doi:10.6041/j.issn.1000-1298.2026.18.007

基于改进 YOLO 11s 的轻量化大豆炭疽病孢子检测方法

雷　雨[1,2]　何梦奇[1]　阮　瑞[1,2]　阮　超[1,2]　杨　雪[3]　赵晋陵[1,2]　黄林生[1,2]
(1.安徽大学互联网学院, 合肥 230601; 2.安徽大学农业生态大数据分析与应用技术国家地方联合工程研究中心, 合肥 230601;
3.安徽省农业科学院植物保护与农产品质量安全研究所, 合肥 236065)

摘要: 大豆炭疽病由病原体平头炭疽菌侵染引起,其分生孢子可随雨水迅速传播,严重威胁大豆产量与品质,孢子检测是病害早期监测与精准防控的重要基础。针对大豆炭疽病孢子目标尺度小、现有检测模型参数量大、浮点运算量高且难以满足边缘设备部署需求等问题,本文提出一种基于改进 YOLO 11s 的轻量化大豆炭疽病孢子检测模型 HAD-YOLO。主干网络中引入 ADown 下采样模块,利用多路径池化和通道分离机制,在降低模型复杂度的同时增强孢子边缘与细节特征提取能力;颈部网络采用高级筛选特征金字塔网络(High-level screening feature pyramid network,HS-FPN)替代原有结构 PANet,通过通道压缩与动态筛选融合机制强化多尺度特征表达,提升孢子小目标特征表达与定位能力;此外,检测头设计为轻量化共享卷积检测头(Lightweight shared convolutional detection head,LSCD),借助分组卷积与权重共享策略,进一步减少模型参数量与计算量,同时保持低倍率显微场景下孢子定位与分类性能;边界框回归损失函数采用 WIOU v3 替代 CIoU(Complete intersection over union),通过动态聚焦机制减弱低质量样本梯度干扰,提升模型训练稳定性与泛化能力。自建数据集试验结果表明,HAD-YOLO 模型精确率、召回率与 mAP50 分别达到 92.3%、85.3% 和 90.9%,较基线模型分别提升 3.4、3.0、4.1 个百分点,模型参数量、浮点运算量和模型内存占用量分别降低 46.8%、36.6% 和 46.4%。树莓派 4B 平台部署测试结果表明,模型单幅图像平均推理时间为 57.5 ms,具备较好的实时检测能力。本文所提方法在保证较高检测精度的同时实现了模型轻量化,为大豆炭疽病孢子显微图像智能检测和边缘端部署提供方法基础。

关键词: 大豆炭疽病; 孢子检测; 轻量化; 改进 YOLO 11s; ADown
中图分类号: TP391.4　　**文献标识码**: A　　**文章编号**: 1000-1298(2026)18-0070-11　　**OSID**:

Lightweight Soybean Anthracnose Spore Detection Method Based on Improved YOLO 11s

Lei Yu[1,2]　He Mengqi[1]　Ruan Rui[1,2]　Ruan Chao[1,2]　Yang Xue[3]　Zhao Jinling[1,2]　Huang Linsheng[1,2]
(1. *School of Internet*, *Anhui University*, *Hefei* 230601, *China*
2. *National Engineering Research Center for Agro-ecological Big Data Analysis and Application*, *Anhui University*, *Hefei* 230601, *China*
3. *Institute of Plant Protection and Agro-products Safety*, *Anhui Academy of Agricultural Sciences*, *Hefei* 236065, *China*)

Abstract: Soybean anthracnose is caused by the pathogen *Colletotrichum truncatum*, and its conidia, the soybean anthracnose spores can spread rapidly with rain, seriously threatening soybean yield and quality. Spore detection is a critical foundation for early disease monitoring and precise control. To address issues such as the small target scale of soybean anthracnose spores, large number of parameters in existing detection models, high computational complexity, and difficulty of meeting edge device deployment requirements, a lightweight soybean anthracnose spore detection model, HAD-YOLO, was proposed based on the improved YOLO 11s. Firstly, the backbone network introduced the ADown downsampling module, using multi-path pooling and channel separation mechanisms to enhance edge and detail feature extraction of spores while reducing model complexity. Secondly, the neck network adopted the high-level screening feature pyramid network (HS-FPN) instead of the original PANet structure, strengthening

收稿日期: 2026-05-25　修回日期: 2026-06-10
基金项目: 国家自然科学基金项目(32301701)、安徽省高等学校科学研究项目(2022AH050085)、河南省重点研发专项(241111110800)、安徽省自然科学基金项目(2508085QD124)和合肥市自然科学基金项目(202309)
作者简介: 雷雨(1990—),男,副教授,博士,主要从事气传真菌孢子智能检测与应用研究,E-mail: leiyu@ahu.edu.cn
通信作者: 黄林生(1977—),男,教授,博士,主要从事农业病虫害遥感监测与应用研究,E-mail: linsheng0808@ahu.edu.cn

multi-scale feature representation through channel compression and dynamic screening fusion mechanisms and improving the encoding and localisation capability for small spore targets. Additionally, the detection head was designed as a lightweight shared convolutional detection head (LSCD), further reducing model parameters and computational load through grouped convolution and weight-sharing strategies while maintaining spore localisation and classification performance under low-magnification microscopic scenarios. Finally, the bounding box regression loss function used WIOU v3 instead of complete intersection over union (CIoU), mitigating low-quality sample gradient interference through a dynamic focusing mechanism, enhancing model training stability and generalisation ability. Experimental results on a self-built dataset showed that the HAD - YOLO model achieved precision, recall, and mAP50 of 92.3%, 85.3%, and 90.9%, respectively, improving over the baseline model by 3.4, 3.0, and 4.1 percentage points, while reducing model parameters, computational complexity, and weight file size by 46.8%, 36.6%, and 46.4%, respectively. Deployment tests on the Raspberry Pi 4B platform showed an average inference time of 57.5 ms per image, demonstrating favourable real-time detection capability. The research result indicated that this method achieved model lightweighting while ensuring detection precision, providing a methodological foundation for intelligent microscopic image detection and edge deployment of soybean anthracnose spores.

Key words: soybean anthracnose; spore detection; lightweight; improved YOLO 11s; ADown

0　引言

大豆是重要的粮食与油料作物，在保障粮食安全、优化种植结构以及促进农业可持续发展中具有重要作用。我国大豆种植面积约为 9.88×10^{10} hm^2，年总产量约 1.96×10^{11} t[1]。在大豆生产过程，多种病害均会对产量与品质造成不利影响，其中由平头炭疽菌(*Colletotrichum truncatum*)引起的大豆炭疽病尤为突出，已经成为制约产业健康发展的重要因素之一[2]。该病原菌主要借助雨水传播，其分生孢子可侵染植株茎秆、叶片及豆荚，诱发褐色凹陷病斑，严重时可导致叶片系统性坏死，在适宜条件下造成的田间减产甚至高达 100%[3]。已有研究表明，孢子数量与炭疽病发生程度及流行过程密切相关[4-5]。因此，开展大豆炭疽病孢子高精度检测，对病害早期预警与精准防控具有重要意义。

传统孢子检测主要依赖人工显微镜检观察，检测效率较低，且结果易受操作经验影响，主观性较强。实时定量聚合酶链式反应技术 PCR(qPCR)虽在灵敏度与定量分析方面具有明显优势，并常被视为病原检测重要方法[6]，但对实验环境和样品预处理流程有较高要求，推广应用受到一定限制。近年来，微流控流式细胞学与自动化显微图像分析发展在一定程度上提升了检测通量与便携性[7-8]；近红外、微拉曼、激光散射及阻抗检测等技术与微流控平台结合，进一步增强了病原识别能力与检测灵敏度[9-11]。但这类方法通常仍依赖专用仪器，设备成本较高，实际推广仍面临一定障碍。随着图像处理与机器学习方法发展，基于图像特征分析的孢子检测研究逐步受到关注，领域学者围绕颜色、纹理及衍射特征开展了相关研究[12-13]。然而，手工特征方法对特征设计依赖较强，复杂场景下表征能力有限，模型泛化性能不足，难以满足复杂农业场景下对精度与鲁棒性要求[14-15]。

