doi:10.6041/j.issn.1000-1298.2026.22.028

基于幼苗生长点与盘穴中心匹配的番茄苗盘缺苗检测方法

李　扬[1,2]　张永琦[1]　李天华[1,2]　高中强[3]　王新双[4]　胡金祥[4]

(1. 山东农业大学机械与电子工程学院, 泰安 271018; 2. 山东省设施园艺智慧生产技术装备重点实验室, 泰安 271018;
3. 山东省农业技术推广中心, 济南 250100; 4. 山东泰番生物科技有限公司, 泰安 271600)

摘要: 针对设施番茄育苗过程中,幼苗(7~14 d)因苗茎弯斜造成俯视角度下苗叶侵入邻近盘穴,难以通过垂直投影方法准确进行缺苗检测的问题,本文提出了基于幼苗生长点与盘穴中心匹配的缺苗检测方法。通过引入轻量化 C3K 模块、注意力机制和替换损失函数的方法对 YOLO 11 改进,提出 TSM-YOLO 模型以提升对番茄幼苗的实例分割性能;基于实例分割所得的掩码,采用质心法计算其形态学中心,并通过坐标变换得到幼苗生长点的实际坐标,并基于直通滤波和直方图方法对盘穴中心进行分析计算,实现幼苗生长点和盘穴中心点同步精准定位;通过改进匈牙利算法实现 2 类中心点匹配,未成功匹配的盘穴中心点即为缺苗位置。试验结果表明,TSM-YOLO 模型实例分割指标 AP_{50} 和 AP_{50-95} 分别达到 97.6% 和 78.9%,对比基础模型分别提高 2.4、11.4 个百分点,模型参数量、浮点运算量和内存占用量分别减少 7.1%、8.1% 和 8.8%,推理速度提升 12.1%;幼苗生长点定位试验对比多种算法,其中质心算法定位偏差最大值为 8.09 mm,平均值为 3.39 mm,标准差为 1.78 mm,均为最优,更适用于生长点定位工作;优化后的匈牙利算法子叶期匹配正确率为 99.9%,单盘用时 8.3 ms,出苗早期匹配正确率为 90.7%,单盘用时 8.5 ms,相比传统匈牙利算法稳定性更强,效率更高。通过设置对比试验比较目前主流视觉检测方法与本文方法对不同生长时期番茄苗盘的检测情况,结果表明本文方法在子叶期检测正确率达 98.1%,漏检率 1.9%,误检率 0.3%,出苗早期成功率达 91.4%,漏检率 8.6%,误检率 1.0%,具备更强的复杂环境适应性和检测正确率。

关键词: 番茄; 缺苗检测; TSM-YOLO; 实例分割; 中心匹配

中图分类号: TP391; S23　　**文献标识码**: A　　**文章编号**: 1000-1298(2026)22-0326-13　　**OSID**:

Missing Seedling Detection Method for Tomato Plug Trays Based on Matching of Seedling Growth Points and Cell Centers

Li Yang[1,2]　Zhang Yongqi[1]　Li Tianhua[1,2]　Gao Zhongqiang[3]　Wang Xinshuang[4]　Hu Jinxiang[4]

(1. *College of Mechanical and Electronic Engineering*, *Shandong Agricultural University*, *Taian* 271018, *China*
2. *Shandong Key Laboratory of Intelligent Production Technology and Equipment for Facility Horticulture*, *Taian* 271018, *China*
3. *Shandong Agricultural Technology Extension Center*, *Ji'nan* 250100, *China*
4. *Shandong Taifan Biotechnology Co.*, *Ltd.*, *Taian* 271600, *China*)

Abstract: Aiming to address the issue of inaccurate seedling vacancy detection in greenhouse tomato propagation where 7~14-day-old seedlings often lean or bend, causing leaves to intrude into adjacent tray cells and rendering traditional vertical projection methods ineffective, a detection method based on the matching of seedling growth points with tray cell centers was proposed. Firstly, the TSM-YOLO model was developed by improving YOLO 11 through the introduction of lightweight C3K modules, attention mechanisms, and optimized loss functions to enhance instance segmentation performance for tomato seedlings. Secondly, based on the masks obtained from instance segmentation, the centroid method was employed to calculate morphological centers, which were transformed into actual growth point coordinates; meanwhile, tray cell centers were precisely located through straight-through filtering and

收稿日期: 2026-03-05　修回日期: 2026-06-03

基金项目: 国家自然科学基金项目(32271992)、山东省重点研发计划项目(2022LZGC020)、山东省现代农业杂粮产业技术体系项目(SDARS-15-05)和山东省蔬菜产业技术体系项目(SDARS-05-12)

