doi:10.6041/j.issn.1000-1298.2026.02.020

基于 SGD－YOLO 模型的黄瓜霜霉病检测

秦立峰[1,2]　李博棣[1,2]　林敬轩[1,2]　李　明[3,4]　李栋青[1,2]　宋怀波[1,5]

（1.西北农林科技大学机械与电子工程学院，陕西杨凌 712100；2.农业农村部农业物联网重点实验室，陕西杨凌 712100；
3.北京市农林科学院信息技术研究中心，北京 100097；4.国家农业信息化工程技术研究中心，北京 100097；
5.陕西省农业信息感知与智能服务重点实验室，陕西杨凌 712100）

摘要：为实现复杂环境下黄瓜霜霉病快速定位和精准检测，针对黄瓜霜霉病小样本及小目标问题，基于 YOLO v8n 提出一种黄瓜霜霉病检测改进模型 SGD－YOLO（SimAM Guide－Fusion Dysample－YOLO）。以黄瓜霜霉病叶片为研究对象，通过将显著性检测 FT 算法引导 CutMix 方法进行数据增强，结合迁移学习的训练方式，缓解样本数量少带来的过拟合影响。SGD－YOLO 在 YOLO v8n 的基础上引入无参的轻量级模块 SimAM（A simple，parameter-free attention module），加强重要特征传播，提高网络整体性能；并采用轻量动态上采样器 DySample 增强上采样行为，提升病害小目标检测效果；采用 CGFM 模块（Context guide fusion module）代替 Concat 模块，通过基于坐标注意力机制（Coordinate attention）实现更精准的多尺度特征融合，优化病害区域的特征提取；损失函数替换为 WIoUv3，提供梯度增益分配策略，提高模型泛化性能。结果表明，在增强后的数据集上检测精确率较原数据集提高 12.0 个百分点，进行迁移学习后检测精确率进一步提高 5.3 个百分点；改进 SGD－YOLO 检测精确率为 84.6%，平均精度均值（mAP50）达到 93.9%，相较于原模型分别提高 7.4、9.5 个百分点。研究结果对于小样本情况下蔬菜病害检测方法具有较好借鉴作用。

关键词：黄瓜霜霉病；SGD－YOLO 模型；注意力机制；小样本学习；目标检测

中图分类号：TP391.4　　**文献标识码**：A　　**文章编号**：1000-1298(2026)02-0203-12　　**OSID**：

Cucumber Downy Mildew Detection Based on SGD－YOLO Model

QIN Lifeng[1,2]　LI Bolai[1,2]　LIN Jingxuan[1,2]　LI Ming[3,4]　LI Dongqing[1,2]　SONG Huaibo[1,5]

(1. *College of Mechanical and Electronic Engineering*, *Northwest A&F University*, *Yangling*, *Shaanxi* 712100, *China*
2. *Key Laboratory of Agricultural Internet of Things*, *Ministry of Agriculture and Rural Affairs*, *Yangling*, *Shaanxi* 712100, *China*
3. *Information Technology Research Center*, *Beijing Academy of Agriculture and Forestry Sciences*, *Beijing* 100097, *China*
4. *National Engineering Research Center for Information Technology in Agriculture*, *Beijing* 100097, *China*
5. *Shaanxi Key Laboratory of Agricultural Information Perception and Intelligent Service*, *Yangling*, *Shaanxi* 712100, *China*)

Abstract: Aiming to achieve rapid localization and precise detection of cucumber downy mildew under complex environmental conditions, an improved detection model named SGD－YOLO (SimAM Guide－Fusion DySample－YOLO) was proposed, based on the YOLO v8n deep learning framework. Addressing the challenges of small sample size and small target detection in cucumber downy mildew, cucumber leaf images infected by the disease were used as research objects. A data augmentation strategy was employed by combining the FT saliency detection algorithm to guide the CutMix method, and a transfer learning approach was adopted to alleviate overfitting caused by limited training data. On top of the YOLO v8n baseline, SGD－YOLO integrated a parameter-free lightweight attention module a simple, parameter-free attention module (SimAM) to enhance the propagation of key features and improve overall network performance. It also employed the dynamic lightweight upsampling module DySample to strengthen upsampling behavior and improve the detection of small diseased targets. In addition, the traditional Concat operation was replaced with the context guide fusion module (CGFM), which leveraged coordinate attention (CoordAtt) to achieve more precise multi-scale feature fusion and better lesion feature extraction. The loss function was replaced with WIoUv3, which incorporated a gradient gain

收稿日期：2025－05－27　修回日期：2025－07－29

基金项目：国家重点研发计划项目(2023YFD1401200)

作者简介：秦立峰(1981—)，男，副教授，博士，主要从事农业信息化技术和图像处理与模式识别研究，E-mail：fuser@nwsuaf.edu.cn

allocation strategy to enhance the model's generalization ability. Experimental results showed that the augmented dataset improved detection accuracy by 12.0 percentage points over the original dataset, and transfer learning further improved accuracy by 5.3 percentage points. The improved SGD - YOLO achieved an overall detection accuracy of 84.6% and a mean average precision (mAP) of 93.9%, outperforming the baseline model by 7.4 percentage points and 9.5 percentage points, respectively. The research result can provide a valuable reference for small-sample plant disease detection tasks in real-world agricultural applications.

Key words: cucumber downy mildew; SGD - YOLO model; attention mechanism; few-shot learning; object detection

0 引言

黄瓜在我国广泛栽种,其生长期间易受多种病害侵染,其中霜霉病是传播性最高、影响最严重的病害之一[1-3],其导致叶片出现黄褐色病斑,显著降低光合作用能力,引起果实畸形,严重威胁黄瓜的产量和品质。及时科学的霜霉病检测,对于病害的精准防控、降低损失、减少农药施用尤为重要。

传统针对作物病害的人工田间检测不仅耗时耗力,还易受主观因素影响,检测精度较低。计算机视觉和深度学习技术使植物叶部病害检测性能得到了显著提升[4-8]。深度学习方法能够自动从图像中提取特征,而无须特征工程,使其在处理大规模、多类别植物病害检测任务时优势突出。基于深度学习的植物叶片病害检测研究已在实验环境下取得显著进展。诸多方法通过在大规模高质量标注数据集上进行训练,模型在特定测试集上表现出优异的识别性能[9-12]。如 THAI 等[13]与 ZHU 等[14]基于 ViT 的模型在大规模木薯和苹果叶数据集中识别精度较高,周江龙等[15]在番茄图像上准确率达到 98.95%。以上国内外研究在常规实验室样本目标检测任务上表现良好,但在实际场景的小目标病害检测任务上仍存在特征表达不充分、尺度适应能力不足等问题。并且模型均须进行大量数据标注,才能保证模型的泛化能力和预测精度。若在数据量较少的情况下进行训练,会导致严重的过拟合问题,这导致模型难以及时响应突发病情。而大量病害图像的获取和标注费时费力且代价高昂[16-18],限制了方法的应用。因此,开发在少量样本下能够实现高效学习和精确定位的模型对于早期病害检测具有重要意义。

小样本学习中的数据增强和迁移学习方法可有效提高数据利用效率[19-22]。现针对小样本条件下的植物病害检测问题,有研究者已提出多种有效的数据增强与迁移学习策略。在数据增强方面,通过图像合成、注意力引导的样本混合以及生成对抗网络等技术,有效扩充训练样本的多样性并提升模型鲁棒性[23-25]。其中生成式方法(如 GAN 网络)可在小样本情形下扩充数据,但其生成网络训练成本高、生成质量不易保证;相比之下,CutMix 以真实图像块混合为核心,在不引入伪影的前提下高效增强小目标样本。在迁移学习方面,有研究者借助在大规模数据集上预训练获得的强特征表示能力,结合参数微调或特征融合策略,显著降低了目标任务的样本依赖,在多种作物病害图像分类任务中取得了较高的识别准确率[26-27]。这些方法为小样本场景下的模型泛化能力提升提供了重要技术路径。

