doi:10.6041/j.issn.1000-1298.2026.02.022

基于曼哈顿距离注意力与门控双分支的桑叶多病害识别

文春明[1,2]　宋璞玉[3]　左佳运[3]　梁　湘[4]　徐　咏[5]

(1.广西混杂计算与集成电路设计分析重点实验室, 南宁 530006; 2.广西智能视觉协作机器人工程研究中心, 南宁 530006;
3.广西民族大学物理与电子信息学院, 南宁 530006; 4.亚热带农业生物资源保护与利用国家重点实验室, 南宁 530005;
5.广西高校人工智能与信息处理重点实验室, 河池 546300)

摘要: 桑叶病害导致桑叶质量下降、产量减少,进而影响蚕茧品质,制约桑蚕产业优质发展。目前,桑树种植存在病害识别智能化水平低、防治滞后等问题,且桑叶病斑特征复杂,细小病斑特征提取难度大。本文提出一种结合曼哈顿距离注意力增强与门控双分支结构的桑叶多病害复合识别算法 YOLO v10s-MAD,对 YOLO v10 的骨干网络进行桑叶病虫害图像适配性优化,通过引入具有动态大核选择机制的网络结构(Large selective kernel network, LSKNet),增强对多尺度病斑特征捕捉能力,并减少冗余计算;同时,提出一个新的颈部网络 MAD-Neck,通过引入基于曼哈顿距离的自注意力机制(Manhattan distance-based self-attention mechanism,MaSA),并结合 Transformer 架构的多尺度动态大核门控双分支模块(Multi-scale gated dual-branch module,MGDB),更好地对多种病害的细节特征识别;增加归一化沃瑟距离(Normalized Wasserstein distance,NWD)损失函数增强模型对小目标检测中的微小位置偏差的鲁棒性。不同模型性能试验结果表明,改进算法模型相较于原模型,mAP50 和 mAP50:95 分别提升 2.2、3.0 个百分点,达到 92.2% 和 76.8%,满足对桑叶病害进行目标检测的要求。

关键词: 桑叶多病害复合识别; 曼哈顿距离注意力; 细节特征识别; 目标检测

中图分类号: TP391　　**文献标识码**: A　　**文章编号**: 1000-1298(2026)02-0225-09　　**OSID**:

Multi-disease Recognition of Mulberry Leaves Based on Manhattan Distance Attention with Gated Dual Branching

WEN Chunming[1,2]　SONG Puyu[3]　ZUO Jiayun[3]　LIANG Xiang[4]　XU Yong[5]

(1. *Guangxi Key Laboratory of Hybrid Computation and Design Analysis*, *Nanning* 530006, *China*
2. *Guangxi Engineering Research Center of Intelligent Vision and Collaborative Robotic*, *Nanning* 530006, *China*
3. *College of Electronic Information*, *Guangxi Minzu University*, *Nanning* 530006, *China*
4. *State Key Laboratory for Conservation and Utilization of Subtropical Agricultural Biological Resources*, *Nanning* 530005, *China*
5. *Guangxi Key Laboratory of Artificial Intelligence and Information Processing*, *Hechi* 546300, *China*)

Abstract: Mulberry leaf diseases cause significant degradation in leaf quality and yield reduction, adversely impacting silkworm cocoon production and constraining the high-quality development of the sericulture industry. Current challenges encompass low levels of intelligent disease identification, lagging prevention and control measures, and the inherent difficulty in extracting discriminative features from complex lesion morphologies, particularly for fine-scale disease spots. To address these limitations, a novel multi-disease recognition algorithm, YOLO v10s-MAD was proposed, integrating a Manhattan distance-based self-attention mechanism (MaSA) within a gated dual-branch structure. The backbone network of YOLO v10 was specifically optimized for mulberry disease imagery through the integration of a large selective kernel network (LSKNet). This module employed a dynamic large kernel selection mechanism to significantly enhance the model's capability for capturing multi-scale lesion features while

收稿日期: 2025-07-07　修回日期: 2025-07-27

基金项目: 广西科技计划项目(桂科 AA24010001)、广西自然科学基金项目(2025GXNSFAA069536)、国家自然科学基金地区科学基金项目(62063006)、广西高校人工智能与信息处理重点实验室开放课题(2022GXZDSY009、2024GXZDSY017)和 2025 年广西科普惠农兴村计划科技小院项目

作者简介: 文春明(1969—),男,教授,博士,主要从事人工智能和智能微系统等研究,E-mail: wenchunming@gxmzu.edu.cn

通信作者: 徐咏(1989—),男,副教授,博士,主要从事嵌入式与智能控制研究,E-mail: xuyong@hcnu.edu.cn

simultaneously mitigating computational redundancy. Furthermore, a newly designed neck network, MAD-Neck, was introduced. MAD-Neck incorporated the MaSA mechanism, which utilized Manhattan distance to compute attention weights more efficiently, focusing model capacity on salient pathological regions. It also integrated a multi-scale gated dual-branch module (MGDB), incorporating structural principles from the transformer architecture, to effectively fuse features across different scales and improve discrimination between subtle disease characteristics. To enhance robustness specifically for detecting small lesions, the normalized Wasserstein distance (NWD) loss function was adopted for bounding box regression, reducing sensitivity to minor localization deviations common with tiny targets. Comprehensive evaluations demonstrated that the enhanced model achieved 92.2% mAP50 and 76.8% mAP50:95, representing improvements of 2.2, 3.0 percentage points over the baseline, respectively, fulfilling practical deployment requirements for accurate mulberry disease identification.

Key words: multiple mulberry leaf disease detection; Manhattan self-attention; detailed feature recognition; target identification

0 引言

桑蚕产业是中国重要的传统优势产业,桑叶是蚕的主要食物来源,桑叶病害严重制约了桑叶产量与品质,显著降低成茧率,损害桑蚕产业效益[1]。桑叶病害流行受气候、土壤湿度及管理措施等多因素影响,常导致同期多种病害侵袭[2]。当前,桑叶病害识别主要依赖人工经验判断,存在效率低、准确性不足等问题[3]。

目前植物病害识别主要有传统机器学习和深度学习方法[4-5]。尽管传统机器学习方法在特定场景下识别准确率较高,但其依赖人工提取特征,表达能力有限,在光照变化、背景干扰等环境因素下适应性较差[6-11]。

深度学习方法通过端到端学习提升泛化能力[12-14],然而,现有研究在桑叶病害识别中仍存在不足。文献[15]采用多尺度残差网络融合 SENet 的模型对桑叶病害进行识别,但两阶段模型由于增加了对预测框的计算过程,使得模型计算复杂且实时性差。由于桑叶病斑尺寸微小,如桑叶的赤锈病早期病斑直径常小于 1.5 mm,在病害图像中占比微小。文献[16]构建的 R2-YOLO v5s 虽提升了桑叶病害识别准确率,但对小病斑漏检率达 21%。桑叶图像常包含土壤、茎秆等干扰背景且病斑特征复杂。文献[17]提出的 MobileNetV3_Small 模型卷积核尺度单一,难以覆盖桑叶病斑尺寸多样性,相似症状病害因颜色与形状特征重叠,导致分类器决策边界模糊。当桑叶存在交叠病斑时,现有模型缺乏病变区域解耦能力,对多病害同时存在的桑叶图像识别准确率下降,难以满足桑树多病害同期发生的实际需求[18-22]。