作者简介: 李扬(1982—),男,副教授,博士,主要从事嵌入式系统和智能农机装备研究,E-mail:mtlyab@sdau.edu.cn

通信作者: 李天华(1976—),男,教授,博士,主要从事智能农机装备研究,E-mail: lth5460@163.com

histogram-based analysis to achieve synchronous positioning of both center types. Finally, an improved Hungarian algorithm was implemented to match the growth points with cell centers, where unmatched cell centers were identified as vacant positions. Experimental results showed that the TSM – YOLO model achieved an AP_{50} and AP_{50-95} of 97.6% and 78.9% respectively, representing increases of 2.4 and 11.4 percentage points over the base model, while reducing parameters by 7.1%, FLOPs by 8.1%, and model size by 8.8%, with a 12.1% boost in inference speed. Seedling growth point localization experiments were performed to compare different algorithms. The centroid algorithm obtained the best performance: maximum localization deviation of 8.09 mm, mean of 3.39 mm, standard deviation of 1.78 mm. For the optimized Hungarian algorithm, matching accuracy was 99.9% (8.3 ms per tray, cotyledon stage) and 90.7% (8.5 ms per tray, early emergence stage), demonstrating higher stability and efficiency than the traditional version. Comparison with mainstream vision detection methods indicated that the proposed method reached a detection accuracy of 98.1% with a missed detection rate of 1.9% and a 0.3% false detection rate at the cotyledon stage, and 91.4% accuracy with a missed detection rate of 8.6% and a 1.0% false detection rate at the early emergence stage, exhibiting superior adaptability to complex environments and higher overall detection precision.

Key words: tomato; seedling gap detection; TSM – YOLO; instance segmentation; center matching

0　引言

在番茄工厂化育苗过程,由于种子发芽率存在显著个体差异,穴盘缺苗现象普遍存在,严重降低了苗盘整体质量与一致性,直接削弱了产品的市场竞争力和商业价值,并对规模化销售及经济效益造成显著负面影响。为降低穴盘缺苗导致的效益损失,当前生产中通常需在苗期早期对未出苗的穴位进行补苗。人工补苗劳动强度大、耗时长、效率低且成本较高,亟需研发穴盘缺苗智能检测与自动化补苗技术体系,其中高精度缺苗检测是整个技术体系的基础与前提。同一作物的不同批次种子出苗时间也存在显著差异。生产实践中通常在幼苗生长至一定阶段(如番茄 7 ~ 14 d)进行缺苗补苗,然而,番茄幼苗具有茎秆细长、柔软、极易弯曲的生物学特性,盘内苗株常发生弯曲生长并延伸至邻近穴位上方的现象,显著增加了基于机器视觉的智能化检测难度。因此,开发适用于番茄穴盘的高精度、高鲁棒性、高效率的自动化缺苗检测技术,已成为当前工厂化蔬菜育苗领域亟待突破的关键共性问题之一[1]。

国内外针对工厂穴盘的缺苗检测研究已取得一定成果,文献[2 – 3]分别采用光纤传感器、激光传感器等非接触式传感器对苗盘进行逐穴扫描,并依据检测信号对穴内幼苗生长状况进行判断。该方法有非接触检测、响应速度快等优势,缺点是易受环境干扰、检测稳定性较差。接触式传感器也同样在苗盘检测领域得到应用,寻真福[4]设计了穴盘苗夹装置,配合压力传感器测量钵体的蠕变量,利用力学分析间接推测穴内幼苗生长情况。依靠压力、形变等力学信号工作,不受穴盘内光照、阴影、反光、遮挡等视觉干扰影响,检测结果相对稳定,但功能单一、易损伤幼苗且装置结构复杂、维护成本高。此外也存在传统机器视觉的缺苗检测,文献[5 – 7]均依托穴盘幼苗与背景的灰度或颜色差异,采用不同手段提取幼苗像素,通过设定阈值判断机制完成缺苗检测任务。算法逻辑简单、计算量小、实时性强,缺点是易受光照等外界因素影响且阈值需根据情况多次调试优化,通用性差。而深度学习机器视觉通过神经网络模型,自动学习番茄幼苗的形态特征,实现对苗盘内幼苗目标的精准捕捉,检测精度高,抗干扰能力强,逐渐成为主流的苗盘缺苗检测方法,文献[8 – 10]分别使用目标检测、语义分割技术和实例分割技术,通过穴内幼苗检测框或掩码面积完成缺苗判断,进而实现对苗盘的缺苗检测。然而此类方法在幼苗密集的苗盘环境中,对跨穴生长幼苗的检测依然存在局限性。

本文提出基于幼苗生长点与穴盘中心匹配的缺苗检测方法。通过改进 YOLO 11n 模型实现穴盘内番茄幼苗的高精度实例分割,在精准获取单株幼苗轮廓与位置信息的基础上,针对每个成功分割的幼苗个体开展生长点精确定位研究;通过分离穴盘盘体掩膜,利用直方图检测技术对穴盘网格的行列直线进行识别,依据直线的空间分布特征完成各盘穴中心点的精确定位;使用优化后的匈牙利算法,对盘穴中心点与邻近幼苗生长点进行匹配。以穴位中心是否成功匹配到有效幼苗生长点作为核心判据,以实现对缺苗穴位准确识别,从而完成整个穴盘缺苗检测任务。

1　材料与方法

1.1　检测方法概述

本文所提基于幼苗生长点与穴盘中心匹配的番

茄苗盘缺苗检测方法,核心在于利用幼苗生长点与穴盘几何中心的空间位置关联,构建生长中心与穴位的一一对应关系。通过提取苗盘图像信息分别对番茄幼苗生长点和盘穴中心点进行定位,集合表示为

$$S = \text{Center}_S(I_{x,y}) = \{s \mid s_i \in S\} \tag{1}$$

$$U = \text{Center}_U(I_{x,y}) = \{u \mid u_j \in U\} \tag{2}$$

式中 $I_{x,y}$——待检测苗盘图像

S——番茄幼苗生长点集合

U——盘穴中心点集合

s——番茄幼苗生长点

u——盘穴中心点

Center_S——幼苗生长点定位函数

Center_U——盘穴中心点定位函数

将提取得到的 2 类中心点进行相互匹配,盘穴以自身是否成功与幼苗生长点配对作为依据,判断穴位状态,进而确认缺苗盘穴,即

$$U_m = \{u \mid u_j \notin \text{Match}(S)\} \tag{3}$$

其中

$$\text{Match}(S) = \text{Match}\{s_1, s_2, s_3, \cdots\} = \{u_1, u_2, u_3, \cdots\} \tag{4}$$

