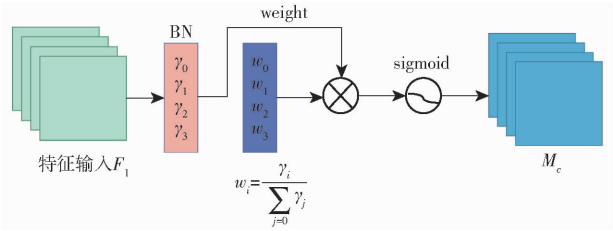


图 6 通道注意力机制

Fig. 6 Channel attention model

通道注意子模块如图 6（图中 M_c 表示输出特征，γ 是每个通道的比例因子）所示，权值计算方法定义为

$$w_\gamma=\gamma_i\Big/\sum_{j=0}\gamma_j \tag{2}$$

在空间维度上应用了一个缩放因子（BN）来衡量像素的重要性，称之为归一化，对应的空间注意子模块如图 7（图中输出特征为 M_s，λ_i 为比例因子）所示，权值计算方法为

$$w_\lambda=\lambda_i\Big/\sum_{j=0}\lambda_j \tag{3}$$

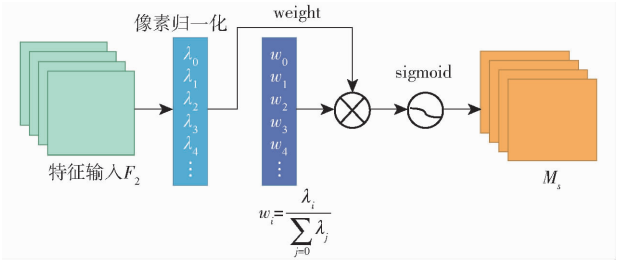


图 7 空间注意力机制

Fig. 7 Spatial attention model

此外，为了抑制不显著的权重，在损失函数中加入正则化项，定义为

$$M_c=\mathrm{sigmoid}(w_\gamma(\mathrm{BN}(F_1))) \tag{4}$$

$$M_s=\mathrm{sigmoid}(w_\lambda(\mathrm{BN}(F_2))) \tag{5}$$

$$L=\sum_{(x,y)}l(f(x,W),y)+p\sum g(\gamma)+p\sum g(\lambda) \tag{6}$$

式中 x——黄瓜霜霉病菌孢子特征输入

y——黄瓜霜霉病菌孢子特征输出

W——网络权值

$l(\cdot)$——损失函数

g——l_1 范数

L——损失值

$f(\cdot)$——输入与输出的映射函数

p 用来平衡 $g(\gamma)$ 和 $g(\lambda)$。

3 结果和讨论

3.1 基础网络模型选择

YOLO 是将目标检测任务当作单一回归任务的

实时性检测算法[29]，Github 提供了 4 种网络模型，分别是 YOLO v5s、YOLO v5m、YOLO v5l 和 YOLO v5x。为了准确有效地实现对黄瓜霜霉病菌孢子的检测，分别对 YOLO 的 4 种网络模型进行训练，相应的训练结果如表 1 所示。由表 1 可知，在 1 500 像素×1 500 像素分辨率下，YOLO v5x 取得 mAP@0.5 的最大值，为 94.22%，YOLO v5m 次之，为 93.59%。YOLO v5s 和 YOLO v5l 最小且整体差距不明显，分别为 93.01% 和 93.06%。结合模型参数量和运算速度分析，虽然 YOLO v5s 的模型内存占用量最小，但对比 YOLO v5m 和 YOLO v5x 模型的检测精度，mAP@0.5 分别低 0.58、1.21 个百分点。同时，对比 YOLO v5m、YOLO v5l 和 YOLO v5x，其中 YOLO v5l 和 YOLO v5x 的模型内存占用量更大且运算速度更慢，较 YOLO v5m 来说，不满足黄瓜霜霉病菌孢子定量检测所需的轻量化网络结构和实时精准检测要求。

通过分析 YOLO v5s、YOLO v5m、YOLO v5l 和 YOLO v5x 这 4 种网络结构，其在网络的深度和宽度上存在不同，其中 YOLO v5s 是网络深度和网络宽度均最小的网络，另外 3 种网络在此基础上进行了网络的加深加宽。结合表 1 可以发现，随着网络深度和宽度增加，模型复杂度和其性能不成正比，可以发现单纯地通过不断增加网络深度和宽度不能有效提高黄瓜霜霉病菌包子的检测精度，反而大大增加了模型规模和计算量。综上所述，出于对检测精度和模型内存占用量的综合考量，本文采用 YOLO v5m 作为基础模型进行研究。

表 1　不同网络模型实验结果

Tab.1　Experimental results of different network models

分辨率/（像素×像素）	模型	*P*/%	*R*/%	mAP@0.5/%	模型内存占用量/MB	每秒浮点运算次数
1 500×1 500	YOLO v5s	84.09	93.01	93.01	7.06	1.640×10^{10}
	YOLO v5m	88.99	90.58	93.59	21.05	5.040×10^{10}
	YOLO v5l	87.64	92.02	93.06	46.63	1.142×10^{11}
	YOLO v5x	85.79	94.07	94.22	87.24	2.173×10^{11}