相比传统方法，深度学习能够从原始数据中自动学习多层次特征，在复杂背景建模与目标表征方面更具优势，为孢子自动检测提供了新的技术路径。基于卷积神经网络的目标检测模型能够同时完成特征提取与目标定位，在农业病害识别领域已表现出较好的应用潜力[16-17]。其中，双阶段检测器如 R-CNN[18]、Faster R-CNN[19]等具有较高检测精度，但模型结构较复杂，推理速度相对慢；单阶段检测模型如 YOLO[20]、SSD[21]等在检测速度方面更具优势，更适合实时应用场景。围绕农作物病原孢子检测，已有研究开展了多种有益性探索[22-25]。

尽管深度学习方法已在部分作物病原孢子检测任务中取得了较好效果，但针对大豆炭疽病孢子的自动检测研究仍较少见。大豆炭疽病孢子目标尺度较小、细节特征微弱，增加了检测难度，同时现有检测模型普遍存在参数量较大、浮点运算量较高等问题，对 GPU 或高性能 CPU 的依赖较强，不利于在实际农业生产中常用的资源受限边缘设备上部署应用[26-27]。

本文以 YOLO 11s 为基础，构建一种轻量化大豆炭疽病孢子检测模型 HAD-YOLO。通过改进下采样结构，降低模型参数量与计算开销，提升模型在资源受限平台上部署适应性；采用 HS-FPN 替代 PANet，增强多尺度特征融合能力，提高小目标孢子检测性能；引入轻量级共享卷积检测头 LSCD，在保证检测精度的同时进一步压缩模型规模；利用

WIOU v3 替代 CIoU 作为边界框回归损失函数,以减弱模糊、遮挡等低质量样本对训练过程不利影响,提升模型稳定性与泛化能力;最后,将所提模型部署于树莓派 4B 平台进行性能验证,以期为大豆炭疽病孢子显微图像智能检测和边缘端部署提供技术支持。

1 材料与方法

1.1 大豆炭疽病孢子显微图像采集

供试样本为安徽省农业科学院提供的大豆炭疽病孢子悬浮液,保存于 4℃恒温生物安全柜中备用。采用 Olympus BX53 型生物显微镜与 DP23 - CU CMOS 型相机协同完成大豆炭疽病孢子显微图像采集,图像采集与处理由 CellSens Entry 软件统一控制。样品制备过程,使用微量移液器吸取 15 μL 孢子悬浮液,滴加于洁净载玻片中央区域,并轻覆盖玻片,以减少气泡对成像质量的影响。将制备好的玻片置于显微镜载物台,在低倍物镜下选取孢子分布均匀、形态清晰的视野区域,再切换至目标放大倍率进行图像采集。在 200 × 放大倍率条件下进行拍摄,所得显微图像分辨率为 1 544 像素 × 1 038 像素,格式为 JPEG 格式。在保证孢子形态完整、清晰可辨前提下,每个玻片选取多个非重叠显微视野进行拍摄,最终获取 542 幅高质量大豆炭疽病孢子显微图像,构成原始数据集。统计结果表明,数据集中共包含 28 727 个标注目标,单幅图像中孢子数量为 11 ~ 98 个。部分孢子显微图像样本如图 1 所示。

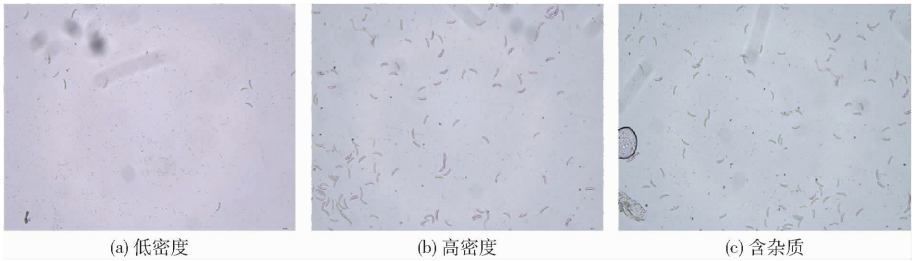

图 1 大豆炭疽病孢子显微图像样本

Fig. 1 Microscopic image samples of soybean anthracnose spores

由图 1 可见,大豆炭疽病孢子在显微图像中主要呈镰刀形、两端尖细,颜色由淡褐色至深褐色不等。部分图像中存在孢子密集分布、粘连或重叠现象,同时伴有细小杂质干扰。由于孢子在整幅图像中占比较小,长轴方向尺寸为 15 ~ 40 像素,且受景深范围与聚焦条件限制,部分孢子边缘存在一定程度的模糊现象,一定程度上增加了检测任务难度。

为保证验证集与测试集样本独立性,基于 542 幅原始图像数据集按比例 7∶2∶1 随机划分成训练集、验证集与测试集,分别包含 380、108、54 幅图像。为增加样本数量、丰富场景复杂度并提升模型对大豆炭疽病孢子特征学习能力,采用旋转、加噪、翻转、亮度调节、模糊处理及随机遮挡等方式对训练集进行扩充。数据增强后,对生成图像进一步筛选,删除亮度过高、噪声过多及模糊过度等与实际应用场景差异较大的样本,最终保留 2 274 幅显微图像用于构建训练集,部分孢子显微图像增强效果如图 2 所示。

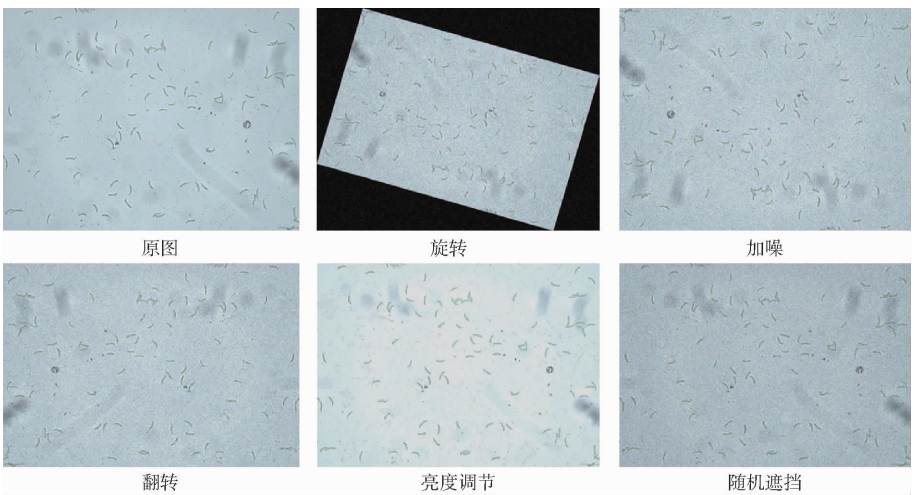

图 2 孢子显微图像增强效果

Fig. 2 Enhancement effects of spore microscopic images

采用标注工具 LabelImg 对图像中孢子进行标注，以外接矩形最小包围框作为标注框，尽可能覆盖完整孢子轮廓及其边缘模糊区域；对于孢子相互粘连或重叠的情况，分别对每个孢子进行独立标注，若重叠区域过大导致孢子主体轮廓不可辨，则不予标注；对于位于图像边缘且被截断的孢子，以可见部分是否超过完整孢子形态的 50% 作为是否标注的判定标准。标注完成后，每幅图像对应生成 1 个包含目标类别与位置信息的 txt 格式标签文件。

1.2　YOLO 11 模型

YOLO 11 是由 Ultralytics 团队提出的一种单阶段检测模型，在训练效率、推理速度、参数规模及计算复杂度等方面均进行了优化[28]。相较于 Faster R－CNN等两阶段算法，YOLO 11 在保证检测性能的同时具有更好实时性，更适用于对检测速度要求更高的应用场景。其结构主要由主干网络（Backbone）、颈部网络（Neck）和检测头（Head）等 3 部分组成。

