

基于实例分割的黄瓜霜霉病菌侵染结构定量表征

韩宗桓¹ 张一丁² 姜晓雪¹ 李鑫星¹ 王翔宇³ 张领先^{1,4}

(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;
3. 长治学院物理系, 长治 046011; 4. 农村农业部国家数字农产品流通(供应链与物流)创新分中心, 北京 100083)

摘要: 黄瓜霜霉病害严重影响其产量和品质,在显微图像中定量表征黄瓜霜霉病菌侵染结构对判断病菌侵染程度、分析侵染行为具有重要意义。针对各类侵染结构尺寸不一、相互交叉等问题,本文基于实例分割网络实现黄瓜霜霉病菌侵染结构定量表征。构建了黄瓜霜霉病菌原位染色显微图像数据集和黄瓜霜霉病菌显微图像实例分割模型 DS-YOLO v8s,提升了侵染结构检测和分割能力。基于形态学分析方法构建了黄瓜霜霉病菌侵染结构定量表征体系。基于侵染结构定量表征体系设计并实现了黄瓜霜霉病菌侵染结构定量表征系统。试验结果表明,DS-YOLO v8s 模型 mAP^{box}@.5 为 89.5%,mAP^{mask}@.5 为 80.1%。形态分布上孢子、孢子囊、分叉结构和菌丝周长分别为 40~90 像素、200~350 像素、0~1 500 像素、0~800 像素,面积分别为 100~400 像素×像素、3 000~6 000 像素×像素、0~20 000 像素×像素和 0~6 000 像素×像素,孢子与孢子囊圆形度分别为 0.68~0.78 和 0.70~0.85,菌丝长度为 0~300 像素。黄瓜霜霉病菌侵染结构定量表征系统实现了用户登录注册、图像分割和定量表征等功能。研究结果为黄瓜霜霉病早期精准监测与智能防控提供了可复用的技术路径,并为抗病育种高通量表型筛选与病害表型组学标准化评价体系建设奠定了方法学基础。

关键词: 黄瓜霜霉病菌; 侵染结构; 实例分割; 定量表征

中图分类号: TP399 文献标识码: A 文章编号: 1000-1298(2026)10-0198-10 OSID: 

Instance Segmentation-based Quantitative Characterization of Infection Structures of Cucumber Downy Mildew Pathogen

HAN Zonghuan¹ ZHANG Yiding² JIANG Xiaoxue¹ LI Xinxing¹ WANG Xiangyu³ ZHANG Lingxian^{1,4}

(1. College of Information and Electrical Engineering, China Agricultural University, Beijing 100083, China
2. College of Engineering, China Agricultural University, Beijing 100083, China
3. Department of Physics, Changzhi University, Changzhi 046011, China
4. National Digital Agricultural Product Circulation (Supply Chain and Logistics) Innovation Sub-Center, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Beijing 100083, China)

Abstract: Cucumber downy mildew significantly impacts yield and quality. Quantitative characterization of the infection structures of the cucumber downy mildew pathogen in microscopic images is crucial for assessing the degree of pathogen infection and analyzing infection behavior. To address challenges such as varying sizes and overlapping of different infection structures, the quantitative characterization of cucumber downy mildew pathogen infection structures was implemented based on an instance segmentation network. Firstly, an in-situ stained microscopic image dataset of the cucumber downy mildew pathogen was constructed. Secondly, an instance segmentation model for microscopic images of the cucumber downy mildew pathogen, DS-YOLO v8s, was developed, significantly improving the detection and segmentation capabilities of infection structures. Thirdly, a quantitative characterization system for the infection structures of the cucumber downy mildew pathogen was established by using morphological analysis methods. Finally, a quantitative characterization system for the infection structures of the cucumber downy mildew pathogen was designed and implemented. Experimental results

demonstrated that the proposed DS – YOLO v8s model achieved $mAP^{box}@.5$ of 89.5% and $mAP^{mask}@.5$ of 80.1%. In terms of morphological distribution, the perimeters of spores, sporangia, branching structures, and hyphae were concentrated in 40 ~ 90 pixels, 200 ~ 350 pixels, 0 ~ 1 500 pixels, and 0 ~ 800 pixels, respectively; their areas were concentrated in 100 ~ 400 square pixels, 3 000 ~ 6 000 square pixels, 0 ~ 20 000 square pixels, and 0 ~ 6 000 square pixels, respectively. The circularity of spores and sporangia was concentrated in 0.68 ~ 0.78 and 0.70 ~ 0.85, respectively, and the hyphal length was concentrated in 0 ~ 300 pixels. The quantitative characterization system for cucumber downy mildew pathogen infection structures implemented functions such as user registration and login, image segmentation, and quantitative characterization. The research result can provide a reusable technical pathway for the early precise monitoring and intelligent control of cucumber downy mildew, and lay a methodological foundation for high-throughput phenotypic screening in disease-resistant breeding and the establishment of a standardized evaluation system for disease phenomics.

Key words: cucumber downy mildew pathogen; infection structures; instance segmentation; quantitative characterization

0 引言

黄瓜是世界十大蔬菜作物之一^[1]。在黄瓜种植过程,因受卵菌、真菌、细菌或病毒等影响会引发各种病害^[2],导致品质下降并造成经济损失^[3]。黄瓜霜霉病是由古巴假霜霉菌引起的一种气传病害^[4],有其独特的侵染进程。深入探究黄瓜霜霉病菌侵染过程不仅能够揭示其发展的内在规律与侵染机制,还可为早期预警及防控提供重要的理论依据^[5]。在侵染过程,与寄主直接接触的病原物称为侵染结构。霜霉病菌在侵染不同阶段会生成多样化的侵染结构,这些结构的产生与扩展会使病害进一步发展。因此,黄瓜霜霉病菌侵染结构的精确检测和分割对研究病菌侵染过程至关重要。然而,黄瓜霜霉病菌侵染过程侵染结构数量、形态及尺寸均会随时间发生显著变化,导致在实际采集的黄瓜霜霉病菌显微图像中,侵染结构呈尺寸不一、相互交叉、部分遮挡等复杂情况。因此,提升不同侵染结构检测与分割精度,进而对侵染结构的形态特征进行定量分析成为揭示病菌发展规律和侵染机制的关键。

传统的病菌显微图像处理方法通常使用传统方法^[6]对图像中侵染结构进行分割,随后对分割掩膜进行形态学分析,进而统计病菌侵染结构数量^[7]。包含以下步骤:首先对病菌显微图像进行预处理以减少背景干扰,其次使用阈值分割、边缘检测和 k 均值聚类等方法对图像进行分割,随后利用形态学处理消除病菌侵染结构区域的背景噪声和孔洞^[8],最后采用平均面积法、连通区域标记计数法^[9-10]、角点检测法^[11]和循环腐蚀标记法^[12]等实现病菌侵染结构自动计数。文献[13-15]使用此类方法进行了病菌孢子检测与计数。然而,此类传统方法高度依赖阈值设定与手工特征,易受光照变化、噪声、离焦及目标粘连/重叠影响,导致结果对参数敏感、鲁