3.2　消融实验

为通过数据和图像更直观地展现 FasterNet、NAM 注意力机制对 YOLO v5m 模型算法的不同影响，在分辨率 1 500 像素×1 500 像素的数据集上进行消融实验。以 YOLO v5m 作为基模型，将 FasterNet、NAM 注意力机制分别逐步加入到基网络模型之中，形成不同的改进模型，并且在实验中对改进后的模型进行比较，实验结果如表 2 所示。

表 2　消融实验结果

Tab.2　Results of ablation experiments

分辨率/（像素×像素）	基础模型	FasterNet	NAM	mAP@0.5/%	mAP@0.5:0.95/%	模型内存占用量/MB	每秒浮点运算次数
1 500×1 500	√			93.59	57.33	21.05	5.04×10^{10}
	√	√		94.38	58.02	15.78	3.55×10^{10}
	√		√	93.98	57.98	21.05	5.04×10^{10}
	√	√	√	95.37	59.73	15.78	3.55×10^{10}

注：√表示加入此模块。

通过表 2 可知，在基网络模型分别加入 FasterNet 和 NAM 注意力机制模型，模型检测精度均得到了进一步的提高。对比基础网络，加入 FasterNet 模块，mAP@0.5 和 mAP@0.5:0.95 的精度分别提高 0.79、0.69 个百分点，加入 NAM 注意力机制模型，mAP@0.5 和 mAP@0.5:0.95 的精度分别提高 0.39、0.65 个百分点。对比单一的网络模块的加入，将 FatserNet 和 NAM 注意力机制同时加入到基础网络模型中取得了更高的检测精度。其中，较基础网络模型 YOLO v5m 的 mAP@0.5 和 mAP@0.5:0.95 分别提升 1.78、2.40 个百分点；较加入 FasterNet 模块的 mAP@0.5 和 mAP@0.5:0.95 分别提升 0.99、1.71 个百分点；较加入 NAM 注意力机制模块的 mAP@0.5 和 mAP@0.5:0.95 分别提升 1.39、1.75 个百分点。同时通过对比模型内存占用量和每秒浮点运算次数可以发现，对比 NAM 注意力机制，引入 FasterNet 模块在提升模型的检测精度同时，还较大程度减少了模型内存占用量，提高了模型的运行效率，其中模型内存占用量和每秒浮点运算次数较基础网络模型分别减少 5.27 MB 和 1.49×10^{10}，这是由于 FasterNet 中的 PConv 卷积可以减少冗余计算和内存访问，更有效提取空间特征，而 NAM 注意力机制拥有“即插即用”的特点[30]，在提升模型检测精度的同时而不会带来模型参数量的增加。通过图 8 可以发现，Faster－NAM－YOLO 训练过程中的损失曲线收敛速度较快且最终趋于平稳，没有出现过拟合和欠拟合状态，损失略低于基础网络模型。从 mAP@0.5 曲线来看，Faster－NAM－YOLO 较基础网络模型取得了更好的检测效果。此外，在测试集上对 Faster－NAM－YOLO 模型和基础

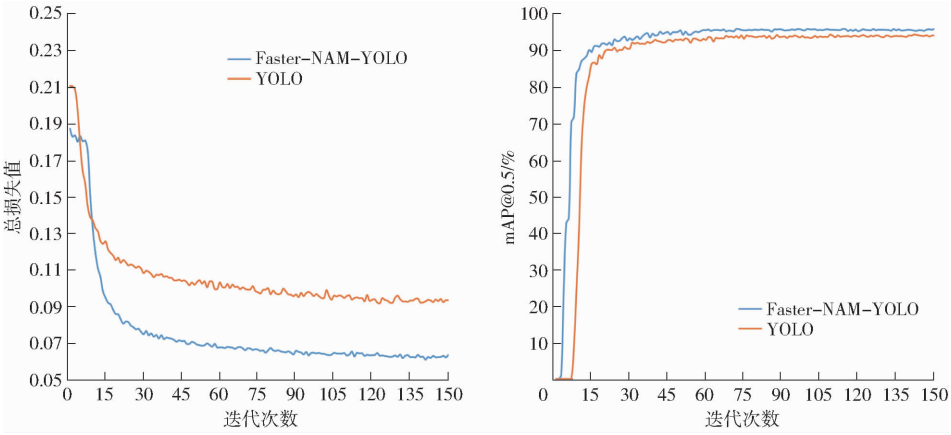


图 8 总损失和 mAP@0.5 曲线

Fig. 8 Curves of total loss and mAP@0.5

网络模型进行了检测结果评价,如表 3 所示,可以看出 Faster-NAM-YOLO 模型较基础模型的 P 和 R 分别提升 0.40、2.40 个百分点,mAP@0.5 和 mAP@0.5:0.95 分别提升 1.40、1.20 个百分点,进一步证明了 Faster-NAM-YOLO 模型对黄瓜霜霉病菌孢子检测的精确性。

表 3 模型检测结果比较

Tab. 3 Comparison of model test results %

模型	P	R	mAP@0.5	mAP@0.5:0.95
YOLO v5m	87.90	92.20	94.00	59.70
Faster-NAM-YOLO	88.30	94.60	95.80	60.90

综上所述,将 FasterNet 和 NAM 注意力机制引入 YOLO v5m 模型,进而提出的 Faster-NAM-YOLO 模型不仅可以取得较高的检测精度,还减少了模型的参数量和计算量,降低了对硬件的要求,提高了模型的可移植性。