在网络结构上，YOLO 11 在主干中引入 C3k2 模块替代传统 C2f 模块，以增强特征提取能力；同时结合 C2PSA 模块与改进的空间金字塔池，进一步加强多尺度特征学习能力与特征表示多样性。在模型运行过程，输入层首先接收大豆炭疽病孢子显微图像，并完成相应预处理，为特征提取提供基础。随后，主干网络对图像进行深层特征提取，获取孢子形状、纹理及边缘等关键信息；颈部网络进一步完成不同层级特征的融合、通道调整与尺度变换，以增强特征表达能力；最后检测头基于融合后特征图完成目标定位与类别判别，实现对大豆炭疽病孢子的检测[29]。

2　HAD－YOLO 检测模型

尽管深度卷积网络在目标检测任务中通常具有较高精度，但参数量和浮点运算量往往较大，限制了在边缘设备中应用。YOLO 11s 模型作为 YOLO 11 系列中轻量化模型，在检测速度与精度之间具有较好的平衡，已在多种目标检测任务中表现出较强性能。然而，对于大豆炭疽病孢子显微图像中孢子尺寸较小、颜色及纹理特征不显著等问题，YOLO 11s 在细粒度特征提取与背景干扰抑制方面仍存在一定不足，容易影响孢子的精准识别。与此同时，模型中部分结构仍具有较高计算开销，不利于资源受限平台上快速部署与实时应用。因此，针对大豆炭疽病孢子检测任务对 YOLO 11s 进行轻量化与针对性优化具有必要性。综合考虑模型检测速度、推理速度及部署成本，选用 YOLO 11s 作为基准模型，并从 4 个方面进行改进，构建 HAD－YOLO 检测模型。①在主干网络中引入 ADown 模块，利用多路径池化和通道分离机制，降低模型参数量与计算开销，同时减少小目标孢子特征在下采样过程的丢失，增强孢子边缘与细节特征提取能力。②在颈部特征融合阶段引入高级筛选特征金字塔网络 HS－FPN，优化多尺度特征融合过程，提高模型对小目标孢子的表征与检测性能。③设计轻量化共享卷积检测头 LSCD，采用分组卷积与权重共享策略，进一步降低模型参数量与浮点运算量，同时保持低倍率显微场景下孢子定位与分类性能。④将边界框回归损失函数由 CIoU 替换为 WIOU v3，利用动态聚焦机制减弱低质量样本对模型训练的不利影响，从而提升模型稳定性与泛化能力。在上述改进基础上，构建得到 HAD－YOLO 模型，网络结构如图 3 所示。

2.1　ADown 模块

在原始 YOLO 11s 主干网络中，下采样操作主要由标准卷积层（Conv）完成，即通过步长大于 1 的卷积核在提取特征的同时压缩特征图空间尺寸[30]。对于输入特征图 $X \in \mathbf{R}^{C_{\text{in}} \times H \times W}$，输出特征图为 $Y \in \mathbf{R}^{(C_{\text{out}} \times H/2 \times W/2)}$，卷积核记为 $K \in \mathbf{R}^{C_{\text{out}} \times C_{\text{in}} \times k \times k}$。其参数量可表示为

$$P_{\text{conv}} = C_{\text{out}} C_{\text{in}} k^2 \tag{1}$$

式中　C_{in}、C_{out}——输入通道数和输出通道数

k——卷积核尺寸

标准卷积下采样仍存在不足：①标准卷积通常采用较大步长完成空间降采样，易导致孢子边缘、纹理等细粒度特征在多次下采样过程逐渐模糊甚至丢失。②图像中常伴有灰尘、杂质等背景干扰，传统卷积缺乏针对性的噪声抑制机制，易引入无关特征响应。③固定感受方式的卷积核对孢子多角度分布适应能力有限，尤其在孢子密集堆叠场景下，易引起目标边界混淆。为此，在主干网络中引入 ADown 模块[31]，结构如图 4 所示。

由图 4 可看出，ADown 采用多路径池化与通道分离机制相结合设计。首先，通过平均池化从不同尺度特征图中提取全局上下文信息，在保留空间细节同时提高对小目标敏感性。随后，将输入特征沿通道维度划分为左右分支。其中，左分支将输入通道数减半后，采用 3 × 3 卷积与平均池化相结合方式，以提取局部纹理信息并完成空间降采样。相较传统卷积堆叠结构，该分支移除 1 × 1 卷积层，从而减少冗余计算并增强局部细节建模能力，其参数量表示为

$$P_{\text{left}} = 3 \times 3 \times (C_{\text{out}}/2)(C_{\text{in}}/2) \tag{2}$$

右分支则采用 1 × 1 卷积与最大池配合的方式，

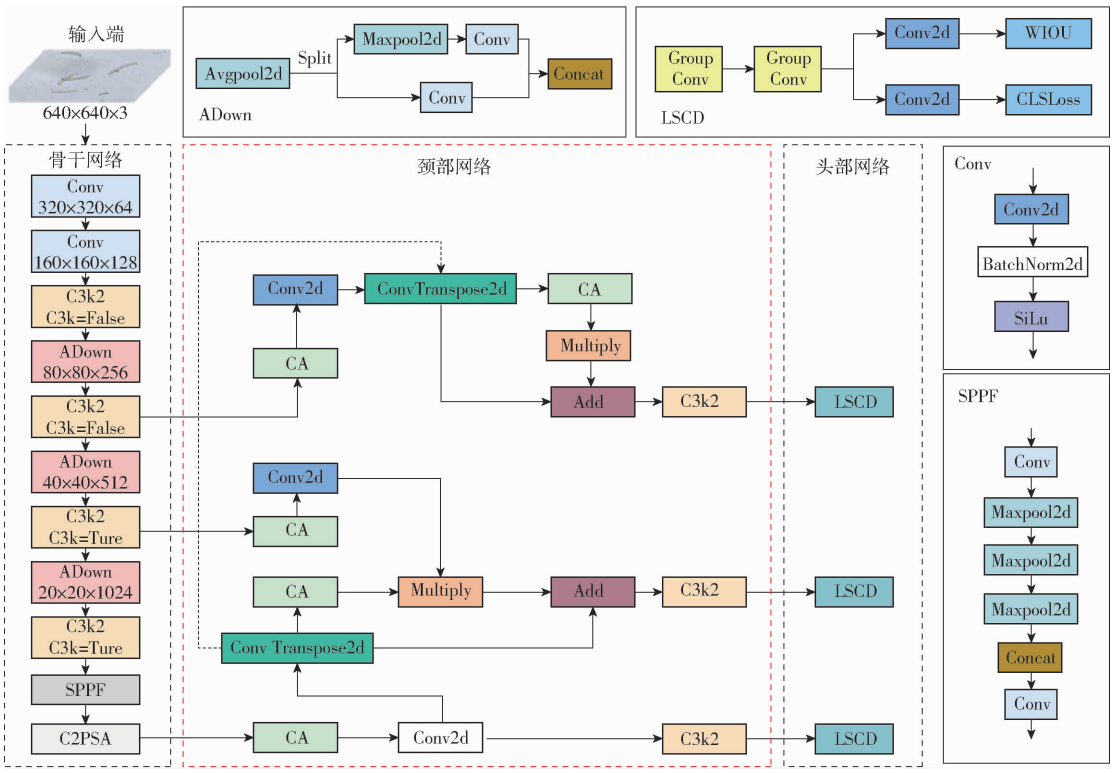

图 3 HAD－YOLO 网络结构

Fig. 3 HAD－YOLO network framework

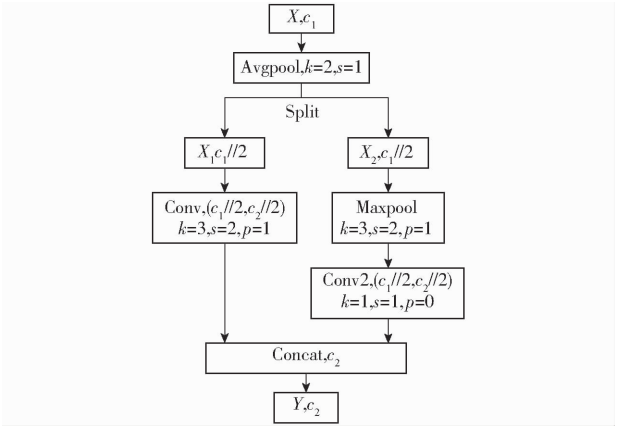

图 4 ADown 结构

Fig. 4 Structure of ADown

重点提取显著响应特征，以补充全局判别信息，其参数量表示为

$$P_{\text{right}} = 3 \times 3 \times (C_{\text{out}}/2)(C_{\text{in}}/2) \tag{3}$$