棒性与跨数据集泛化能力有限。

近年来,随着深度学习与计算机视觉技术的飞速发展,深度学习技术在作物病菌显微图像处理领域的应用越来越广泛。文献[16-23]主要围绕孢子“小目标、密集易重叠、粘连、背景复杂”等检测难点,在 YOLO v5、YOLO v7、YOLO v8 等框架上进行轻量化与结构改进,在保证精度的同时提升推理速度以适配田间边缘设备实时监测与早期预警。然而,现有基于深度学习的作物病菌显微图像研究主要聚焦于病原菌识别与计数,而并未对病菌形态特征进行定量分析,进而无法根据病菌的“形态-功能”适应性探究病菌侵染行为规律。

针对上述问题,本文基于黄瓜霜霉病菌原位染色显微图像构建 DS – YOLO v8s 实例分割网络,以实现病菌各类侵染结构高精度分割。基于分割结果对病菌各类侵染结构的形态特征进行定量表征,揭示病菌侵染特点。设计黄瓜霜霉病菌侵染结构定量表征系统以实现病菌侵染结构实时形态分析。

1 材料与方法

1.1 基于实例分割的黄瓜霜霉病菌侵染结构定量表征策略

黄瓜霜霉病是一种典型的气传性病害,其孢子囊通过气流传播,落在健康黄瓜叶片表面。在适宜环境条件下,孢子囊开始发挥侵染能力。侵染过程为:孢子囊附着在叶片表面,开裂释放游动孢子。游动孢子在水膜中游动,找到适合的侵入点(如气孔)后,形成休止孢并迅速萌发形成芽管,芽管通过气孔进入叶肉细胞间,开始在叶肉细胞间生长并形成菌丝。菌丝在叶肉细胞间不断扩展、吸取细胞内的营养,导致叶片出现黄色或褐色病斑。在病斑背面,菌丝不断生长并从气孔处伸出,形成新的孢囊梗。新的孢子囊在孢囊梗上不断生长发育,这些孢子囊释

放游动孢子,并通过风雨、气流等方式传播到其他健康叶片上,从而完成整个侵染循环。黄瓜霜霉病菌侵染循环过程如图 1 所示。

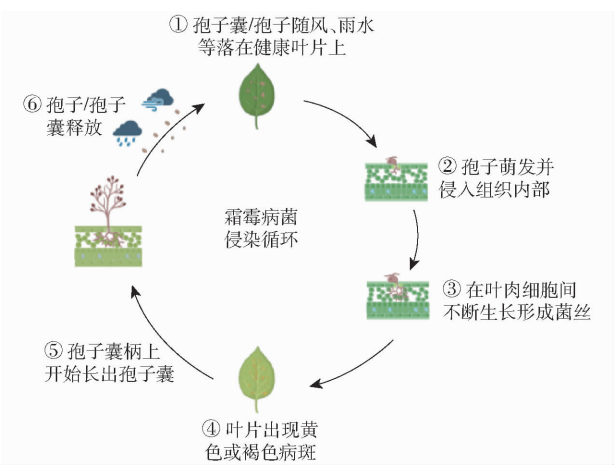


图 1 黄瓜霜霉病菌侵染循环过程

Fig. 1 Infection cycle of cucumber downy mildew pathogen

通过对实例分割模型进行比较,最终选择 YOLO v8s 作为基准模型,并在该模型上不断改进,提高对黄瓜霜霉病菌侵染结构检测和分割能力,以实现对不同侵染结构的精确检测和分割。在此基础上,借助形态学分析方法对侵染结构的形态特征进行定量表征。基于实例分割的黄瓜霜霉病菌侵染结构定量表征流程包括数据采集、数据标注、数据扩充、模型构建、性能分析、表征指标体系构建和结果分析(图 2)。

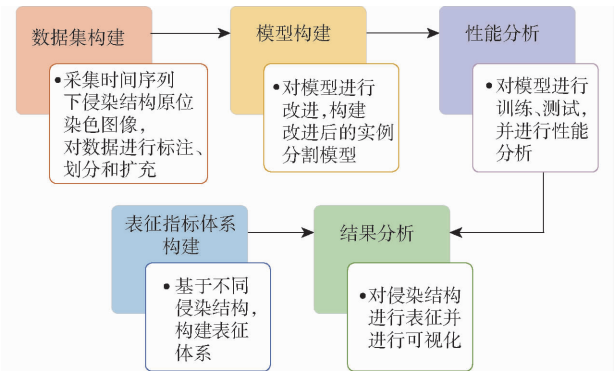


图 2 基于实例分割的黄瓜霜霉病菌侵染结构定量表征流程

Fig. 2 Workflow for instance segmentation-based quantitative characterization of infection structures in cucumber downy mildew

具体流程为:

(1)数据集构建。采集黄瓜霜霉病菌的原位染色图像。使用 Labelme 标注软件对孢子、孢子囊、菌丝、分叉结构等侵染结构的轮廓进行标注。将数据集按比例 8:1:1 划分为训练集、验证集和测试集。通过调整亮度、随机翻转、添加随机点和添加噪声等方式对训练数据进行扩充。

(2)模型构建。选择 YOLO v8s 模型进行改进,构建改进后的实例分割网络 DS-YOLO v8s。

(3)性能分析。DS-YOLO v8s 模型构建完成后,对标注好的训练集进行训练,并使用验证集验证训练后的网络。在测试集上进行测试,以评估实例分割网络泛化能力。

(4)表征指标体系构建。根据不同侵染结构特点,构建适合各类侵染结构形态特征表征方法。

(5)结果分析。对侵染结构进行定量表征并进行可视化。

1.2 数据采集与预处理

(1)试验材料处理。摘下完整的受霜霉病菌侵染黄瓜叶片,使用 1 cm² 打孔器打出圆形叶盘,将叶盘置于一次性 24 孔细胞板中,加入固定液(冰醋酸和无水乙醇 1:1 混合溶液)固定 24 h,以保持其形态和结构。固定完成后,使用脱色液(三氯乙醛水溶液)脱色 1~3 h,以去除叶片中原有的色素,为染色步骤做准备。使用台盼蓝染色液染色 1~3 h。台盼蓝染色液可将侵染结构染色,便于观察。将染色完成的叶盘置于载玻片上,加盖盖玻片。材料处理过程如图 3 所示。

