doi:10.6041/j.issn.1000-1298.2025.11.051

基于改进 YOLO v7 的黄瓜霜霉病菌侵染结构识别方法

乔　琛[1]　韩宗桓[1]　张一丁[2]　韩梦瑶[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. 中国农业大学工学院, 北京 100083)

摘要: 黄瓜霜霉病由古巴假霜霉病菌通过侵染引起,严重影响了黄瓜的品质和产量,因此霜霉病菌侵染结构的早期识别对病害预警与防控至关重要,本文提出了一种基于改进 YOLO v7 的黄瓜霜霉病菌侵染结构(孢子囊、孢子、菌丝和产孢结构)识别模型。通过引入 SE(Squeeze and excitation)注意力机制增强了对孢子和孢子囊等小目标的特征提取能力,采用归一化 Wasserstein 距离(Normalized Wasserstein distance,NWD)优化了边界框回归精度,使模型能更精确地定位孢子等侵染结构小目标,同时缓解了传统 IoU 方法对小目标位置偏差的敏感性问题,减少了误差并提升了模型的鲁棒性。在检测头部分通过引入 DyHead(Dynamic head)模块动态调整感受野大小,增强了不同尺度特征的融合能力,特别是在处理微小目标和复杂背景时,显著提高了多尺度目标检测的表现,同时探究了 DyHead 堆叠次数对模型性能和计算复杂度的影响。试验结果表明,当 DyHead 堆叠至 4 次时,模型 mAP@0.5 和 mAP@0.5:0.95 均达到最优。改进 YOLO v7 的 mAP@0.5 达到 86.5%,较原始 YOLO v7 提升 3.9 个百分点,与 YOLO v3、YOLO v5s、YOLO v8x、SSD 和 Faster R-CNN 等多种经典目标检测模型相比,在 mAP@0.5 和 mAP@0.5:0.95 均达到最优。此外,基于改进的 YOLO v7 模型开发了面向实际应用场景需求的黄瓜霜霉病菌侵染结构识别系统,可以实现对黄瓜霜霉病菌的孢子、孢子囊、菌丝及产孢结构等侵染结构的精确识别及定量统计。

关键词: 黄瓜霜霉病; 侵染结构; YOLO v7; DyHead; SE; NWD
中图分类号: TP391　　**文献标识码**: A　　**文章编号**: 1000-1298(2025)11-0528-10　　**OSID**:

Method for Identifying Infection Structures of Cucumber Downy Mildew Based on Improved YOLO v7 Model

QIAO Chen[1]　HAN Zonghuan[1]　ZHANG Yiding[2]　HAN Mengyao[1]　ZHANG Lingxian[1]
(1. *College of Information and Electrical Engineering*, *China Agricultural University*, *Beijing* 100083, *China*
2. *College of Engineering*, *China Agricultural University*, *Beijing* 100083, *China*)

Abstract: Cucumber downy mildew is caused by *Pseudoperonospora cubensis* through infection, severely impacting the quality and yield of cucumbers. Therefore, early diagnosis of infection structures is crucial for disease warning and prevention. A detection model for cucumber downy mildew infection structures (sporangia, spores, hyphae, and sporogenous structures) was proposed based on an improved YOLO v7 model. By introducing the squeeze-and-excitation attention mechanism (SE), the model enhanced its ability to extract features from small objects such as spores and sporangia. Additionally, the model used the normalized Wasserstein distance (NWD) to improve bounding box regression accuracy, enabling more precise localization of small targets like spores. This approach also alleviated the sensitivity of traditional IoU methods to positional deviations in small targets, thereby reducing errors and enhancing the robustness of the model. The dynamic head (DyHead) module was incorporated into the detection head, dynamically adjusting the receptive field size to improve multi-scale feature fusion. This was particularly effective in handling small objects and complex backgrounds, significantly enhancing multi-scale object detection performance. The study also explored the impact of different DyHead stacking numbers on model performance and computational complexity. Experimental results showed that when DyHead was stacked four times, the model achieved optimal mAP@0.5 and mAP@0.5:0.95 values.

收稿日期: 2024-08-06　修回日期: 2024-11-28
基金项目: 国家自然科学基金项目(62176261)
作者简介: 乔琛(1994—),男,博士后,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

The improved YOLO v7 model achieved an mAP@0.5 of 86.5%, a 3.9 percentage points improvement over the original YOLO v7. In comparison with other advanced object detection models such as YOLO v3, YOLO v5s, YOLO v8x, SSD, and Faster R-CNN, the improved YOLO v7 demonstrated superior performance in both mAP@0.5 and mAP@0.5:0.95, especially in detecting small objects and handling complex backgrounds with higher accuracy and robustness. Furthermore, based on the improved YOLO v7 model, a practical cucumber downy mildew infection structure recognition system was developed. This system featured an intuitive user interface and enabled accurate identification and quantitative analysis of infection structures, including spores, sporangia, hyphae, and sporulating structures. It provided an efficient solution for the early warning and prevention of cucumber downy mildew in agricultural production.

Key words: cucumber downy mildew; infection structures; YOLO v7; DyHead; SE; NWD

0　引言

在黄瓜生长过程中,霜霉病是最常见、最主要和最严重的病害,是黄瓜产量和品质的重要影响因素[1-2]。因此,黄瓜霜霉病早期诊断具有重要意义[3-4]。在侵染过程中,病原体接触并侵入寄主植物,随后在植物内扩散并繁殖,最终导致病害症状的表现。这一动态过程中与植物侵染部位接触的病原物为侵染结构[5]。侵染结构的检测与识别对霜霉病菌侵染机制的研究具有重要意义。

传统的显微切片[6]、电镜[7]、实时 PCR[8]和荧光定量 PCR[9]等生物技术方法已被应用于病菌侵染结构的识别与定量检测,但这些方法普遍存在操作复杂、耗时较长和依赖人工等局限性,难以满足大规模快速检测的需求。随着图像处理算法的进步,李小龙等[10]以小麦条锈病菌夏孢子为例,利用 K 均值聚类算法进行初步的彩色和二值化分割,再通过形态学操作优化孢子的形状。使用改进后的图像进行分水岭分割,有效提取孢子连通区域的边界,并计算其数量。这种基于图像处理的分割和形态优化方法提高了孢子识别的准确度。ZHAO 等[11]通过分析 3 种病原菌冬孢子的近红外光谱数据,采用可区分偏最小二乘法(DPLS)、反向传播神经网络(BPNN)和支持向量机(SVM)模型,开发了一种有效的病菌识别方案。齐龙等[12]通过模糊 C 均值算法优化 Canny 边缘检测算子的阈值,并对图像进行分类处理。结合距离变换、高斯滤波和分水岭法,解决了孢子粘连造成的过度分割问题,从而大大提高了识别准确率,达到 98.5%。