式中 Match——匹配映射函数

U_m——缺苗盘穴集合

检测方法的具体工作流程如图 1 所示。在输入图像上分别对苗盘的幼苗生长点和盘穴中心点进行定位,使用改进深度学习实例分割模型获取图像中每棵幼苗的位置与掩码信息;使用形态学算法分别对幼苗掩码的几何中心点进行提取,从而完成对幼苗生长点的准确定位。对于各盘穴中心点定位,从图像中提取分离出穴盘盘体掩码,依据其在图像水平和竖直方向上的分布规律,使用直方图检测技术完成对盘体的直线检测,构建穴盘网格,定位盘穴中心;构建符合幼苗与盘穴关联逻辑的匹配算法,对上述工作所提取的幼苗生长点与盘穴中心点进行相互配对。每个幼苗生长点仅对应 1 个盘穴中心点,当盘穴成功与幼苗生长点匹配时,表示该穴位存在幼苗,反之为缺苗空穴。

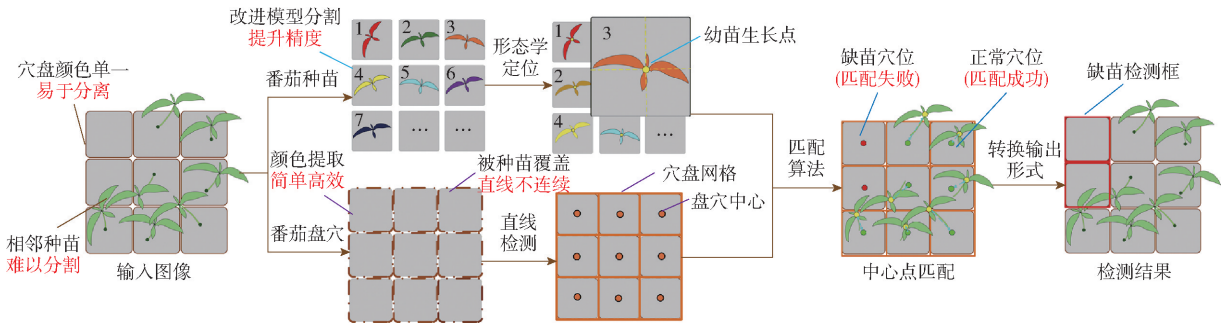


图 1 检测工作流程

Fig. 1 Detection workflow

1.2 番茄幼苗实例分割算法

1.2.1 TSM - YOLO 网络结构

为实现番茄幼苗精准分割,以 YOLO 11n 为基线模型[11],改进了一种番茄幼苗实例分割模型 TSM - YOLO,模型结构如图 2 所示,其中,Backbone 为主干,Neck 为颈部,Head 为头部,CBS、DSBR 为卷积模块,Concat 为特征融合,C3K2 为数据处理模块,C2PSA、Bottleneck、PSABlock 为特征提取单元,CBAM 为注意力机制,SPPF 为空间金字塔池化模块,Upsample 为上采样模块,Segment 为分割头,Proto 为原型分支。在由 Backbone 骨干网络、Neck 特征融合网络和 Head 检测分割头三大核心模块构成的 YOLO 基础架构之上,通过替换基础模块、注意力机制和损失函数三重优化,实现对番茄幼苗此类中小目标的精准定位、检测与分割。

在对 Backbone 输入图像进行特征提取的过程中,使用设计的 C3K - DS2 替代传统 C3K 模块[12],提升了模型对番茄幼苗等中小目标的检测能力和特

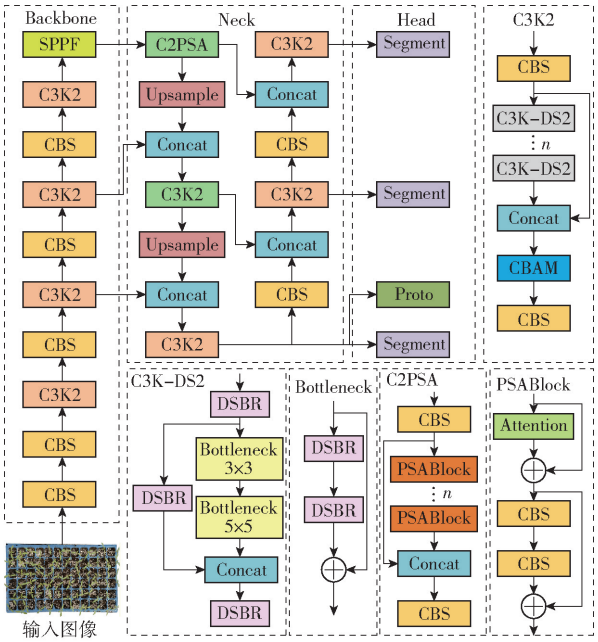


图 2 TSM - YOLO 结构

Fig. 2 TSM - YOLO architecture

征提取效率。在 Neck 模块全局特征融合阶段[13]引入轻量级 CBAM 注意力，借助其通道和空间双重加权功能，强化关键特征表达，有效抑制背景噪声。在 Head 模块使用边缘增强型损失函数 E－Dice 替换原有损失函数[14]，重点优化分割掩码的边缘细节。模型通过以上改进，既保证了模型的高效运算能力，又提升了番茄幼苗分割与定位的准确性。