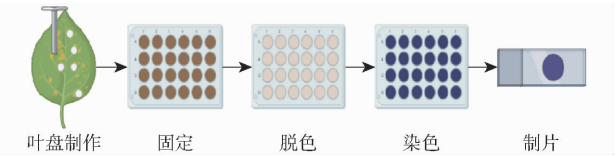


图 3 材料处理过程

Fig. 3 Sample processing workflow

(2)显微图像采集。在黄瓜霜霉病菌显微图像数据采集时,将制备好的载玻片置于显微镜下观察。在低倍镜(200 倍)下寻找病菌侵染结构,在初步寻找到目标后,切换到高倍镜(400 倍)观察目标。根据需求对显微镜焦距进行调整,使得侵染结构尽量清晰。使用显微镜顶部摄像机拍摄可见光图像,保存至计算机,图像存储为 1 280 像素×960 像素。采集 450 幅图像用于霜霉病菌侵染结构定量表征研究,另外采集 1 320 幅显微图像用于构建模型数据集。

(3)数据标注。在数据标注前,首先对已保存的图像进行筛选,去除侵染结构难以分辨图像。使用实例分割标注工具 labelme 对黄瓜霜霉病菌侵染显微图像进行人工标注。对孢子、孢子囊、菌丝和分叉结构等 4 类侵染结构进行标注,图 4 为侵染结构标注示例。

(4)数据扩充。为确保训练结果可靠性,在数据扩充前,将黄瓜霜霉病菌侵染显微图像数据集按比例 8:1:1 划分为训练集、验证集和测试集,分别包

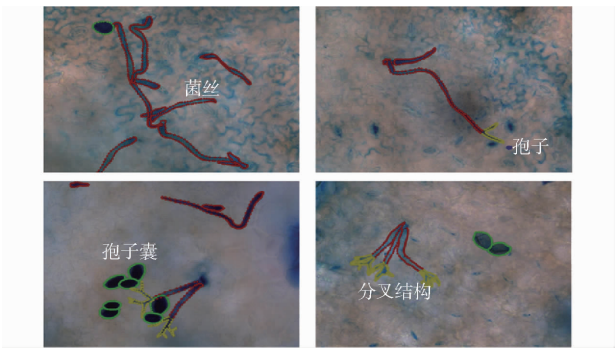


图 4 黄瓜霜霉菌感染结构标注示例

Fig. 4 Annotation examples of infection structures in cucumber downy mildew

含 1 056、132、132 幅图像。采用 4 种数据增强方法对训练集进行混合增强。增强方式分别为随机翻转、亮度调整、添加噪声和添加随机点。每幅图像增强 5 次,每次随机混合至少 1 种增强方式。最终得到 6 336 幅训练集图像,132 幅验证集图像和 132 幅测试集图像。

1.3 实例分割模型构建

1.3.1 DS-YOLO v8s 整体结构

YOLO v8s 网络架构由输入层 (Input)、主干网络 (Backbone)、颈部 (Neck) 和头部 (Head) 4 个部分组成。输入层是模型接收输入图像的关键部分。首先,将输入的原始图像采用双线性插值方法调整为 640 像素 × 640 像素,以确保模型在统一的维度下进行训练和推理。Backbone 部分由 CBS 模块、C2f 模块和 SPPF 模块构成。其中,CBS 模块包含卷积层 (Convolutional layer, Conv)、批量归一化层 (Batch normalization, BN) 以及 SiLU 激活函数 3 个部分。CBS 模块通过对输入图像执行卷积操作以提取初步的低层次特征,同时通过批量归一化和 SiLU 激活函数增强模型稳定性和非线性表达能力。C2f 模块是 YOLO v8s 中用于代替传统 CSP 模块的创新设计,通过多级卷积和跳跃链接实现跨阶段的特征提取,在减少冗余计算的同时保留了丰富的图像细节信息。SPPF 模块则通过多尺度池化处理特征图,帮助网络捕捉全局上下文信息,并在不同尺度下提取特征,融合多尺度的信息,从而提高检测和分割性能。Neck 部分结合了特征金字塔网络 (Feature pyramid network, FPN) 和路径聚合网络 (Path aggregation network, PAN) 结构^[24-25]。其中,FPN 采用自顶向下的方式传递高层特征,并通过横向连接融合多尺度信息,而 PAN 则采用自底向上传递特征,进一步增强特征融合效果。二者的结合有效优化了信息流动,使模型能够更好地捕捉不同尺度特征,提升了模型在复杂场景下检测和分割性能。Head 部分专注于像素级分类与分割。通过特征融合、上采样及卷

积处理,输出每个像素类别概率,实现高精度图像分割。在 YOLO v8s 网络结构中加入 DySample 动态上采样模块和 SCConv 空间通道重组卷积模块,改进后 DS-YOLO v8s 网络结构如图 5 所示。

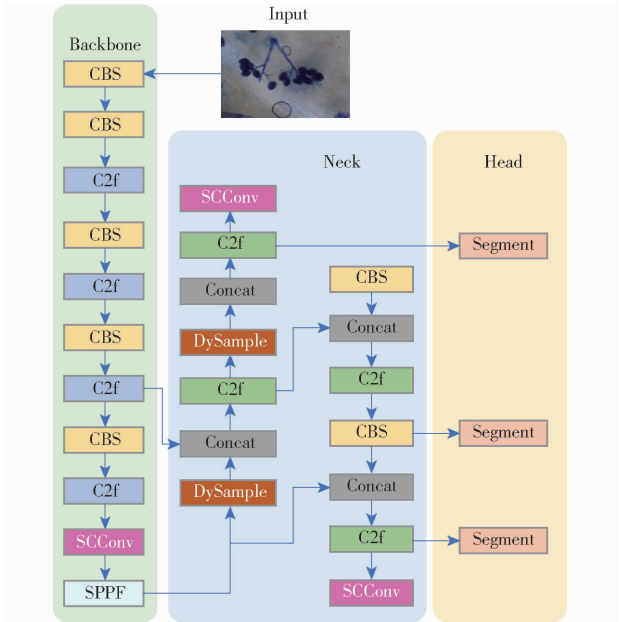


图 5 DS-YOLO v8s 网络结构

Fig. 5 Structure diagram of DS-YOLO v8s network

1.3.2 DySample 模块

YOLO v8s 原始网络在特征上采样阶段多采用固定规则的最近邻或双线性插值,难以根据局部纹理自适应恢复显微镜下细小、细长且边界模糊的感染结构,易造成边缘平滑、结构断裂等问题。DySample^[26]是一个轻量且高效的动态上采样器,通过点采样策略构建上采样器,避开了动态卷积复杂性。DySample 将上采样过程重新表述为“按内容学习采样点偏移”的动态点采样过程,在几乎不增加参数量与计算量前提下,自适应生成与局部语义一致的采样位置,已在语义分割、实例分割等多种致密预测任务中验证了其优于传统上采样和其他动态上采样算子的精度与效率。因此,在 YOLO v8s 中替换上采样操作为 DySample 模块:利用其更精细的几何建模能力提升孢子囊及孢囊梗等复杂感染结构的分割质量,保持模型轻量性与推理速度,使得网络既能满足大规模显微图像分析的效率要求,又能显著提高各类感染结构形态参数定量表征精度。DySample 结构如图 6 所示。