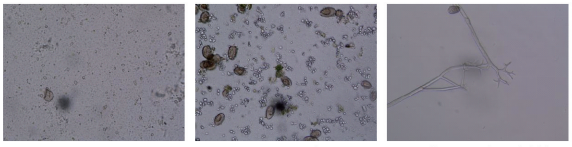
然而,上述研究均属传统的图像处理算法,需要对研究对象依次经过图像分割、特征提取和分类识别,流程繁琐。且基于机器学习传统算法的病菌识别模型受训练数据集的影响较大,在对模型进行训练之前需经过人工的选择获取图像中特征提取区域[13],实用性较差。随着深度学习技术的迅速发展,深度学习能够自动对原始图像进行增强并学习到图像的高维特征[14-15],摆脱了传统机器学习算法中人工处理特征的缺陷。同时,深度学习模型通过不断调整神经网络层数与神经元之间权重参数矩阵,能够达到更高的识别准确率[16]。雷雨等[17]提出了一种改进 CenterNet 的小麦条锈病菌夏孢子自动识别方法,通过优化特征提取网络减少基础块层数,并使用椭圆检测框提高检测精度与速度,从而解决了漏检和误检问题。李明等[18]针对孢子囊的密集和粘连,开发了一种改进的 YOLO v5s 算法,通过替换卷积块和优化特征融合路径,将 NMS 替换为 DIoU_NMS,使得检测精度达到 91.8%。ZHANG 等[19]开发了一种基于深度学习的自动检测器 FSNet,旨在识别显微图像中的真菌孢子,显著提高了孢子检测的准确性和可靠性。LIANG 等[20]通过对 U-Net 网络进行改进,实现了小麦白粉病孢子的自动图像分割,分割率达到 91.4%。李晓林[21]基于 Python、PyQt5 和 OpenCV3 开发了自动化病菌孢子检测系统,能够实现对白粉病菌孢子的图像增强、自动识别与计数,检测准确率为 87.4%。张翔[22]通过 Flask 框架将改进的 Mask Scoring RCNN 模型部署为 Web 应用,实现对多种孢子的在线识别和分类。上述研究不仅展示了深度学习技术在病菌孢子识别中的潜力,还推动了农业病害监测与管理的自动化与智能化进程。

本文以显微镜采集的黄瓜霜霉病菌侵染结构(孢子、孢子囊、菌丝及产孢结构)为研究对象,构建一种高效、精确的病菌侵染结构自动检测及定量统计方法。针对孢子微小、孢子囊与背景易混淆、菌丝形态细长且边界模糊、产孢结构形态复杂等检测难点,基于注意力机制等策略实现目标检测模型的改进,并在此基础上开发面向实际应用的黄瓜霜霉病菌侵染结构识别系统。

1 显微图像数据采集及预处理

1.1 显微图像数据采集

黄瓜霜霉病是一种由古巴假霜霉菌(*Pseudoperonospora cubensis*)引起的典型气传性真菌病害[23-24]。在其侵染循环过程中,涉及多个关键侵染结构,主要包括孢子、孢子囊、菌丝及产孢结构。孢子囊为病菌无性繁殖的产物,呈深褐色囊状,紧贴于寄主黄瓜叶片表面。当孢子囊破裂后,游动孢子释放,并通过寄主植物的气孔或细胞间隙侵入叶片组织,萌发形成芽管并逐渐发育为菌丝体。随着菌丝体的成熟,病菌通过叶片下表面的气孔伸出孢子梗,孢子梗顶端产生分生孢子囊,标志着侵染循环的完成[25-26]。本研究所使用的病原样本采集自中国天津市北辰区青光镇的黄瓜种植区,具有典型病害症状的黄瓜叶片作为研究对象。在采样过程中,使用毛刷将病斑部位轻轻刷入无菌水中,以保留病原体的关键结构特征。采用奥林巴斯 BX51 显微镜在 400 倍放大倍率下对孢子、孢子囊及孢子梗等结构进行观察。通过搭载索尼 IMX363 传感器的 MI8 设备拍摄,并以 JPG 格式保存样本图像(图 1)。图像分辨率为 4 608 像素 ×3 456 像素,确保了病原结构的精细度和清晰度,为后续病原分析和定量检测提供了高质量的数据基础。



(a) 孢子 (b) 孢子囊 (c) 菌丝及产孢结构

图 1 黄瓜霜霉病的不同侵染结构

Fig. 1 Different infection structures of cucumber downy mildew

1.2 显微图像数据标注与增强

本研究采用最小外接矩形作为标注框的真值,对黄瓜霜霉病菌显微图像中的孢子囊、孢子、产孢结构和菌丝等目标进行系统化、精确标注。为保证标注的一致性与可靠性,标注工作使用开放源码的 LabelImg 工具(https://github.com/tzutalin/labelImg)和多位研究人员对显微图像分析的经验。本研究制定了严格的标注规范,包括确保目标区域的完整覆盖、对遮挡目标仅标注未遮挡部分的最小外接矩形,以及通过放大细节避免复杂背景的干扰。多位具有显微图像分析经验的研究人员参与标注工作,针对同一批图像独立标注,并通过反复比对和讨论统一标注标准,最终形成经过严格质量检查的标注结果,如图 2 所示。所有标注结果以 XML 格式保存,文件记录了目标类别和坐标信息(x_{min}, y_{min}, x_{max}, y_{max}),并以比例 8∶1∶1 划分为训练集、验证集和测试集。

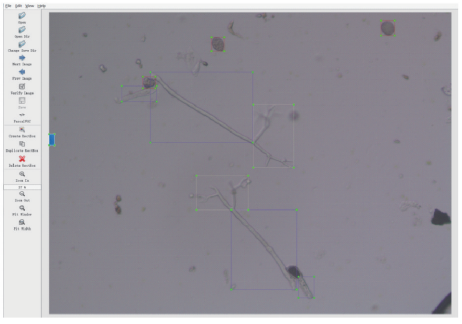


图 2 数据标记

Fig. 2 Data annotation

为进一步增加数据集多样性,提升模型的泛化能力,本研究采用旋转、平移、缩放和镜像翻转等数据增强策略,通过引入目标在不同角度、大小、位置和方向上的变化,使数据集覆盖更广泛的特征分布,增强病菌侵染结构在尺度变换及形态变异下的多样性,从而更真实地模拟显微图像中可能出现的多种实际情况,增强模型对复杂场景中目标变化的鲁棒性与适应性。数据扩充不仅增加了训练样本的数量,更增强了数据集的多样性和代表性,扩充后的训练集包含 898 幅显微图像,验证集和测试集各包含 112 幅显微图像。