为此,本文提出注意力增强与特征交互的桑叶多病害复合识别模型 YOLO v10s-MAD。基于自然环境构建桑叶多病害数据集,在骨干网络中引入大型选择性核网络、SPPF 及 PSA 模块,强化空间特征提取并减少冗余计算;在颈部嵌入曼哈顿自注意力机制与多尺度动态大核门控双分支模块,提升对分散小病斑的识别性能;增加 NWD 损失函数优化定位特征学习。

1 数据集构建

1.1 数据采集

桑叶病害检测为小目标检测,因此,对于构建的桑叶病害数据集,1 幅图像中,桑叶数量不宜太多,病斑区域所占比例也不宜太小,否则会影响识别效果。数据采集场景如图 1 所示。



图 1 数据采集场景

Fig. 1 Data collection scenarios

所采用数据集来源分为 2 部分:一部分来源于 Kaggle 数据集平台提供的公开数据集[23],另一部分则在位于中国广西壮族自治区河池市宜州区庆远镇龙江路 42 号的宜州市叒木天虫蚕业科技有限公司桑树种植地进行实地拍摄获得。

数据集的每幅病害桑叶图像至少含有桑里白粉病、赤锈病、烟斑病和褐斑病其中 2 种及以上病斑特征。经查找桑叶相关知识,本文研究的病害种类主要病斑特征如图 2 所示,烟斑病呈现煤粉状圆形病斑,桑里白粉病有白色细小霉斑,褐斑病具有淡褐色水渍状病斑,患赤锈病的桑叶出现橙黄色斑点,随发病时期的不同所呈现的病斑特征并不完全一致。



图 2　桑叶病害形态特征

Fig. 2　Morphological characteristics of mulberry leaf diseases

1.2　数据预处理

以同一桑叶样本为例，采用多种图像增强方法，如图 3 所示。水平翻转模拟桑叶自然朝向随机性；随机裁剪还原田间拍摄的构图差异；添加噪声降低模型敏感度；色调调整模拟晨昏与正午光照变化；Cutout 模拟桑叶遮挡与虫咬孔洞。增强后共 4 972 幅图像，按照比例 8∶1∶1 随机划分训练集、验证集和测试集，随后使用 Labelimg 工具对数据集图像进行标注。

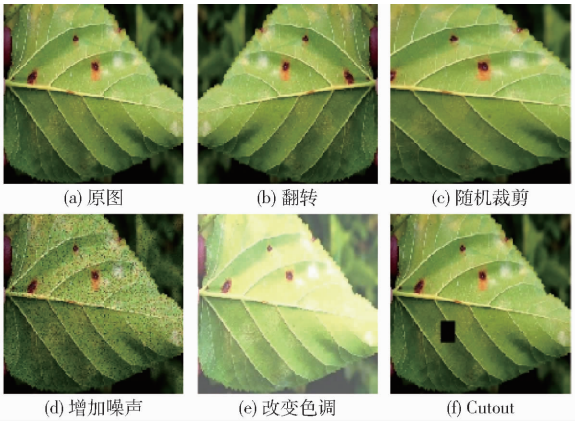

图 3　数据增强

Fig. 3　Data enhancement

2　桑叶多病害复合识别模型设计

2.1　YOLO v10 算法

YOLO 系列作为成熟的单阶段目标检测算法，其中，YOLO v10 通过引入一致的双重分配策略，消除了对非极大值抑制的依赖，并提供了 n、s、m、b、l、x 等多种规模变体。但 YOLO v10 对于存在特征相似、小目标、尺度变化大等情况，其检测精度不佳，需进一步改进。

选择检测速度快、模型尺寸小的 YOLO v10s 为基准模型，在特征信息提取和特征融合方面进行改进，改进后的网络模型如图 4 所示，改进模块以加粗红色框标记。

2.2　设计骨干特征提取网络减少冗余计算

针对 CSP Net 骨干网络易削弱浅层特征表达能力、损失细粒度信息导致小目标检测性能受限的问题，采用 LSKNet[24] 替换原骨干网络中的 CSP Net 架构，并集成空间金字塔快速池化（SPPF）模块与金字塔空间注意力（PSA）模块构建改进骨干网络。

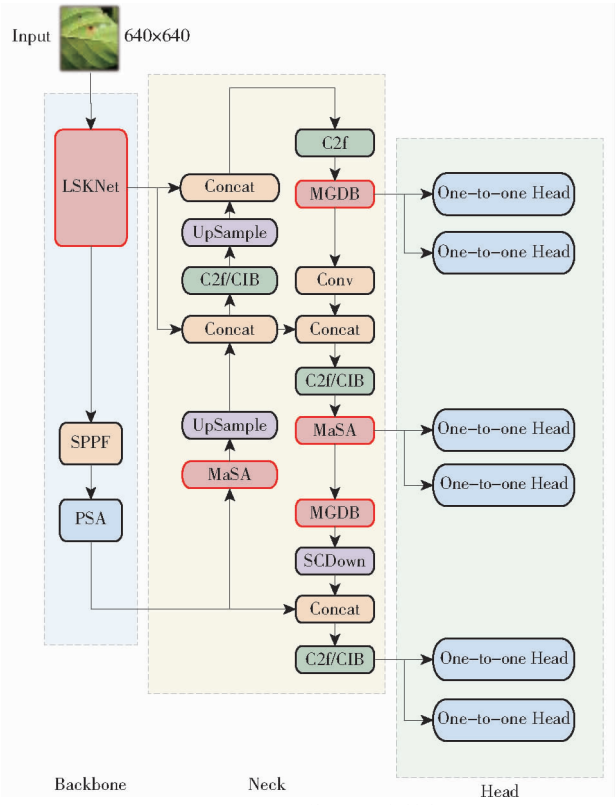

图 4　改进后模型网络结构

Fig. 4　Network structure of improved model

如图 5 所示，LSKNet 通过动态核选择机制增强浅层特征的细粒度信息保留，其中，LK Selection 子块利用大核卷积序列捕获长距离上下文信息，并通过空间选择机制动态调整大核权重，使模型自适应不同尺寸与复杂度的病斑特征，大核分解为级联小核进一步降低计算冗余；FFN 子块则强化通道表示能力，实现特征深度融合，同时保持空间信息；SPPF 模块串联小池化层快速提取多尺度上下文，经拼接融合后由 CBS 模块压缩通道并优化非线性；PSA 模块利用金字塔空间注意力聚焦关键区域特征。改进后的骨干网络可有效提升浅层特征表达能力与多尺度融合效率，缓解小目标检测的信息损失，增强模型鲁棒性与精度。