1.3.3 SCConv 模块

为了不显著增加计算量,引入 SCConv^[27] (Spatial and channel reconstruction convolution),提高 YOLO v8s 对显微图像中孢子囊、孢子和孢囊梗等多尺度感染结构的特征表征能力,从而提升形态参数量化精度。SCConv 由空间重构单元 (Spatial

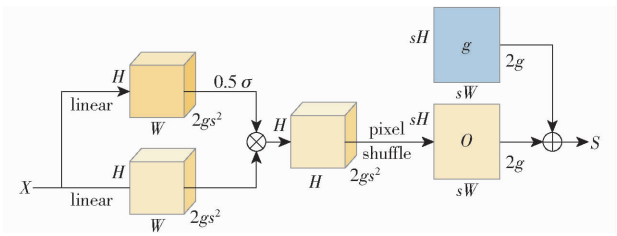


图 6 DySample 模块结构

Fig. 6 Structure of DySample module

reconstruction unit, SRU) 和通道重构单元 (Channel reconstruction unit, CRU) 两部分构成。SRU 通过对特征图进行“分离-重构”, 根据空间内容自动区分信息更丰富与冗余的区域, 并将有用信息重组到更紧凑的空间布局中, 从而增强边缘和细长结构响应、抑制背景噪声。CRU 采用“分裂-变换-融合”策略, 在通道维上结合组卷积与逐点卷积, 并用注意力式的加权融合抑制通道冗余, 使得有限通道资源更多地用于刻画不同类型侵染结构判别性语义特征, 有助于在轻量模型规模下同时兼顾孢子囊、孢子和孢囊梗等目标检测与分割精度。因此, 在 YOLO v8s 中以 SRU + CRU 组合替代部分关键卷积层, 以缓解空间与通道冗余、强化侵染结构的细粒度形态表征, 从而直接服务于病原侵染结构形态特征的高精度定量分析这一核心目标。SCConv 模块结构如图 7 所示。

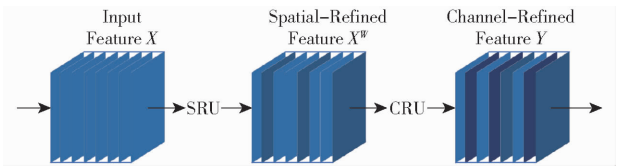


图 7 SCConv 模块结构

Fig. 7 Structure of SCConv module

1.4 侵染结构定量表征方法

在黄瓜霜霉病菌侵染循环过程, 可从周长、面积、圆弧度、长度等形态特征对侵染结构进行表征, 进而根据病菌“形态-功能”适应性探究病菌侵染行为规律。

侵染结构周长 P 计算式为

$$P = \sum_{i=1}^{n-1} \sqrt{(x_{i+1} - x_i)^2 + (y_{i+1} - y_i)^2} \quad (1)$$

式中 n ——病菌显微图像中侵染结构坐标集数量
 (x_i, y_i) ——病菌显微图像中侵染结构坐标集

侵染结构面积 A 计算式为

$$A = \frac{1}{2} \left| \sum_{i=1}^{n-1} (x_i y_{i+1} - x_{i+1} y_i) \right| \quad (2)$$

侵染结构圆弧度 R 计算式为

$$R = 4\pi \frac{A}{P^2} \quad (3)$$

当圆弧度小于 1 时, 表示形状偏离圆形。
菌丝长度 L 计算式为

$$L = \sum_{i=1}^{n-1} \sqrt{(x_{i+1} - x_i)^2 + (y_{i+1} - y_i)^2} \quad (4)$$

2 试验结果与分析

2.1 试验平台与评价指标

(1) 数据集和参数设置

所有试验均在 64 位 Windows 11 操作系统上完成, 使用 Pycharm 集成开发环境进行开发。整个试验基于 Pytorch 1. 10. 0 框架, 并在 Anaconda3 构建的 Python 3. 8 虚拟环境中进行模型训练。在训练过程, 迭代次数设为 300, 批次大小设为 16, 初始学习率设为 0. 01, 优化器选择 AdamW。

(2) 评价指标

为了验证模型性能, 选用 $mAP@. 5$ 、 $mAP@. 5:. 95$ 、模型参数量和浮点运算量为评价指标。

2.2 DS - YOLO v8s 与先进实例分割网络对比

为了证明 DS - YOLO v8s 模型对黄瓜霜霉病菌侵染结构分割的可靠性, 选取 Mask R - CNN^[28]、Cascade Mask R - CNN^[29] 等两阶段模型和 YOLO v8s、YOLO v9c^[30]、YOLO v11s、YOLO v12s^[31]、YOLO v13s^[32]、YOLACT^[33] 等单阶段模型进行了对比试验, 试验结果如表 1 所示。

如表 1 所示, DS - YOLO v8s 取得了检测与分割的最佳综合表现: $mAP^{box}@. 5:. 5:. 95$ 为 89. 5%、78. 0%, $mAP^{mask}@. 5:. 5:. 95$ 为 80. 1%、50. 9%。相较 YOLO v8s, 4 项指标分别提升 0. 6、4. 1、1. 3、1. 6 个百分点, 相较 YOLO v11s 分别提升 0. 8、4. 2、0. 9、1. 4 个百分点, 相较 YOLO v12s 分别提升 1. 4、5. 9、4. 1、4. 2 个百分点, 相较 YOLO v13s 分别提升 2. 8、5. 7、2. 6、3. 1 个百分点。与 YOLO v9c 相比, DS - YOLO v8s 在 $mAP^{mask}@. 5$ 提升 0. 9 个百分点, 而参数量与计算量仅为其约 46. 4% 与 27. 5%。两阶段方法 (Mask R - CNN、Cascade Mask R - CNN) 及 YOLACT 在本任务上均显著落后且开销更高, 说明引入 DySample 与 SCConv 后的特征重采样与空间-通道建模更契合显微场景下的小尺度、交叠目标, 适合部署于本文的实时定量表征系统。

2.3 消融试验

为了验证 DySample 模块和 SCConv 模块有效性, 增强试验可信度, 进行了消融试验。在模型训练过程, 使用 YOLO v8s 作为基准模型, 分别引入各组件对模型进行优化。在消融试验中, 共有 4 组试验。第 1 组为基准模型, 即 YOLO v8s; 第 2 组为在第 1 组基础上, 将 Neck 部分的 UpSample 模块替换为

表 1 在测试集上先进实例分割模型试验结果

Tab.1 Comparison of experimental results of advanced instance segmentation models on test set