1.3 试验环境及评价指标

本研究采用 Windows 11(64 位)操作系统,搭载 NVIDIA GeForce RTX4090 显卡的 PyCharm 集成开发工具。模型训练环境由 Anaconda 3 构建的 Python 3.8 虚拟开发环境,PyTorch 版本为 2.1.1 + cu121,cuda 版本为 1.12.2。在模型训练过程中,迭代次数(epoch)和每次训练的批量大小(batch-size)分别设置为 250 和 16,以提高训练速度。初始学习率经过测试设置为 0.001,采用 SGD 优化器进行学习率的调整,余弦退火超参数和学习率动量分别设置为 0.01 和 0.937。

以平均精确度(mAP@0.5)、模型参数量(Params)和每秒浮点运算量(GFLOPs)作为评价指标。其中 mAP@0.5 和 mAP@0.5:0.95 表示的是将 IoU 设置为 0.5 和 0.5 至 0.95 时,计算孢子、孢子囊、菌丝及产孢结构每类的平均精度,然后对所有类别求平均,计算公式为

$$mAP = \frac{\sum_{i=1}^{N} AP_i}{N} = \frac{\sum_{i=1}^{N} \int_0^1 P(R)\,\mathrm{d}R}{N} \tag{1}$$

式中 AP——精确率-召回率曲线($P-R$ 曲线)下的面积

mAP——不同类别 AP 的平均值

$P(R)$ ——精确率(Precision)

dR——召回率 R(Recall)的微小增量

N——测试样本的类别数

试验中,需检测孢子、孢子囊、菌丝及产孢结构 4 类目标,因此 N 等于 4。

2　基于改进 YOLO v7 黄瓜霜霉病菌侵染结构识别模型构建

本研究对 YOLO v7 模型进行了系统性优化和改进,改进后的网络结构如图 3 所示。首先,针对黄瓜霜霉病菌的显微图像中存在小目标问题,引入 SE 注意力机制,将其嵌入主干网络的高效层聚合网络 ELAN 中。SE 注意力机制通过对通道响应进行动态加权,使模型能够更加有效地关注到与目标检测任务密切相关的关键信息,尤其是在处理目标小且复杂的病菌结构时,如孢子和产孢结构,可显著提高特征提取的有效性。此外,为解决传统 CIoU 损失在检测小目标时存在的不足,采用归一化 Wasserstein 距离(NWD)对边界框回归机制进行改进。NWD 在保留几何一致性的基础上,能提高边界框的精确度与稳健性,特别是对病菌孢子等较小结构的定位表现更加出色。最后,考虑到定位和分类任务的进一步优化,在检测头部分引入 DyHead 模块。DyHead 通过动态调整注意力分配和特征融合策略,使模型在不同检测任务中能够灵活应对输入数据的变化,从而更好地捕捉不同侵染结构之间的微小差异。

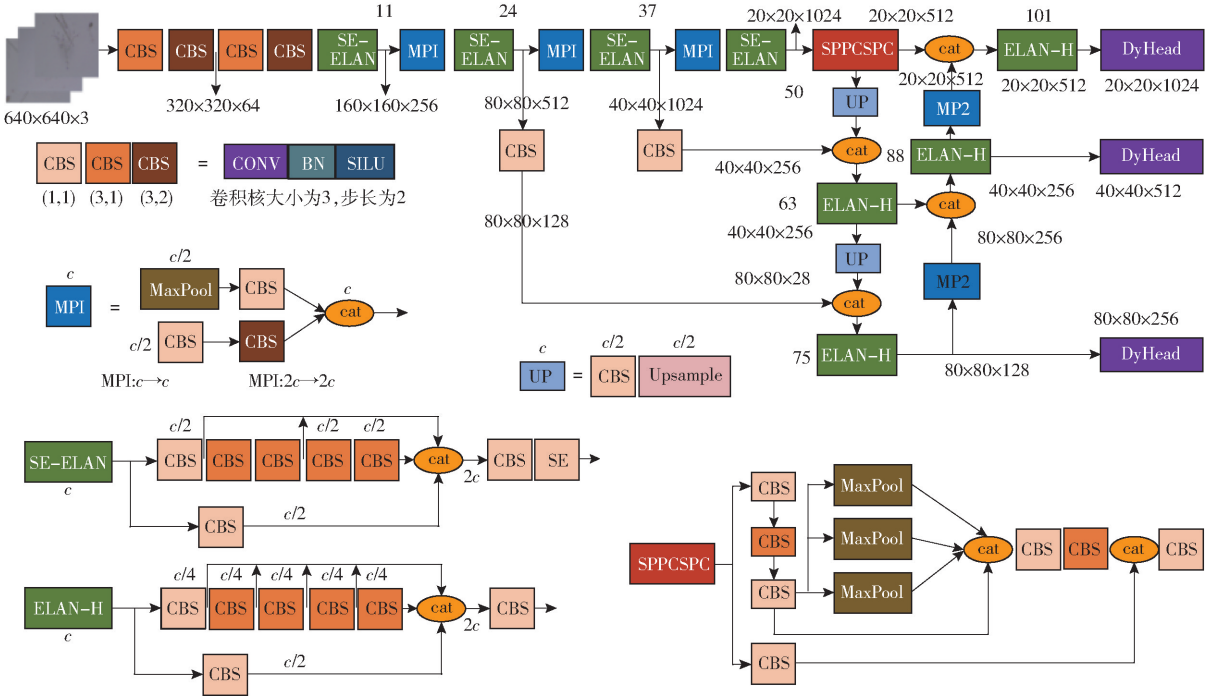


图 3　改进后 YOLO v7 网络结构图

Fig. 3　Network structure of improved YOLO v7 model

2.1　SE 注意力机制

SE 注意力机制[27]是一种专注于通道关系的轻量级检测机制。从通道域的角度根据图像的位置赋予权重,以此得到更重要的特征信息。由于黄瓜霜霉病菌孢子目标非常小,一幅图像中背景占据很大比例,引入 SE 注意力机制后网络可以更加关注于黄瓜霜霉病菌孢子,学习到更多的有用信息,提高识别的准确率。SE 注意力机制主要由压缩、激励和估算组成,其结构如图 4 所示。

对于给定的输入特征图将通过卷积操作生成特征图 u,$u \in \mathbf{R}^{H\times W\times C}$。其次进行 Squeeze($F_{sq}(\cdot)$)操作将特征图 $u(H\times W\times C)$进行全局平均池化压缩成 $1\times 1\times C$ 的通道统计向量 $\boldsymbol{Z}_c$,即

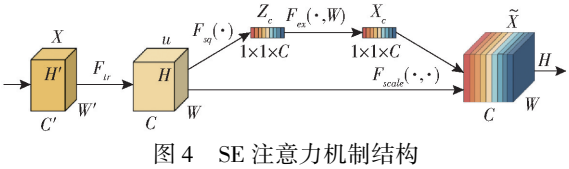


图 4　SE 注意力机制结构

Fig. 4　Structure of SE attention mechanism

$$\boldsymbol{Z}_c = F_{sq}(u_c) = \frac{1}{HW}\sum_{i=1}^{H}\sum_{j=1}^{W} u_c(i,j) \qquad (2)$$