2.3　构建曼哈顿自注意力与动态门控卷积协同网络优化特征区分与多尺度融合

针对原颈部网络在相似特征捕捉、多尺度特征融合效率及抗背景干扰方面的不足，本文提出 MAD-Neck 网络。该网络引入基于曼哈顿距离的自注意力机制[25]（MaSA）增强低对比度病变特征的敏感性并抑制背景噪声，同时采用多尺度动态大核门控双分支模块[26]（MGDB）自适应捕获不同尺度病害的上下文信息。改进后的颈部网络可有效提升小目标检测精度与多尺度特征融合的鲁棒性。

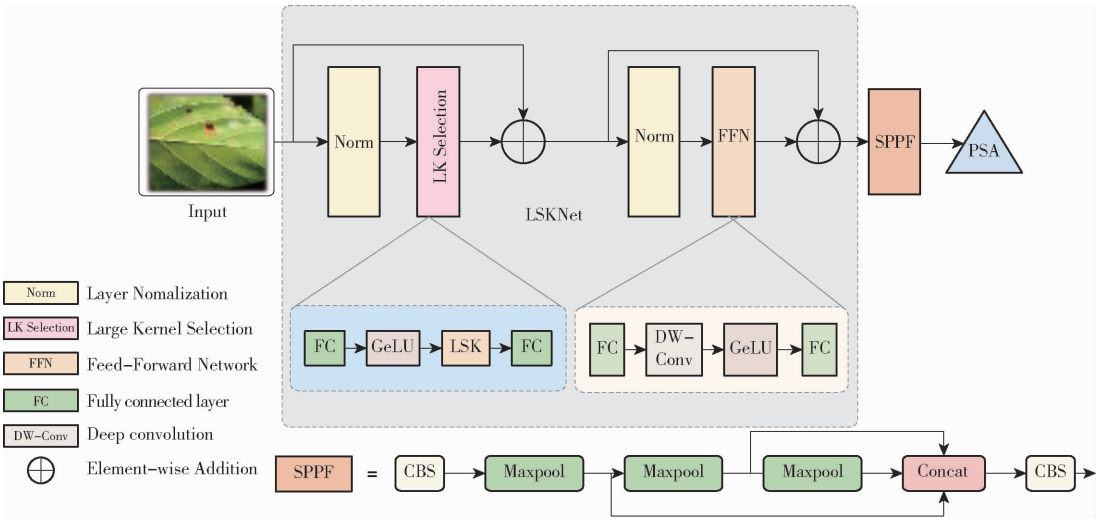

图 5 改进后的骨干网络

Fig. 5 Improved backbone network

2.3.1 引入曼哈顿自注意力机制增强特征差异感知

为提升特征相似病斑区域的区分能力,本文引入基于曼哈顿距离的自注意力机制。该机制针对小目标特征点稀少以及卷积感受野受限导致全局信息捕捉不足的问题,通过曼哈顿距离强化低对比度特征间的差异感知,有效缓解相似病斑误检与漏检现象。

曼哈顿距离用于衡量特征向量之间的相似度,相较于易受特征方向影响的点积或余弦相似度,其对维度间细微变化的捕捉更具优势,公式为

$$d(\boldsymbol{x},\boldsymbol{y}) = \sum_{i=1}^{n} |x_i - y_i| \tag{1}$$

式中 $\boldsymbol{x}$、$\boldsymbol{y}$——2 个不同特征向量

x_i、y_i——向量中不同元素

基于曼哈顿距离的自注意力机制处理桑叶病害图像特征时,首先,将输入的桑叶病害图像特征 $\boldsymbol{X}$ 通过线性映射转换为 2 个行向量 $\boldsymbol{Q}$、$\boldsymbol{K}$,公式为

$$\begin{cases} \boldsymbol{Q} = \boldsymbol{W}^{Q}\boldsymbol{X} \\ \boldsymbol{K} = \boldsymbol{W}^{K}\boldsymbol{X} \end{cases} \tag{2}$$

式中 $\boldsymbol{W}^{Q}$、$\boldsymbol{W}^{K}$——针对桑叶病害特征设计的变换参数

计算向量 $\boldsymbol{Q}$ 内部元素间的曼哈顿距离,并据此生成注意力权重矩阵 $\boldsymbol{A}$,公式为

$$\boldsymbol{A} = \mathrm{abs}(\boldsymbol{Q} - \boldsymbol{Q}^{\mathrm{T}}) \tag{3}$$

式中 abs(·)——对矩阵求绝对值的函数

矩阵 $\boldsymbol{A}$ 经 Softmax 函数归一化后,用于加权强化键向量 $\boldsymbol{K}$ 中与病害判别相关的关键特征,公式为

$$\mathrm{Attention}(\boldsymbol{Q},\boldsymbol{K}) = \mathrm{Softmax}(\boldsymbol{A})\boldsymbol{K} \tag{4}$$

式中 Softmax(·)——归一化处理的函数

基于上述原理,该模块结构如图 6 所示,先将输入的病害特征图进行卷积与重塑操作,随后被分割为 2 部分。一部分特征图直接进入后续重塑步骤,另一部分特征图则需与另一特征图相加,经绝对值函数处理,再通过 Softmax 函数得到权重分布。重塑后的 2 部分特征图被拼接整合,最终通过矩阵乘法运算生成输出特征图。

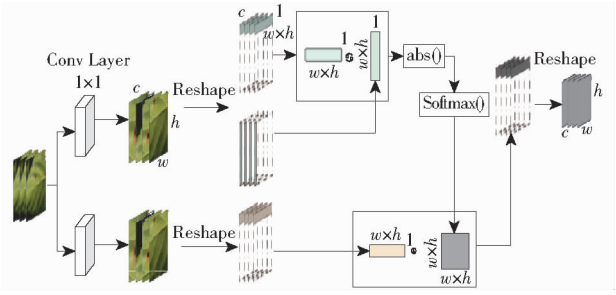

图 6 MaSA 模块结构

Fig. 6 MaSA module structure

2.3.2 融合门控机制与深度可分离卷积聚合不同尺度的特征

针对自然场景中桑叶病斑尺度差异显著导致识别泛化性不足的问题,YOLO v10 模型的静态权重融合机制难以动态适应多尺度特征,制约了局部细节与全局语义的协同表征。本文引入融合门控机制与深度可分离卷积的结构,模块结构如图 7 所示。该模块通过门控单元动态调整特征权重,有选择性地融合关键尺度信息,有效增强模型对局部细节和全局特征的捕捉能力,显著提升多尺度病害目标的检测鲁棒性,同时保持较高的计算效率。

2.4 增加 NWD 损失函数捕捉桑叶病害的细微特征

为提高模型对于桑叶病斑特征检测的鲁棒性,增加了 NWD 损失函数。将病害检测框的中心坐标作为均值,宽度和高度作为协方差矩阵的对角元素。桑叶病害检测预测框 $B_p = (x_p, y_p, w_p, h_p)$,真实框