当前对黄瓜病害检测的深度学习建模方法仍存在以下不足:①大量样本标注耗时耗力,而有限的训练数据易导致模型过拟合,泛化能力弱。②病害图像尺度变化和复杂背景使小目标病斑难以精确定位,易出现误检和漏检。针对这些问题,本研究以黄瓜霜霉病检测为目标,设计一种上下文引导的特征融合模块(Context guide fusion module,CGFM),通过跨尺度特征交互和通道自适应加权融合核心特征,提高小样本条件下模型对病害区域的表达能力;同时引入 SimAM 注意力机制,并改进上采样算子和损失函数,结合数据增强和迁移学习(即使用基于显著性检测引导的 CutMix 策略进行数据增强,采用农作物病害识别领域中最全面的数据集 PlantVillage 作为预训练数据集进行迁移学习),提出一种黄瓜霜霉病检测模型 SGD - YOLO(SimAM Guide - Fusion Dysample - YOLO),提升复杂背景下小目标病害检测能力,以期为黄瓜霜霉病实时检测提供技术支持。

1 材料与方法

1.1 实验数据

使用 2 个数据集 D1 和 D2(表 1),数据集 D1 有不同背景下黄瓜霜霉病图像共 280 幅,用于小样本学习,图像采自陕西省咸阳市杨凌示范区黄瓜种植大棚,拍摄设备为 iPhone12 型手机及其摄像头(1 200 万像素),黄瓜品种为博耐 35B,为便于模型训练,将原始图像数据统一调整至 640 像素 ×640 像素。数据集 D2 为从 PlantVillage 数据集中筛选出的

土豆、玉米、番茄的叶部病害图像共 13 237 幅，作为迁移学习的源数据集。采用 Labelimg 工具进行数据集标注，结果如图 1 所示。

表 1　数据集图像数量

Tab. 1　Number of dataset images

数据集	总计	训练集	测试集	验证集
D1	1 260	882	252	126
D2	13 237	11 913	1 324	0



图 1　霜霉病标注图像样本

Fig. 1　Cucumber downy mildew dataset samples

1.2　图像数据扩增

1.2.1　基于显著性的数据增强方法

除旋转、亮度调节、增加高斯噪声等方式外，采用 CutMix 方法[28]结合 FT(Frequency-tuned)显著性算法对数据集 D1 中 280 幅黄瓜霜霉病图像进行扩充。CutMix 方法有可能会损害病害关键特征，不利于模型学习，尤其对小样本数据的训练影响更严重。为此，采用 FT 显著性算法弥补这一不足。

FT 显著性算法首先使用 5×5 高斯平滑去除高频成分，再将图像从 RGB 颜色空间转换到 La^*b^* 颜色空间，计算各像素显著性并归一化得到显著性图谱。像素显著性计算公式为

$$S(p) = \| I_\mu - I_{\omega hc}(p) \| \tag{1}$$

式中　$S(p)$——像素点显著性

I_μ——图像平均特征

$I_{whc}(p)$——像素 p La^*b^* 颜色特征

$\| \cdot \|$——L_2 范数，即 La^*b^* 空间上的欧氏距离

图谱中高显著性区域内的关键部位就是病斑，随机选择区域内的部分区域 $S(p)^{x_i y_i}$，x_i、y_i 表示区域中心点横、纵坐标，通过 CutMix 方法裁剪 $S(p)^{x_i y_i}$ 内的全部像素信息并填充到另一类别图像中相同位置，以达到数据增强效果。

1.2.2　数据集划分

通过以上数据增强，将数据集 D1 中 280 幅样本图像扩充为 1 260 幅，以比例 7∶2∶1 划分训练集和测试集和验证集；将数据集 D2 中图像按照比例 9∶1 划分为训练集和测试集。数据集详情见表 1，数据增强样本示例如图 2 所示。

1.3　黄瓜霜霉病检测模型构建

目前基于深度学习的目标检测主要分为以

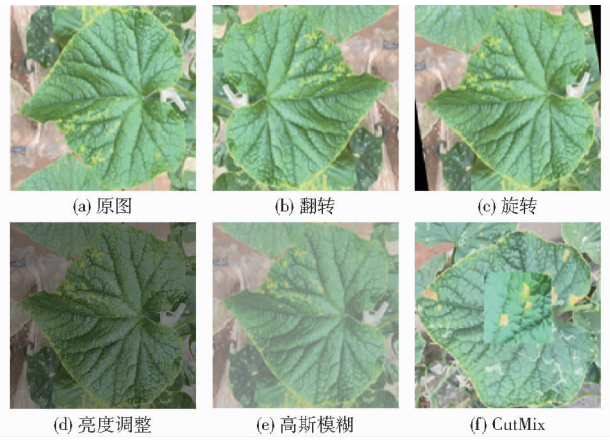

图 2　数据增强样本

Fig. 2　Augmented cucumber downy mildew dataset sample

CNN 为基础的单阶段、两阶段检测算法和基于 Transformer 架构的检测算法。其中单阶段典型代表为 YOLO 系列模型采用端到端神经网络框架，具有出色的特征提取能力和复杂环境适应性。Transformer 模型则采用无锚框(Anchor-free)设计，其自注意力机制需要对整个图像进行全局特征计算，计算量较大，使得 Transformer 模型的推理速度较慢，对硬件配置和计算资源有较高要求，难以满足农业场景对实时性和轻量化的要求。因此，选用 YOLO v8n 作为黄瓜霜霉病检测的基础模型，并设计一种全新的上下文引导特征拼接模块 CGFM 进一步优化网络结构，提出 SGD－YOLO 模型，如图 3 所示。

由图 3 可知，在 YOLO v8n 网络中加入无参的轻量级模块 SimAM(A simple, parameter-free attention module)，计算特征图中局部自相似性生成注意力权重；用本文设计的上下文引导的特征拼接模块 CGFM 替代原有特征拼接，使多尺度特征融合更加精准，优化病害区域的特征提取能力；采用轻量动态上采样器 DySample 增强上采样行为，将一个采样点分割成多个点来获取更清晰的边缘信息，提升病斑小目标检测效果。同时采用 WIoUv3 作为损失函数，并引入权重因子，提供梯度增益分配策略，有效防止小样本学习中低质量锚框产生的有害梯度，提高模型的泛化性能。最后，结合迁移学习训练方式，采用 PlantVillage 数据集对 SGD－YOLO 网络进行预训练，建立小样本黄瓜霜霉病检测模型。

1.3.1　CGFM 模块设计

基础 YOLO v8n 中采用的 Concat 方式仅进行简单的通道特征拼接，缺乏对特征间重要性的权衡，难以应对黄瓜霜霉病小目标病斑特征复杂、冗余信息稀释病斑特征的问题。为此，本文借鉴坐标显著性理念，通过结合 X 方向和 Y 方向的全局信息，设计