式中　F_{sq}——Squeeze 操作的函数,用于计算通道统计量

H、W——特征图空间维度,即高度和宽度

u_c——特征图 u 的第 c 个通道的特征

通过 Excitation($F_{ex}(\cdot)$)操作使全连接层作用在特征图上,使用 Sigmoid 激活函数获得归一化权

重。将权重作用在相应通道上生成权重矩阵 $\boldsymbol{s}(1\times1\times C)$。最后进行 Scale($F_{scale}$)操作,将生成的权重矩阵 $\boldsymbol{s}(1\times1\times C)$ 与特征图 $\boldsymbol{U}(H\times W\times C)$ 对应通道相乘进行权重赋值,得到重新标定后的特征图,X_c 的计算公式为

$$X_c = F_{scale}(u_c, s_c) = s_c u_c \tag{3}$$

式中 X_c——重新加权后的特征图

F_{scale}——重新标定后的特征图

s_c——每个通道权重

2.2 NWD 度量

归一化 Wasserstein 距离是一种用于衡量两个概率分布之间的距离或相似性的度量指标,通过对距离进行标准化,弥补 CIoU 损失在小目标检测中的不足。YOLO v7 算法中使用 CIoU 损失函数[28],但 CIoU 对不同尺度物体的敏感性有差异,尤其是对孢子微小物体的位置偏差非常敏感,这使得模型在反向传播过程中更新参数的能力受到影响。本研究将 NWD 度量[29]嵌入到损失函数中,与 CIoU 损失函数按照一定的比例,共同作为模型的损失函数。

NWD 将边界框建模为二维高斯分布,即令边界框的中心像素权重最高,从中心到边界权重递减,进而实现前景像素和背景像素的区别。对于水平框 $\boldsymbol{R}=(c_x, c_y, w, h)$,可以建模为二维高斯分布 $N(\boldsymbol{u}, \boldsymbol{\Sigma})$,即

$$\begin{cases} \boldsymbol{u} = \begin{bmatrix} c_x \\ c_y \end{bmatrix} \\ \boldsymbol{\Sigma} = \begin{bmatrix} \dfrac{w^2}{4} & 0 \\ 0 & \dfrac{h^2}{4} \end{bmatrix} \end{cases} \tag{4}$$

式中 $\boldsymbol{u}$——二维高斯分布的均值向量

$\boldsymbol{\Sigma}$——二维高斯分布的协方差矩阵

c_x、c_y——中心点坐标

w、h——宽度和高度

将边界框 a 和 b 之间的相似度转换为两个高斯分布之间的分布距离,即

$$W_2^2(N_a, N_b) = \left\| \left(\left(c_{x_a}, c_{y_a}, \frac{w_a}{2}, \frac{h_a}{2} \right)^{\mathrm{T}}, \left(c_{x_b}, c_{y_b}, \frac{w_b}{2}, \frac{h_b}{2} \right)^{\mathrm{T}} \right) \right\|_2^2 \tag{5}$$

式中 $W_2^2(N_a, N_b)$——两个高斯分布 N_a 和 N_b 之间的二阶 Wasserstein 距离

N_a、N_b——两个边界框的高斯分布,分别对应边界框 a 和边界框 b

c_x、c_y——边界框中心坐标

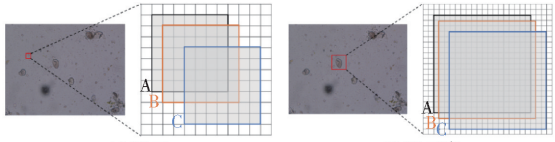
由于两个边界框之间的相似度不能用距离直接度量,因此将两个边界框之间的距离进行归一化,使用归一化后的指数得到新度量,即

$$\mathrm{NWD}(N_a, N_b) = \exp\left(-\frac{\sqrt{W_2^2(N_a, N_b)}}{D} \right) \tag{6}$$

式中 NWD——归一化 Wasserstein 距离

D——与数据集有关的常数

图 5 为 IoU(交并比)在不同尺度目标上的敏感性差异,其中图 5a 对应孢子(小目标),图 5b 对应孢子囊(大目标)。针对这两类目标,分别构造不同偏移程度的预测框(A、B、C),并与真实边界框进行 IoU 值变化分析。计算结果表明,图 5a 中 IoU 对小目标孢子更为敏感,即使仅有轻微的位置偏移,也会导致 IoU 值剧烈波动,进而影响正负样本的划分与标签分配准确性,严重时可能造成网络训练不稳定、监督信号缺失以及梯度更新困难等问题。相比之下,图 5b 中的大目标孢子囊在相同偏移条件下的 IoU 波动相对较小,表现出更强的鲁棒性。为应对 IoU 在小目标检测中的局限性,引入 NWD(Normalized Wasserstein Distance)作为替代指标。与仅关注边界框重叠面积的 IoU 不同,NWD 更侧重于预测框与真实框中心点之间的距离度量,即便两者未发生重叠,也能有效评估其空间相似性。在图 5a 所示的小目标检测任务中,NWD 显著缓解了 IoU 对位置偏移的高敏感性问题,同时降低了正负样本分布不均带来的训练不稳定风险,有助于提升模型收敛效率与检测性能。



(a) 孢子 (b) 孢子囊

图 5 IoU 对不同尺寸的目标敏感性差异图

Fig. 5 Sensitivity differences of IoU for targets of different sizes

2.3 DyHead 模块

通过引入动态检测头 DyHead,YOLO v7 模型的检测器得到了改进。首先,它能够动态调整感受区域大小,以适应不同规模的目标。此外,DyHead 通过多尺度特征的融合,提高对不同尺寸目标检测精度。DyHead 的动态特性增强了网络的鲁棒性,更好地应对复杂场景与挑战性情境下的特征图融合,确保特征图具有更强的语义信息和位置精度,图 6 为 DyHead 的结构。在 YOLO v7 模型中,骨干网络横向、空间和通道 3 维输出改进为具有尺度感知能力的动态检测头,即