最后，将 2 个分支输出的特征在通道维度进行拼接（Concat），得到与原通道数一致的输出特征图。ADown 模块通过双分支协同处理，在降低模型参数量与计算开销的同时，能够有效保留孢子边缘与形态细节，为后续特征融合与目标分类提供更高质量的特征表示。

2.2 HS－FPN 模块

传统特征金字塔网络主要通过上采样与逐元素相加实现多尺度特征融合，未充分考虑不同层级特征对小目标检测贡献程度的差异。低倍率显微图像中，孢子目标尺寸小，占比低。浅层特征虽保留了较多孢子边缘与纹理信息，但易受背景噪声干扰；深层特征语义表达能力较强，但多次下采样后空间分辨率下降，易丢失孢子的精细位置信息。针对上述问题，本文采用高级筛选特征金字塔网络（High-level screening feature pyramid network，HS－FPN）替代 PANet，HS－FPN 结构如图 5 所示。

从图 5 可看出，HS－FPN 由特征选择模块和特征融合模块 2 部分组成。首先，不同尺度的特征图在特征选择模块中经历筛选过程。随后，通过选择性特征融合（SFF）机制协同对特征图中高层语义信息与低层细节信息进行协同融合。这种融合方式增强了模型对孢子小目标的表征能力，同时显著提高了检测性能，且计算成本较低。

SFF 模块结构如图 6 所示。给定输入的高级特征 f_{high} 和低层特征 f_{low}，首先对 f_{high} 采用步幅为 2，卷积核尺寸为 3×3 的转置卷积（T－Conv）进行尺度扩展，得到扩展后特征 $f_{\overline{\text{high}}}$。随后，为统一高级特征和低层特征的空间尺寸，对 $f_{\overline{\text{high}}}$ 采用双线性插值进行上采样或下采样，得到对齐后特征 f_{att}，其过程表示为

$$f_{\text{att}} = \text{BL}(\text{T}-\text{Conv}(f_{\text{high}})) \tag{4}$$

其中，BL(·) 表示双线性插值操作，T－Conv(·) 表示转置卷积操作。

在此基础上，通过通道注意力模块（CA）将 f_{att}

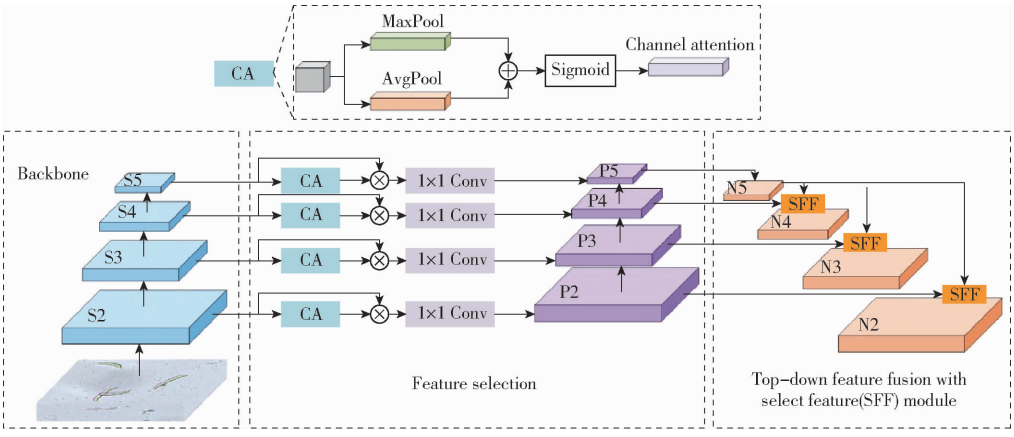

图 5　高级筛选特征金字塔网络

Fig. 5　High-level screening feature pyramid networks

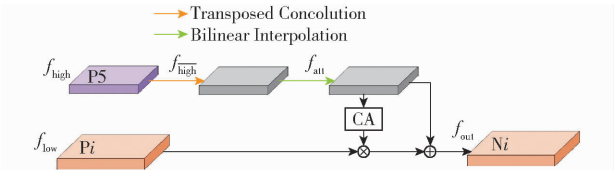

图 6　SFF 模块框架

Fig. 6　Framework of SFF module

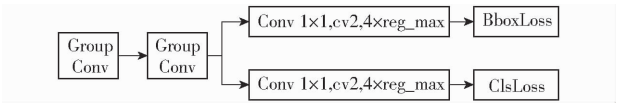

图 7　LSCD 结构

Fig. 7　Structure of LSCD

映射为通道注意力权重，并利用该权重对 f_{low} 进行自适应筛选，从而抑制低层特征中冗余信息与背景干扰。在获得相同维度特征后，将经注意力过滤的低尺度特征与尺寸对齐的高级特征进行融合，以增强多尺度特征的互补表达并得到融合输出 f_{out}，其过程表示为

$$f_{out} = f_{low}\mathrm{CA}(f_{att}) + f_{att} \tag{5}$$

对于大豆炭疽病孢子检测而言，孢子目标尺寸较小，位置与角度的细微变化都可能引起显著的尺度变化。HS－FPN 通过对高低层特征进行有选择的融合，增强了模型对微小孢子的特征表达与定位能力，从而提高了检测效率与实际部署可行性。

2.3　LSCD 检测头

YOLO 11s 原始检测头采用解耦双分支结构，分别对边界框回归与目标分类进行建模。其中，回归分支（cv2）由 2 个标准卷积层串联 1 个 1×1 卷积层组成，分类分支（cv3）则采用深度可分离卷积与标准卷积组合的形式。该设计虽有助于提升检测精度，但同时带来了较高的参数量与浮点运算量，不利于在资源受限的边缘设备上实现孢子实时检测[33]。针对这一问题，提出一种轻量级共享卷积检测头（Lightweight shared convolutional detection head，LSCD），结构如图 7 所示。

在 LSCD 中，来自颈部网络的 P3、P4、P5 多尺度特征图首先经 1×1 卷积完成通道维度调整。经过 2 组共享的 3×3 组卷积，以增强对局部纹理与边缘信息的提取能力。回归分支与分类分支分别采用单层 1×1 卷积直接输出边界框参数与类别置信度，实现任务层面的解耦。组卷积通过将输入特征图与卷积核划分为若干独立分组，在保持输出维度不变的前提下降低浮点运算量。同时，LSCD 进一步在边界框回归分支与分类分支之间共享组卷积层参数，避免对相似中间特征进行重复计算，从而有效压缩检测头的参数规模与浮点运算量。对于大豆炭疽病孢子检测任务而言，该设计在保持孢子定位与分类性能的同时，有助于提高模型在边缘设备上实时推理能力。

2.4　WIOU v3 损失函数

在目标检测任务中，损失函数用于引导模型参数优化，其中边界框回归损失函数直接影响模型的目标定位精度。原始模型 YOLO 11s 采用 CIoU（Complete intersection over union）损失函数[34]，该函数虽综合考虑了边界框重叠面积、中心点距离及宽高比，但在大豆炭疽病孢子检测任务中，CIoU 仍存在一定局限：①未考虑训练样本中难易样本的平衡问题，对所有样本赋予相同权重，易受到简单样本的主导而影响模型对困难样本的学习。②将宽高比作为惩罚因子，当预测框与真实框具有相同宽高比但实际尺寸差异较大时，惩罚项无法准确反映 2 个框之间的真实差异，容易导致训练过程收敛不稳定，限制模型检测精度进一步提升。