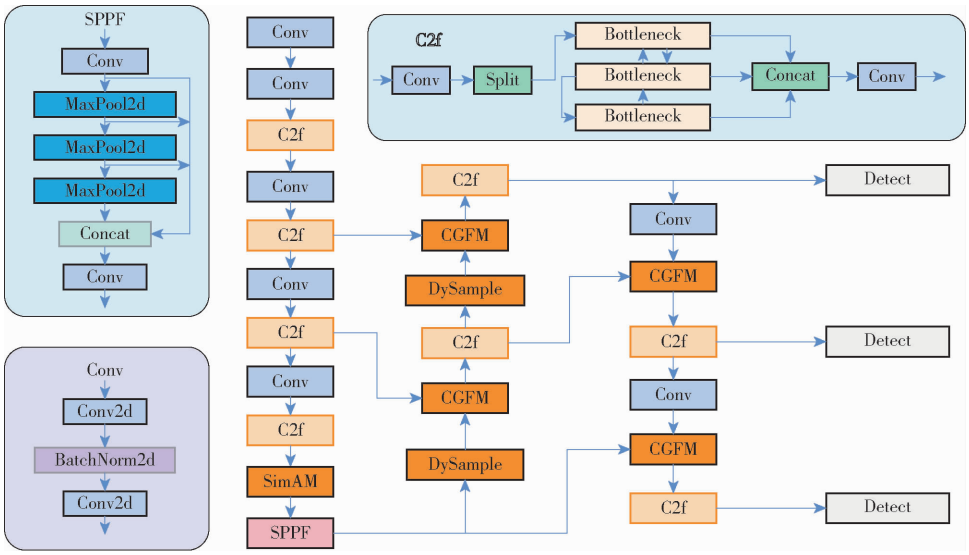

图 3 SGD－YOLO 网络结构

Fig. 3 Network structure of SGD－YOLO

了新的特征拼接模块 CGFM，用以代替基础 YOLO v8n 中的 Concat 模块。CGFM 通过显式建模 X 轴和 Y 轴方向的信息流，在特征融合过程中保留更多病害区域的关键信息，并减少冗余特征的干扰；采用加权交互机制，使不同尺度的特征在融合时能进行自适应调整，增强对病斑目标的表征能力，同时避免特征堆叠带来的额外计算量。设计的 CGFM 模块结构如图 4 所示，其中，C 表示特征图通道数量，H 表示特征图在垂直方向的特征点数，W 表示特征图在水平方向上的特征点数。首先对输入的 F_{vi1} 和 F_{vi2} 特征图进行通道数匹配，使其在通道维度上保持一致，后将通道匹配后的 2 个特征图沿通道维度进行拼接，形成新的特征图，通道数增加到 $2C$。为了提取有效的全局信息，分别在拼接特征图的水平方向（X 轴方向）和垂直方向（Y 轴方向）进行平均池化，即

$$F_x(c,j)=\frac{1}{H}\sum_{i=1}^{H}F_{vi}(c,i,j) \tag{2}$$

$$F_y(c,i)=\frac{1}{W}\sum_{j=1}^{W}F_{vi}(c,i,j) \tag{3}$$

式中 F_x——沿 X 方向池化后特征图

F_y——沿 Y 方向池化后特征图

$F_{vi}(c,i,j)$——输入特征中通道 c 上 (i,j) 位置的值

X 方向池化使模型关注图像水平方向上的信息，捕捉病斑沿着叶脉扩展的特征，Y 方向池化使模型关注垂直方向上的信息，检测病害沿着叶片从上到下的传播，这种方法相比传统全局池化（Global average pooling，GAP），能够保留空间信息，提高针对小目标病斑的检测精度。

将上述获得的 2 个方向的池化特征图拼接为 $2C\times1\times(H+W)$ 的特征图，然后对特征表示进行批归一化（BatchNorm）和非线性 hard-swish 激活函数操作，以增强模型的非线性表达能力。随后通过 2 个独立卷积操作提取 2 个方向的注意力权重，并使用 Sigmoid 函数将其取值范围限制为（0，1），即

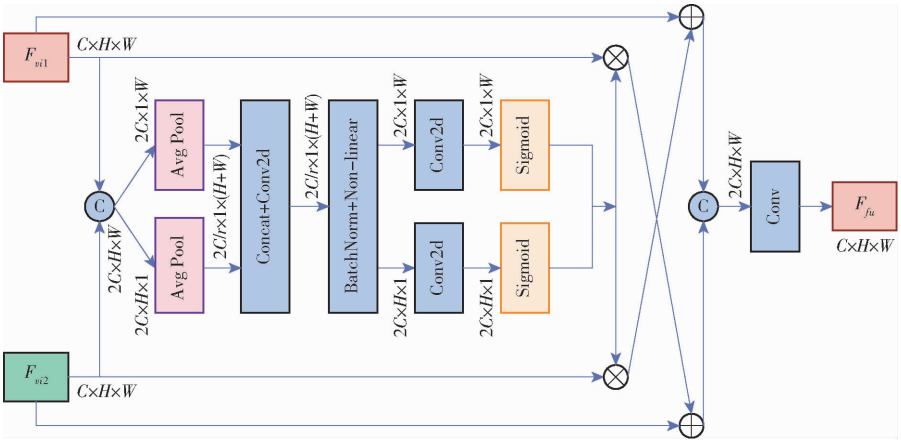

图 4 CGFM 网络结构

Fig. 4 Network structure of context guide fusion module

$$F' = \sigma(W_q(F_x) + W_q(F_y)) \tag{4}$$

式中　$W_q(F_x)$——沿 X 方向池化后特征图

$W_q(F_y)$——沿 Y 方向池化后特征图

σ——Sigmoid 激活函数

将生成的两个方向注意力权重与原特征相融合，获得加权特征图，该步骤强化特征图中病斑区域的显著特征，抑制冗余信息。随后，把两路经过注意力加权后的特征图与原始输入特征图 F_{vi1} 和 F_{vi2} 进行交叉相加。这种操作可使高层语义信息与低层空间细节信息进行更充分的融合，从而获得更全面和细致的特征表达。最后经过交互融合后的特征图进行通道拼接，压缩通道数获得最终输出

$$F_{fu} = \mathrm{Conv}([(F_{vi1} \otimes F'_{vi2} + F_{vi2}), (F_{vi2} \otimes F'_{vi1} + F_{vi1})]) \tag{5}$$

这种特征交互方式利用了高层语义特征补充低级特征的细节信息，同时利用低级特征的局部纹理信息来增强高层特征的表达能力，使最终的融合特征具有更丰富的语义信息和空间信息，从而提升对黄瓜霜霉病小目标病斑的检测能力。

1.3.2　SimAM 注意力模块

SimAM 是一种无参注意力机制，能够自适应地计算输入特征图中每个位置的注意力权重并动态调整，引导网络关注更重要的特征[29]，且不增加网络参数。其关注点在于特征图的空间和通道信息，并通过定义能量函数量化神经元的重要性。能量函数定义为

$$e_t^* = \frac{4(\hat{\sigma}^2 + \lambda)}{(t - \hat{\mu})^2 + 2\hat{\mu}^2 + 2\lambda} \tag{6}$$

其中

$$\hat{\mu} = \frac{1}{M}\sum_{i=1}^{M} x_i \tag{7}$$

$$\hat{\sigma}^2 = \frac{1}{M}\sum_{i=1}^{M}(x_i - \hat{\mu})^2 \tag{8}$$

式中　t——输入特征图通道上目标神经元

$\hat{\mu}$——所有神经元均值

$\hat{\sigma}^2$——所有神经元方差

λ——正则项

M——通道上所有神经元个数

由能量函数计算得到的能量直接反映神经元 t 和其相邻神经元之间的关系，能量越低，神经元与相邻神经元的差异更大，表示该神经元含有更重要的特征信息，对其赋予更高的权重可使后续卷积处理中该特征得到加强。最后使用 Sigmoid 函数限制输出的能量函数范围

$$X' = \mathrm{Sigmoid}\left(\frac{1}{E}\right) \odot X \tag{9}$$

式中　X——原始输入特征图

X'——输出特征图

E——特征图上所有能量 e_t^* 的集合

$\odot$——逐元素相乘

针对黄瓜霜霉病检测背景复杂，早期病斑特征不明显等问题，将 SimAM 注意力机制嵌入到 YOLO v8n 主干网络中 SPPF 的前一层，在不增加模型计算量同时提高对有效特征的捕获能力，提升了模型检测精度，减少了背景噪声和光照干扰。

1.3.3　DySample 上采样模块

YOLO v8n 中采用最近邻插值进行上采样，以调整输入特征图尺寸。然而，该方法直接复制最近像素值，会丢失图像中细节信息，尤其是黄瓜叶片上的复杂病斑纹理或细节特征，难以有效保留。为此，引入 DySample 替代最近邻插值法。DySample (Dynamic sampling)是一种基于点采样的上采样方法[30-31]，其根据样本图像中不同区域的特征信息，上采样时给每个采样点周围的像素邻域赋予不同权重。通过这种方式，DySample 能够更精确地恢复图像细节。图 5 为 DySample 基本结构。其中，s 为上采样比例因子，$2g$ 表示 (x, y) 坐标。