3.3 不同检测模型精度对比

为进一步验证本文提出的 Faster-NAM-YOLO 模型的检测性能,将提出的 Faster-NAM-YOLO 模型与目前主流的目标检测 YOLO v3、TPH-YOLO v5、YOLO v7、YOLO v8、Faster RCNN、SSD 进行比较,各检测模型在验证集上的检测结果如表 4 所示,图 9 为各个模型的 P、R 和 mAP@0.5 的曲线。

表 4 不同检测模型在验证集精度对比

Tab. 4 Comparison of accuracy of different detection models on validation set

模型	mAP@0.5/%	mAP@0.5:0.95/%	模型内存占用量/MB	每秒浮点运算次数
YOLO v3	93.10	55.20	28.67	6.63×10^{10}
THP-YOLO v5	89.47	53.52	45.39	4.53×10^{10}
Faster-NAM-YOLO	95.37	59.73	15.78	3.55×10^{10}
YOLO v7	91.74	55.69	37.19	1.05×10^{11}
YOLO v8	92.00	59.90	25.86	7.91×10^{10}
Faster RCNN	90.12	54.52	110.77	7.06×10^{10}
SSD	88.64	51.65	82.78	8.86×10^{10}

通过表 4 可以看出,本文提出的 Faster-NAM-YOLO 模型在 mAP、模型内存占用量和每秒浮点运算次数方面均有显著的优势,Faster-NAM-YOLO 使用 FasterNet 和 NAM 注意力机制,一方面可以减少冗余计算和内存访问,更有效提取空间特征,另一方面可利用权重的贡献因子来改善注意力机制,降低不显著的特征权重,使计算更加高效的同时,还能取得保持较高的检测精度。Faster-NAM-YOLO

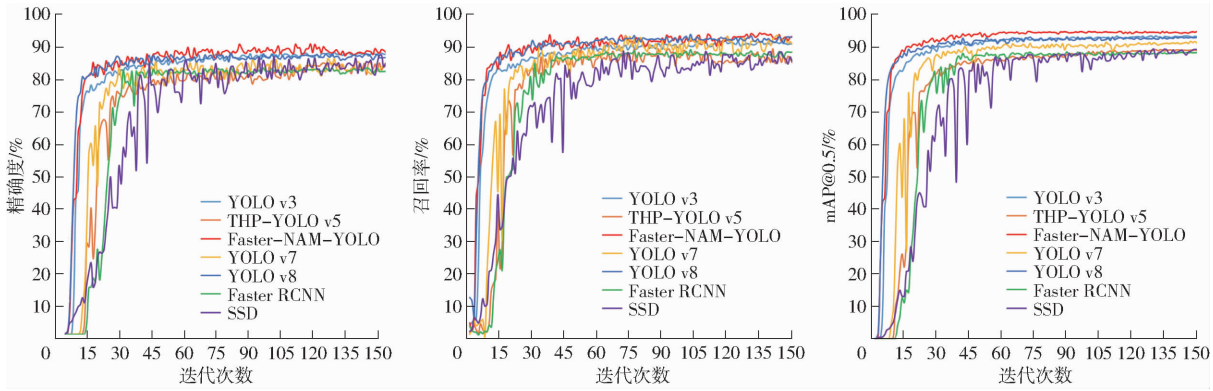


图 9 不同检测模型的 P、R 和 mAP@0.5 曲线

Fig. 9 P, R and mAP@0.5 curves of different detection models

的检测精度均高于其他检测模型，YOLO v7 和 YOLO v8 的检测精度整体差距较小且均优于 THP－YOLO v5 的检测精度，然而 YOLO v7 较 YOLO v8 的模型内存占用量和每秒浮点运算次数分别大 11.33 MB 和 2.6×10^{10}，同时 THP－YOLO v5 在模型内存占用量方面均大于 YOLO v7 和 YOLO v8，Faster RCNN 和 SSD 的检测精度与 THP－YOLO v5 差距较小，但是模型内存占用量分别为 110.77 MB 和 82.78 MB，因此庞大的模型内存占用量和计算量不满足黄瓜霜霉病菌孢子定量检测所需的轻量化网络结构和实时精准检测要求。YOLO v3 对比 THP－YOLO v5、YOLO v7 和 YOLO v8，在保持较小的模型内存占用量的同时，实现了较高的检测精度。对比 Faster－NAM－YOLO 模型，在检测精度方面，YOLO v3 的 mAP@0.5、mAP@0.5:0.95 分别低 2.27、4.53 个百分点；在模型内存占用量和计算量方面，YOLO v3 的模型内存占用量和每秒浮点运算次数分别大 12.89 MB 和 3.08×10^{10}。

为了进一步对比 Faster－NAM－YOLO 与其他检测模型，在测试集上分别进行评价，结果如表 5 所示。可以看出，Faster－NAM－YOLO 在测试集上对黄瓜霜霉病菌孢子的定量检测效果均优于其他检测模型，其中 mAP@0.5 达到 95.80%，推理时间达到 6.20 ms。YOLO v7 的检测精度和推理时间优于 YOLO v3、THP－YOLO v5、YOLO v8、Faster RCNN 和 SSD，分别为 94.50% 和 9.70 ms。YOLO v3 和 YOLO v8 的检测精度差距较小，YOLO v3、THP－YOLO v5、YOLO v8、Faster RCNN 和 SSD 的推理时间均超过 10 ms，对比 Faster－NAM－YOLO 模型，不适用于黄瓜霜霉病菌孢子定量检测所需的实时检测要求。此外，通过图 9 可以看出，Faster－NAM－YOLO对比不同检测模型的精确度 P 在前 40 个 epoch 阶段，对比 YOLO v8 整体差距较小，在 40 个 epoch 之后的精确度 P 均优于其他检测模型，而召回率 R 与 YOLO v8 整体差距不明显，mAP@0.5曲线则均优于其他检测模型。