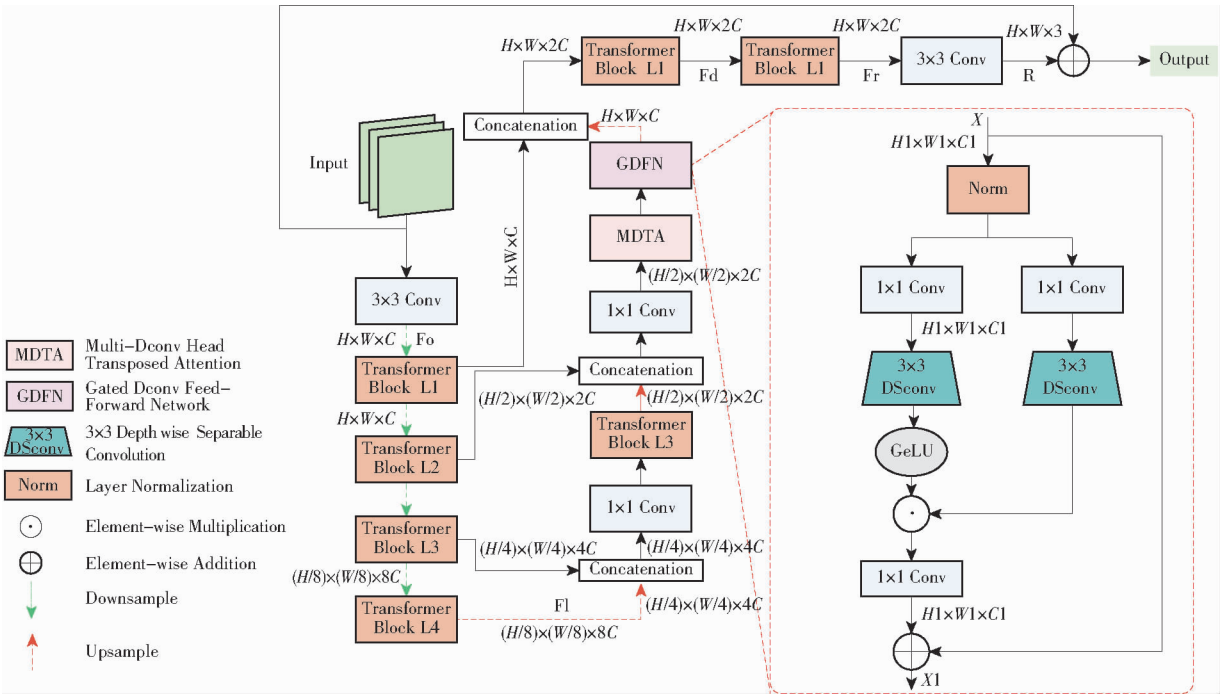

图 7　MGDB 模块结构

Fig. 7　MGDB module structure

$B_g=(x_g,y_g,w_g,h_g)$，分别建模为二维高斯分布，公式为

$$\mu_p=\left(x_p+\frac{w_p}{2},y_p+\frac{h_p}{2}\right) \tag{5}$$

$$\varepsilon_p=\mathrm{diag}\left(\frac{w_p^2}{12},\frac{h_p^2}{12}\right) \tag{6}$$

$$\mu_g=\left(x_g+\frac{w_g}{2},y_g+\frac{h_g}{2}\right) \tag{7}$$

$$\varepsilon_g=\mathrm{diag}\left(\frac{w_g^2}{12},\frac{h_g^2}{12}\right) \tag{8}$$

式中　μ_p、μ_g——桑叶病害检测预测框和真实框中心点

ε_p、ε_g——协方差矩阵，其对角线元素由病害检测框宽和高决定

2 个高斯分布之间的 Wasserstein 距离平方计算公式为

$$W^2(B_P,B_g)=\|\mu_p-\mu_g\|_2^2+Tr(\varepsilon_p+\varepsilon_g-2\sqrt{\varepsilon_p\varepsilon_g}) \tag{9}$$

式中　B_p——桑叶病害检测预测框

B_g——桑叶病害检测真实框

最后通过指数函数归一化距离至[0,1]区间，并引入温度常数 γ（设为 12.8）调节灵敏度，计算公式为

$$\mathrm{NWD}(B_p,B_g)=\exp\left(-\frac{\sqrt{W^2}}{\gamma}\right) \tag{10}$$

最终损失函数为

$$L_{NWD}=1-\mathrm{NWD}(B_p,B_g) \tag{11}$$

3　试验结果

3.1　评价指标

采用精确率（P）、召回率（R）、平均精度均值（mAP）、检测速度（FPS）、混淆矩阵作为模型性能评估指标。其中，mAP50 是在交并比阈值为 0.5 时计算的平均精度均值，而 mAP50:95 则是将交并比阈值从 0.5 到 0.95 进行平均后得到的综合指标，采用这 2 个评价指标能更全面地评估模型在不同定位严格程度下的精度和鲁棒性。

3.2　训练环境及参数设置

试验使用的训练平台关键参数如表 1 所示。训练时选用构建的桑叶病害数据集，批处理大小为 16，初始学习率为 0.01，训练采用早停机制。

表 1　训练平台参数

Tab. 1　Experimental platform parameters

参数	配置
CPU	Intel(R) Xeon(R) Platinum 8362 CPU@2.80 GHz
内存/GB	24
GPU	NVIDIA GeForce RTX3090
GPU 加速库	CUDA12.4
操作系统	Windows10(64 位)
环境	Python3.10、PyTorch2.5.0

3.3　消融试验

为了验证本文所设计的桑叶多病害复合识别网络模型中 LSKNet、MaSA、MGDB 以及 NWD 损失函数的有效性，基于构建的数据集对上述模块进行性

能测试,试验采用相同的训练参数设置进行 100 轮次迭代的训练和测试,结果如表 2 所示。表 2 中,试验 1 为 YOLO v10s 原模型,试验 2 在原模型基础上替换骨干网络为 LSKNet,使得召回率提升,体现了全局上下文信息对于减少复杂背景下小病斑漏检的重要性;试验 3 单独引入 MaSA,使 mAP50 提升 2.9 个百分点,精确率提升 2 个百分点,召回率提升 3.2 个百分点,特别是精确率 P 的提升反映了该模块有效抑制了背景干扰导致的误检,召回率 R 的提升则表明其有助于定位形态模糊或部分遮挡的病害区域;试验 4 单独引入 MGDB,使 mAP50 提升 2.8 个百分点,mAP50:95 提升 4.5 个百分点,召回率提升 3 个百分点,mAP50:95 和召回率的提升验证了该模块优化多尺度特征融合效果,尤其对于尺度变化大的病害目标定位精度改善明显;试验 5 在原模型基础上同时添加 MaSA 和 MGDB,二者形成串联互补结构,较原模型 mAP50 提升 4.5 个百分点,mAP50:95 提升 7.4 个百分点,精确率提升 2.2 个百分点,召回率提升 4.6 个百分点,2 个模块协同作用效果显著优于任意模块单独作用;试验 6 在试验 5 基础上进一步替换骨干网络为 LSKNet,较原模型 mAP50 提升 5.3 个百分点,mAP50:95 提升 9.0 个百分点,精确率提升 2.6 个百分点,召回率提升 6.2 个百分点,三者形成高效的级联增强机制,实现了性能的全面提升;试验 7 将本文提到的所有改进都纳入 YOLO v10s 模型,使 mAP50 达到 86.4%,mAP50:95 达到 67.6%,精确度和召回率分别为 84.9% 和 83.5%,达到最高水平,特别是 mAP50:95 和召回率的提升证明了本文提出的 LSKNet、MaSA、MGDB 模块以及 NWD 损失的协同设计,有效缓解桑叶病害识别存在的小目标漏检和定位不准的问题。