模型	mAP ^{box} @.5/	mAP ^{box} @.5∶.95/	mAP ^{mask} @.5/	mAP ^{mask} @.5∶.95/	参数量	浮点运算量
	%	%	%	%		
YOLO v8s	88.9	73.9	78.8	49.3	1.2×10^7	4.2×10^{10}
YOLO v9c	89.6	78.3	79.2	51.1	2.8×10^7	1.6×10^{11}
YOLO v11s	88.7	73.8	79.2	49.5	1.0×10^7	3.6×10^{10}
YOLO v12s	88.1	72.1	76.0	46.7	9.9×10^6	3.3×10^{10}
YOLO v13s	86.7	72.3	77.5	47.8	9.7×10^6	3.2×10^{10}
YOLACT	86.4	59.8	66.1	35.2	3.5×10^7	7.9×10^{10}
Mask R-CNN	58.9	47.6	55.3	37.4	4.4×10^7	1.3×10^{11}
Cascade Mask R-CNN	59.7	50.7	57.1	39.2	7.7×10^7	2.3×10^{11}
DS-YOLO v8s	89.5	78.0	80.1	50.9	1.3×10^7	4.4×10^{10}

DySample 模块,即 YOLO v8s + DySample;第 3 组为在第 1 组基础上,增加 SCConv 模块,即 YOLO v8s + SCConv;第 4 组为在第 1 组基础上,同时引入 DySample 模块和 SCConv 模块,即 DS-YOLO v8s。

图 8 为 4 组模型在训练过程中 mAP^{box}@.5 和 mAP^{mask}@.5 的变化曲线。由图 8 可知,当迭代次数为 150 时,模型整体性能趋于稳定,且改进后模型整体性能优于基准模型,表明 DySample 和 SCConv 模块的引入有效提升了模型检测和分割性能。

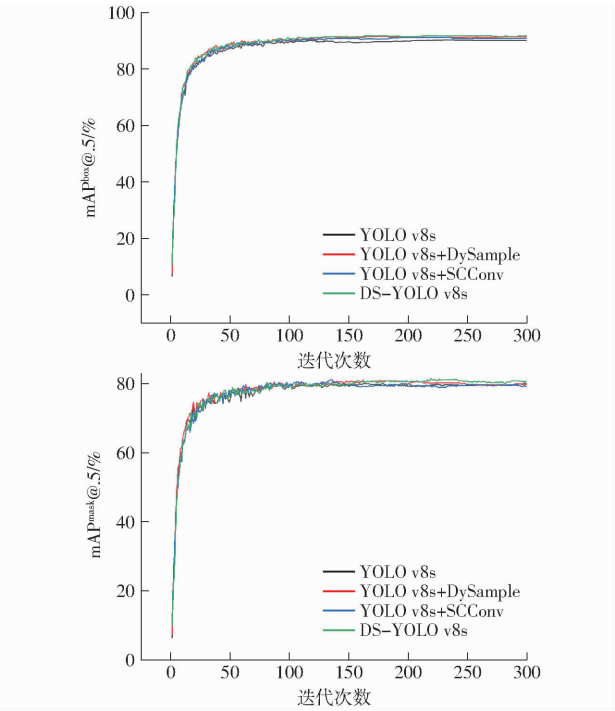


图 8 模型改进前后 mAP^{box}@.5 和 mAP^{mask}@.5 变化曲线

Fig.8 Changes in mAP^{box}@.5 and mAP^{mask}@.5 metrics before and after model improvement

图 9 为 4 组模型检测损失值和分割损失值变化曲线。从图 9 可以看出,随着迭代次数增加,检测损失值和分割损失值均逐步下降。改进后模型损失值

下降幅度高于其他模型,表明其收敛更快、训练更稳定,并在检测与分割两项任务上获得更低的最终误差。

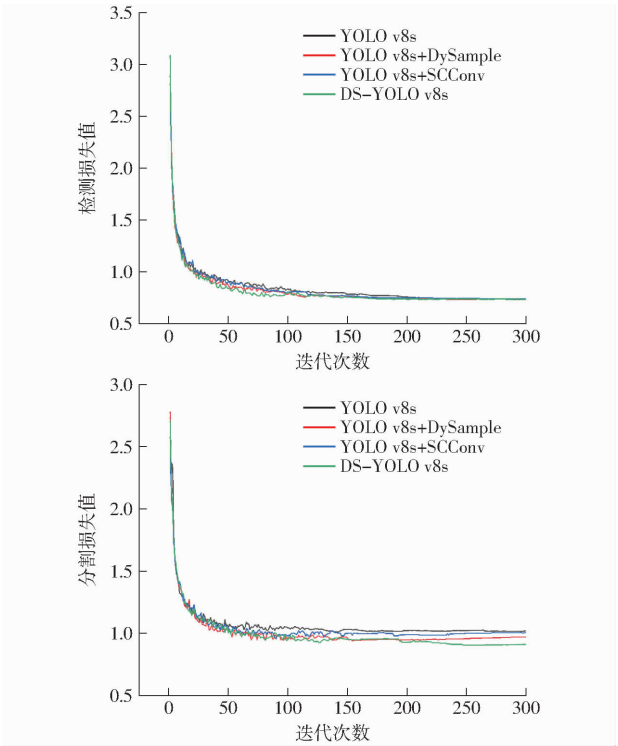


图 9 模型改进前后检测和分割损失变化曲线
Fig.9 Changes in detection and segmentation losses before and after model improvement

表 2 为消融试验结果。由表 2 可知,通过引入 DySample 模块和 SCConv 模块,模型检测和分割精度得到了提升。这是由于 DySample 模块能够动态调整采样位置和密度,有效保留孢子和菌丝边缘与细节信息,从而提高检测和分割精度。同时将 SCConv 模块引入 Backbone 的末尾和 Neck 的小目标检测层和大目标检测层,减少冗余的同时通过大尺度卷积提取全局形态特征,利用小尺度卷积增强对局部细节的捕捉,在提高检测精度和分割精度的同时,对参数量和运行参数量产生较小影响。在原有

模型基础上,替换 UpSample 为 DySample, $mAP^{box}@.5$ 增加 1.3 个百分点, $mAP^{mask}@.5$ 增加 0.6 个百分点。DySample 通过动态上采样和灵活自适应采样策略,显著提升了模型对小目标的捕捉能力,从而提高了模型对黄瓜霜霉病菌侵染结构的检测和分割能力。在原有模型的 Backbone 的末尾和 Neck 的小目标层和大目标层后分别添加 SCConv 模块, $mAP^{box}@.5$ 增加 1.0 个百分点, $mAP^{mask}@.5$ 增加 0.7 个百分点。

表 2 消融试验结果
Tab.2 Results of ablation experiment

YOLO v8s	DySample	SCConv	$mAP^{box}@.5/\%$	$mAP^{mask}@.5/\%$	参数量	浮点运算量
√	×	×	90.3	80.5	1.2×10^7	4.2×10^{10}
√	√	×	91.6	81.1	1.2×10^7	4.3×10^{10}
√	×	√	91.3	81.2	1.3×10^7	4.4×10^{10}
√	√	√	91.9	81.6	1.3×10^7	4.4×10^{10}