1.2.2　注意力机制

为提升 YOLO 卷积网络的特征感知能力并改善模型分割性能，在模型的全局特征融合阶段引入轻量级 CBAM 注意力机制模块。CBAM 注意力机制由通道注意力与空间注意力 2 部分构成[15]。通道注意力重计算公式为

$$\boldsymbol{v}^{CA}=\sigma(\boldsymbol{W}_2\mathrm{ReLU}(\boldsymbol{W}_1\boldsymbol{e}^{Avg})+\boldsymbol{W}_2\mathrm{ReLU}(\boldsymbol{W}_1\boldsymbol{e}^{Max})) \tag{5}$$

$$\boldsymbol{e}^{Avg}=(Avgpool_1^{CA},Avgpool_2^{CA},\cdots,Avgpool_C^{CA})^{\mathrm{T}} \tag{6}$$

$$\boldsymbol{e}^{Max}=(Maxpool_1^{CA},Maxpool_2^{CA},\cdots,Maxpool_C^{CA})^{\mathrm{T}} \tag{7}$$

式中　$\boldsymbol{e}^{Avg}$——通道注意力平均池化向量

$\boldsymbol{e}^{Max}$——通道注意力最大池化向量

$\boldsymbol{v}^{CA}$——通道注意力权重

C——特征通道

$Avgpool^{CA}$——通道平均池化函数值

$Maxpool^{CA}$——通道最大池化函数值

σ——Sigmoid 激活函数

ReLU——ReLU 激活函数

$\boldsymbol{W}_1$、$\boldsymbol{W}_2$——可学习矩阵

空间注意力的权重与通道注意力不同，通道注意力输出数据类型为一维向量，侧重于不同特征通道的重要程度，而空间注意力输出为二维矩阵，专注于提取特征图中各空间位置的关键区域。空间注意力权重计算公式为

$$\boldsymbol{M}^{SA}=\sigma\boldsymbol{T}*[\mathrm{Concat}(\boldsymbol{M}^{Avg},\boldsymbol{M}^{Max})] \tag{8}$$

其中

$$\boldsymbol{M}^{Avg}=\begin{bmatrix}Avgpool_{(1,1)}^{SA} & \cdots & Avgpool_{(1,W)}^{SA}\\ \vdots & & \vdots\\ Avgpool_{(H,1)}^{SA} & \cdots & Avgpool_{(H,W)}^{SA}\end{bmatrix} \tag{9}$$

$$\boldsymbol{M}^{Max}=\begin{bmatrix}Maxpool_{(1,1)}^{SA} & \cdots & Maxpool_{(1,W)}^{SA}\\ \vdots & & \vdots\\ Maxpool_{(H,1)}^{SA} & \cdots & Maxpool_{(H,W)}^{SA}\end{bmatrix} \tag{10}$$

式中　$\boldsymbol{M}^{Avg}$——空间注意力平均池化矩阵

$\boldsymbol{M}^{Max}$——空间注意力最大池化矩阵

$\boldsymbol{M}^{SA}$——空间注意力权重

$Avgpool^{SA}$——空间平均池化函数值

$Maxpool^{SA}$——空间最大池化函数值

Concat——矩阵拼接函数

H——图像高度　　W——图像宽度

$\boldsymbol{T}$——卷积核　　$*$——卷积操作

CBAM 结合了通道和空间注意力，输入特征图先后经过通道注意力模块和空间注意力模块处理，从而得到最终加权特征图，即

$$\boldsymbol{X}_{CBAM}=\boldsymbol{M}^{SA}[\boldsymbol{v}^{CA}(\boldsymbol{X})\otimes\boldsymbol{X}]\otimes[\boldsymbol{v}^{CA}(\boldsymbol{X})\otimes\boldsymbol{X}] \tag{11}$$

式中　$\boldsymbol{X}$——输入特征图

$\boldsymbol{X}_{CBAM}$——CBAM 加权特征图

$\otimes$——克罗内克积

1.2.3　C3K－DS2 模块

为适配番茄幼苗此类中小目标的特征提取，对 YOLO 11n 中的 C3K 卷积模块进行轻量化重构，得到特征提取模块 C3K－DS2，重构前后的模块结构如图 3 所示。采用深度可分离卷积替换传统卷积[16]，在确保对番茄幼苗边缘纹理细节精准提取性能的前提下，降低计算资源消耗。将 Bottleneck 模块由 3 层压缩为双层结构，浅层配置 3×3 卷积核聚焦幼苗边缘细节捕捉，中层配置 5×5 卷积核实现多尺度特征的有效融合，既解决了多层堆叠导致的计算冗余，又弥补了因层数缩减带来的特征提取能力衰减。将深度卷积模块后的 SiLU 激活函数替换为 ReLU6 函数，通过降低浮点运算的复杂度进一步提升小目标的特征提取效率。