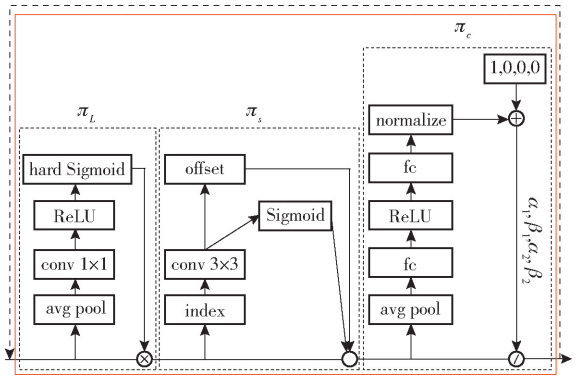


图 6　DyHead 结构图

Fig. 6　DyHead structure diagram

$$W_F = \pi_c \pi_s \pi_L \boldsymbol{FFFF} \tag{7}$$

式中　W_F——加权后特征

π_c——任务感知注意力

π_s——空间感知注意力

π_L——尺度感知注意力

$\boldsymbol{F}$——特征向量

通过在 3 个特定维度上引入注意力机制，增强了检测头对黄瓜霜霉病菌孢子的目标检测能力，从而提升了算法在小目标检测方面的表现。计算尺度、空间和任务感知注意力公式为

$$\begin{cases} \pi_L \boldsymbol{FF} = \sigma f\left(\dfrac{1}{SC}\sum_{SC} \boldsymbol{FF}\right) \\ \pi_s \boldsymbol{FF} = \dfrac{1}{L}\sum_{l}^{L}\sum_{k=1}^{K}\left(w_{l,k}\boldsymbol{F}l; p_k + \Delta P_k; c\Delta m_k\right) \\ \pi_c \boldsymbol{FF} = \max\left(\alpha^1 \boldsymbol{FF}_c + \beta^1 \boldsymbol{F}, \alpha^2 \boldsymbol{FF}_c + \beta^2 \boldsymbol{F}\right) \end{cases} \tag{8}$$

式中　σ——激活函数　　f——变换函数

p_k——位置　　Δp_k——位置偏移

Δm_k——额外权重　　K——关键点数

L——尺度层数　　S——输入特征张量

$w_{l,k}$——采样点权重

α、β——可学习的参数，控制激活阈值

3　结果和讨论

3.1　基础网络模型的选择

为验证二阶段[30]和一阶段[31-35]目标检测模型对黄瓜霜霉病菌显微图像数据集的检测精度，对不同模型进行训练，结果如表 1 所示。由表 1 可知，YOLO 系列模型（YOLO v3、YOLO v5s、YOLO v7、YOLO v8x、YOLO v9c 和 YOLO 11）的表现均优于 SSD 和 Faster R-CNN。YOLO v9c 的 mAP@0.5 最高，为 83.0%；YOLO v7 和 YOLO v8x 分别为 82.6% 和 82.9%，与 YOLO v9c 差距较小，而 SSD 和 Faster R-CNN 精度分别为 65.5% 和 72.3%，显著低于 YOLO 系列。这表明 SSD 和 Faster R-CNN 在显微图像中霜霉病菌结构检测任务中的表现不理想。除检测精度外，计算复杂性和模型参数量也是重要考量。YOLO v8x 的计算复杂性最高（浮点运算量为 3.445×10^{11}），适合高算力设备；YOLO v5s 计算复杂性最低（浮点运算量 2.57×10^{10}），参数量仅为 7.4×10^6，适用于资源受限环境，但其精确度仅为 70.3%，低于其他 YOLO 系列模型。

表 1　不同网络模型训练结果

Tab. 1　Training results of different network models

模型	mAP@0.5/%	浮点运算量	参数量
YOLO v3	80.1	2.822×10^{11}	6.21×10^7
YOLO v5s	70.3	2.57×10^{10}	7.4×10^6
YOLO v7	82.6	1.032×10^{11}	3.72×10^7
YOLO v8x	82.9	3.445×10^{11}	7.18×10^7
YOLO v9c	83.0	1.925×10^{11}	2.76×10^7
YOLO 11	80.1	3.55×10^{10}	1.01×10^7
SSD	65.5	8.86×10^{10}	8.28×10^7
Faster R-CNN	72.3	7.06×10^{10}	1.108×10^8

综合检测精确度、计算复杂性和模型规模，YOLO v7 表现出最佳平衡性。在 mAP@0.5 上达到 82.6% 的高精度，同时计算需求和模型规模适中。因此，选择 YOLO v7 作为基础模型，并通过引入先进检测算法和优化网络结构进一步提升检测性能，以满足黄瓜霜霉病菌显微图像检测任务的实时性和资源限制需求。

3.2　消融试验

为了验证改进前后算法的性能，进行了消融试验，在不使用预训练权重的情况下对模型进行 250 个周期的训练，并从精度和损失分别进行对比，如图 7 所示。试验包括 5 组：A 组为基本模型，即原始 YOLO v7；B 组在 A 组基础上加入 SE 注意力机制，提升小目标的语义信息提取能力，即 YOLO v7-SE；C 组在 A 组基础上引入结合 NWD 度量的损失函数，与 CIoU 损失函数按比例 4∶6结合，优化小目标检测能力，即 YOLO v7-NWD；D 组在 A 组基础上加入 DyHead 模块，充分利用浅层特征信息，即 YOLO v7-DyHead；E 组为综合 B、C、D 模块的改进模型，即 YOLO v7-all。图 7a 展示了 5 组模型在 mAP@0.5 下的精度曲线，图 7b 展示了相应的损失变化趋势。由图 7a 可知，5 组模型的 mAP@0.5 随训练轮次增加逐渐提升，并在约 200 个迭代次数后趋于稳定。A 组作为基准模型，精度水平最低；B 组在引入 SE 注意力机制后，小目标检测能力得到增强，mAP 曲线整体高于 A 组；C 组在结合 NWD 与 CIoU 的损失函数后，曲线上升更为平稳，表现出对小目标定位更强的适应性；D 组在引入 DyHead 模块后，前期精度提升速度明显加快，体现出多尺度特征融合对模型

早期训练的促进作用;E 组综合 3 种改进后,在整个训练过程中始终保持最高精度,最终结果显著优于基准模型,验证了改进策略的有效性和互补性。由图 7b 可知,各组模型的损失值均随训练迭代不断下降,其中 C 组引入 NWD 后的损失曲线更为平滑,定位误差显著降低,E 组综合改进后在收敛速度和最终稳定性上表现最佳。