表 2 消融试验结果

Tab. 2 Results of ablation experiments %

试验	LSKNet	MaSA	MGDB	NWD Loss	mAP50	mAP50:95	精确率	召回率
1	×	×	×	×	80.8	58.0	82.0	76.4
2	√	×	×	×	84.1	63.7	83.4	79.7
3	×	√	×	×	83.7	55.2	84.0	79.6
4	×	×	√	×	83.6	62.5	81.5	79.4
5	×	√	√	×	85.3	65.4	84.2	81.0
6	√	√	√	×	86.1	67.0	84.6	82.6
7	√	√	√	√	86.4	67.6	84.9	83.5

注:√表示添加该模块,×表示未添加该模块。

3.4 不同目标检测模型性能试验

为定性评价本文桑叶多病害复合识别网络模型,将其与主流目标检测模型 YOLO v10s、YOLO v11s、YOLO v9s、YOLO v8s,以及 Faster R-CNN,RT-DETR-l 在褐斑病、烟斑病与桑里白粉病共存的桑叶病害数据集上进行试验,结果如图 8 所示。

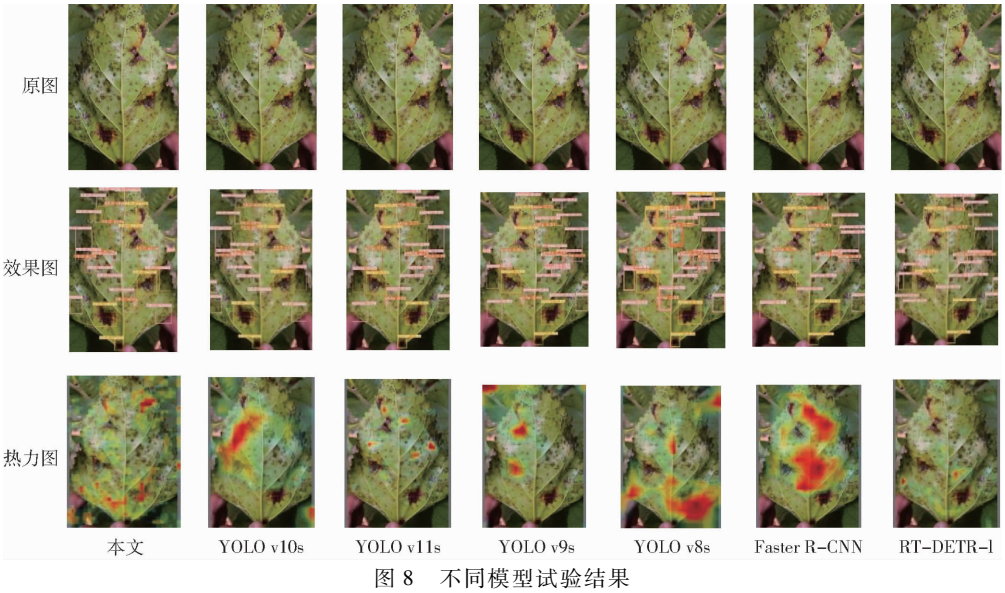

图 8 不同模型试验结果

Fig. 8 Results from different model tests

由图 8 可知，本文 YOLO v10s－MAD 模型对不同尺度、类别差异大的病害均表现出优异的识别能力，漏检与误检率低；YOLO v10s 模型可识别形态完整病害，但对病斑尺度变化适应性差，存在漏检且置信度差异大，多尺度特征泛化能力不足；YOLO v9s 与 YOLO v8s 模型也存在桑里白粉病和烟斑病漏检问题；YOLO v8s 模型还出现了边界框重叠及将背景误检为褐斑病的情况，影响病害种类判定精度并增加计算量；Faster R－CNN 模型对桑叶边缘病斑漏检显著；RT－DETR－l 模型则对小目标病斑检测存在漏检。由此可证实 YOLO v10s－MAD 能有效关注不同病害的关键病斑区域。

为定量比较模型性能，试验采用相同数据集和训练参数设置进行 300 轮次迭代训练和测试，比较本文模型与 YOLO v10s、YOLO v11s、YOLO v9s、YOLO v8s、Faster R－CNN、RT－DETR－l、RT－DETR－ResNet50 以及 DEIM 模型的检测性能。试验结果如表 3 所示，本文 YOLO v10s－MAD 模型 mAP50 和 mAP50:95 达到 92.2% 和 76.8%，相较于其他算法模型，mAP50、mAP50:95、精确率和召回率都是最优的，相较于 YOLO v10s、YOLO v11s、YOLO v9s、YOLO v8s 模型的 mAP50、mAP50:95 分别提升 2.2、3.0 个百分点，3.6、8.9 个百分点，3.7、5.3 个百分点，1.8、3.8 个百分点；精确率和召回率分别提升 0.7、1.8 个百分点，0.6、3.5 个百分点，0.4、3.7 个百分点，0.3、1 个百分点；相较于 Transformer 架构检测模型 RT－DETR－l、RT－DETR－ResNet50、DEIM 的 mAP50、mAP50:95 分别提升 13.3、28 个百分点，6.3、12.9 个百分点，4.8、7.6 个百分点；精确率和召回率分别提升 4.1、13.8 个百分点，3.7、7.9 个百分点，1.8、5.8 个百分点。mAP 的提升说明改进模型能更精准地融合如病斑的边缘纹理等浅层细节特征与病斑形状轮廓等深层语义特征。精确率提升表明改进模型误检率降低，能够抑制背景噪声干扰，召回率提升则说明改进模型对桑叶病斑漏检情况减少。改进模型相比于其他模型检测速度更高，表明每秒可处理更多桑叶病害图像，适合桑叶病害识别实时检测场景。