给定尺寸为 $C \times H \times W$ 的特征映射，使用输入通道数为 C，输出通道为 $2s^2$ 的线性层(Linear)将输入特征映射的位置偏置；为避免局部 s^2 个采样位置重叠的情况，引入静态范围因子，即将偏移量乘以

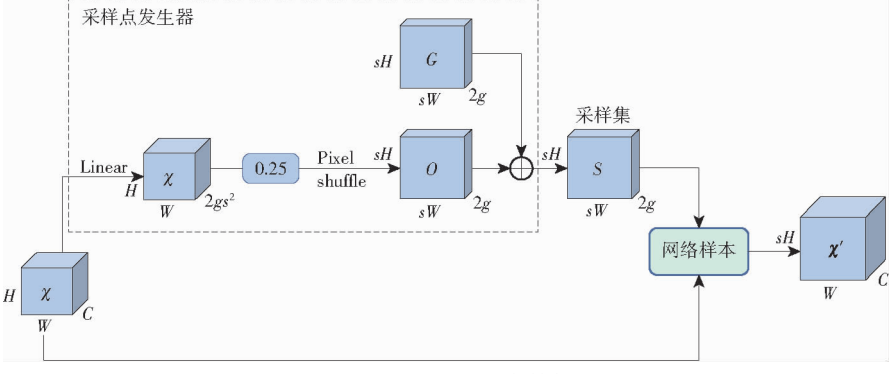

图 5　Dysample 基本结构

Fig. 5　Basic structure of Dysample

0.25,以实现局部采样位置约束,生成尺寸为 $2s^2 \times H \times W$ 的偏移量 O。再通过像素变换(Pixel shuffle)将其重塑为 $2 \times sH \times sW$,采样集为 O 与原始采样网格 G 之和,最后使用 S 中的位置将插值 χ 采样到特征图向量 $\boldsymbol{\chi}'$ 中。公式为

$$O = 0.25\text{Linear}(\chi) \tag{10}$$

$$S = G + O \tag{11}$$

$$\boldsymbol{\chi}' = \text{grid_sample}(\chi, S) \tag{12}$$

此外,采样点偏移可能会出现重叠,从而导致检测误差。通过线性投影输入特征生成动态范围因子,用来调节偏移量 O 以减少重叠。分别采用线性层对 χ 进行偏移,一边采用 0.5 的静态范围进行约束,另一边不进行约束,最终得到偏移量 O 为

$$O = 0.5\text{Sigmoid}(\text{Linear}_1(\chi))\text{Linear}_2(\chi) \tag{13}$$

1.3.4 损失函数改进

YOLO v8 中用回归损失预测物体边界框位置。采用 WIoU(Wise-IoU)作为损失函数。相较于 IoU 和 CIoU,WIoU 削弱了几何因素对锚框回归的影响,能够自适应地关注不同区域的差异,并根据需要调整检测框的权重分配,因此更适用于处理目标形态差异较大场景[32-34]。此外,WIoU 根据距离度量构建了距离注意力,在锚框和目标框重合较好时减少几何度量惩罚,通过较少的训练干预使模型获得更好的泛化能力。

选用 WIoUv3 作为损失函数,通过定义离群度来衡量锚框质量,离群度越小意味着锚框质量越高,因此,为离群度较大的锚框分配较小的梯度增益。在降低高质量锚框竞争力的同时,减小了低质量样本产生的有害梯度。为此,引入一个非单调的聚焦系数 β,并将其应用到 WIoUv1 上,得到 WIoUv3,公式为

$$L_{\text{WIoUv3}} = rL_{\text{WIoUv1}} \tag{14}$$

其中

$$r = \frac{\beta}{\delta\alpha^{\beta-\delta}} \tag{15}$$

$$\beta = \frac{L_{\text{IoU}}}{\overline{L}_{\text{IoU}}} \tag{16}$$

式中 $\overline{L}_{\text{IoU}}$——指数移动平均值

α、δ——控制离群度 β 与梯度增益 r 映射的超参数

当 $\beta = \delta$ 时,$r = 1$;当 β 为定值时,锚框将获得最高梯度增益。由于 L_{IoU} 是动态的,锚框的质量划分标准也是动态的,这使 WIoUv3 在每一时刻都能做出最符合当前情况的梯度增益分配策略。

1.4 迁移学习

迁移学习可将从大数据集中学到的图像检测知识应用到新的目标检测任务中,通过微调网络的部分结构来适应新的目标检测任务,比重新训练一个全新网络更高效便捷。PlantVillage 数据集共 54 000 多幅图像,涵盖 14 种植物的 38 个病害类别,在作物病害自动识别、分类及检测算法研究中起到了基础性作用[35]。

使用部分公开数据集 PlantVillage 对 YOLO v8n 进行预训练得到权重参数,后迁移至 SGD-YOLO 模型上,对模型初始化后再进行参数微调,提高模型的训练速度和泛化能力。

1.5 评价指标

采用精确率(Precision)、召回率(Recall)和平均精度均值(mean Average Precision,mAP)对病斑检测算法评价,其中平均精度均值采用基于交并比阈值为 0.5 的均值平均精度计算标准,即 mAP50。

2 实验与结果

2.1 实验环境

实验环境操作系统为 Windows10 专业版 64 位操作系统,内存为 16 GB,所用显卡为 NVIDA GeForce RTX 4050,部署环境为 Pyhon 3.9.19,Pytorch 2.2.2+cu121 深度学习框架,CUDA 版本为 12.3,批处理大小设置为 8。

2.2 数据增强对模型的影响

为验证数据增强对检测效果的影响,并选择出最优学习率,分别在无扩充、扩充数据集上对 YOLO v8n 模型进行 500 轮训练,并对比 0.000 1、0.001、0.01 共 3 个学习率的检测结果,如表 2 所示。

表 2 数据增强前后模型对比结果

Tab.2 Performance of model before and after data augmentation

数据集	学习率	精确率/%	召回率/%	mAP50/%
无扩充数据集	0.000 1	59.4	60.9	60.7
	0.001	62.5	61.1	65.7
	0.01	56.0	58.3	62.5
扩充数据集	0.000 1	72.2	72.8	77.6
	0.001	74.5	75.3	80.1
	0.01	73.1	67.7	76.0

由表 2 可知,在 CutMix 和 FT 显著性引导的扩充数据集上、且学习率设为 0.001 时,模型精确率、召回率和平均精度均值(mAP)表现最佳。当学习率为 0.000 1 时,模型训练过程过于缓慢,无法充分学习数据集的多样性特征;而学习率为 0.01 时,模型因为参数更新幅度过大而跳过最优解区域,从而影响性能。当学习率为 0.001 时,数据增强使模型精确率增加 12.0 个百分点,召回率提升 14.2 个百

分点，mAP 提升 14.4 个百分点，验证了该数据增强方法在提升模型检测性能方面的有效性。

2.3　不同改进模块对模型的影响

2.3.1　CGFM 模块性能对比实验

为验证基于坐标注意力机制（CA）改进后 CGFM 模块的有效性，在原 YOLO v8n 模型基础上仅使用坐标注意力机制或 CGFM 模块，其他参数不变，将 2 组实验结果进行对比。模型训练结果如表 3 所示。

表 3　对比实验结果

Tab.3　Comparison of experimental results　%

改进策略	精确率	召回率	mAP50
CA	77.5	75.8	84.9
CGFM	79.4	78.3	87.2

由表 3 可知，CGFM 模块精确率、召回率及 mAP50 均优于 CA 模块。CGFM 模块检测精确率为 79.4%，提高 1.9 个百分点；召回率提升 2.5 个百分点；相比 CA 模块 mAP50 提高 2.3 个百分点。结果表明，在保留坐标注意力空间信息建模优势的基础上，CGFM 模块通过引入上下文引导与特征交互机制，进一步增强了不同尺度特征之间的表达能力，从而有效提升了模型对病斑区域的感知能力与检测精度。

2.3.2　损失函数

在扩充数据集上，采用迁移学习的训练方式，学习率选择 0.001，基于 YOLO v8n 模型，在其它超参数相同的条件下，分别采用原始损失函数 CIoU 和主流损失函数 DIoU、EIoU 与 WIoU 的 3 个版本（WIoUv1、WIoUv2、WIoUv3）进行检测实验，结果如表 4 所示。