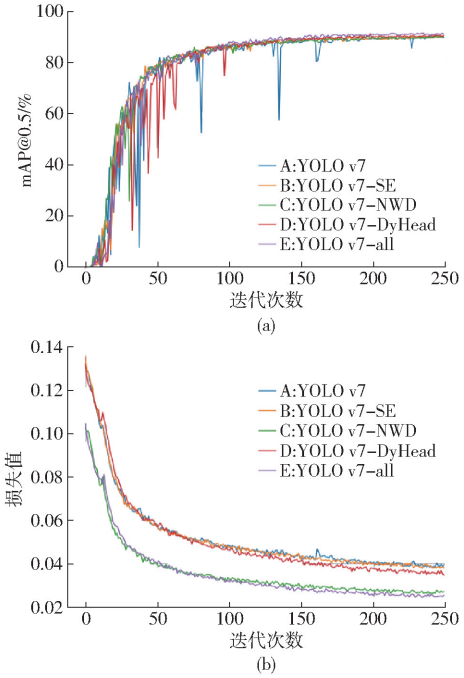


图 7 消融试验结果

Fig. 7 Results of ablation experiments

表 2 为不同网络结构的消融试验结果。试验 B 组较 A 组,在基线模型的骨干网络 ELAN 模块后加入 SE 注意力机制,mAP@0.5 提升 0.20 个百分点,这是由于 SE 机制帮助网络更好地学习小目标的浅层特征,同时避免了过多计算带来的性能瓶颈。试验 C 组较 A 组,通过将 NWD 度量引入回归损失函数,与 CIoU 结合使用,降低了 CIoU 对小目标位置偏差的敏感性。结果显示,相较于基线模型,mAP@0.5 提升 1.3 个百分点。试验 D 组较 A 组,在基线模型的检测头部加入 DyHead 模块,虽然增加了训练成本,但对整体性能影响最大,mAP@0.5 提升 2.30 个百分点。最终改进的YOLO v7模型综合以上策略,mAP@0.5 整体提升 3.90 个百分点,在黄瓜霜霉病菌侵染结构识别任务中表现出显著优势。

表 2 消融试验结果

Tab. 2 Results of ablation experiments

试验组	SE	NWD	DyHead	mAP@0.5/%	浮点运算量
A				82.60	1.032×10^{11}
B	√			82.80	1.036×10^{11}
C		√		83.90	1.032×10^{11}
D			√	84.90	1.168×10^{11}
E	√	√	√	86.50	1.172×10^{11}

注:√表示采用此模块。

3.3 DyHead 块堆叠次数对比试验

为了进一步探索 DyHead 模块在目标检测中的有效性,基于 YOLO v7 模型,研究不同堆叠次数的 DyHead 模块对检测性能及计算复杂性的影响。然而,过多的堆叠可能会导致计算开销的急剧上升,因此重点探讨 DyHead 堆叠次数与检测精度和计算复杂性之间的平衡关系,基线模型为未引入 DyHead 模块的 YOLO v7,通过依次增加 1 ~ 5 个 DyHead 模块的堆叠次数,观察其对模型性能和计算复杂度的影响,结果如表 3 所示。

表 3 DyHead 堆叠次数检测效果对比结果

Tab. 3 Comparison of detection results with different DyHead stacking numbers

次数	浮点运算量	mAP@0.5/%	mAP@0.5:0.95/%
0	1.032×10^{11}	82.6	61.0
1	1.081×10^{11}	79.7	57.5
2	1.110×10^{11}	81.3	59.6
3	1.139×10^{11}	83.3	61.4
4	1.168×10^{11}	84.9	62.8
5	1.197×10^{11}	83.5	62.4

由表 3 可知,随着 DyHead 堆叠次数的增加,计算复杂度显著提升,浮点运算量从基线模型的 1.032×10^{11} 增长至堆叠 5 次时的 1.197×10^{11},说明 DyHead 模块的引入具有累积的资源消耗效应。然而,检测性能并未与堆叠次数呈完全线性关系。堆叠 1 次 DyHead 时,mAP@0.5 和 mAP@0.5:0.95 均下降,分别降低 2.90、3.50 个百分点,可能是由于模块初期未能充分发挥动态特征提取能力。堆叠 3 次时 mAP@0.5 提升 0.70 个百分点。堆叠 4 次时,mAP@0.5 和 mAP@0.5:0.95 分别达到 84.9% 和 62.8%,较基线模型提升 2.30、1.80 个百分点,此时浮点运算量为 1.168×10^{11},计算量适中,性能与效率之间实现了最佳平衡。堆叠至 5 次时,mAP@0.5 和 mAP@0.5:0.95 进一步提高 0.90、1.40 个百分点,但增益有限,计算成本显著增加,出现边际效益递减现象。

3.4 不同检测模型的侵染结构检测精度对比试验

为进一步评估改进的 YOLO v7 对黄瓜霜霉病侵染结构的检测性能,研究多个检测模型在测试集上的试验结果见表 4。表 4 表明,改进后的 YOLO v7 在 mAP@0.5 和 mAP@0.5:0.95 上分别达到了 86.5% 和 65.2%,表现出极高的检测精度和鲁棒性。尤其在更为严格的IoU阈值下,mAP@0.5:0.95

表 4　不同检测模型在测试集上的试验结果

Tab. 4　Results of different detection models on test set

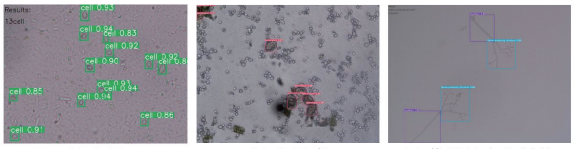
%

模型	mAP@0.5	mAP@0.5:0.95
YOLO v3	79.8	55.2
YOLO v5s	69.0	50.4
改进 YOLO v7	86.5	65.2
YOLO v8x	81.6	60.8
YOLO v9c	82.8	62.1
YOLO 11	79.1	58.3
SSD	63.5	48.1
Faster R-CNN	70.8	52.2

作为综合评估标准，突显了改进 YOLO v7 在复杂场景和多尺度目标检测中的显著性能提升。相比之下，YOLO v3 的 mAP@0.5 和 mAP@0.5:0.95 分别为 79.8% 和 55.2%，在 IoU 阈值提高时检测精度显著下降，表现出其在精确定位任务中的不足。YOLO v5s 的 mAP@0.5 和 mAP@0.5:0.95 分别为 69.0% 和 50.4%，在复杂场景中泛化能力和检测精度相对较弱。YOLO v8x 和 YOLO v9c 表现稍有提升，YOLO v8x 的 mAP@0.5 和 mAP@0.5:0.95 分别为 81.6% 和 60.8%，YOLO v9c 为 82.8% 和 62.1%，显示出改进性能，但与改进 YOLO v7 相比仍有差距。其他模型如 YOLO 11、SSD 和 Faster R-CNN 的表现则更为有限。YOLO 11 的 mAP@0.5 和 mAP@0.5:0.95 分别为 79.1% 和 58.3%，相比改进 YOLO v7 在高 IoU 条件下仍存在明显精度差距，说明其在复杂场景下的检测稳定性不足。SSD 的 mAP@0.5 仅为 63.5%，mAP@0.5:0.95 仅 48.1%，与改进 YOLO v7 的差距极为显著，难以满足多尺度目标检测需求。Faster R-CNN 尽管在 mAP@0.5 上达到 70.8%，优于 SSD，但在 mAP@0.5:0.95 上仅为 52.2%，同样低于改进 YOLO v7，进一步证明基于区域建议的方法在处理多样化目标时存在局限性。

综上所述，改进后的 YOLO v7 在测试集上的检测精度显著高于其他目标检测模型，特别是在 mAP@0.5:0.95这一更为严格的指标上，其表现尤为突出。这一结果不仅验证了模型改进的有效性，也充分说明了该模型在多种复杂场景下的泛化能力和鲁棒性。