表 5　不同检测模型在测试集上精度对比

Tab.5　Comparison of accuracy of different detection models on test set

模型	mAP@0.5/%	mAP@0.5:0.95/%	推理时间/ms
YOLO v3	93.80	59.20	18.70
THP－YOLO v5	91.00	57.00	10.64
Faster－NAM－YOLO	95.80	60.90	6.20
YOLO v7	94.50	59.00	9.70
YOLO v8	93.50	60.00	24.00
Faster RCNN	90.54	53.32	19.20
SSD	87.88	50.58	28.15

综上所述，对比 YOLO v3、TPH－YOLO v5、YOLO v7 和 YOLO v8 单阶段目标检测模型，本文提出的 Faster－NAM－YOLO 模型使计算更加高效的同时，同时还保持较高的检测精度，这表明模型更加关注目标的有效特征，抑制了无用或无效的特征，提高了网络模型的性能。

3.4　不同尺度下黄瓜霜霉病菌孢子检测精度及定量检测

模型检测性能也受到图像分辨率和数据量的影响，一方面为探究不同分辨率及不同图像数量对模型检测精度的影响，另一方面为验证 Faster－NAM－YOLO 模型的鲁棒性和泛化能力。本研究采用不同数量的 1 200 像素×1 200 像素、1 500 像素×1 500 像素和 1 800 像素×1 800 像素 3 种分辨率进行测试，其中，1 200 像素×1 200 像素和 1 800 像素×1 800 像素数据均来自切分后对子图像的随机抽取，1 500 像素×1 500 像素中，除数据量为 230 的显微图像为原始测试集，其他数据均为本文实验之后，使用相同采集方法、相同切分方式的显微图像子图，对比结果如表 6 所示。

表 6　不同分辨率及不同数据量的检测结果

Tab.6　Detection results with different resolutions and different data volumes

分辨率/（像素×像素）	数据量/幅	mAP@0.5/%	mAP@0.5:0.95/%
1 200×1 200	656	96.20	59.50
	328	96.00	58.40
	230	95.70	58.30
1 500×1 500	672	96.11	61.03
	230	95.80	60.90
	113	95.74	59.63
1 800×1 800	780	96.70	60.80
	230	96.80	61.50
	96	96.90	64.90

通过表 6 可以发现，在分辨率 1 200 像素×1 200 像素和 1 500 像素×1 500 像素下，随数据量的增加，模型 mAP@0.5 和 mAP@0.5:0.95 进一步提升，而在分辨率 1 800 像素×1 800 像素下，随着图像数量的增加，而 mAP@0.5 和 mAP@0.5:0.95 整体差距较小，但整体呈现出随着数据量增多精度下降的趋势，这是由于在分辨率 1 800 像素×1 800 像素下黄瓜霜霉病菌孢子整体目标较小，以及随着显微图像数据量的增加，杂质等噪声也随之增多，因此在分辨率 1 800 像素×1 800 像素下随着图像数量的增加 mAP@0.5 和 mAP@0.5:0.95 一定程度出现下降趋势。同时，分辨率较 1 200 像素×1 200 像素和分辨率 1 500 像素×1 500 像素检测精度，分辨

率 1 800 像素 ×1 800 像素下的检测精度整体均优于二者,一方面由于在分辨率 1 200 像素 ×1 200 像素和 1 500 像素 ×1 500 像素下待检测目标特征一定程度被弱化,另一方面由于低分辨率的输入造成待检测目标变大及规模整体变小的影响,出现检测头和目标分布之间的不匹配情况[31],因此造成二者检测精度略低于分辨率 1 800 像素 ×1 800 像素。此外,对比 3 种分辨率下相同数据量的检测精度,可以发现分辨率 1 200 像素 ×1 200 像素和 1 500 像素 ×1 500 像素下的检测精度整体差距较小,分辨率 1 800 像素 × 1 800 像素下的检测精度较高,这表明进一步提高分辨率对模型检测精度的提高具有一定影响。

为进一步展示真实孢子量与检测孢子量关系,同时减少杂质等因素对黄瓜霜霉病菌孢子检测准确率的影响,将置信度设置为 70% 对不同分辨率的显微图像进检测,检测结果如图 10 所示。通过对比原始 YOLO v5m 和 Faster - NAM - YOLO 模型对黄瓜霜霉病菌孢子的检测效果可以看出,原始 YOLO v5m 模型在高置信度情况下对黄瓜霜霉病菌孢子的漏检情况较为严重,在分辨率 1 200 像素 ×1 200 像素下,由于显微图像中真实孢子数量较少,因此对黄瓜霜霉病菌孢子的检测结果整体差距较小。在分辨率1 500 像素 ×1 500 像素和 1 800 像素 ×1 800 像素下,原始 YOLO v5m 出现较严重的漏检情况,一方面受 YOLO v5m 自身检测效果影响,另一方面受置信度的影响,置信度较小的检测目标被排除后造成漏检。对比原始 YOLO v5m 模型,Faster - NAM - YOLO 模型漏检情况在高置信度的情况下,仍可以保持较好的检测效果,进一步说明了在不同分辨率下 Faster - NAM - YOLO 模型仍具有较强的鲁棒性和泛化能力。此外,观察密度可以发现,在分辨率 1 200 像素 ×1 200 像素、1 500 像素 ×1 500 像素和 1 800 像素 ×1 800 像素中,显微图像中的真实孢子数量分布范围分别在 1 ~ 20、1 ~ 40 和 1 ~ 50 之间。随着分辨率的增加,显微图像中的真实孢子数量也随之增加。对比孢子较低密度的显微图像,孢子较高密度的显微图像中出现了较为严重的漏检情况,这是由于在高分辨及高置信度的影响下,待检测目标较小且同时受到杂质等复杂背景因素影响,因此出现较严重漏检情况。此外,由图 11 可以看出,较原始 YOLO v5m 模型,Faster - NAM - YOLO 在不同分辨率下均表现出较强的检测性能。