表 4　损失函数实验结果对比

Tab.4　Loss function experimental results comparison

%

损失函数	精确率	召回率	mAP50
CIoU	77.2	76.5	84.4
DIoU	76.9	74.2	83.8
EIoU	78.1	77.6	84.5
WIoUv1	78.0	75.8	84.9
WIoUv2	77.3	78.3	85.5
WIoUv3	79.1	78.8	86.3

由表 4 可以看出，DIoU 检测指标均最低；EIoU 采用高宽损失直接最小化预测框和真实边界框的高宽差，相比于 CIoU 精确率提升 0.9 个百分点，召回率提升 1.1 个百分点，mAP50 略微提升 0.1 个百分点。WIoUv1 与 WIoUv2 相比于 CIoU 有所提升，WIoUv1 的精确率和 mAP50 分别提升 0.8 个百分点和 0.5 个百分点，WIoUv2 的召回率和 mAP50 分别提升 1.8 个百分点和 1.1 个百分点。WIoUv3 利用 β 构造了动态非单调的梯度增益分配策略，相比于以上的损失函数有全面的提升，精确率提高 1.9 个百分点，召回率提高 2.3 个百分点，mAP50 提高 1.9 个百分点，3 个指标均为最佳。

2.3.3　消融实验

为了验证模型中各模块有效性，基于扩充后的 D1 数据集，以原始 YOLO v8n 为基准，逐一引入改进模块，以评估不同模块对模型性能的影响，设计了 8 组实验，结果如表 5 所示。

表 5　消融实验结果

Tab.5　Ablation experiment

模型	SimAM	DySample	CGFM	WIoUv3	精确率/%	召回率/%	mAP50/%	参数量
1	×	×	×	×	77.2	76.5	84.4	3.0×10^6
2	√	×	×	×	79.2	78.0	86.9	3.0×10^6
3	×	√	×	×	78.9	77.7	86.1	3.1×10^6
4	×	×	√	×	79.4	78.3	87.2	3.2×10^6
5	√	√	×	√	82.4	80.5	91.1	3.3×10^6
6	√	×	√	√	82.9	81.1	91.7	3.3×10^6
7	×	√	√	√	82.6	80.8	91.4	3.2×10^6
8	√	√	√	√	84.6	82.3	93.9	3.4×10^6

注：√表示采用此模块（方法），×表示不采用此模块（方法）。

由表 5 可知，相较无扩充数据集（精确率为 62.5%），数据增强和迁移学习使模型精确率提升 14.7 个百分点，相较于基准模型 YOLO v8n（模型 1），引入 SimAM 后（模型 2），精确率提升 2.0 个百分点，mAP50 提升 2.5 个百分点，召回率提高 1.5 个百分点，且参数量未增加，表明通过 SimAM 无参数注意力机制有效增强了病害区域的特征表达。采用 DySample 作为动态上采样模块后（模型 3），精确率、召回率、mAP50 分别提升 1.7、1.2、1.7 个百分点，说明 DySample 通过自适应上采样优化了病害区域的特征恢复能力。本文设计的 CGFM（模型 4）作为跨阶段特征融合模块，相较于基准模型 mAP50、

精确率和召回率分别提升 2.8、2.2、1.8 个百分点，参数量小幅增长至 3.2×10^6，表明 CGFM 作为特征交互拼接模块，比原模型中的 Concat 模块更有效，在病害目标识别和背景区分方面贡献显著。

相较于完整模型 SGD－YOLO（模型 8），在去除 CGFM 后（模型 5），mAP50 下降 2.8 个百分点，召回率下降 1.8 个百分点，说明 CGFM 能够优化不同尺度特征的交互，使模型更关注小目标病害区域。去除 DySample 后（模型 6），mAP50 下降 2.2 个百分点，召回率降低 1.2 个百分点，说明 DySample 能够优化病害区域的特征表达，提高检测精度和边界恢复能力。去除 SimAM 后（模型 7），mAP50 下降 2.5 个百分点，精确率下降 2.0 个百分点，表明 SimAM 通过增强关键区域的注意力机制，有效减少误检情况。

SGD－YOLO 模型（模型 8）结合 SimAM、DySample、CGFM 及优化损失函数 WIoUv3，相较于 YOLO v8n，精确率提升 7.4 个百分点，召回率提升 5.8 个百分点，mAP50 提升 9.5 个百分点，且参数量仅增加 4.0×10^5。消融实验结果表明，每个改进模块均对模型性能提升有所贡献，其中 CGFM 在特征融合、SimAM 在病害区域增强、DySample 在目标特征恢复方面均发挥了关键作用。实验结果表明，SGD－YOLO 模型在保证计算量可控的前提下，提升了复杂环境下小目标黄瓜霜霉病检测的准确性，适用于农业病害检测的实际应用。

2.4 迁移学习性能验证

为验证迁移学习策略在小样本黄瓜霜霉病检测任务中的有效性，将迁移学习方法与全新学习训练方式进行性能对比。在迁移学习设置中，首先在 PlantVillage 数据集上以 YOLO v8n 网络为基础完成预训练。在此基础上，针对小样本场景下的黄瓜霜霉病检测任务，除 SimAM 注意力模块、DySample 上采样器、CGFM 融合模块的参数外，其余主干网络参数均由预训练模型迁移而来。而在全新学习[36]的对比设置中，采用一个随机初始化的网络代替预训练网络，在不依赖预训练权重的条件下完成全流程训练。训练结果如表 6 所示。

表 6 不同训练方式对比实验结果

Tab. 6 Comparison of experimental results under different training strategies %

训练策略	精确率	召回率	mAP50
全新学习	79.3	78.9	87.1
迁移学习	84.6	82.3	93.9

结合表 6、图 6 可知，迁移学习模型最终损失值更低，精确率、召回率和 mAP50 相比于全新学习的模型分别提升 5.3、3.4、6.8 个百分点，并且迁移学习的损失值曲线下降更平稳，表明模型更稳定，避免了因权重初始化不当而导致的振荡现象。这是因为迁移学习在模型训练初期为特征提取提供了良好的初始化权重参数，将其在 PlantVillage 数据集中学到的特征迁移到黄瓜霜霉病检测任务中，显著降低了对新任务标注数据的需求，使模型快速适应目标。

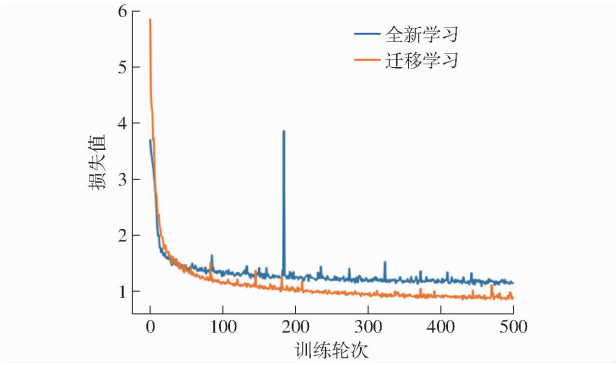

图 6 Loss 曲线对比

Fig. 6 Comparison of loss curves

2.5 检测效果分析

2.5.1 数据集上实验对比

为评价 SGD－YOLO 的优势，采用基于迁移学习的 SGD－YOLO 和 YOLO v8n 模型对数据集 D1 进行检测，结果如图 7 所示。由图 7 可知，原 YOLO v8n 模型在实际检测过程中出现了小目标漏检、误检、定位错误、检测精度低等情况，而 SGD－YOLO 模型均未出现此类问题，检测精度更高，检测效果更佳。经过实验证明，本文改进方法可行且有效。