表 3　不同模型训练结果

Tab.3　Training results for different models

	模型	mAP50/%	mAP50:95/%	精确率/%	召回率/%	检测速度/(f·s^{-1})
YOLO 系列	本文	92.2	76.8	86.9	89.4	49.50
	YOLO v10s	90.0	73.8	86.2	87.6	48.56
	YOLO v11s	88.6	67.9	86.3	85.9	48.76
	YOLO v9s	88.5	71.5	86.5	85.7	41.63
	YOLO v8s	90.4	73.0	86.6	88.4	42.92
两阶段模型	Faster R－CNN	69.4				
RT－DETR 系列	RT－DETR－l[27]	78.9	48.8	82.8	75.6	30.36
	RT－DETR－ResNet50[27]	85.9	63.9	83.2	81.5	37.20
	DEIM[28]	87.4	69.2	85.1	83.6	38.40

如图 9 所示，在相同迭代次数下，单阶段目标检测模型较两阶段的 Faster R－CNN 收敛速度更快，不同模型在 300 轮次的迭代训练中，mAP50 均呈上升趋势，两阶段的 Faster R－CNN 上升较为平缓，最终收敛的数值在所有模型中最低；基于 Transformer 架构的 RT－DETR 系列模型在 150 轮次迭代后，上升逐渐趋于平缓，且 Faster R－CNN 及 RT－DETR 系列模型的 mAP50 曲线呈现明显振荡；而 YOLO 系列模型在 100 轮次迭代后，上升速度逐渐减缓，改进模型在 125 次迭代后收敛且取得较优的 mAP50 值，波动最小，标准差小于 0.01，表明改进模型在精度、鲁棒性以及收敛效率上均优于其他模型。

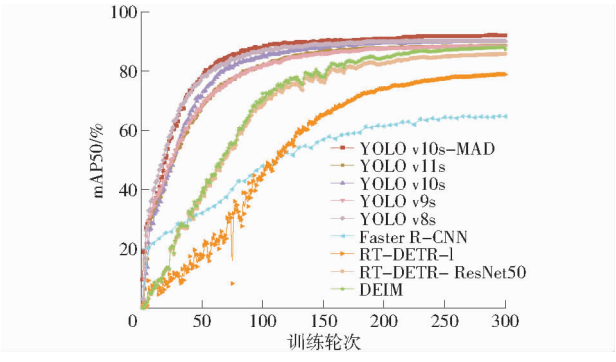

图 9　不同模型 mAP50 对比

Fig. 9　Comparison of different models of mAP50

3.5　YOLO v10s 改进前后识别效果试验

改进前后模型对桑叶各类病害检测的 mAP 和混淆矩阵可进一步评价模型性能，YOLO v10s－MAD 模型与原模型采用相同的数据集及参数进行 300 训练轮次。

试验结果可视化如图 10 所示，从图 10 可看出改进模型对于桑叶不同病害识别的 mAP50 较原模

型均有提升,表明 LSKNet 替换骨干网络中能够对桑叶病害识别网络产生正向效果,增强骨干网络对复杂背景下桑叶不同尺度病害特征的感知能力,而 MaSA 和 MGDB 模块在颈部网络的嵌入进一步增强模型对桑叶病害有效特征的关注,提高了模型识别效果。

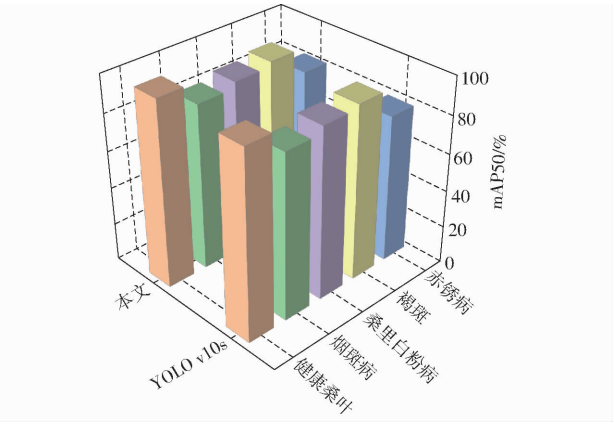

图 10 改进前后对不同病害 mAP50 试验结果

Fig. 10 Results of mAP50 assays for different diseases before and after improvement

图 11 为混淆矩阵试验结果。由图 11 可看出,

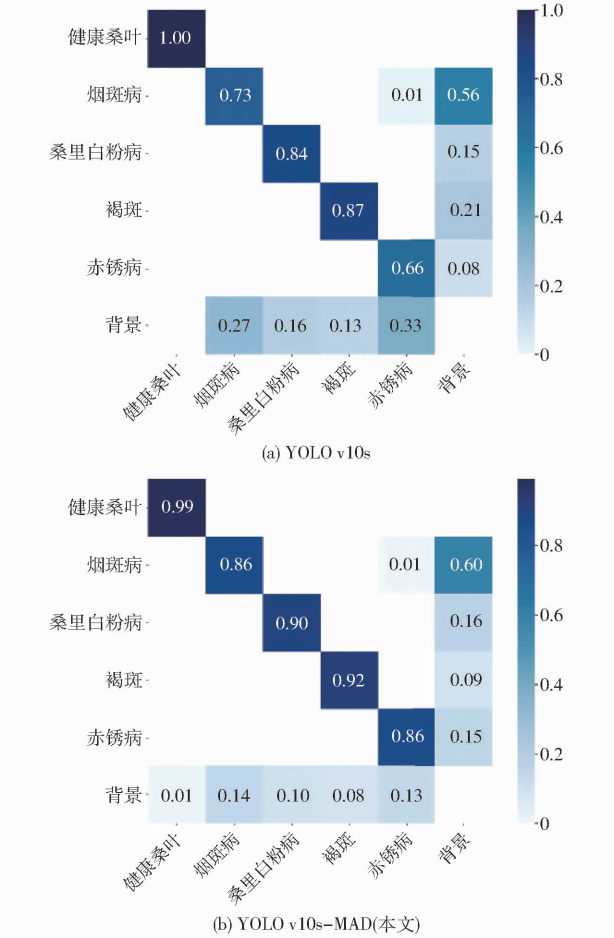

图 11 改进前后混淆矩阵试验结果

Fig. 11 Test results for the confusion matrix before and after improvement

改进前后模型对于健康桑叶的检测准确率均达到了较高的精度且对于不同尺度的病害识别准确率均有提升。对于病害桑叶图像,改进模型对图像背景误判率比改进前的 34%、20%、16%、40% 分别降至 14%、10%、8%、13%,说明本文改进模型对背景类别的误分类减少,更专注于病害本身的识别,验证了本文模型有效增强了对于病害特征的提取。

3.6 桑叶病害检测系统

为了便于将该算法模型应用于实际,基于 Flask、SpringBoot、Vue 与 MySQL 技术栈,开发了桑叶多病害识别系统,并嵌入 YOLO v10-MAD 模型。

图 12 为桑叶多病害识别检测流程图,系统采用模块化设计,前端利用 Vue 构建响应式交互界面,后端采用 Spring Boot 管理用户权限与任务调度,并通过 Flask 封装轻量化 RESTful API 服务部署模型。模型经 Tensor RT 引擎优化,实现亚秒级推理响应,满足实时检测需求。