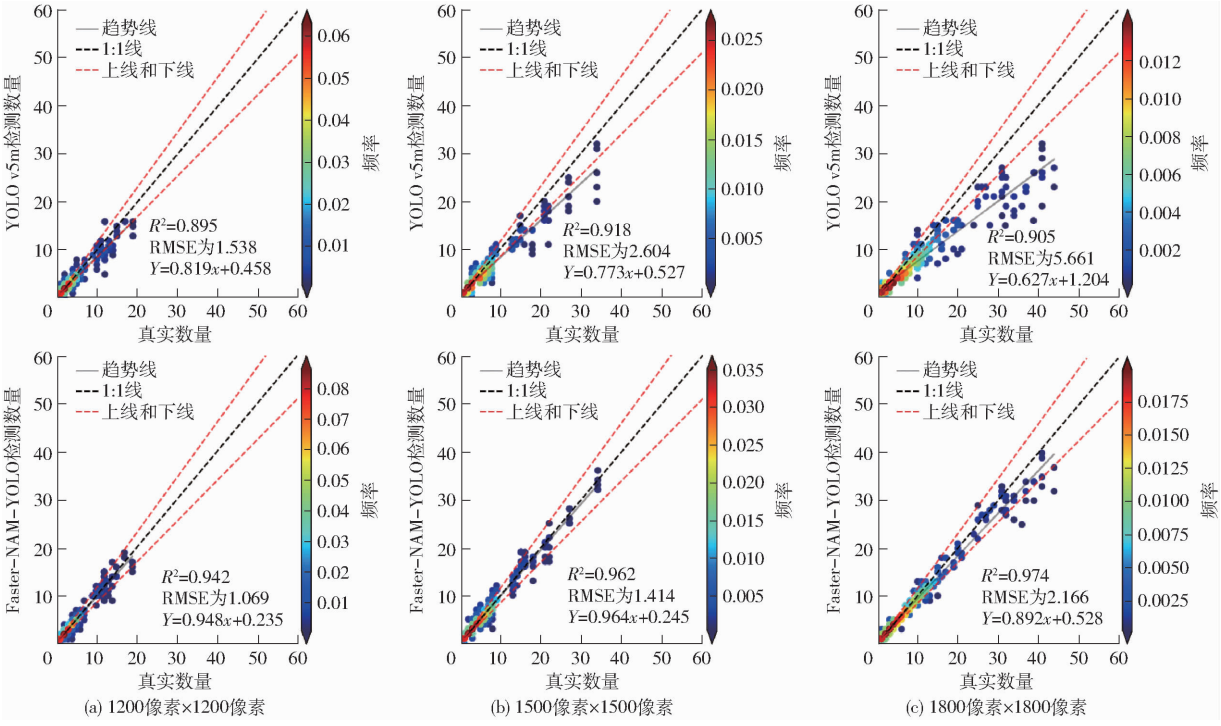


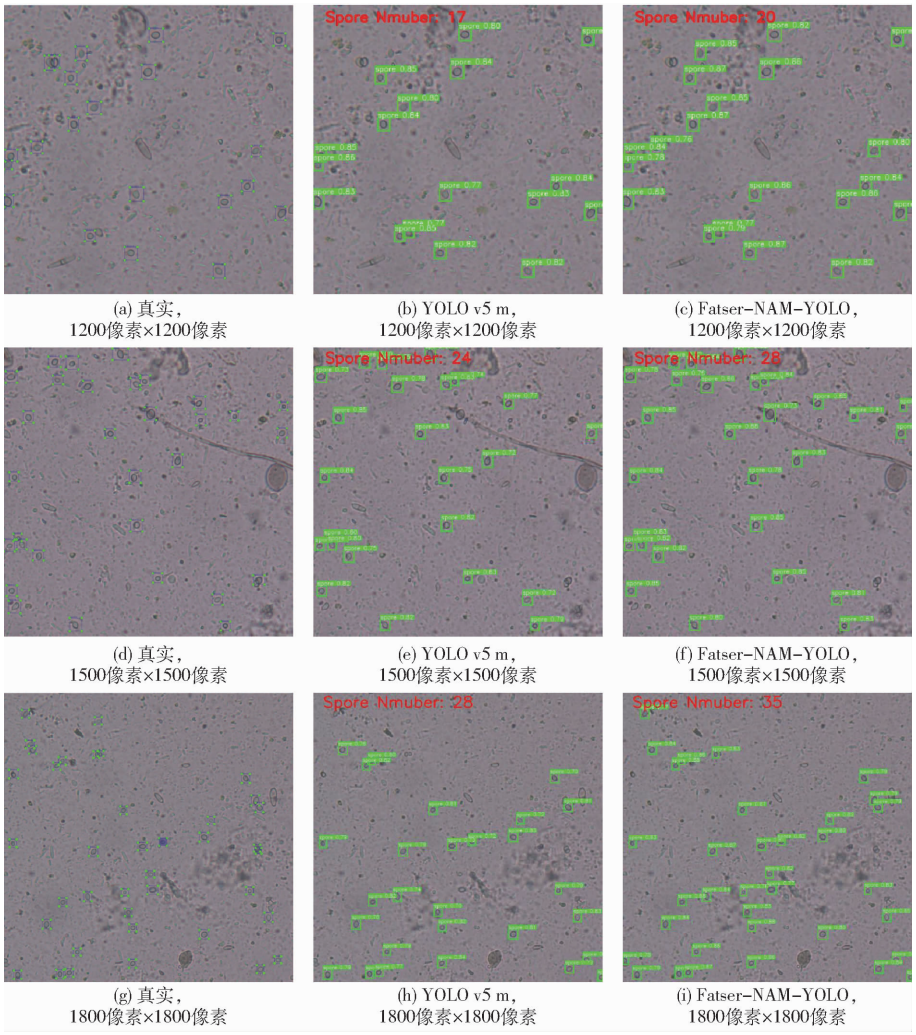
图 10 不同分辨率下孢子真实数量与检测数量拟合散点图

Fig. 10 Fitting scatter plots of true and detected number of spores under different resolutions

综上所述,本文在 YOLO v5m 模型中引入 FasterNet 和 NAM 注意力机制,进而提出的 Faster - NAM - YOLO 模型可实现对黄瓜霜霉病菌孢子的定量精准检测,满足了定量检测所需的轻量化网络结构和实时检测要求,在保持高效计算的同时,还能取得较高的检测精度。

3.5 黄瓜霜霉病菌孢子智能检测与定量检测系统

为便于黄瓜霜霉病孢子的智能检测和定量计数,采用 PyQt5 设计开发了黄瓜霜霉病菌孢子智能检测和计数系统。黄瓜霜霉病菌孢子智能检测与计



(a) 真实，1200像素×1200像素　(b) YOLO v5 m，1200像素×1200像素　(c) Fatser-NAM-YOLO，1200像素×1200像素

(d) 真实，1500像素×1500像素　(e) YOLO v5 m，1500像素×1500像素　(f) Fatser-NAM-YOLO，1500像素×1500像素

(g) 真实，1800像素×1800像素　(h) YOLO v5 m，1800像素×1800像素　(i) Fatser-NAM-YOLO，1800像素×1800像素

图 11　真实数量和 YOLO v5m 与 Faster－NAM－YOLO 的检测数量对比

Fig. 11　Comparison of real number and detected number of YOLO v5m and Faster－NAM－YOLO