2.5.2 Grad－CAM 效果分析

为了更清楚地反映 SGD－YOLO 模型优势，采用 Grad－CAM（Gradient-weighted class activation mapping）作为可视化工具进行验证。Grad－CAM 利用网络内部的最后一个卷积层的梯度信息来生成类激活映射，将各通道权重以热力图形式映射到原始图像上，从而直观地观察网络在进行分类决策时关注了图像哪些区域，热力图中颜色越深区域表示越被模型关注。对随机选取的 3 幅黄瓜霜霉病图像进行可视化，结果如图 8 所示。由图 8 可知，原 YOLO v8n 模型热力图存在部分深色区域并未和病斑位置重合，关注区域较为分散，受环境信息干扰很大，可解释原模型准确率较低。SGD－YOLO 模型热力图深色区域，集中分布在病斑所在区域，说明该模型所提取的特征更为精确，验证了本文方法有助于减小复杂背景干扰，提高黄瓜霜霉病检测的准确性。

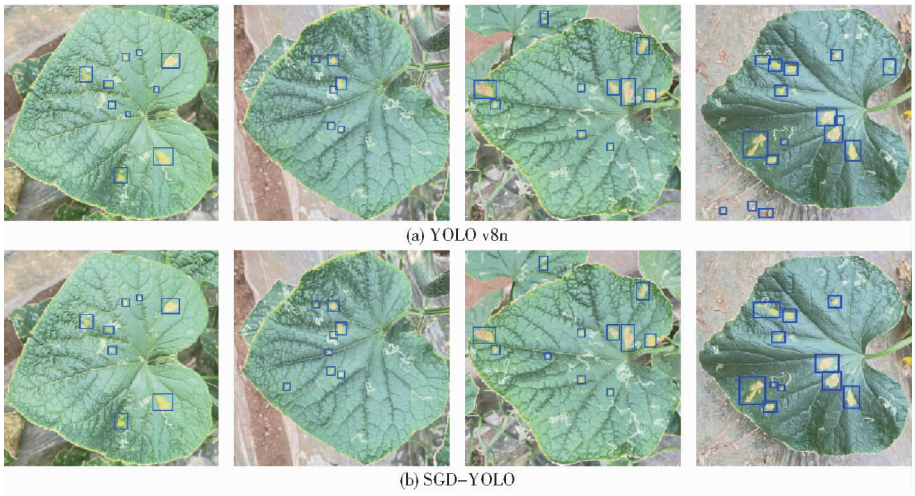

图 7　黄瓜霜霉病检测模型效果示例

Fig. 7　Example images of cucumber downy mildew detection model performance

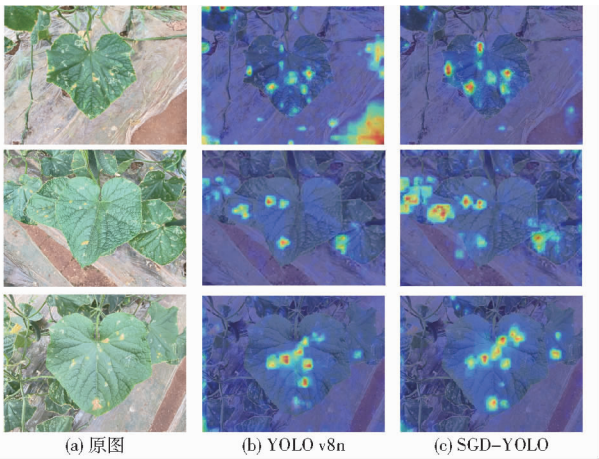

图 8　基于不同模型的 Grad－CAM 热力图

Fig. 8　Grad－CAM heatmaps based on different models

3　讨论

3.1　不同光照条件检测效果

在实际场景中，光照条件变化会显著影响图像亮度、对比度与颜色一致性，从而干扰模型对病害区域的准确识别。为验证本文模型在不同光照条件下的鲁棒性和适应性，设计了在光照变化下的检测对比实验。

基于黄瓜霜霉病 D1 验证集，采用 Gamma 校正对图像进行亮度和对比度调节来模拟不同光照强度。Gamma 校正为一种非线性灰度变换方法[37]，公式为

$$I_{out} = I_{in}^{\gamma} \tag{20}$$

式中　I_{in}——输入图像　　I_{out}——输出图像

γ——控制图像的非线性亮度响应

当 $\gamma<1$ 时图像变亮，当 $\gamma=0.6$ 时模拟强光环境；当 $\gamma>1$ 时图像变暗，当 $\gamma=1.4$ 时模拟弱光环境。设置 $\gamma\in\{0.6,0.8,1.0,1.2,1.4\}$，构建 5 种光照条件下的图像用于测试，结果如图 9 所示。

由图 9 可知，原 YOLO v8n 模型在 $\gamma=0.6$ 的强光下因过曝导致细节丢失、注意力偏移；在 $\gamma=1.4$

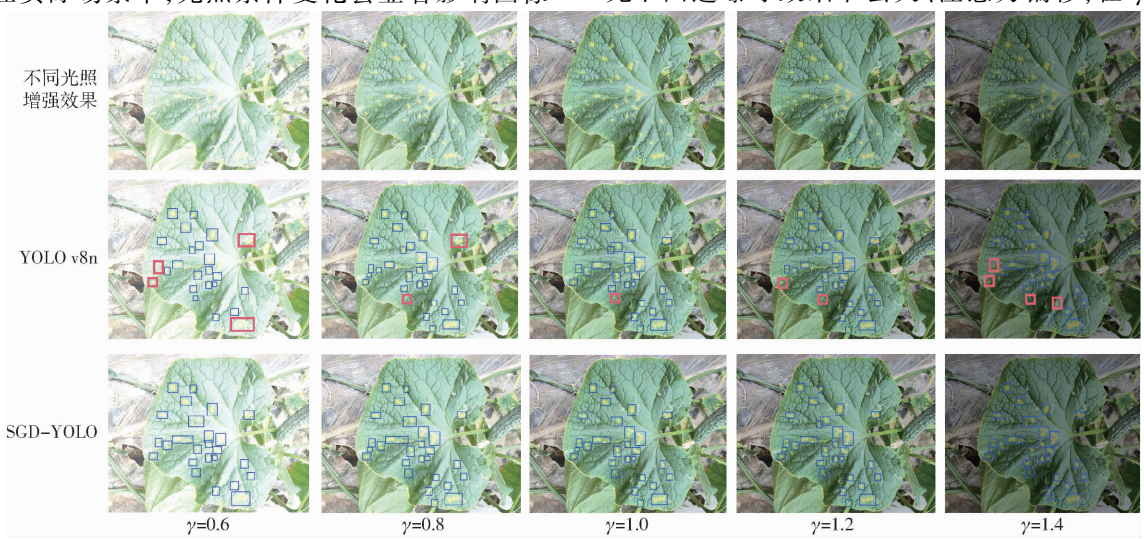

图 9　不同光照条件下的检测效果对比

Fig. 9　Detection results comparison under different illumination conditions

的弱光下则因对比度下降与噪声干扰出现漏检等问题。相比之下,SGD - YOLO 在强光和弱光场景下依然保持了较高的检测性能,能够较好地保留病害区域的关键特征,提升了在不同光照条件下的检测一致性。实验结果表明,SGD - YOLO 在不同光照条件下具有较强的鲁棒性和适应能力,能够满足复杂自然环境下病害检测的实际应用需求。

3.2 不同模型性能对比

为比较本文模型与其他模型效果,在数据集 D1 上将 SGD - YOLO 算法与其他算法进行对比。将 SGD - YOLO 与 YOLO v5n、YOLO v7 - tiny 等主流检测模型以及病害检测中表现优异的算法(如 Mask R - CNN[38]、ResNeSt - 50[39])进行对比,结果如表 7 所示。

表 7 不同模型性能对比

Tab. 7 Different model performance comparison

模型	精确率/%	召回率/%	mAP50/%	参数量
YOLO v5n	74.1	70.3	85.2	3.70×10^6
YOLO v7 - tiny	76.7	72.2	82.7	6.00×10^6
RT - DETR	70.5	66.9	79.6	8.90×10^6
YOLO v10n	74.2	69.8	82.0	2.70×10^6
Fast R - CNN	80.6	77.5	89.2	4.20×10^7
Mask R - CNN	82.1	79.4	89.5	4.38×10^7
ResNeSt - 50	79.5	75.6	87.1	2.96×10^7
SGD - YOLO	84.6	82.3	93.9	3.40×10^6