基于改进的 YOLO v7 对黄瓜霜霉病不同侵染结构进行了检测，如图 8 所示。图 8a 展示了对孢子的检测结果，模型能够在高密度背景下准确识别出微小孢子个体，并给出较高的置信度分值，说明其在小目标检测上的鲁棒性。图 8b 为孢子囊的检测情况，结果表明模型能够有效区分孢子与孢子囊，并在复杂背景中实现边界框的准确定位。图 8c 展示了菌丝及产孢结构的检测结果，模型不仅能够识别出细长、边界模糊的菌丝，还能检测到与之相连的产孢结构，体现出对复杂形态结构的良好检测能力。整体来看，改进的 YOLO v7 在多类型和多尺度侵染结构的检测任务中均表现出较高的精度与稳定性。



(a) 孢子　(b) 孢子囊　(c) 菌丝及产孢结构

图 8　不同侵染结构的检测结果

Fig. 8　Detection results of different infection structures

3.5　面向实际应用场景的黄瓜霜霉病菌侵染结构识别

开发了基于改进的 YOLO v7 的高效病菌侵染结构自动识别与定量分析软件，如图 9 所示，可用于黄瓜霜霉病的早期检测和精准防控。软件以改进的 YOLO v7 模型为核心，利用大量病菌显微图像进行训练生成权重文件(Best.pt)，准确识别霜霉病菌的孢子、孢子囊、产孢结构和菌丝等侵染结构。用户通过 PyQt5 开发的简洁界面上传显微图像后，系统可自动完成病菌结构的检测和定量分析，显示直观的检测结果及孢子、孢子囊、产孢结构和菌丝的定量统计数据及描述。



(a) 登录注册　(b) 孢子检测与计数

(c) 孢子囊检测与计数　(d) 菌丝、产孢结构检测与计数

图 9　黄瓜霜霉病菌侵染结构识别系统界面

Fig. 9　Cucumber downy mildew infection structure recognition system

由图 9 可知，软件界面包含多个功能模块：图 9a 为登录与注册界面，便于用户快速进入系统，体现了简洁化的人机交互设计；图 9b 展示了孢子检测与计数，界面中不仅显示检测框和置信度，还实时统计孢子数量；图 9c 为孢子囊检测与计数，在复杂背景下仍能保持稳定检测；图 9d 展示了菌丝与产孢结构的检测与计数，系统能够有效识别形态细长且边界模糊的菌丝，并准确计数产孢结构。

系统整体设计考虑了农业生产中的实际应用需求,具有以下特点:①操作简便:用户仅需上传图像即可获得检测与分析结果,无需专业图像处理经验。②结果直观:检测框、类别标签和数量统计以图文结合方式展示,便于快速理解。③精度较高:依托改进 YOLO v7 的强大检测能力,能够在复杂背景和多尺度条件下保持高准确率。该系统可帮助农业生产者快速掌握病菌侵染情况并提前采取措施,从而有效降低病害导致的经济损失。

4 结论

(1)针对黄瓜霜霉病菌孢子、孢子囊、产孢结构和菌丝等侵染结构识别精度较低问题,构建了基于改进 YOLO v7 的黄瓜霜霉病菌侵染结构识别模型,通过添加 SE 注意力机制、引入 NWD 度量优化 CIoU 损失函数与增加 DyHead 改进策略,提升了模型对黄瓜霜霉病菌侵染结构的识别性能,在训练集和测集上的 mAP@0.5 分别达到 82.6% 和 86.5%。

(2)针对 DyHead 堆叠次数与检测精度和计算复杂性之间的平衡关系,进行了不同的 DyHead 堆叠次数试验。结果表明,DyHead 的引入能够在合理的堆叠次数下显著提升目标检测性能。当 DyHead 堆叠 4 次时,模型在 mAP@0.5 和 mAP@0.5:0.95 指标上均达到了最优,且计算成本相对适中,取得了最佳平衡。

(3)针对改进 YOLO v7 模型的有效性验证,在训练集和测试集上与 YOLO v3、YOLO v5s、YOLO v8x、YOLO v9c、YOLO 11、SSD 和 Faster R-CNN 等先进目标检测模型进行对比分析,改进 YOLO v7 在 mAP@0.5 和 mAP@0.5:0.95 均表现最优。

(4)面向实际应用场景需求,基于改进 YOLO v7 训练得到的 Best.pt 文件,开发了黄瓜霜霉病菌侵染结构识别识别系统,可对孢子、孢子囊、产孢结构和菌丝进行检测和定量分析,并提供相关描述。

参 考 文 献

[1] ROLNIK A, OLAS B. Vegetables from the cucurbitaceae family and their products: positive effect on human health[J]. Nutrition, 2020, 78: 110788.

[2] ZHUO D, ZICHENG Z, YANE S, et al. Molecular genetic basis of resistance to downy mildew in cucumber and melon[J]. Journal of Plant Pathology, 2024, 106(2): 499-506.

[3] 董雁凯,王玉超,李博棣,等. 基于改进 YOLO v5 的黄瓜霜霉病分级方法[J]. 江苏农业科学,2023,51(22):213-220.
DONG Yankai, WANG Yuchao, LI Bolai, et al. A cucumber downy mildew grading method based on improved YOLO v5[J]. Jiangsu Agricultural Sciences, 2023, 51(22): 213-220. (in Chinese)

[4] 马浚诚,杜克明,郑飞翔,等. 可见光光谱和支持向量机的温室黄瓜霜霉病图像分割[J]. 光谱学与光谱分析,2018,38(6):1863-1868.
MA Juncheng, DU Keming, ZHENG Feixiang, et al. A segmenting method for greenhouse cucumber downy mildew images based on visual spectral and support vector machine[J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2018, 38(6): 1863-1868. (in Chinese)

[5] 张重梅,章振羽,姬红丽,等. 小麦条锈病菌夏孢子在水稻叶片上的侵染动态[J]. 西南农业学报,2016,29(11):2520-2528.
ZHANG Zhongmei, ZHANG Zhenyu, JI Hongli, et al. Infection process of *Puccinia striformis* f. sp. tritici urediniospores on rice leaves[J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2016, 29(11):2520-2528. (in Chinese)

[6] 刘伟,胡同乐,王树桐,等. 苹果树腐烂病菌分生孢子器发育进度的识别[J]. 北方园艺,2014(13):114-117.
LIU Wei, HU Tongle, WANG Shutong, et al. Identification of developmental progress of the pycnidium of *Valsa mali* var. mali[J]. Northern Horticulture, 2014(13): 114-117. (in Chinese)

[7] KE X W, HUANG L L. Histological and cytological investigations of the infection and colonization of apple bark by *Valsa mali* var. mali[J]. Australasian Plant Pathol, 2013, 42: 85-93.