数系统使用 Faster－NAM－YOLO 模型训练得到的 best. pt 权重文件对病菌孢子实现检测。该系统主要包含注册登录界面和智能检测与定量计数界面。在智能检测和定量计数界面可对待检测显微图像进行单幅和批量检测，检测结果如图 12 所示。其中，可对待检测显微图像中的病菌孢子进行识别并进行定量统计，同时显示每个孢子序号及其位置等相关信息。此外该系统还可对病菌孢子视频文件进行识别与定量检测，可调用摄像头对黄瓜霜霉病菌孢子实现实时检测与定量分析。

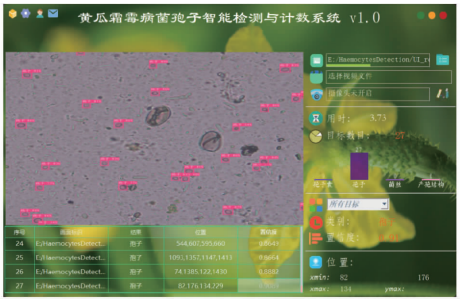


图 12　黄瓜霜霉病菌孢子检测及计数界面

Fig. 12　Cucumber downy mildew spore detection and counting interface

4　结论

（1）针对黄瓜霜霉病菌孢子定量检测所需的轻量化网络结构和实时检测要求，提出了一种 Faster－NAM－YOLO 的黄瓜霜霉病菌孢子检测模型，通过在基础模型 YOLO v5m 中引入 FasterNet 和 NAM 注意力机制模块降低了模型内存占用量和计算量，有效提升了对黄瓜霜霉病菌孢子检测速度和精度。

（2）针对 Faster－NAM－YOLO 模型的有效性验证，在测试集上的 mAP@0.5 和 mAP@0.5:0.95 分别为 95.80% 和 60.90%，对比原始 YOLO v5m 模型分别提升 1.80、1.20 个百分点，较原始 YOLO v5m 模型内存占用量和每秒浮点运算次数分别减少 5.27 MB 和 1.49×10^{10}。同时对比 YOLO v3、TPH－YOLO v5、YOLO v7、YOLO v8、Faster RCNN 和 SSD 目标检测模型，Faster－NAM－YOLO 模型在 mAP、模型内存占用量、每秒浮点运算次数和推理时间方面均有显著优势。