注:√表示加入此模块,×表示未加入此模块。

2.4 侵染结构定量表征结果

2.4.1 孢子形态定量表征结果

图 10 为黄瓜霜霉病菌孢子形态统计分布:周长主要集中在 40 ~ 90 像素(累计 91.8%),以 50 ~ 60 像素占比最高(31.86%),均值 79.70 像素、标准差 23.63 像素且偏态系数 0.99,呈右偏分布,体现其“小而多”的产孢特征。面积主要集中在 100 ~ 400 像素 × 像素(累计 87.07%),其中 100 ~ 200 像素 × 像素占比最高(36.28%),均值 404.21 像素 ×

SCConv 模块能够使模型同时学习全局和局部特征,在处理具有显著差异的大目标菌丝、分叉结构和小目标孢子时,具有强的灵活性与准确性,从而使检测精度和分割精度都得到了提升。在 DySample 和 SCConv 的联合应用下,DS - YOLO v8s 性能较 YOLO v8s 有了大幅提升, $mAP^{box}@.5$ 增加 1.6 个百分点,可达 91.9%。 $mAP^{mask}@.5$ 增加 1.1 个百分点,可达 81.6%。

像素、标准差 251.70 像素 × 像素且偏态系数 1.44,同样右偏并出现长尾,说明以小孢子为主但少量个体在高湿或萌发前期吸水膨大/形态拉长导致面积增大。圆形度主要集中在 0.68 ~ 0.78 (累计 63.40%),以 0.76 ~ 0.78 占比最高(19.24%),均值 0.72、标准差 0.03 且偏态系数 -0.07,整体高度聚集、形态较稳定并以近圆形为主,轻微左偏提示少量拉长/不规则个体可能与萌发拉伸、粘连或受压有关。

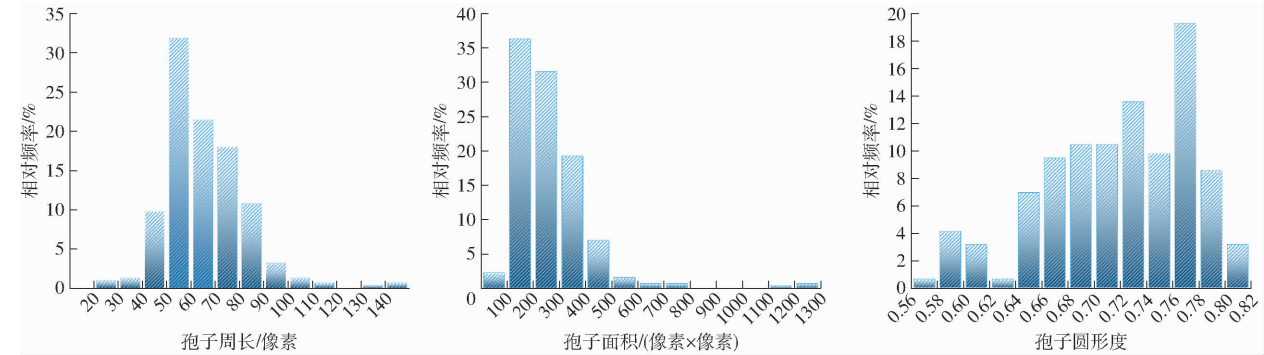


图 10 黄瓜霜霉病菌孢子形态分布

Fig.10 Morphological distribution of cucumber downy mildew spores

2.4.2 孢子囊形态定量表征结果

图 11 为黄瓜霜霉病菌孢子囊形态统计分布:周长主要集中在 200 ~ 350 像素(累计 79.90%),以 250 ~ 300 像素占比最高(38.33%),均值 252.17 像素、标准差 70.83 像素且偏态系数为 0.95,呈左偏分布,表明以体量较大的成熟孢子囊为主,少量小周长个体形成左侧长尾。面积主要集中在 3 000 ~ 6 000 像素 × 像素(累计 62.04%),以 4 000 ~ 5 000 像素 × 像素占比最高(21.01%),均值 4 243.64 像素 × 像素、标准差 1 962.27 像素 × 像素且偏态系数为

0.06,同样略左偏,说明总体以较大面积、较成熟孢子囊占主导,仅少量小面积个体构成长尾。圆形度主要集中在 0.70 ~ 0.85 (累计 81.78%),其中 0.75 ~ 0.80 占比最高(45.07%),均值 0.75、标准差 0.05 且偏态系数为 1.51,整体高度聚集且明显左偏,提示孢子囊多为近圆形成熟个体,但仍存在少量圆形度较低的拉长/不规则孢子囊,可能与萌发前后形态变化(伸长、塌陷、破裂释放)或粘连受压等因素有关。

2.4.3 分叉结构形态定量表征结果

图 12 为黄瓜霜霉病菌分叉结构形态分布特征:

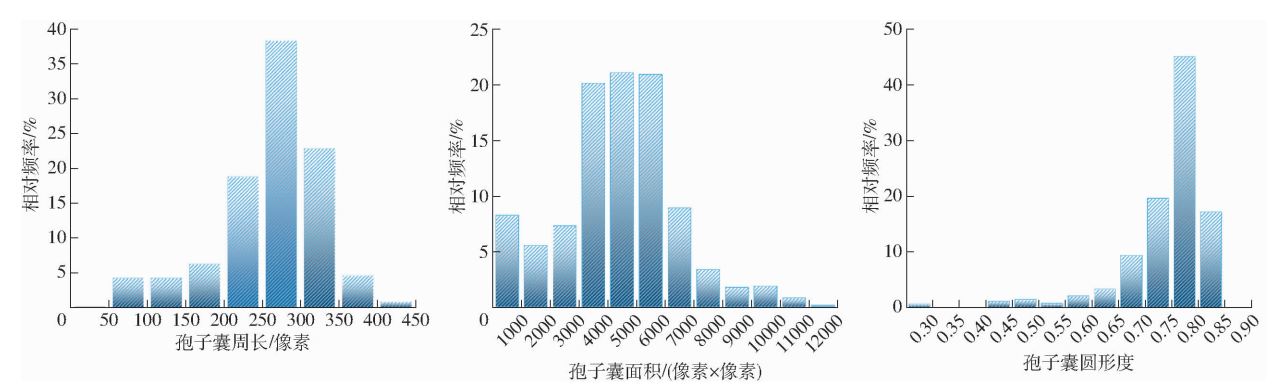


图 11 黄瓜霜霉菌孢子囊形态分布

Fig. 11 Morphological distribution of cucumber downy mildew sporangia

周长主要集中在 0 ~ 1 500 像素 (累计 86. 11%), 以 500 ~ 1 000 像素 占比最高 (34. 07%), 均值 1 029. 22 像素、标准差 638. 71 像素且偏态系数为 1. 66, 呈明显右偏并伴随长尾, 表明分叉结构以中小尺度为主但在适宜条件下会出现少量周长很大的多级分枝/簇状分叉, 对应更强的产孢与扩散潜力。面积主要集中在 0 ~ 20 000 像素 × 像素 (累计 95. 00%), 其中 0 ~ 10 000 像素 × 像素占比最高 (80. 93%), 均值 7 067. 69 像素 × 像素、标准差 8 464. 20 像素 × 像素且偏态系数高达 4. 30, 右偏更为显著, 说明总体以小中尺度分叉占主导, 但少量超大面积结构形成长右尾, 可能代表局部高产孢“热点”, 同时较大的标准差与偏态也反映其分叉形态可塑性强、异质性高。