[8] 王奥霖,商昭月,张美惠,等. 基于病菌孢子捕捉和 real-time PCR 技术的田间空气中小麦白粉病菌孢子动态监测及病情估计模型研究[J]. 植物保护,2024,50(2):49-56.
WANG Aolin, SHANG Zhaoyue, ZHANG Meihui, et al. Dynamic monitoring of aerial conidia and disease estimation models for wheat powdery mildew in fields using pathogen spore traps coupledwith rea-time PCR technigue[J]. Plant Protection, 2024, 50(2):49-56. (in Chinese)

[9] 张丽霞,彭兰,王英豪,等. 苹果褐斑病菌实时荧光定量 PCR 分子检测技术研发[J]. 植物病理学报,2024,54(6):1215-1225.
ZHANG Lixia, PENG Lan, WANG Yinghao, et al. Research and development of real-time fluorescence quantitative PCR molecular detection technology for *Marssonina coronaria*[J]. Acta Phytopathologica Sinica, 2024, 54(6): 1215-1225. (in Chinese)

[10] 李小龙,马占鸿,孙振宇,等. 基于图像处理的小麦条锈病菌夏孢子模拟捕捉的自动计数[J]. 农业工程学报,2013,29(2):199-206,302.
LI Xiaolong, MA Zhanhong, SUN Zhenyu, et al. Automatic counting for trapped urediospores of *Puccinia striiformis* f. sp. tritici based on image processing[J]. Transactions of the CSAE, 2013, 29(2): 199-206,302. (in Chinese)

[11] ZHAO Y, QIN F, XU F, et al. Identification of tilletia foetida, ustilago tritici, and urocystis tritici based on near-infrared spectroscopy[J]. Journal of Spectroscopy, 2019, 2019(1): 9753829.

[12] 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)
[13] 洪惠群,黄风华. 基于轻量级神经网络的农作物病害识别算法[J]. 沈阳农业大学学报,2021,52(2):239 - 245.
HONG Huiqun, HUANG Fenghua. Recognition algorithm for crop disease based on lightweight neural network[J]. Journal of Shenyang Agricultural University, 2021, 52(2): 239 - 245. (in Chinese)
[14] ABBAS A, JAIN S, GOUR M, et al. Tomato plant disease detection using transfer learning with C - GAN synthetic images [J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2021, 187: 106279.
[15] SUJATHA R, CHATTERJEE J M, JHANJHI N Z, et al. Performance of deep learning *vs* machine learning in plant leaf disease detection[J]. Microprocessors and Microsystems, 2021, 80: 103615.
[16] TOO E C, YUJIAN L, NJUKI S, et al. A comparative study of fine-tuning deep learning models for plant disease identification [J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2019, 161: 272 - 279.
[17] 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, 52(12): 233 - 241. (in Chinese)
[18] 李明,丁智欢,赵靖暄,等. 基于改进 YOLOv5s 的日光温室黄瓜霜霉病孢子囊检测计数方法[J]. 中国农机化学报,2023, 44(5):63 - 70.
LI Ming, DING Zhihuan, ZHAO Jingxuan, et al. Detection method for cucumber downy mildew sporangia in a solar greenhouse based on improved YOLOv5s[J]. Journal of Chinese Agricultural Mechanization, 2023, 44(5): 63 - 70. (in Chinese)
[19] ZHANG Y, LI J, TANG F, 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.
[20] LIANG X, WANG B. Wheat powdery mildew spore images segmentation based on U - Net[J]. Journal of Physics: Conference Series. IOP Publishing, 2020, 1631(1): 012074.
[21] 李晓林. 设施蔬菜自动化白粉病菌孢子检测系统研究[D]. 银川:宁夏大学,2018.
LI Xiaolin. Research on automated powdery mildew spore detection system in facility vegetables[D]. Yinchuan: Ningxia University, 2018. (in Chinese)
[22] 张翔. 基于深度学习的病害孢子出芽率精准检测及系统实现[D]. 海口:海南大学,2022.
ZHANG Xiang. Accurate detection and system implementation of disease spore germination rate based on deep learning[D]. Haikou: Hainan University, 2022. (in Chinese)
[23] 徐世成,王鹤冰,冯俊杰,等. 黄瓜霜霉病及寄主抗性机制研究进展[J]. 生物工程学报,2022,38(5):1724 - 1737.
XU Shicheng, WANG Hebing, FENG Junjie, et al. Cucumber downy mildew and the mechanisms of host resistance: a review [J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2022, 38(5): 1724 - 1737. (in Chinese)
[24] SAVORY E A, GRANKE L L, QUESADA-OCAMPO L M, et al. The cucurbit downy mildew pathogen *Pseudoperonospora cubensis*[J]. Molecular Plant Pathology, 2011, 12(3): 217 - 226.
[25] 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)
[26] 张妍,王蕊,李天来,等. 黄瓜霜霉病菌侵染黄瓜叶片过程中内部组织变化的研究[J]. 植物生理学报,2019,55(12): 1797 - 1805.
ZHANG Yan, WANG Rui, LI Tianlai, et al. Changes in cucumber leaf internal tissues during the infection of cucumber downy mildew[J]. Plant Physiology Journal, 2019, 55(12): 1797 - 1805. (in Chinese)
[27] 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.
[28] ZHENG Z, WANG P, LIU W, et al. Distance - IoU loss: faster and better learning for bounding box regression[C]// Proceedings of the AAAI Conference on Artificial Intelligence, 2020: 12993 - 13000.
[29] WANG J, XU C, YANG W, et al. A normalized Gaussian Wasserstein distance for tiny object detection[J]. arXiv preprint, arXiv: 2110.13389, 2021.
[30] GIRSHICK R. Fast R - CNN[C]//Proceedings of the IEEE International Conference on Computer Vision, 2015: 1440 - 1448.
[31] REDMON J, FARHADI A. Yolov3: an incremental improvement[J]. arXiv preprint, arXiv: 1804.02767, 2018.
[32] ZHU X K, LYU S C, WANG X, et al. TPH - YOLOv5: improved YOLOv5 based on transformer prediction head for object detection on drone-captured scenarios[C]// Proceedings of the IEEE/CVF International Conference on Computer Vision, 2021: 2778 - 2788.
[33] WANG C Y, BOCHKOVSKIY A, LIAO H Y M. YOLOv7: trainable bag-of-freebies sets new state-of-the-art for real-time object detectors[C]//Proceedings of the IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition(CVPR), 2023: 7464 - 7475.
[34] HU S M, ZHAO F, LU H Z, et al. Improving YOLOv7 - Tiny for infrared and visible light image object detection on drones [J]. Remote Sensing, 2023, 15(13): 3214.
[35] GE Z, LIU S T, WANG F,et al. Yolox: exceeding yolo series in 2021[J]. arXiv preprint, arXiv:2107.08430, 2021.