为解决上述问题，采用 WIOU v3 损失函数[35]替代边界框回归分支中 CIoU，分类分支仍采用二元交叉熵（BCE）损失，保留 DFL（Distribution focal loss）损失，以提升模型训练性能。如图 8 所示，图中

(x_{gt},y_{gt})为真实边界框中心点坐标,(x,y)为预测框中心点坐标,W_g为真实边界框宽,H_g为真实边界框高,W_i为预测框宽,H_i为预测框高。WIOU v3 引入一种动态非单调聚焦机制,通过评估预测框的离群度β来自适应分配梯度增益。β基于预测框与真实框归一化几何关系,其值越小表示预测框质量越高,表明孢子特征越清晰,定位越准确,计算式为

$$\beta=\frac{L_{IOU}^{*}}{\overline{L}_{IOU}} \tag{6}$$

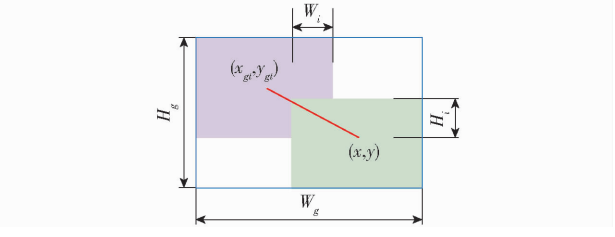

图 8 WIOU v3 损失函数

Fig. 8 WIOU v3 loss function

在此基础上,WIOU v3 基于β构建了 1 个非单调聚焦系数r,对高质量预测框减少损失权重,避免过度优化;对低质量预测框分配较小的梯度增益,有效抑制其产生的有害梯度,从而使模型在训练过程更专注于普通质量样本,系数r计算式为

$$r=\frac{\beta}{\delta\alpha^{\beta-\delta}} \tag{7}$$

式中,δ与α为 1 组超参数,设为 3.0 和 1.9,可控制β和r的映射。

WIOU v3 在 WIOU v1 的基础上结合β构建而成,WIOU v1 定义为

$$L_{WIOUv1}=R_{WIOU}L_{IOU} \tag{8}$$

其中

$$L_{IOU}=1-IOU \tag{9}$$

$$R_{WIOU}=\exp\left(\frac{(x-x_{gt})^2+(y-y_{gt})^2}{(W_g^2+H_g^2)^{*}}\right)$$

$*$表示从计算图中分离(detach)操作。

最终,损失函数 WIOU v3 定义为

$$L_{WIOUv3}=rL_{WIOUv1} \tag{10}$$

该机制通过降低低质量孢子样本在损失计算中的权重,抑制其产生的有害梯度,同时使模型更专注于普通质量样本,有效缓解了预测框扩大问题。相比 CIoU,WIOU v3 不仅能加快模型收敛速度,也能增强训练过程稳定性,从而整体提升目标定位精度与训练效率。

2.5 试验环境与评价指标

本文模型基于 PyTorch 1.12.1 深度学习框架搭建,操作系统为 Windows11(x64),GPU 为 2 块 NVIDIA RTX3090,内存 128 GB,使用 CUDA 11.3 版本进行 GPU 加速。批量设置(batch)为 32,优化器(optimizer)选用 SGD,初始学习率(Learning rate)设置为 0.01,其他超参数延用默认设置,迭代次数为 300 轮,并且最终基于测试集数据统计模型性能指标。

采用精确率(Precision, P)、召回率(Recall, R)、平均精度均值(Mean average precision, mAP50)、模型参数量(Params)、浮点运算量(Floating point operations, FLOPs)和模型内存占用量(Model size)作为模型主要评价指标。

3 结果与分析

3.1 消融试验

为验证各改进模块对模型检测性能的影响,利用消融试验验证改进模块对算法性能的影响。共设计 8 组试验,HAD-YOLO 模型消融试验结果如表 1 所示。

表 1 HAD-YOLO 模型消融试验结果

Tab. 1 HAD-YOLO model ablation experiments

YOLO 11s	ADown	HS-FPN	LSCD	WIOU v3	精确率 P/%	召回率 R/%	mAP50/%	参数量	浮点运算量	模型内存占用量/MB
√	-	-	-	-	88.9	82.3	86.8	9.4×10^6	2.13×10^{10}	18.3
√	√	-	-	-	89.8	83.5	88.1	7.5×10^6	1.72×10^{10}	15.4
√	-	√	-	-	89.8	84.7	89.4	6.7×10^6	1.87×10^{10}	13.0
√	-	-	√	-	89.3	82.9	87.3	9.2×10^6	1.94×10^{10}	18.7
√	-	-	-	√	89.6	83.2	89.2	9.4×10^6	2.13×10^{10}	18.3
√	√	√	-	-	91.1	84.8	90.5	5.3×10^6	1.53×10^{10}	10.9
√	√	√	√	-	90.7	84.7	90.2	5.0×10^6	1.35×10^{10}	9.8
√	√	√	√	√	92.3	85.3	90.9	5.0×10^6	1.35×10^{10}	9.8

注:√表示使用该模块,-表示未使用该模块。

由表 1 可知,单独引入 ADown 模块,参数量、浮点运算量和模型内存占用量分别降至 7.5×10^6、1.72×10^{10} 和 15.4 MB,同时精确率、召回率和 mAP50 分别提升 0.9、1.2、1.3 个百分点。表明

ADown 模块在降低计算负担的同时，能够较好地保留孢子边缘、纹理等细粒度特征，并通过平均池化与最大池化的协同作用减弱背景噪声干扰，从而提升模型特征提取能力；单独引入 HS－FPN 模块，精确率、召回率和 mAP50 均有一定程度的提升，增强了小目标孢子的表征与检测性能，同时参数量和模型内存占用量分别降至 6.7×10^6 和 13.0 MB，具有一定的轻量化效果；单独采用 LSCD 检测头，精确率、召回率和 mAP50 均有不同程度提升，参数量和浮点运算量也有所下降，说明模型轻量化的同时保持了模型的孢子定位与分类性能；单独引入 WIOU v3 损失函数，精确率、召回率和 mAP50 指标均有所提升，表明动态聚焦机制能够改善边界框回归质量；当 HS－FPN 与 ADown 同时引入后，在保持模型检测精度的同时，参数量、浮点运算量和模型内存占用量进一步分别降至 5.3×10^6、1.53×10^{10} 和 10.9 MB；在此基础上加入 LSCD 后，保持模型检测精度的同时，参数量、浮点运算量和模型内存占用量进一步降至 5.0×10^6、1.35×10^{10} 和 9.8 MB；进一步引入 WIOU v3 损失函数后，最终 HAD－YOLO 模型的精确率、召回率和 mAP50 分别达到 92.3%、85.3% 和 90.9%，较基线模型分别提升 3.4、3、4.1 个百分点，参数量、浮点运算量与模型内存占用量分别为 5.0×10^6、1.35×10^{10} 与 9.8 MB，较基准模型分别降低 46.8%、36.6% 与 46.4%。结果表明，所提出的改进方法在提升检测精度的同时有效压缩了模型规模，具备较好的轻量化与边缘部署潜力。

3.2　不同模型性能试验

为验证 HAD－YOLO 模型综合检测性能，在自建大豆炭疽病孢子数据集上，将其与 Faster R－CNN、CenterNet、RT－DETR－L、YOLO v5s、YOLO v8s、YOLO 11s、YOLO 12s 和 YOLO 13s 等典型目标检测模型进行对比试验。为确保各模型在最优或推荐设定下完成训练与评估，YOLO 系列模型统一采用 SGD 优化器配合余弦退火策略，Faster R－CNN 和 CenterNet 采用官方配置，RT－DETR－L 采用其默认的 AdamW 优化器。不同模型试验结果如表 2 所示。