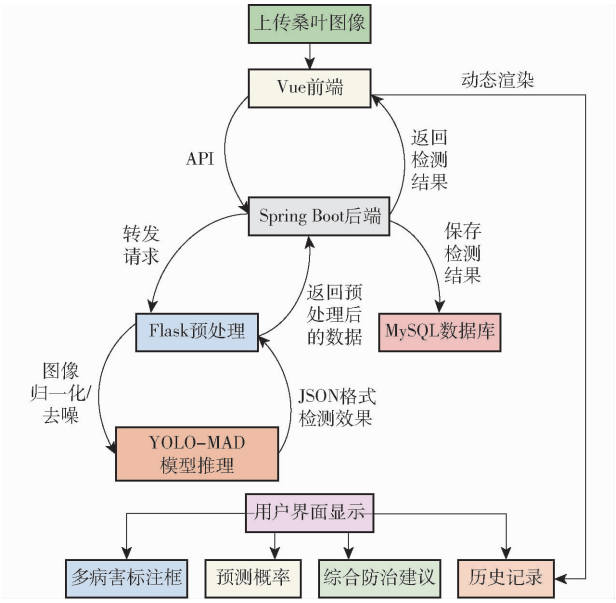

图 12 多病害检测流程图

Fig. 12 Multi-disease detection flowchart

图 13 为桑叶多病害识别系统,该系统支持用户上传图像及视频,包括模型选择、置信度设定、图像上传、识别结果显示及综合防治建议模块。

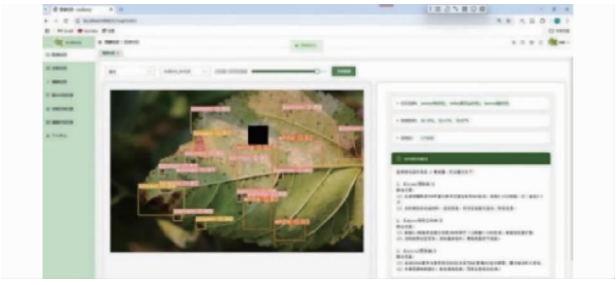

图 13 桑叶多病害识别系统

Fig. 13 Multi-disease identification system for mulberry leaves

4　结论

（1）针对桑叶病害在自然环境下病斑特征相似且尺度差异大难以识别的问题，基于 YOLO v10s 目标检测框架，提出了一个适用于自然环境下检测桑叶病害的算法模型 YOLO v10s－MAD，引入基于曼哈顿距离的自注意力机制以及融合门控机制与深度可分离卷积的 Transformer 架构模块，构造了新的颈部网络 MAD－Neck。

（2）使用改进的颈部网络模型进行桑叶病害检测，试验结果表明，识别结果精确率、召回率、mAP50 和 mAP50:95 均有提升；在此基础上，采用大型选择性核网络 LSKNet 集成 SPPF 和 PSA 构建骨干网络，避免了提取病斑特征的过程中因捕获大量不相关的信息而带来模型冗余计算量增加的情况，并对模型全连接层进行调整，使模型利用不同层级的特征，增强对多尺度目标的检测能力。对骨干网络改进后，模型识别精确率、召回率、mAP50 和 mAP50:95 相比原模型 YOLO v10s 分别提升 0.7、1.8、2.2、3.0 个百分点。

（3）除消融试验外，将改进模型与原模型 YOLO v10s，其他经典目标识别模型 YOLO v11s、YOLO v8s、YOLO v9s、Faster R－CNN 以及 RT－DETR 系列模型（RT－DETR－l、RT－DETR－ResNet50、DEIM）进行了定性和定量试验，结果表明，改进模型能够有效识别桑叶病害种类，mAP50 达到 92.2%，识别效果优于其他模型，为桑叶多病害复合识别提供了参考。

参　考　文　献

[1] 粟思源，张智勇，胡春梅，等. 病虫害对桑叶营养成分变化及家蚕经济性状的影响[J]. 浙江农业科学，2024，65(11)：2733－2737.
SU Siyuan, ZHANG Zhiyong, HU Chunmei, et al. Effects of diseases and insect pests on nutritional composition changes of mulberry leaves and economic traits of silkworm [J]. Journal of Zhejiang Agricultural Sciences, 2024, 65(11): 2733－2737. (in Chinese)

[2] 张世浩，覃玥，张兴楠，等. 广西桑树病虫害绿色防控技术应用与展望[J]. 中国蚕业，2024，45(4)：55－59.
ZHANG Shihao, QIN Yue, ZHANG Xingnan, et al. Application and prospects of green pest control technologies for mulberry pests and diseases in Guangxi [J]. Chinese Sericulture, 2024, 45(4): 55－59. (in Chinese)

[3] 刘若愚. 桑树病虫害图像诊断系统设计与开发[D]. 杭州：杭州电子科技大学，2023.
LIU Ruoyu. Design and development of an image-based diagnosis system for mulberry tree pests and diseases [D]. Hangzhou: Hangzhou Dianzi University, 2023. (in Chinese)

[4] 岳喜申. 深度学习在农作物病害识别中的研究进展[J]. 安徽农学通报，2024，30(6)：100－103.
YUE Xishen. Research progress of deep learning in crop disease recognition[J]. Anhui Agricultural Science Bulletin, 2024, 30(6): 100－103. (in Chinese)

[5] 贾少鹏，高红菊，杭潇. 基于深度学习的农作物病虫害图像识别技术研究进展[J]. 农业机械学报，2019，50(增刊)：313－317.
JIA Shaopeng, GAO Hongju, HANG Xiao. Research progress on image recognition technology of crop pests and diseases based on deep learning[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2019, 50(Supp.): 313－317. (in Chinese)

[6] 彭勤，高士，彭佳红. 基于 SVM 的豆类作物病害识别研究[J]. 电脑知识与技术，2019，15(24)：210－211.
PENG Qin, GAO Shi, PENG Jiahong. Research on legume crop disease identification based on support vector machines[J]. Computer Knowledge and Technology, 2019, 15(24): 210－211. (in Chinese)

[7] BHOLA A, KUMAR P. Deep feature-support vector machine based hybrid model for multi-crop leaf disease identification in corn, rice, and wheat[J]. Multimedia Tools and Applications, 2024, 84(8): 1－21.

[8] 梁莹，马琨，张馨予，等. 基于近红外光谱和随机森林的烟叶病害种类识别[J]. 激光与光电子学进展，2024，61(15)：362－369.
LIANG Ying, MA Kun, ZHANG Xinyu, et al. Identification of tobacco leaf disease types based on near-infrared spectroscopy and random forest[J]. Advances in Lasers and Optoelectronics, 2024, 61(15): 362－369. (in Chinese)

[9] SU J, LIU C, COOMBES M, et al. Wheat yellow rust monitoring by learning from multispectral UAV aerial imagery[J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2018, 155: 157－166.

[10] MAHMUDUL S H, MICHAL J, ZBIGNIEW L, et al. Plant disease identification using shallow convolutional neural network [J]. Agronomy, 2021, 11(12): 2388.