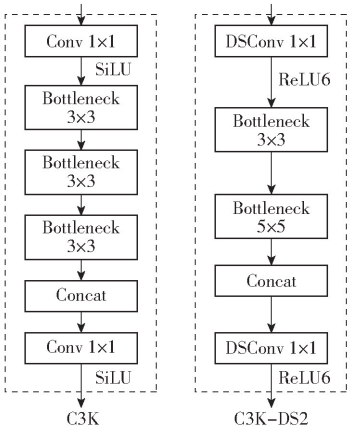


图 3　重构前后 C3K 结构

Fig. 3　C3K structure before and after reconstruction

1.2.4　E－Dice 损失函数

为解决 YOLO 11n 原生交叉熵分割损失对小目标分割不友好的问题，提出一种边缘增强型损失函数 E－Dice。基于 Dice 损失计算逻辑[17]，通过衡量预测掩码与真实掩码交并比，量化分割误差，聚焦幼苗像素精准匹配，提升幼苗掩码完整性。为捕捉幼苗边缘梯度信息，在 Dice 损失基础上叠加基于 Sobel 算子的边缘均方差损失[18]，强化模型对幼苗细粒度边缘的拟合能力。边缘增强型损失函数 E－

Dice 计算公式为

$$L_{E-Dice}=\alpha L_{Dice}+\beta L_{Sobel} \tag{12}$$

其中

$$L_{Dice}=\left(1-2\frac{|A\cap B|}{|A|+|B|}\right)\times 100\% \tag{13}$$

$$L_{Sobel}=\frac{1}{HW}\sum_{h=1}^{H}\sum_{w=1}^{W}\left[\sqrt{(\boldsymbol{T}_x*b)^2+(\boldsymbol{T}_y*b)^2}-\sqrt{(\boldsymbol{T}_x*a)^2+(\boldsymbol{T}_y*a)^2}\right]^2 \tag{14}$$

式中 L_{Dice}——Dice 损失

L_{Sobel}——Sobel 边缘均方差损失

L_{E-Dice}——边缘增强型 Dice 损失函数

A——预测掩码区域

B——标注掩码区域

a——预测掩码

b——标注掩码

$\boldsymbol{T}_x$——水平方向卷积核

$\boldsymbol{T}_y$——垂直方向卷积核

α、β——损失权重系数，取 0.7、0.3

1.3 中心点提取与定位

1.3.1 幼苗生长点定位

番茄幼苗的生长点定位工作步骤如图 4 所示。使用 TSM-YOLO 对番茄苗盘图像进行实例分割，通过定位算法提取分割得到的幼苗掩码中心，从而获取番茄幼苗的生长点位置。其中，定位算法的定位逻辑直接决定幼苗生长点的定位准确性，因此定位算法的选取至关重要。

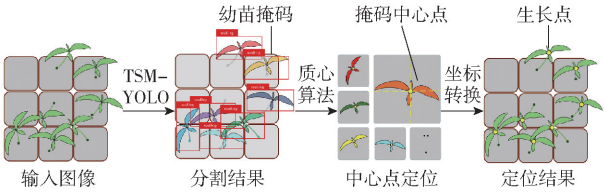


图 4 番茄幼苗生长点定位

Fig. 4 Growth point positioning of tomato seedlings

质心算法是一种在图像处理、计算机视觉与目标检测领域，用于快速定位目标区域几何中心、实现目标中心点提取与位置定位的经典数值计算技术[19]，平面不规则图形、复杂三维几何体均可通过质心法实现其形态学中心的精确定位。Zhang 等通过计算相连区域的质心坐标，精确定位出了杂草的不规则顶端分生组织[20]。He 等[21]借助 3D 扫描和力学传感，实现复杂零件质心的亚毫米级精度测量。因此，为对幼苗掩码实现精准的中心点定位，选择质心法用于番茄幼苗掩码中心点定位。质心法定位原理公式为

$$(x_{mask},y_{mask})=\left(\frac{1}{Z}\sum_{z-1}^{Z}x_z,\frac{1}{Z}\sum_{z=1}^{Z}y_z\right) \tag{15}$$

式中 x_{mask}——幼苗掩码中心点横坐标

y_{mask}——幼苗掩码中心点纵坐标

x_z——第 z 个前景像素点横坐标

y_z——第 z 个前景像素点纵坐标

Z——前景像素点总数

由于幼苗掩码的中心点定位工作独立进行，每个对象均以自身检测框作为参考基准，所提取的掩码中心点仍处于各自的坐标系中，其坐标原点分别位于自身目标检测框左下角。为了将掩码中心点恢复到图像基准下坐标系，得到幼苗生长点坐标，需对其进行坐标变换。变换过程为

$$\begin{cases}x_{sc}=X_{box}+x_{mask}-\dfrac{W_{box}}{2}\\ y_{sc}=Y_{box}+y_{mask}-\dfrac{H_{box}}{2}\end{cases} \tag{16}$$

式中 x_{sc}——幼苗生长点横坐标

y_{sc}——幼苗生长点纵坐标

X_{box}——目标检测框矩形中心横坐标

Y_{box}——目标检测框矩形中心纵坐标

H_{box}——目标检测框高度

W_{box}——目标检测框宽度

1.3.2 盘穴中心点定位

盘穴中心点定位工作步骤如图 5 所示。先从番茄苗盘图像中提取穴盘掩膜[22]（穴盘颜色为蓝色），统计其在图像水平和竖直方向上的像素分布。再通过直方图检测技术捕捉并筛选出关键峰值坐标[23]，在相应的坐标位置绘制直线，利用图像构建完整的番茄穴盘网格，进而确定每个盘穴中心点位置。