表 2　HAD－YOLO 与其他模型试验结果

Tab. 2　Experimental results of HAD－YOLO with other models

模型	精确率 P/%	召回率 R/%	mAP50/%	参数量	浮点运算量	模型内存占用量/MB
Faster R－CNN	47.7	53.0	41.6	2.8×10^7	9.48×10^{11}	108.1
CenterNet	93.9	76.4	86.1	3.3×10^7	3.51×10^{10}	124.0
RT－DETR－L	85.1	77.8	83.2	2.8×10^7	1.01×10^{11}	59.1
YOLO v5s	88.4	80.3	86.2	7.8×10^6	1.90×10^{10}	16.0
YOLO v8s	88.7	80.5	86.3	9.8×10^6	2.33×10^{10}	20.0
YOLO 11s	88.9	82.3	86.8	9.4×10^6	2.13×10^{10}	18.3
YOLO 12s	88.2	82.0	86.3	9.1×10^6	1.93×10^{10}	18.7
YOLO 13s	88.7	80.7	86.6	9.0×10^6	2.07×10^{10}	18.6
HAD－YOLO	92.3	85.3	90.9	5.0×10^6	1.35×10^{10}	9.8

由表 2 可知，Faster R－CNN 精确率和 mAP50 仅为 47.7%、41.6%，且参数量与浮点运算量显著高于其他模型。这主要与其区域候选生成机制与复杂特征提取结构有关，难以满足微小孢子的高效检测需求。CenterNet 模型具有较高精确率，但大豆炭疽病孢子目标尺度小、形态相似，且部分样本存在边缘模糊和低对比度问题，导致其对部分孢子的响应不足，召回率受到影响，同时其参数量和模型内存占用量较大，不利于边缘端部署。YOLO 系列模型整体检测性能较好，mAP50 均集中在 86.2% ~ 86.8%，但参数量与浮点运算量仍有进一步压缩空间。相比之下，本文提出的 HAD－YOLO 检测性能均优于其他主流模型，在保持较高检测精度的同时显著降低了模型复杂度。结果表明，HAD－YOLO 在检测精度、模型轻量化和部署效率之间取得了较好平衡，可为大豆炭疽病孢子边缘端实时检测提供有效支撑。

3.3　测试结果可视化

各模型在测试集上检测效果如图 9 所示。由图 9b 可知，Faster R－CNN 对小目标孢子的漏检现象较严重；图 9c 中，CenterNet 虽能够检测出部分孢子目标，但整体置信度较低，说明其对边缘模糊、对比度较低的孢子响应不足；图 9d 中，RT－DETR－L 对孢子漏检较严重，且存在一定错检现象；由图 9e ~ 9h 可知，YOLO 系列模型对图像边缘区域的孢子检测效果不理想，部分显示不完整、边缘模糊或特征较弱的孢子未能被有效识别，表明其对弱特征小目标的感知能力仍显不足。相比之下，HAD－YOLO 表现出更高的置信度和更准确的目标定位，鲁棒性更强。对比图 9f 和图 9i 可看出，在孢子堆叠区

域,YOLO 11s 出现较明显的漏检现象,检测框分布较稀疏,且置信度普遍偏低,多数低于 0.7。这是由于传统下采样与特征融合机制在密集小目标场景下易造成特征混淆与空间信息丢失。HAD - YOLO 在高密度孢子区域仍能保持较稳定的检测效果,ADown 模块有效缓解了下采样过程细节丢失问题,HS - FPN 通过选择性特征融合机制增强了微小孢子的多尺度表征能力。HAD - YOLO 在孢子密集区域检测框分布更完整,对堆叠孢子的区分能力更强,漏检情况显著减少。与 YOLO 11s 相比,其召回率由 82.3% 提至 85.3%,进一步验证了所提模型在微小孢子检测任务中的优势。

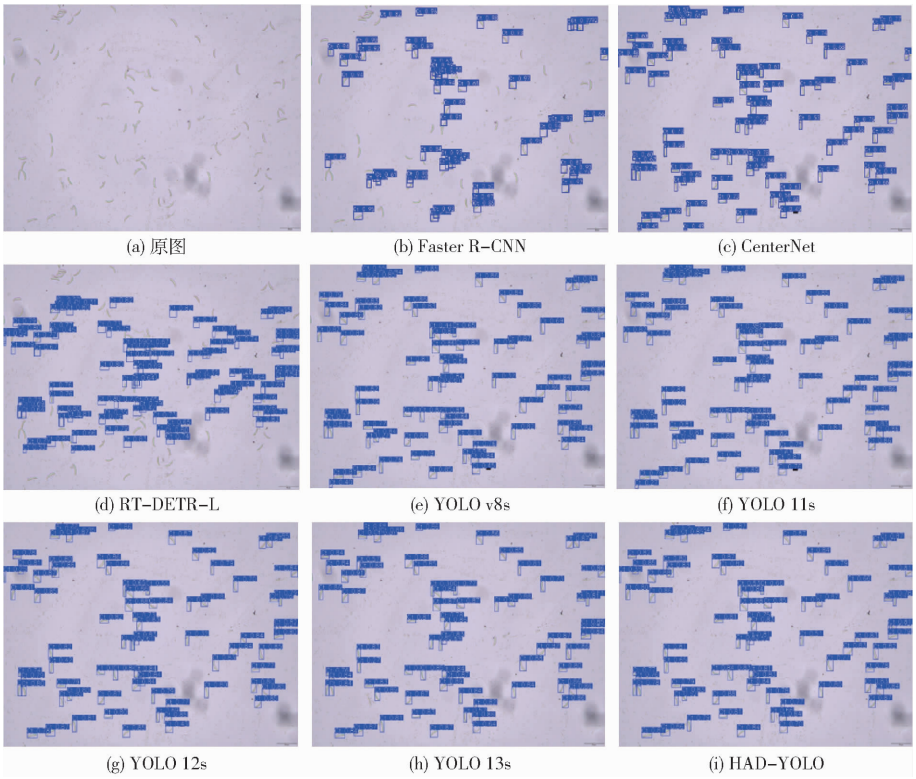

图 9 不同模型对大豆炭疽病孢子的检测结果

Fig. 9 Different models used to detection of soybean anthracnose spores

3.4 类激活热力图

为验证所提模型在大豆炭疽病孢子检测任务中的特征感知与目标定位能力,采用 Grad - CAM (Gradient-weighted class activation mapping) 方法[36]生成类激活热力图。利用目标类别得分对最后一层卷积特征图的梯度信息进行加权计算,并通过全局平均池化获得各通道权重,进而对特征图进行加权融合,生成能够反映模型关注区域的类判别热力图。热力图中高响应区域表示模型类别判断时重点关注的关键视觉特征,低响应区域即对当前预测结果贡献较小。基线 YOLO 11s 与改进模型 HAD - YOLO 的热力图可视化结果如图 10 所示。

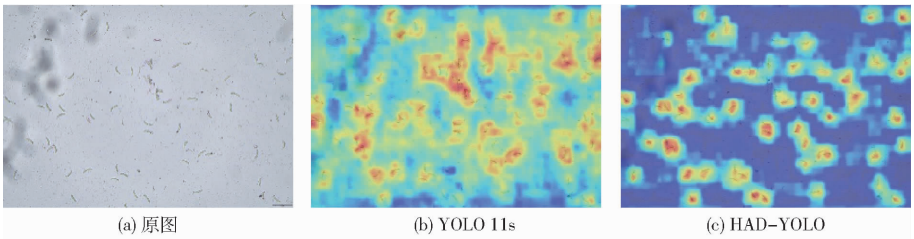

图 10 类激活热力图效果

Fig. 10 Class activation heatmaps effect

由图 10 可看出,YOLO 11s 激活区域相对分散,部分响应落在背景或杂质区域,对边缘模糊、密集分布孢子的关注不足;相比之下,HAD - YOLO 在孢子目标区域呈现出更集中、更强烈的激活响应,能够更准确地聚焦于孢子轮廓、边缘及纹理等关键特征,对部分易漏检目标也表现出更好的关注能力。结果表明,所提模型增强了微小孢子目标的特征感知能力与定位能力,从而提升了检测结果可靠性。