[11] JIAWEI G, YU J, HUICHUN Y, et al. Recognition of areca leaf yellow disease based on planet scope satellite imagery[J]. Agronomy, 2021, 12(1): 4－14.

[12] WEIRONG C, JUNDE C, RUI D, et al. MS－DNet: a mobile neural network for plant disease identification[J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2022, 199: 107175.

[13] R. A A, S. U. Effective multi-crop disease detection using pruned complete concatenated deep learning model[J]. Expert Systems with Applications, 2023, 213(PA): 118905.

[14] 王云露，吴杰芳，兰鹏，等. 基于改进 Faster R－CNN 的苹果叶部病害识别方法[J]. 林业工程学报，2022，7(1)：153－159.
WANG Yunlu, WU Jiefang, LAN Peng, et al. Apple leaf disease detection method based on improved Faster R－CNN[J]. Journal of Forest Engineering, 2022, 7(1): 153－159. (in Chinese)

（下转第 374 页）

aeration[J]. Environment Technology, 2024, 46(3): 443 – 452.
[19] 黄金枝, 胡桂萍, 俞燕芳,等. 微生物在农业废弃物堆肥应用中的研究进展[J]. 广东农业科学,2019,46(1):64 – 70.
HUANG Jinzhi, HU Guiping, YU Yanfang, et al. Research progress of microbe in agricultural waste composting[J]. Guangdong Agricultural Sciences, 2019, 46(1): 64 – 70. (in Chinese)
[20] 聂永丰. 三废处理技术工程手册[M]. 5 版. 北京:化学工业出版社, 2000.
[21] PUYUELO B, GEA T, SÁNCHEZ A. A new control strategy for the composting process based on the oxygen uptake rate[J]. Chemical Engineering Journal, 2010, 165(1): 161 – 169.
[22] 中华人民共和国农业农村部. 有机肥料:NY/T 525—2021[S]. 北京:中国农业出版社,2021.
[23] HE X Q, HAN L J, GE J Y, et al. Modelling for reactor-style aerobic composting based on coupling theory of mass-heat-momentum transport and contois equation[J]. Bioresource Technology, 2018, 253: 165 – 174.
[24] 戴启鹏,向明灯,常兆峰,等. 农林废物对畜粪堆肥有机质转化和酶活性的影响[J]. 环境工程技术学报,2024,14(5):1541 – 1549.
DAI Qipeng, XIANG Mingdeng, CHANG Zhaofeng, et al. Effects of agricultural and forestry wastes on organic matter conversion and enzyme activity in livestock manure composting[J]. Journal of Environmental Engineering Technology, 2024, 14(5): 1541 – 1549. (in Chinese)
[25] 王丽丽,孙东升,许雷,等. 秸秆过滤猪场废水及滤料与猪粪好氧堆肥研究[J]. 农业工程学报,2022,38(19):180 – 189.
WANG Lili, SUN Dongsheng, XU Lei, et al. Straw filtering wastewater and aerobic composting of filter residues and manure on a pig farm[J]. Transactions of the CSAE, 2022, 38(19): 180 – 189. (in Chinese)
[26] ZHANG W M, YU C X, WANG X J, et al. Increased abundance of nitrogen transforming bacteria by higher C/N ratio reduces the total losses of N and C in chicken manure and corn stover mix composting[J]. Bioresource Technology, 2020, 297: 122410.

(上接第 233 页)

[15] WEN C,HE W,WU W, et al. Recognition of mulberry leaf diseases based on multi-scale residual network fusion SENet[J]. Plos ONE,2024,19(2):e0298700.
[16] 鲁林. 基于深度学习的桑叶病害识别研究[D]. 南充:西华师范大学,2023.
LU Lin. Research on mulberry leaf disease identification based on deep learning[D]. Nanchong: Xihua Normal University, 2023. (in Chinese)
[17] SALAM A, NAZININE M, JAHAN N, et al. Mulberry leaf disease detection using CNN-based smart android application[J]. IEEE Access, 2024, 12: 83575 – 83588.
[18] 罗斌,李家超,周亚男,等. 基于改进 YOLO v8 的轻量化稻瘟病孢子检测方法[J]. 农业机械学报,2024,55(11):32 – 38.
LUO Bin, LI Jiachao, ZHOU Ya'nan, et al. Lightweight rice blast spores detection method based on improved YOLO v8[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery,2024,55(11):32 – 38. (in Chinese)
[19] 姚百蔚,邵佳慧,徐英杰,等. 基于改进 YOLO v9 的番茄病害检测[J]. 计算机技术与发展,2025,35(6):56 – 61.
YAO Baiwei, SHAO Jiahui, XU Yingjie, et al. Tomato disease detection based on an improved YOLO v9[J]. Computer Technology and Development, 2025, 35(6): 56 – 61. (in Chinese)
[20] LIU W,WANG S,GAO X, et al. A tomato recognition and rapid sorting system based on improved YOLO v10[J]. Machines, 2024,12(10):689.
[21] 王泰华,郭亚州,张家乐,等. 基于改进 YOLO v5s 的水稻害虫识别研究[J]. 农业机械学报,2024,55(11):39 – 48.
WANG Taihua, GUO Yazhou, ZHANG Jiale, et al. Rice pest identification based on improved YOLO v5s[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery,2024,55(11):39 – 48. (in Chinese)
[22] WANG Z,SU Y,KANG F, et al. PC – YOLO 11s: a lightweight and effective feature extraction method for small target image detection[J]. Sensors,2025,25(2):348.
[23] MD N, H E M C,ABDUS S, et al. Explainable deep learning model for automatic mulberry leaf disease classification[J]. Frontiers in Plant Science,2023,14:1175515.
[24] LI Y,LI X,DAI Y, et al. LSKNet: a foundation lightweight backbone for remote sensing[J]. International Journal of Computer Vision,2024,133(3):1 – 22.
[25] 张志玮,叶曦,杨志红. 基于曼哈顿距离自注意力机制的 U – Net3 + 图像分割[J]. 江汉大学学报(自然科学版),2024,52(2):56 – 67.
ZHANG Zhiwei, YE Xi, YANG Zhihong. U – Net3 + image segmentation based on a Manhattan distance self-attention mechanism[J]. Journal of Jianghan University (Natural Science Edition), 2024, 52(2): 56 – 67. (in Chinese)
[26] ZAMIR S W, ARORA A, KHAN S, et al. Restormer: efficient transformer for high-resolution image restoration[C]// Proceedings of the IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, 2022: 5728 – 5739.
[27] ZHAO Y, LV W, XU S, et al. Detrs beat yolos on real-time object detection[C]// Proceedings of the IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, 2024: 16965 – 16974.
[28] HUANG S, LU Z, CUN X, et al. Deim: Detr with improved matching for fast convergence[C]// Proceedings of the Computer Vision and Pattern Recognition Conference, 2025: 15162 – 15171.