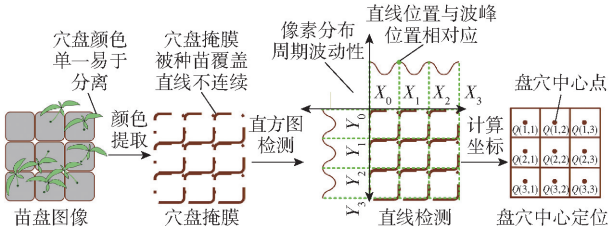


图 5 盘穴中心点定位

Fig. 5 Central point positioning of plug tray cells

对于 M 行 N 列规格的番茄穴盘，通过直方图检测可以得到 $N+1$ 条垂直直线以及 $M+1$ 条水平直线。以图像左下角为原点 O，各直线坐标形式表示为

$$L_x=\{x_0,x_1,x_2,\cdots,x_N\} \tag{17}$$

$$L_y=\{y_0,y_1,y_2,\cdots,y_M\} \tag{18}$$

式中 L_x——穴盘垂直线

L_y——穴盘水平线

各盘穴中心坐标可以表示为

$$(x_{cc},y_{cc})=\left(\frac{x_{n-1}+x_n}{2},\frac{y_{m-1}+y_m}{2}\right) \tag{19}$$

式中　x_{cc}——盘穴中心点横坐标

y_{cc}——盘穴中心点纵坐标

1.4　苗穴匹配算法

出苗早期生长阶段番茄幼苗在穴盘中的生长情况如图 6 所示，幼苗生长范围已逐步扩张至相邻的盘穴，但依然处在一定大小以内。经过观察总结，确认出苗早期幼苗的生长范围为以自身所在格为中心的 3 ×3 格内，进一步地，对于幼苗生长点，对应的盘穴处于与之相邻的 2 ×2 格中。

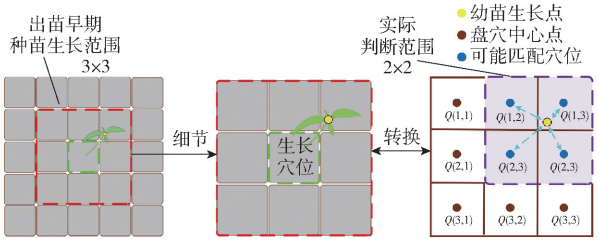


图 6　匈牙利算法改进依据

Fig. 6　Basis for algorithm improvement in Hungary

匈牙利算法是一种用于求解二分图最大匹配与最小权匹配的匹配算法，常用于任务分配、人员排班、资源匹配等场景，对苗穴匹配工作有着极强契合性。为了实现幼苗生长点与盘穴中心点的合理匹配，对传统匈牙利算法进行优化，将每株番茄幼苗的匹配空间由全局压缩到 2 ×2 格，使得每个种苗生长点只与其距离代价最小的 4 个穴盘中心点之间进行匹配。为实现上述改动，在求解距离代价矩阵前对矩阵嵌入限制条件，通过求解新的代价矩阵，实现空间约束下最优匹配。

优化后的匈牙利匹配算法具体计算过程为：

(1)将番茄幼苗生长点和盘穴中心点分别表示为集合的形式，且番茄幼苗数量小于盘穴数量，即

$$S = \{s_1, s_2, \cdots, s_I\} \tag{20}$$

$$U = \{u_1, u_2, \cdots, u_J\} \quad (J \geqslant I) \tag{21}$$

式中　I——幼苗个数　　J——盘穴个数

(2)计算出 2 个集合中所有点对的欧氏距离，并构建欧氏距离代价矩阵，其内部元素分别对应各点对之间的距离，即

$$\boldsymbol{D} = \begin{bmatrix} D_{11} & \cdots & D_{1J} \\ \vdots & & \vdots \\ D_{I1} & \cdots & D_{IJ} \end{bmatrix} \tag{22}$$

其中

$$D_{ij} = d(s_i, u_j) \tag{23}$$

$$d(s_i, u_j) = \sqrt{(x_{sc}^i - x_{cc}^j)^2 + (y_{sc}^i - y_{cc}^j)^2} \tag{24}$$

式中　$\boldsymbol{D}$——欧氏距离代价矩阵

D_{ij}——矩阵元素

$d(s_i, u_j)$——欧氏距离

s_i——第 i 株番茄幼苗

u_j——第 j 个穴盘盘穴

x_{sc}^i——第 i 株番茄幼苗生长点横坐标

y_{sc}^i——第 i 株番茄幼苗生长点纵坐标

x_{cc}^j——第 j 个穴盘中心横坐标

y_{cc}^j——第 j 个穴盘中心纵坐标

(3)建立距离代价矩阵后，对于矩阵的每 1 行，数值最小的 4 个元素保持大小不变，其余元素均置为正无穷。

(4)通过传统匈牙利矩阵求解[24]，得到在加入限制条件后的 2 类中心点集合之间总匹配距离最小的最优匹配方案，将结果转换为苗穴映射关系。

2　检测结果

2.1　TSM - YOLO 训练及分割结果

2.1.1　数据集制作

训练分割模型所用番茄幼苗图像数据集采自泰山番茄创新研究院，采集设备为 MV - CE050 - 30GM 型工业相机，采集图像共 791 幅，且均在垂直于苗盘平面的固定高度拍摄。数据集制作方面，在采集的样本中选出具有出苗早期生长阶段典型特征的图像 320 幅。接着，使用如图 7 所示的数据增强技术，包括随机翻转、随机裁剪、随机模糊、随机颜色调整等，将数据集扩充到 1 500 幅，并按照比例 8∶2随机划分训练集和验证集，分别为 1 200 幅和 300 幅。