(3)探究 Faster－NAM－YOLO 模型在不同分辨率尺度及不同数据量下的检测效果,分别在 1 200 像素×1 200 像素、1 500 像素×1 500 像素和 1 800 像素×1 800 像素 3 种不同分辨率尺度及不同图像数量下验证 Faster－NAM－YOLO 模型具有较强的鲁棒性和泛化能力,对比原始 YOLO v5m 模型,Faster－NAM－YOLO 模型在不同分辨率下均表现出较强的检测性能。

(4)提出了黄瓜霜霉病菌孢子自动标注方法并开发黄瓜霜霉病菌孢子智能检测与计数系统,极大方便了农业生产经营者及相关科研工作人员对黄瓜霜霉病菌孢子的定量检测及相关研究。

参 考 文 献

[1] 马浚诚,温皓杰,李鑫星,等. 基于图像处理的温室黄瓜霜霉病诊断系统[J]. 农业机械学报,2017,48(2):195－202.
MA Juncheng, WEN Haojie, LI Xinxing, et al. Downy mildew diagnosis system for greenhouse cucumbers based on image processing[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2017, 48(2): 195－202. (in Chinese)

[2] 秦立峰,张熹,张晓茜. 基于高光谱病害特征提取的温室黄瓜霜霉病早期检测[J]. 农业机械学报,2020,51(11):212－220.
QIN Lifeng, ZHANG Xi, ZHANG Xiaoqian. Early detection of cucumber downy mildew in greenhouse by hyperspectral disease differential feature extraction[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2020, 51(11): 212－220. (in Chinese)

[3] SINGH A, JONES S, GANAPATHYSUBRAMANIAN B, et al. Challenges and opportunities in machine-augmented plant stress phenotyping[J]. Trends in Plant Science,2021,26(1):53－69.

[4] PETRIACQ P, STASSEN J H M, TON J. Spore density determines infection strategy by the plant pathogenic fungus plectosphaerella cucumerina[J]. Plant Physiology, 2016, 170(4): 2325－2339.

[5] YOON S C, LAWRENCE K C, PARK B. Automatic counting and classification of bacterial colonies using hyperspectral imaging [J]. Food and Bioprocess Technology, 2015, 8(10): 2047－2065.

[6] WALLACE E C, D'ARCANGELO K N, QUESSADA-OCAMPO L M. Population analyses reveal two host-adapted clades of pseudoperonospora cubensis, the causal agent of cucurbit downy mildew, on commercial and wild cucurbits[J]. Phytopathology, 2020, 110(9): 1578－1587.

[7] ANDERSSON M A, SALO J, KEDVES O, et al. Bioreactivity, guttation and agents influencing surface tension of water emitted by actively growing indoor mould isolates[J]. Microorganisms, 2020, 8(12): 1940.

[8] 任爱新,陈思铭,刘凯歌,等. 基于流式细胞术的黄瓜霜霉病菌孢子囊计数研究[J]. 植物病理学报,2022,52(5):841－848.
REN Aixin, CHEN Siming, LIU Kaige, et al. Counting of cucumber downy mildew sporangia based on flow cytometry[J]. Acta Phytopathologica Sinica, 2022, 52(5): 841－848. (in Chinese)

[9] 李艳肖,胡雪桃,张芳,等. 基于高光谱技术的菌落图像分割与计数[J]. 农业工程学报,2020,36(20):326－332.
LI Yanxiao, HU Xuetao, ZHANG Fang, et al. Colony image segmentation and counting based on hyperspectral technology[J]. Transactions of the CSAE, 2020, 36(20): 326－332. (in Chinese)

[10] 王璐,殷高方,赵南京,等. 基于可变荧光统计分析法的混合藻类活体细胞数定量实验研究[J]. 光学学报,2022,42(24):26－34.
WANG Lu, YIN Gaofang, ZHAO Nanjing, et al. Quantitatively experimental study on number of viable cells in mixed algae based on variable fluorescence statistical analysis[J]. Acta Optica Sinica, 2022, 42(24): 26－34. (in Chinese)

[11] WEN G, CAO R, WAN Q, et al. Development of fungal spore staining methods for flow cytometric quantification and their application in chlorine-based disinfection[J] Chemosphere, 2020,243: 125453.

[12] 李爱华,岳思君,马海滨. 真菌孢子三种计数方法相关性的探讨[J]. 微生物学杂志,2006(2):107－110.
LI Aihua, YUE Sijun, MA Haibin. Correlativity of three counting methods of fungal spore[J]. Journal of Microbiology, 2006 (2):107－110. (in Chinese)

[13] 易绍金,刁浪滔. 石油烃降解菌菌数测定方法评述[J]. 石油与天然气化工,2004(3):206－216,144.
YI Shaojin, DIAO Langtao. The comment on the measuring ways of the becterial cell population of the hydrocarbon bacteria [J]. Chemical Engineering of Oil & Gas, 2004(3): 206－216, 144. (in Chinese)

[14] 付春华,郭文武,邓秀新. 用流式细胞仪和 RAPD 快速鉴定柑橘体细胞杂种[J]. 华中科技大学学报(自然科学版),2005,33(10):102－105.
FU Chunhua, GUO Wenwu, DENG Xiuxin. Rapid identification of citrus somatic hybrids through flow cytometry and RAPD analysis[J]. Journal of Huazhong University of Science and Technology(Natural Science Edition), 2005,33(10): 102－105. (in Chinese)

[15] DHAL K G, DAS A, RAY S, et al. Nature-inspired optimization algorithms and their application in multi-thresholding image segmentation[J]. Archives of Computational Methods in Engineering, 2020, 27(3): 855－888.