2. 4. 4 菌丝形态定量表征结果

图 13 为黄瓜霜霉菌菌丝形态统计分布: 周长主要集中在 0 ~ 800 像素 (累计 83. 84%), 以 0 ~ 200 像素占比最高 (32. 87%), 均值 590. 76 像素、标准差 339. 30 像素且偏态系数为 1. 40, 呈右偏分布, 表明菌丝以数量众多的细短段 (如孢囊梗基部/未分叉段) 为主, 符合其在寄主组织中以细丝状“探索式”扩展感染面的生长策略。面积主要集中在 0 ~ 6 000 像素 × 像素 (累计 74. 66%), 以 0 ~ 2 000 像素 × 像素占比最高 (39. 58%), 均值 5 894. 45 像素 × 像素、标准差 3 869. 65 像素 × 像素且偏态系数为 1. 46, 同样右偏并伴随长尾, 提示总体以小中面积菌

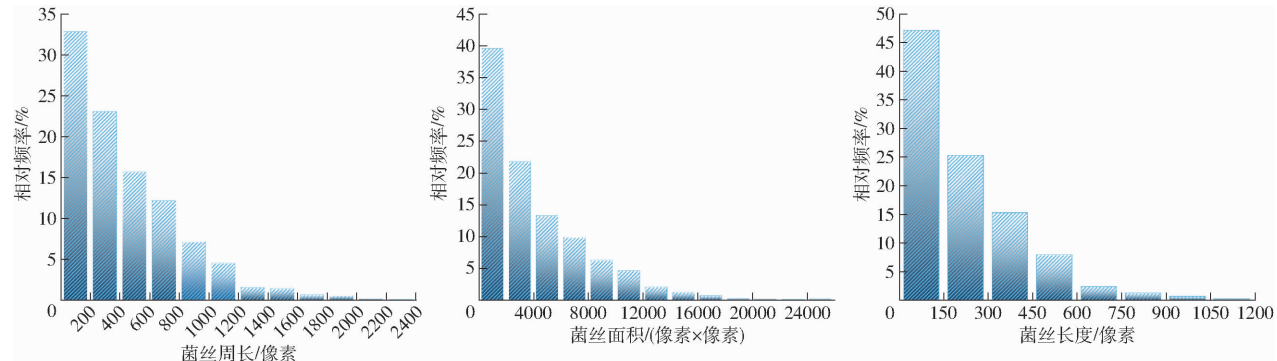


图 13 黄瓜霜霉菌菌丝形态分布

Fig. 13 Morphological distribution of cucumber downy mildew hyphae

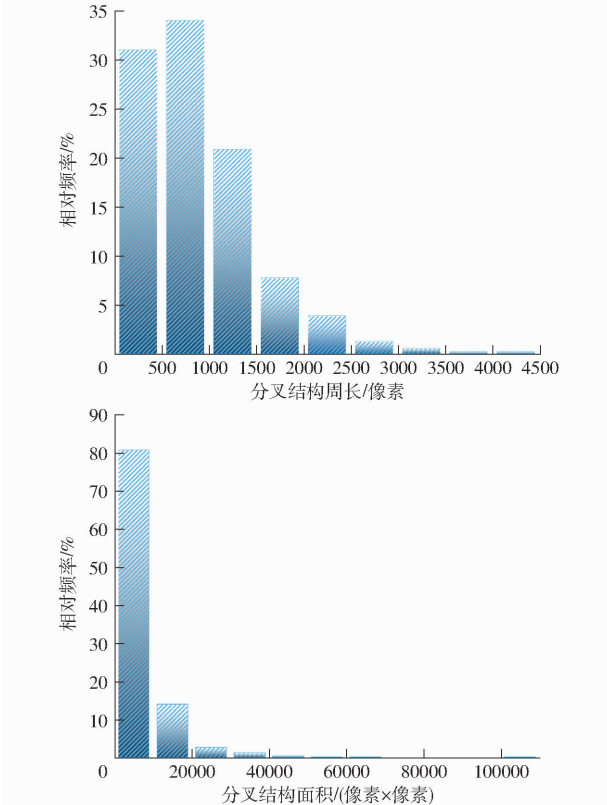


图 12 黄瓜霜霉菌菌分叉结构形态分布

Fig. 12 Morphological distribution of cucumber downy mildew branching structures

素、标准差 3 869. 65 像素 × 像素且偏态系数为 1. 46, 同样右偏并伴随长尾, 提示总体以小中面积菌

丝为主但少量加粗/聚合或将发生多级分枝的菌丝对应更高产孢与扩散潜力。长度主要集中在 0 ~ 300 像素(累计 72.44%),以 0 ~ 150 像素占比最高(47.17%),均值 220.74 像素、标准差 188.89 像素且偏态系数为 1.42,显示短菌丝占主导、利于多点近距离快速占位,而右偏长尾反映少数快速延伸的长菌丝在适宜条件下主导病斑外扩并为分枝/产孢提供“骨干”。

2.5 黄瓜霜霉病菌侵染结构定量表征系统

设计了一个基于实例分割的黄瓜霜霉病菌侵染结构定量表征系统,实现了用户管理、图像分割与定量表征等功能(图 14)。系统采用两层关键技术架



图 14 黄瓜霜霉病菌侵染结构定量表征系统

Fig. 14 Quantitative characterization system for infection structures of cucumber downy mildew pathogen

构:①数据层。以 PostgreSQL 为后端关系数据库,使用标准 SQL 持久化管理显微图像、实例分割结果及形态学指标,数据库提供符合 ACID 的事务语义与完整性约束。②界面层。基于 Qt Designer 进行可视化搭建,通过拖放组件与信号-槽机制定义交互。随后使用 PyQt5 将 .ui 文件与 Python 业务逻辑对接,形成“图像加载→分割结果展示→形态学计算→数据库读写”的统一工作流程。该架构使系统在保证稳定性的同时具备良好的可扩展性。

3 结束语

构建了基于实例分割网络的定量表征方法与系统。通过采集并标注黄瓜霜霉病菌原位染色显微图像,建立了标准化数据集。在此基础上,提出了改进的 DS-YOLO v8s 模型,实现了对孢子、孢子囊、菌丝及分叉结构等多类侵染结构的高精度检测与分割。结合形态学分析方法,构建了侵染结构定量表征体系,对关键形态参数(周长、面积、圆形度及长度)进行了统计分布分析。实现了黄瓜霜霉病菌侵染结构定量表征系统,集成用户管理、图像分割与形态分析等功能,形成了从图像输入到定量输出的一体化流程。结果表明,所提方法在检测精度及分割性能均优于基准模型,为病菌侵染过程的量化研究提供了可靠手段。

参 考 文 献

[1] BISOGNIN D A. Origin and evolution of cultivated cucurbits[J]. *Ciência Rural*, 2002, 32: 715 – 723.