2.1.2　试验环境

模型训练和评估均在同一试验环境下运行，所使用软硬件环境详细信息以及模型训练配置超参数见表 1。

模型训练使用参数量、浮点运算量和模型内存占用量评估模型参数和计算效率，采用准确率、召回率、平均精度(AP_{50}、AP_{50-95})、平均召回率等指标对模型性能进行定量评价。

2.1.3　训练结果

在 TSM - YOLO 模型训练过程中训练与验证的 box、seg、cls、dfi 4 类损失在前期快速下降，后期趋于平稳，模型训练与验证损失变化趋势一致。如图 8 所示，检测和分割任务的精确率与召回率曲线均随训练次数增加而上升，表明模型对目标的检测与分割能力持续提升。训练后期各项数据达到峰值，分割任务的 AP_{50} 接近 95%、AP_{50-95} 约 75%，表明模型定位和分割精度均处于较高水准。

对比改进前后模型对 3 种光照强度下番茄苗盘图像进行幼苗分割的可视化结果。如图 9 所示，在正常光照条件下，两模型均未出现明显误检与漏检，但 TSM - YOLO 对缺苗目标的检测置信度普遍高于

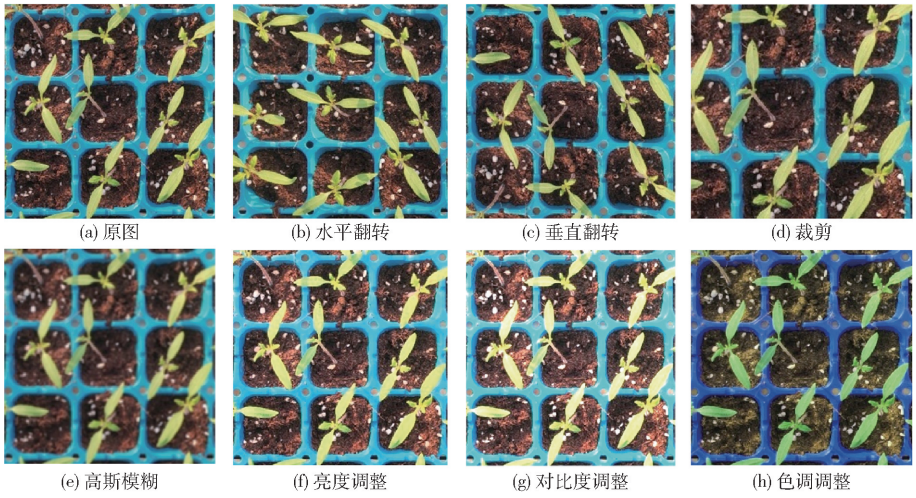


图 7 图像数据增强

Fig. 7 Image data augmentation

表 1 环境配置及训练参数

Tab. 1 Environment configuration and training parameters

参数	数值/形式
CPU	Intel(R) Core(TM) i7 - 14650HX
GPU	NVIDIA GeForce RTX 4070
CUDA	12. 4
编程语言	Python 3. 9
深度学习框架	Pytorch 2. 5. 1
图像尺寸	512
批次大小	4
训练轮次	100
初始学习率	0. 01
权重衰减系数	0. 000 5
优化器	SGD

前者,识别稳定性与准确度更优。在强光条件下,过曝现象导致 YOLO 11n 模型对缺苗区域特征提取不足,出现漏检情况,而 TSM - YOLO 仍能以较高置信度完成检测。在弱光条件下,原模型因叶片变暗后与基质区域特征相似、边缘分离度减小而易发生遗漏错误,而 TSM - YOLO 未出现此类漏检,表明其在低照度环境下具有较强的抗干扰能力。

为探究引入改进机制后 TSM - YOLO 模型关注区域的变化,采用基于梯度的模型可解释性算法 HIResCAM[25] 对模型工作过程进行可视化分析。通过生成热力图直观反映模型对图像中不同区域关注程度,其中红黄色表示高度关注区域,蓝色表示关注度较低区域。