由表 7 可知,SGD - YOLO 在小样本黄瓜霜霉病检测任务中全面领先于其他主流模型。相比于 YOLO v5n、YOLO v7 - tiny 和 RT - DETR,SGD - YOLO 在保持参数量最少(3.4×10^6)的同时,各指标均表现最优。与 YOLO v10n 相比,SGD - YOLO 精确率、召回率和 mAP50 分别提升 10.4、12.5、11.9 个百分点,在参数量小幅增加的情况下显著增强了病害检测能力。相较于 Fast R - CNN、Mask R - CNN 和 ResNeSt - 50,这些模型虽在大规模数据集上展现出优秀的检测能力,而对于样本稀少的小病斑实例,易丢失微小病斑的细节信息,SGD - YOLO 仅需其 1/10 的参数量,精确率、召回率和 mAP50 也均有提高,不仅提升了检测性能,也具备更强的部署效率与实时性。结果表明,在小样本黄瓜霜霉病检测任务中 SGD - YOLO 在检测精度与参数复杂度之间取得了良好平衡。在精确率、召回率、mAP50 全面优于现有主流目标检测模型,同时保持了模型轻量性和高效性。SGD - YOLO 通过结合小样本学习与结构优化,在小样本、小目标、高背景干扰的黄瓜霜霉病检测任务中有更好的表现,是兼具性能与实用性的模型。

3.3 模型泛化性实验

为进一步验证改进 SGD - YOLO 模型在不同数据集中是否具有泛化性,使用 Kaggle 网站中 Cucumber Leaf Disease 数据集进行跨数据集验证。选取该数据集中黄瓜霜霉病共 1 284 幅图像进行验证,沿用训练阶段相同策略,采用 YOLO v8n 模型和 SGD - YOLO 模型进行训练,以反映模型在复杂田间场景下的检测效果。训练结果如表 8 所示,检测结果如图 10 所示。

表 8 跨数据集实验结果对比

Tab. 8 Comparison of experimental results in cross-dataset %

模型	精确率	召回率	mAP50
YOLO v8n	76.8	70.3	83.4
SGD - YOLO	80.2	72.9	89.7

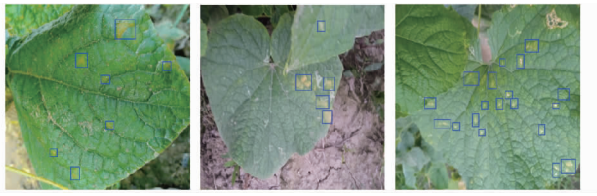

图 10 SGD - YOLO 跨数据集检测效果

Fig. 10 Detection performance of SGD - YOLO in cross-dataset validation

跨数据集实验结果表明,SGD - YOLO 模型在公共数据集依然具有出色的检测性能,并且其精确率、召回率和 mAP50 上均优于 YOLO v8n 模型,验证了本文模型的泛用性。

4 结论

(1)提出了一种基于 SGD - YOLO 的黄瓜叶部霜霉病检测模型。网络结构优化包括引入 DySample 动态上采样,增强病害目标的特征恢复能力;采用 SimAM 无参数注意力机制,在不增加参数的情况下提高病害区域特征表达,减少背景干扰;设计了全新的特征融合模块 CGFM 替代 Concat,优化多尺度病害区域信息交互;并使用 WIoUv3 损失函数提升目标框匹配稳定性,提高检测精度。

(2)实验结果表明,数据增强和迁移学习使模型检测精确率提升 14.7 个百分点,有效缓解小样本问题。相较于原 YOLO v8n,SGD - YOLO 精确率提升 7.4 个百分点,mAP50 提升 9.5 个百分点,召回率提升 5.8 个百分点,虽参数量略有增加,仍能满足农业病害检测的实时性需求。病斑数量是病情分级、智能决策和精准施药的重要依据,能够为田间病害的分级管理、防控资源分配及病害发展趋势监测提

供关键数据支撑。

(3)SGD－YOLO 显著提升了模型泛化能力以及在复杂背景下小目标病害检测能力，提高了检测稳定性和准确性，在实现病斑定位的同时完成数量估计，SGD－YOLO 可作为病害严重程度评估的前置步骤，为后续病情等级评估、病情追踪和药效验证等应用场景提供技术保障，在农业生产中具有明确的实际应用价值。

参　考　文　献

[1] 乔琛，韩梦瑶，高苇，等. 基于 Faster－NAM－YOLO 的黄瓜霜霉病菌孢子检测[J]. 农业机械学报，2023，54(12)：288－299.
QIAO Chen, HAN Mengyao, GAO Wei, et al. Quantitative detection of cucumber downy mildew spores at multi-scale based on Faster－NAM－YOLO[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2023, 54(12): 288－299. (in Chinese)

[2] 王志彬，王开义，王书锋，等. 基于动态集成的黄瓜叶部病害识别方法[J]. 农业机械学报，2017，48(9)：46－52.
WANG Zhibin, WANG Kaiyi, WANG Shufeng, et al. Recognition method of cucumber leaf diseases with dynamic ensemble learning [J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2017, 48(9): 46－52. (in Chinese)

[3] 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. Diagnosis system for greenhouse cucumber downy mildew based on image processing[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2017, 48(2): 195－202. (in Chinese)

[4] 党满意，孟庆魁，谷芳，等. 基于机器视觉的马铃薯晚疫病快速识别[J]. 农业工程学报，2020，36(2)：193－200.
DANG Manyi, MENG Qingkui, GU Fang, et al. Rapid recognition of potato late blight based on machine vision [J]. Transactions of the CSAE, 2020, 36(2): 193－200. (in Chinese)

[5] 郭小清，范涛杰，舒欣. 基于图像融合特征的番茄叶部病害的识别[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版)，2019，45(2)：212－217，224.
GUO Xiaoqing, FAN Taojie, SHU Xin. Recognition of tomato leaf diseases based on image fusion features [J]. Journal of Hunan Agricultural University (Natural Science Edition), 2019, 45(2): 212－217，224. (in Chinese)

[6] 张燕，李庆学，吴华瑞. 基于核相互子空间法的番茄叶部病害快速识别模型[J]. 智慧农业(中英文)，2020，2(3)：86－97.
ZHANG Yan, LI Qingxue, WU Huarui. Rapid identification model of tomato leaf diseases based on kernel mutual subspace method [J]. Smart Agriculture, 2020, 2(3): 86－97. (in Chinese)

[7] 樊湘鹏，许燕，周建平，等. 基于迁移学习和改进 CNN 的葡萄叶部病害检测系统[J]. 农业工程学报，2021，37(6)：151－159.
FAN Xiangpeng, XU Yan, ZHOU Jianping, et al. Grape leaf disease detection system based on transfer learning and improved CNN [J]. Transactions of the CSAE, 2021, 37(6): 151－159. (in Chinese)

[8] SHAO Mingyue, ZHANG Jianhua, FENG Quan, et al. Research progress of deep learning in detection and recognition of plant leaf diseases[J]. Smart Agriculture, 2022, 4(1): 29－46.

[9] 杨森，冯全，张建华，等. 基于深度学习与复合字典的马铃薯病害识别方法[J]. 农业机械学报，2020，51(7)：22－29.
YANG Sen, FENG Quan, ZHANG Jianhua, et al. Identification method for potato disease based on deep learning and composite dictionary [J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2020, 51(7): 22－29. (in Chinese)

[10] WANG Yan, YAN Gang, MENG Qinglu, et al, DSE－YOLO: detail semantics enhancement YOLO for multi-stage strawberry detection [J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2022, 198: 107057.