[16] 齐龙,蒋郁,李泽华,等. 基于显微图像处理的稻瘟病菌孢子自动检测与计数方法[J]. 农业工程学报,2015,31(12):186－193.
QI Long, JIANG Yu, LI Zehua,et al. Automatic detection and counting method for spores of rice blast based on micro image processing[J]. Transactions of the CSAE, 2015, 31(12): 186－193. (in Chinese)

[17] 焦林,牛磊磊,宋怀波. 小麦条锈病孢子图像实时传输及处理系统设计[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版),2017,45(12):148－154.

JIAO Lin, NIU Leilei, SONG Huaibo. Design of a real-time transmission and processing system for wheat stripe rust spore images[J]. Journal of Northwest A&F University(Natural Science Edition), 2017, 45(12): 148－154. (in Chinese)

[18] LEI Yu, YAO Zhifeng, HE Dongjian. Automatic detection and counting of urediniospores of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* using spore traps and image processing[J]. Scientific Reports, 2018, 8(1): 13647.

[19] ZHAO Yaochi, LIU Shiguang, HU Zhuhua, et al. Separate degree based Otsu and signed similarity driven level set for segmenting and counting anthrax spores[J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2020, 169: 105230.

[20] 雷雨,周晋兵,何东健,等.基于改进 CenterNet 的小麦条锈病菌夏孢子自动检测方法[J].农业机械学报,2021,52(12):233－241.
LEI Yu, ZHOU Jinbing, HE Dongjian, et al. Automatic detection method for urediniospores of wheat stripe rust based on improved CenterNet model[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2021, 51(12): 233－241. (in Chinese)

[21] KURODA S, OKUDA H, ISHIDA W, et al. Modeling growth limits of *Bacillus* spp. spores by using deep-learning algorithm [J]. Food Microbiology, 2019, 78: 38－45.

[22] LIANG Xinshen, WANG Botao. Wheat powdery mildew spore images segmentation based on U－Net[J]. Journal of Physics: Conference Series, 2020, 1631(1): 012074.

[23] LI Kaiyu, ZHU Xinyi, QIAO Chen, et al. The gray mold spore detection of cucumber based on microscopic image and deep learning[J]. Plant Phenomics,2023, 5: 0011.

[24] ZHANG Ying, LI Jiangtao, TANG Fang, et al. An automatic detector for fungal spores in microscopic images based on deep learning[J]. Applied Engineering in Agriculture, 2021, 37(1): 85－94.

[25] WANG Yafei, ZHANG Xiaodong, YANG Ning, et al. Separation-enrichment method for airborne disease spores based on microfluidic chip[J]. International Journal of Agricultural and Biological, 2021(5): 14.

[26] RUSSELL B C, TORRALBA A, FREEMAN W T, et al. LabelMe: a database and web-based tool for image annotation[J]. International Journal of Computer Vision, 2008, 77(1－3): 157－173.

[27] CHEN Jierun, KAO Shiuhong, HE Hao, et al. Run, don't walk: chasing higher FLOPS for saster neural networks[J]. Computer Vision and Pattern Recognition, 2023, arXiv: 2303.03667.

[28] LIU Yichao, SHAO Zongru, TENG Yueyang, et al. NAM: normalization-based attention module[J]. Computer Vision and Pattern Recognition, 2021, arXiv: 2111.12419.

[29] 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. New York: IEEE Press, 2016: 779－788.

[30] LI Shufei, LI Kaiyu, QIAO Yan, et al. A multi-scale cucumber disease detection method in natural scenes based on YOLOv5 [J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2022, 202:107363.

[31] SHI Yi, WU Jiang, ZHAO Shixuan, et al. Rethinking the detection head configuration for traffic object detection[J]. Computer Vision and Pattern Recognition, 2022, arXri: 2210.03883.

(上接第 260 页)

[18] HOWARD A, SANDLER M, CHU G, et al. Searching for MobileNetV3[C]// Proceedings of the IEEE/CVF International Conference on Computer Vision, 2019:1314－1324.

[19] MA Ningning, ZHANG Xiangyu, ZHENG Haitao, et al. ShuffleNet V2: practical guidelines for efficient CNN architecture design[C]// Proceedings of the European Conference on Computer Vision (ECCV), 2018:116－131.

[20] TANG Yehui, HAN Kai, GUO Jianyuan, et al. GhostNetV2: enhance cheap operation with long-range attention[J]. arXiv: 2211.12905.

[21] HU J, SHEN L, SUN G. Squeeze-and-excitation networks[C]// Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition,2018: 7132－7141.

[22] WOO S, PARK J, LEE J Y, et al. CBAM: convolutional block attention module[C]// Proceedings of the European Conference on Computer Vision (ECCV),2018: 3－19.

[23] HOU Q, ZHOU D, FENG J. Coordinate attention for efficient mobile network design[C]// Proceedings of the IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition,2021: 13713－13722.

[24] PAN X, GE C, LU R, et al. On the integration of self-attention and convolution[C]// Proceedings of the IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition,2022: 815－825.

[25] ZHANG Yifan,REN Weiqiang, ZHANG Zhang, et al. Tieniu Tan, Focal and efficient IOU loss for accurate bounding box regression[J]. Neurocomputing, 2022,506: 146－157.

[26] GEVORGYAN Z. SIoU Loss: more powerful learning for bounding box regression[J]. arXiv preprint, arXiv:2205.12740, 2022.