3.5 模型部署

为验证 HAD - YOLO 模型在实际应用场景中的

部署性能，将 YOLO 11s 与 HAD－YOLO 部署于 CPU、GPU 以及树莓派 4B 嵌入式平台，并采用自建数据集中大豆炭疽病孢子测试图像进行性能测试。首先，将训练完成的 PyTorch 模型权重转换为 ONNX（Open neural network exchange）格式，以提高模型跨平台兼容性。随后，利用 ONNX Runtime 作为推理引擎，在 CPU 和 GPU 环境下测试模型推理速度，并面向树莓派 4B 的 ARM 架构进行推理适配，先进行 10 次预热推理以稳定系统状态，随后对测试集中 54 幅图像逐一进行推理，记录每幅图像从预处理（含图像缩放、归一化）到后处理（含 NMS 非极大值抑制）完成的全流程耗时，取所有图像的平均值作为单幅图像平均推理时间。不同平台下测试结果如表 3 所示。

表 3　不同平台性能测试结果

Tab. 3　Performance testing results of different platforms

模型	模型格式	平台	mAP50/%	模型内存占用量/MB	推理时间/ms
YOLO 11s	.pt	CPU	86.8	39.3	60.9
	.pt	GPU	86.8	18.3	4.8
	.ONNX	树莓派 4B	86.3	36.1	70.1
HAD－YOLO	.pt	CPU	90.9	28.8	54.2
	.pt	GPU	90.9	9.8	3.8
	.ONNX	树莓派 4B	88.4	19.2	57.5

由表 3 可知，HAD－YOLO 在 CPU、GPU 和树莓派 4B 平台上单幅图像平均推理时间分别为 54.2、3.8、57.5 ms，均少于基线模型 YOLO 11s 在对应平台的平均推理时间，说明轻量化结构能够有效提升模型推理效率。在树莓派 4B 平台上，HAD－YOLO 的 mAP50 达到 88.4%，较基准模型提高 2.1 个百分点，模型内存占用量减少 16.9 MB，单幅图像平均推理时间为 57.5 ms，较基准模型减少 12.6 ms。结果表明，HAD－YOLO 在边缘设备上能够兼顾检测精度、模型体积与推理速度，具备大豆炭疽病孢子实时检测的应用潜力。

4　结论

（1）提出了一种基于改进 YOLO 11s 的轻量化大豆炭疽病孢子检测模型 HAD－YOLO。主干网络引入 ADown 下采样模块，在降低模型复杂度的同时增强了孢子边缘与细节特征提取能力；颈部网络采用 HS－FPN 替代原有 PANet，提升了孢子小目标的特征表达与定位能力；检测头设计为轻量化共享卷积检测头 LSCD，进一步减少模型参数量与计算量，同时保持低倍率显微场景下的孢子定位与分类性能；边界框回归损失函数采用 WIOU v3 替代 CIoU，通过动态聚焦机制减弱低质量样本梯度干扰，提升了模型稳定性与泛化能力。

（2）改进后模型 HAD－YOLO 精确率、召回率与 mAP50 分别达到 92.3%、85.3% 与 90.9%，较基线模型 YOLO 11s 分别提升 3.4、3.0、4.1 个百分点，其参数量、浮点运算量和模型内存占用量分别降低 46.8%、36.6% 和 46.4%，表明所提模型在提升检测精度的同时有效压缩了模型规模，具备较好的轻量化与边缘部署潜力。在树莓派 4B 嵌入式平台上的部署测试结果表明，HAD－YOLO 在保持较高检测精度的同时，单幅图像平均推理时间为 57.5 ms，能够满足田间场景下大豆炭疽病孢子的实时检测需求，可为大豆炭疽病孢子的边缘端实时检测提供技术支撑。

参　考　文　献

[1] 李建飞，王肖肖，舒跃，等. 大豆炭疽病的分类、流行监测与防治研究进展[J]. 浙江大学学报(农业与生命科学版)，2023，49(4)：463－471.
Li Jianfei，Wang Xiaoxiao，Shu Yue，et al. Research progress on classification，epidemic monitoring and control of soybean anthracnose[J]. Journal of Zhejiang University (Agriculture and Life Sciences)，2023，49(4)：463－471. (in Chinese)

[2] Shi N，Zou H，Qiu D，et al. Resistance risk and novel resistance-related point mutations in target protein Cytb of florylpicoxamid in *Colletotrichum truncatum*[J]. J. Agric. Food Chem.，2025，73(9)：5289－5299.

[3] Shi N N，Lian J P，Qiu D Z，et al. Resistance risk and molecular mechanism associated with resistance to picoxystrobin in *Colletotrichum truncatum* and *Colletotrichum gloeosporioides*[J]. Journal of Integrative Agriculture，2023，22(12)：3681－3693.

[4] 石妞妞，阮宏椿，揭宇琳，等. 福建省大豆炭疽病病原菌的分离与鉴定[J]. 植物保护学报，2022，49(2)：539－546.
Shi Niuniu，Ruan Hongchun，Jie Yulin，et al. Isolation and identification of pathogens causing soybean anthracnose in Fujian Province[J]. Journal of Plant Protection，2022，49(2)：539－546. (in Chinese)

[5] Pandey A K，Kumar A，Mbeyagala E K，et al. Anthracnose resistance in legumes for cropping system diversification[J]. Critical Reviews in Plant Sciences，2023，42(4)：177－216.

[6] Wang A，Shang Z，Jiang R，et al. Development and application of a qPCR-based method coupled with spore trapping to monitor airborne pathogens of wheat causing stripe rust，powdery mildew，and fusarium head blight[J]. Plant Disease，2025，109(2)：257－264.

[7] Yang N, Li T, Dong S, et al. Detection of airborne pathogens with single photon counting and a real-time spectrometer on microfluidics[J]. Lab on a Chip, 2022, 22(24): 4995 – 5007.

[8] Zhang D, Zhang W, Cheng T, et al. Segmentation of wheat scab fungus spores based on CRF_ResUNet + +[J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2024, 216: 108547.

[9] Zhang X, Guo B, Wang Y, et al. A detection method for crop fungal spores based on microfluidic separation enrichment and AC impedance characteristics[J]. Journal of Fungi,2022,8(11):1168.

[10] 杨宁, 张素亮, 王亚飞, 等. 基于气载微流控芯片的作物病害孢子流式动态检测方法[J]. 农业机械学报, 2022, 53(10):318 – 325.
Yang Ning, Zhang Suliang, Wang Yafei, et al. Crop disease spore flow dynamic detection method based on airborne microfluidic chip[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2022, 53(10): 318 – 325. (in Chinese)

[11] Zhang X, Bian F, Wang Y, et al. A method for capture and detection of crop airborne disease spores based on microfluidic chips and micro raman spectroscopy[J]. Foods, 2022, 11(21): 3462.

[12] Wang Y, Mao H, Xu G, et al. A rapid detection method for fungal spores from greenhouse crops based on CMOS image sensors and diffraction fingerprint feature processing[J]. Journal of Fungi, 2022, 8(4): 374.

[13] 潘磊庆, 王振杰, 孙柯, 等. 基于计算机视觉的稻谷霉变程度检测[J]. 农业工程学报, 2017, 33(3): 272 – 280.
Pan Leiqing, Wang Zhenjie, Sun Ke, et al. Detection of rice mildew degree based on computer vision[J]. Transactions of the CSAE, 2017, 33(3): 272 – 280. (in Chinese)

[14] Zhou H, Lai Q, Huang Q, et al. Automatic detection of rice blast fungus spores by deep learning-based object detection: models, benchmarks and quantitative analysis[J]. Agriculture, 2024, 14(2): 290.

[15] Ahmad A, Saraswat D, El G. A survey on using deep learning techniques for plant disease diagnosis and recommendations for development of appropriate tools[J]. Smart Agricultural Technology, 2023, 3: 100083.

[16] Archana R, Jeevaraj P S E. Deep learning models for digital image processing: a review[J]. Artificial Intelligence Review, 2024, 57(1): 11.