[2] BONDARENKO S V, STANKEVYCH S V, MATSYURA A V, et al. Major cucumber diseases and the crop immunity[J]. *Ukrainian Journal of Ecology*, 2021, 11(1): 46 – 54.

[3] SINGH M C, SINGH J P, PANDEY S K, et al. Factors affecting the performance of greenhouse cucumber cultivation-a review [J]. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 2017, 6(10): 2304 – 2323.

[4] 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.

[5] WANG Y, LI T, CHEN T, et al. Cucumber downy mildew disease prediction using a CNN – LSTM approach[J]. *Agriculture*, 2024, 14(7): 1155.

[6] TAHIR M W, ZAIDI N A, BLANK R, et al. Fungus detection through optical sensor system using two different kinds of feature vectors for the classification[J]. *IEEE Sensors Journal*, 2017, 17(16): 5341 – 5349.

[7] NIU L, ZHOU W, WANG D, et al. Extracting the symmetry axes of partially occluded single apples in natural scene using convex hull theory and shape context algorithm[J]. *Multimedia Tools and Applications*, 2017, 76(12): 14075 – 14089.

[8] CHUDASAMA D, PATEL T, JOSHI S, et al. Image segmentation using morphological operations[J]. *International Journal of Computer Applications*, 2015, 117(18): 16 – 19.

[9] ZHAO Y, LIU S, HU Z, et al. Separate degree based Otsu and signed similarity driven level set for segmenting and counting anthrax spores[J]. *Computers and Electronics in Agriculture*, 2020, 169: 105230.

[10] YANG N, QIAN Y, EL-MESERY H S, et al. Rapid detection of rice disease using microscopy image identification based on the synergistic judgment of texture and shape features and decision tree-confusion matrix method[J]. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 2019, 99(14): 6589 – 6600.

[11] XIONG L, TANG G, CHEN Y C, et al. Color disease spot image segmentation algorithm based on chaotic particle swarm optimization and FCM[J]. *The Journal of Supercomputing*, 2020, 76(11): 8756 – 8770.

[12] GHARIPOUR A, LIEW A W C. Segmentation of cell nuclei in fluorescence microscopy images: an integrated framework using level set segmentation and touching-cell splitting[J]. *Pattern Recognition*, 2016, 58: 1 – 11.

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

[14] 季云洲, 都盛佳, 纪同奎, 等. 基于嵌入式系统的小麦条锈病远程监测平台设计与试验[J]. 智慧农业, 2019, 1(3): 100 – 112. JI Yunzhou, DU Shengjia, JI Tongkui, et al. Design and test of wheat stripe rust remote monitoring platform based on embedded system[J]. Smart Agriculture, 2019, 1(3): 100 – 112. (in Chinese)

[15] 林晓燕, 刘文耀, 陈晓冬, 等. 杨树病害孢子的图像识别技术研究[J]. 仪器仪表学报, 2003, 24(增刊 2): 364 – 366. LIN Xiaoyan, LIU Wenyao, CHEN Xiaodong, et al. Spore image recognition of poplar disease[J]. Chinese Journal of Scientific Instrument, 2003, 24(Supp. 2): 364 – 366. (in Chinese)

[16] 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)

[17] CHENG T, ZHANG D, GU C, et al. YOLO – CG – HS: a lightweight spore detection method for wheat airborne fungal pathogens[J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2024, 227: 109544.

[18] 张一丁, 韩宗桓, 乔琛, 等. 基于 PG – YOLO v8s 的黄瓜白粉病菌显微图像精准检测[J]. 农业机械学报, 2025, 56(12): 522 – 533. ZHANG Yiding, HAN Zonghuan, QIAO Chen, et al. Accurate detection of cucumber powdery mildew fungus in microscopic images based on PG – YOLO v8s[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2025, 56(12): 522 – 533. (in Chinese)

[19] 乔琛, 韩宗桓, 张一丁, 等. 基于改进 YOLO v7 的黄瓜霜霉菌感染结构识别方法[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)

[20] LI K, QIAO C, ZHU X, et al. Lightweight fungal spore detection based on improved YOLOv5 in natural scenes[J]. International Journal of Machine Learning and Cybernetics, 2024, 15(6): 2247 – 2261.

[21] ZHANG D Y, ZHANG W, CHENG T, et al. Detection of wheat scab fungus spores utilizing the Yolov5 – ECA – ASFF network structure[J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2023, 210: 107953.

[22] ZHU X, CHEN F, QIAO C, et al. Cucumber pathogenic spores' detection using the GCS – YOLOv8 network with microscopic images in natural scenes[J]. Plant Methods, 2024, 20(1): 131.

[23] 乔琛, 韩梦瑶, 高苇, 等. 基于 Faster – NAM – YOLO 的黄瓜霜霉菌孢子检测[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 – 307. (in Chinese)

[24] LIN T Y, DOLLÁR P, GIRSHICK R, et al. Feature pyramid networks for object detection[C] // Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, 2017: 2117 – 2125.

[25] LIU S, QI L, QIN H, et al. Path aggregation network for instance segmentation[C] // Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, 2018: 8759 – 8768.

[26] LIU W, LU H, FU H, et al. Learning to upsample by learning to sample[C] // Proceedings of the IEEE/CVF International Conference on Computer Vision, 2023: 6027 – 6037.

[27] LI J, WEN Y, HE L. Seconv: spatial and channel reconstruction convolution for feature redundancy[C] // Proceedings of the IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, 2023: 6153 – 6162.

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

[29] CAI Z, VASCONCELOS N. Cascade R – CNN: delving into high quality object detection[C] // Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, 2018: 6154 – 6162.

[30] WANG C Y, YEH I H, MARK LIAO H Y. YOLO v9: learning what you want to learn using programmable gradient information[C] // European Conference on Computer Vision. Cham: Springer Nature Switzerland, 2024: 1 – 21.

[31] TIAN Y, YE Q, DOERMANN D. YOLO v12: attention-centric real-time object detectors[J]. arXiv Preprint arXiv:2502.12524, 2025.

[32] LEI M, LI S, WU Y, et al. YOLOv13: real-time object detection with hypergraph-enhanced adaptive visual perception[J]. arXiv preprint arXiv:2506.17733, 2025.

[33] BOLYA D, ZHOU C, XIAO F, et al. Yolact: real-time instance segmentation[C] // Proceedings of the IEEE/CVF International Conference on Computer Vision, 2019: 9157 – 9166.