[11] 白凯，张玉杰，苏邓文，等. 基于改进 YOLO v8n 的花生叶片病害检测方法[J]. 农业机械学报，2025，56(6)：518－526，564.
BAI Kai, ZHANG Yujie, SU Dengwen, et al. Peanut leaf disease detection method based on improved YOLO v8n [J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2025, 56(6): 518－526, 564. (in Chinese)

[12] 赵晓，杨梦婷，张懿丹. 基于改进 YOLO v10n 的苹果叶片病害检测方法[J]. 农业机械学报，2025，56(9)：657－666，728.
ZHAO Xiao, YANG Mengting, ZHANG Yidan. Apple leaf disease detection method based on improved YOLO v10n [J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2025, 56(9): 657－666, 728. (in Chinese)

[13] THAI H, LE K, NGUYEN N L. FormerLeaf: an efficient vision transformer for cassava leaf disease detection[J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2023, 204: 107518.

[14] ZHU Dingju, TAN Jianbin, WU Chao, et al. Crop disease identification by fusing multiscale conution and vision transformer [J]. Sensors (Basel, Switzerland), 2023, 23: 6015.

[15] 周江龙，王天一，李论，等. 基于深度学习的轻量化农作物叶片病害识别模型[J]. 江苏农业科学，2024，52(16)：230－238.

[16] 夏静，潘素，颜默磊，等. 基于迁移学习的小样本重症疾病预后模型[J]. 生物医学工程学杂志，2020，37(1)：1－9.
XIA Jing, PAN Su, YAN Molei, et al. Small sample severe disease prognosis model based on transfer learning [J]. Journal of Biomedical Engineering, 2020, 37(1): 1－9. (in Chinese)

[17] 肖伟，冯全，张建华，等. 基于小样本学习的植物病害识别研究[J]. 中国农机化学报，2021，42(11)：138－143.
XIAO Wei, FENG Quan, ZHANG Jianhua, et al. Research on plant disease identification based on few-shot learning[J]. Journal of Chinese Agricultural Mechanization, 2021, 42(11): 138－143. (in Chinese)

[18] ZHENG B, CONG X, HU C, et al. Few-shot radar emitter identification based on self-supervised dual-stream fusion [J]. Telecommunication Engineering, 2023, 63(9): 1340－1347.

[19] QIAO Yuxuan, FANG Jianan. Small sample character recognition model based on data augmentation[J]. Computer Science

and Application,2022,12(5): 1280 – 1291.

[20] 杨明欣,张耀光,刘涛. 基于卷积神经网络的玉米病害小样本识别研究[J]. 中国生态农业学报(中英文),2020,28(12): 1924 – 1931.
YANG Mingxin, ZHANG Yaoguang, LIU Tao. Research on small sample recognition of maize diseases based on conutional neural networks [J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2020, 28(12): 1924 – 1931. (in Chinese)

[21] 许景辉,邵明烨,王一琛,等. 基于迁移学习的卷积神经网络玉米病害图像识别[J]. 农业机械学报,2020,51(2): 230 – 236,253.
XU Jinghui, SHAO Mingye, WANG Yichen, et al. Recognition of corn leaf spot and rust based on transfer learning with conutional neural network [J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2020, 51(2): 230 – 236, 253. (in Chinese)

[22] 苏仕芳,乔焰,饶元. 基于迁移学习的葡萄叶片病害识别及移动端应用[J]. 农业工程学报,2021,37(10): 127 – 134.
SU Shifang, QIAO Yan, RAO Yuan. Grape leaf disease identification and mobile application based on transfer learning [J]. Transactions of the CSAE, 2021, 37(10): 127 – 134. (in Chinese)

[23] 周磊,张慧春,边黎明. 基于小样本学习和骨架提取算法的干旱胁迫杨树苗表型解析[J]. 农业工程学报,2024,40(19): 177 – 184
ZHOU Lei, ZHANG Huichun, BIAN Liming. Plant phenotyping for drought-stressed poplar saplings using few-shot learning and skeleton extraction algorithm [J]. Transactions of the CSAE, 2024,40(19):177 – 184. (in Chinese)

[24] XIA Xue, CHAI Xiujuan, ZHANG Ning, et al, Visual classification of apple bud-types via attention-guided data enrichment network[J]. Computers and Electronics in Agriculture,2021,191:106504.

[25] SONG Yihong, ZHANG Haoyan, LI Jiaqi, et al. High-accuracy maize disease detection based on attention generative adversarial network and few-shot learning [J]. Plants (Basel, Switzerland),2023,12(17): 3105.

[26] REHMAN Z U, KHAN M A, AHMED F, et al. Recognizing apple leaf diseases using a novel parallel real-time processing framework based on MASK RCNN and transfer learning: an application for smart agriculture[J]. IET Image Processing,2021, 15(10): 2157 – 2168.

[27] 田甜,程志友,鞠薇,等. 基于 SimAM – ConvNeXt – FL 的茶叶病害小样本分类方法研究[J]. 农业机械学报,2024, 55(3):275 – 281.
TIAN Tian, CHENG Zhiyou, JU Wei, et al. Research on small sample classification method for tea leaf diseases based on SimAM – ConvNeXt – FL[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2024, 55(3): 275 – 281. (in Chinese)

[28] SANGDOO Y, DONGYOON H, SANGHYUK C, et al. CutMix: regularization strategy to train strong classifiers with localizable features[C]//IEEE/CVF International Conference on Computer Vision (ICCV), 2019: 6022 – 6031.

[29] YANG Jie, JIANG Yanxuan, XIONG Xinyan. Combining transformer and SimAM lightweight pavement damage detection algorithms [J]. Journal of Railway Science and Engineering,2024,21(9): 3911 – 3920.

[30] LIN Zhenyu, YUN Bensheng, ZHENG Yannan. LD – YOLO: a lightweight dynamic forest fire and smoke detection model with dysample and spatial context awareness module[J]. Forests,2024,15(9): 1630.

[31] 李淇,石艳,范桃. 改进 YOLO v8n 的 O 型密封圈表面缺陷检测算法研究[J]. 计算机工程与应用,2024,60(18): 126 – 135.
LI Qi, SHI Yan, FAN Tao. Research on O – ring surface defect detection algorithm based on improved YOLO v8n [J]. Computer Engineering and Applications, 2024, 60(18): 126 – 135. (in Chinese)

[32] HU Deao, YU Mei, WU Xianyong, et al. DGW – YOLO v8: a small insulator target detection algorithm based on deformable attention backbone and WIoU loss function[J]. IET Image Processing,2024,18(4): 1096 – 1108.

[33] 蔡易南,肖小玲. 基于改进 YOLO v5n 的葡萄叶病虫害检测模型轻量化方法[J]. 江苏农业科学,2024,52(7): 198 – 205.

[34] TANG T, WANG X, MA Z, et al. Lightweight detection method for lotus seedpod in natural environment[J]. International Journal of Agricultural and Biological Engineering,2023,16(6): 197 – 206.

[35] HUGHES P D, SALATHE M. An open access repository of images on plant health to enable the development of mobile disease diagnostics through machine learning and crowdsourcing[J]. arXiv Preprint, arXiv:1511.08060,2015.

[36] 龙满生,欧阳春娟,刘欢,等. 基于卷积神经网络与迁移学习的油茶病害图像识别[J]. 农业工程学报,2018,34(18): 194 – 201.
LONG Mansheng, OUYANG Chunjuan, LIU Huan, et al. Image recognition of *Camellia oleifera* diseases based on conutional neural network & transfer learning [J]. Transactions of the CSAE, 2018,34(18):194 – 201. (in Chinese)

[37] 唐守锋,仝光明,史经灿,等. 基于非线性变换与多尺度细节提升的红外图像增强算法[J]. 计算机应用与软件,2024, 41(10):247 – 253.
TANG Shoufeng, TONG Guangming, SHI Jingcan, et al. Infrared image enhancement algorithm based on nonlinear transformation and multi-scale detail enhancement [J]. Computer Applications and Software, 2024, 41(10): 247 – 253. (in Chinese)

[38] HE K, GKIOXARI G, DOLLÁR P, et al. Mask R – CNN[C]//Proceedings of the IEEE International Conference on Computer Vision,2017:2961 – 2969.

[39] ZHANG H, WU C R, ZHANG Z Y, et al. ResNeSt: split-attention networks[C]//2022 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition Workshops(CVPRW). IEEE, 2022:2735 – 2745.