[17] Sharma R, Singh A, Kavita, et al. Plant disease diagnosis and image classification using deep learning[J]. Comput Mater Contin, 2022, 71(2): 2125 – 2140.

[18] Bharati P, Pramanik A. Deep learning techniques—R – CNN to Mask R – CNN: a survey[C]// Computational Intelligence in Pattern Recognition, 2019: 657 – 668.

[19] Ren S, He K, Girshick R, et al. Faster R – CNN: towards real-time object detection with region proposal networks[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2017, 39(6): 1137 – 1149.

[20] Jiang P, Ergu D, Liu F, et al. A review of YOLO algorithm developments[J]. Procedia Computer Science, 2022, 199: 1066 – 1073.

[21] Zhai S, Shang D, Wang S, et al. DF – SSD: an improved SSD object detection algorithm based on densenet and feature fusion [J]. IEEE Access, 2020, 8: 24344 – 24357.

[22] 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. Detection of cucumber downy mildew spores based on Faster – NAM – YOLO[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2023, 54(12): 288 – 299. (in Chinese)

[23] Li K, Zhu X, Qiao C, et al. The gray mold spore detection of cucumber based on microscopic image and deep learning[J]. Plant Phenomics, 2023, 5: 0011.

[24] 雷雨,吴碧丽,田洪凯,等. 基于 YOLO v5n 与动态步长搜索的孢子显微成像自动对焦系统设计与试验[J]. 农业机械学报, 2026, 57(3): 332 – 341.
Lei Yu, Wu Bili, Tian Hongkai, et al. Design and experiment of auto-focus system for spore microscopic imaging based on YOLO v5n and dynamic step search[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2026, 57(3): 332 – 341. (in Chinese)

[25] 乔琛,韩宗桓,张一丁,等. 基于改进 YOLO v7 的黄瓜霜霉病菌侵染结构识别方法[J]. 农业机械学报, 2025, 56(11): 528 – 537.
Qiao Chen, Han Zonghuan, Zhang Yiding, et al. Method for identifying infection structures of cucumber downy mildew based on improved YOLO v7 model[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2025, 56(11): 528 – 537. (in Chinese)

[26] Lei Yu, Chen Yang, Zhao Jinling, et al. PPBM – YOLO: a lightweight and accurate detection model for multi-species airborne spores in wheat disease cross-infection scenarios[J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2026, 241: 111325.

[27] 黄成龙, 柯宇曦, 华向东, 等. 边缘计算在智慧农业中的应用现状与展望[J]. 农业工程学报, 2022, 38(16): 224 – 234.
Huang Chenglong, Ke Yuxi, Hua Xiangdong, et al. Application status and prospect of edge computing in smart agriculture [J]. Transactions of the CSAE, 2022, 38(16): 224 – 234. (in Chinese)

(下转第 105 页)

indexes in cucumber leaves[J]. Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica, 2014, 23(6): 141－146. (in Chinese)

[21] Ramezani M, Karimi A M, Shabani S, et al. The role of potassium phosphite in chlorophyll fluorescence and photosynthetic parameters of downy mildew-challenged cucumber *Cucumis sativus* plants[J]. Archives of Phytopathology and Plant Protection, 2017, 50(17－18): 927－940.

[22] Hong J, Ma Z, Zhao J, et al. The effect of jingdusha on cucumber chlorophyll fluorescence parameters under corynespora cassiicola stress[J]. Biotechnology Journal International, 2023, 27(5): 1－9.

[23] 隋媛媛,于海业,张蕾,等.基于叶绿素荧光光谱分析的黄瓜霜霉病害预测模型[J].光谱学与光谱分析,2011,31(11):2987－2990.
Sui Yuanyuan, Yu Haiye, Zhang Lei, et al. Cucumber downy mildew prediction model based on analysis of chlorophyll fluorescence spectrum[J]. Spectroscopy and Spectral Analysis, 2011, 31(11): 2987－2990. (in Chinese)

[24] Xu J T, Zhang Z, Guo Y H, et al. Detection of cucumber powdery mildew based on spectral and image information[J]. Journal of Biosystems Engineering, 2023, 48(2): 115－122.

[25] Chang R, Wang Y, Liu H, et al. Expert diagnosis system of cucumber leaf diseases[C]// Frontier Computing: Proceedings of FC 2020, 2021: 1167－1174.

[26] De Souza R, Grasso R, Peña-Fleitas M T, et al. Effect of cultivar on chlorophyll meter and canopy reflectance measurements in cucumber[J]. Sensors, 2020, 20(2): 509.

[27] Prokhorenkova L, Gusev G, Vorobev A, et al. CatBoost: unbiased boosting with categorical features[C]// Advances in Neural Information Processing Systems, 2018, 31:6638－6648.

[28] Zhang Y, Zhao Z, Zheng J. CatBoost: a new approach for estimating daily reference crop evapotranspiration in arid and semi-arid regions of Northern China[J]. Journal of Hydrology, 2020, 588: 125087.

[29] Sahin E K. Comparative analysis of gradient boosting algorithms for landslide susceptibility mapping[J]. Geocarto International, 2022, 37(9): 2441－2465.

[30] 毛冰滟,谢志江,吴小勇,等.基于引导人工蜂群算法的 3－RPS 并联机构正解优化[J].农业机械学报,2017,48(1):339－345.
Mao Bingyan, Xie Zhijiang, Wu Xiaoyong, et al. Forward kinematics optimization of 3－RPS parallel manipulator based on global-best artificial bee colony algorithm[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2017, 48(1): 339－345. (in Chinese)

[31] Yang Yong, Li Rong, Guo Su, et al. Optimizing the capacity of standalone hybrid renewable energy power generation system by improved artificial bee colony algorithm[J]. Transactions of the CSAE, 2020, 36(15): 217－226.

(上接第 80 页)

[28] 张杰, 温浩军, 郑招辉, 等. 基于 RE－YOLO－QAT 的田间复杂环境下棉花顶芽识别方法研究[J]. 农业机械学报, 2026, 57(7): 45－54.
Zhang Jie, Wen Haojun, Zheng Zhaohui, et al. Research on cotton terminal bud recognition method in complex field environment based on RE－YOLO－QAT[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2026, 57(7): 45－54. (in Chinese)

[29] Khanam R, Hussain M. YOLO v11: an overview of the key architectural enhancements[PP/OL]. V2. arXiv(2024－10－23)[2026－05－25]. https://doi.org/10.48550/arXiv.2410.17725.

[30] Gong X, Yu J, Zhang H, et al. AED－YOLO 11: a small object detection model based on YOLO 11[J]. Digital Signal Processing, 2025, 166: 105411.

[31] Wang C Y, Yeh I H, Mark L H Y. YOLO v9: learning what you want to learn using programmable gradient information[C]// Proceedings of the European Conference on Computer Vision (ECCV), 2024: 1－21.

[32] Chen Y, Zhang C, Chen B, et al. Accurate leukocyte detection based on deformable－DETR and multi-level feature fusion for aiding diagnosis of blood diseases[J]. Comput Biol Med, 2024, 170: 107917.

[33] Wen C, Liu L, Li S, et al. Sugarcane stem node detection with algorithm based on improved YOLO 11 channel pruning with small target enhancement[J]. PLoS One, 2025, 20(9): e0332870.

[34] Zheng Z, Wang P, Liu W, et al. Distance－IoU loss: faster and better learning for bounding box regression[PP/OL]. V2. arXiv(2019－11－19)[2026－05－25]. https://doi.org/10.48550/arXiv.1911.08287.

[35] Tong Z, Chen Y, Xu Z, et al. Wise－IoU: bounding box regression loss with dynamic focusing mechanism[PP/OL]. V2. arXiv(2023－01－08)[2026－05－25]. https://doi.org/10.48550/arXiv.2301.10051.

[36] Selvaraju R R, Cogswell M, Das A, et al. Grad－CAM: visual explanations from deep networks via gradient-based localization[J]. International Journal of Computer Vision, 2020, 128(2): 336－359.