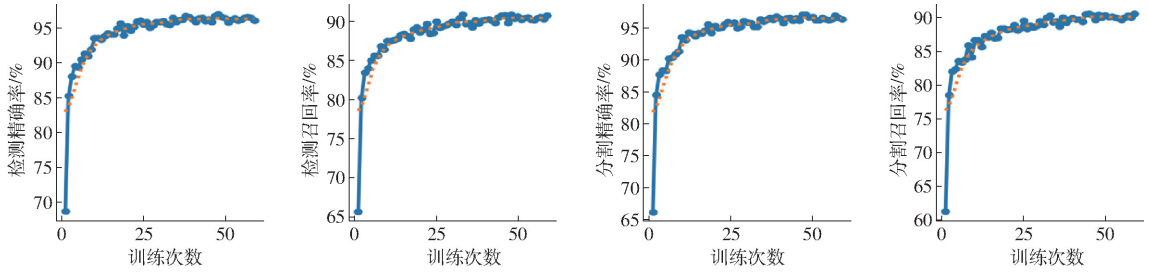


图 8 TSM - YOLO 训练指标变化曲线

Fig. 8 TSM - YOLO training metrics change curves

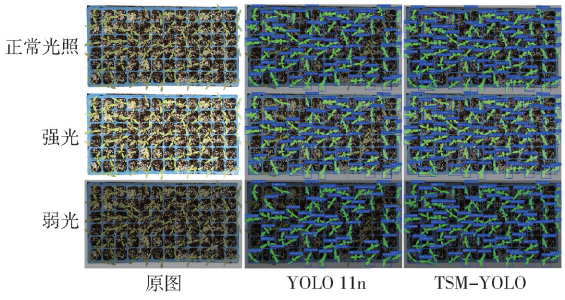


图 9 不同光照条件下分割结果

Fig. 9 Segmentation results under different lighting conditions

如图 10 所示,相较 YOLO 11n 模型,TSM - YOLO 对番茄穴盘苗的关注区域更精准、聚焦度更高。尤其在幼苗叶片更茂密、重叠度更高的出苗早期的番茄苗盘中,YOLO 11n 的关注区域出现了明显分散和模糊,而 TSM - YOLO 模型在复杂场景下仍能对每株幼苗保持清晰关注。

2.1.4 消融试验

为分析各改进方法对番茄幼苗实例分割模型的准确性和轻量化方面的提升效果,使用 YOLO 11n

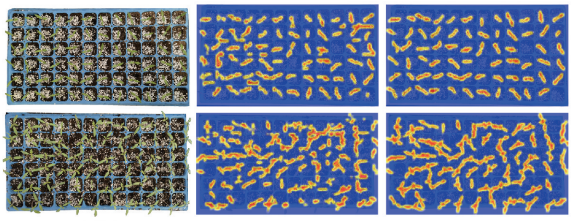


图 10　改进前后模型目标热力图

Fig. 10　Target heatmap of model before and after improvement

作为基线模型进行 4 项消融试验，结果如表 2 所示。其中，√表示使用此模块(方法)。

由表 2 可知，使用 C3K－DS2 替换骨干网络中的 C3K 后，模型参数量从 2.8×10^6 降至 2.5×10^6，浮点运算量从 6.2×10^9 降至 5.2×10^9，同时分割 AP_{50} 提升 0.1 个百分点，分割 AP_{50-95} 提升 2.3 个百分点。表明 C3K－DS2 模块的高效特征提取机制，能够在显著提升模型计算效率的同时，增强模型对幼苗目标关键信息的捕捉能力。

表 2　消融试验结果

Tab. 2　Ablation experiment

C3K－DS2	CBAM	E－Dice	AP_{50}/%	AP_{50-95}/%	参数量	浮点运算量	模型内存占用量/MB	帧率/(f·s^{-1})
			95.2	67.5	2.8×10^6	6.2×10^9	5.7	114.8
√			95.3	69.8	2.5×10^6	5.2×10^9	4.9	137.3
√	√		96.7	76.2	2.6×10^6	5.7×10^9	5.1	129.1
√	√	√	97.6	78.9	2.6×10^6	5.7×10^9	5.2	128.7

在此基础上引入轻量级 CBAM 注意力机制后，分割 AP_{50} 和分割 AP_{50-95} 分别提升至 96.7% 和 76.2%，较基线模型分别提升 1.5、8.7 个百分点。模型的特征聚焦能力进一步强化，参数量增至 2.6×10^6，浮点运算量回升至 5.7×10^9，模型内存占用量增至 5.1 MB，推理速度为 129.1 f/s，性能与效率实现良好平衡。

进一步添加 E－Dice 损失函数后，分割 AP_{50} 和分割 AP_{50-95} 分别升至 97.6% 和 78.9%，模型对幼苗边缘细节的分割精度得到突破性提升。参数量维持 2.6×10^6 无明显变化，浮点运算量保持 5.7×10^9 不变，模型内存占用量增至 5.2 MB，推理速度稳定在 128.7 f/s，整体推理效率未出现明显下降。

改进后模型 TSM－YOLO 分割 AP_{50}、AP_{50-95} 比基线模型提升 2.4、11.4 个百分点，模型参数量、浮点运算量和内存占用量分别减少 7.1%、8.1% 和 8.8%，推理速度提升 12.1%。相较于基线模型，TSM－YOLO 模型在大幅提升分割精度的前提下，参数量、浮点运算量和内存占用量依旧维持在较低水平，推理速度也实现有效提升。

2.1.5　不同模型性能测试

为研究 TSM－YOLO 模型与其他实例分割模型对于番茄穴盘幼苗分割性能的差异，选取模型 YOLO v8n、YOLO v9c、YOLO 11n、YOLO 12n、Mask R－CNN(resnet50)和 Mask R－CNN(resnet101)开展了性能测试，结果如表 3 所示。

表 3　不同模型性能测试结果

Tab. 3　Performance test of different models

模型	AP_{50}/%	AP_{50-95}/%	参数量	浮点运算量	模型内存占用量/MB	帧率/(f·s^{-1})
YOLO v8n	95.0	67.9	3.34×10^6	7.71×10^9	6.5	96.0
YOLO v9c	95.7	71.0	2.78×10^7	1.02×10^{11}	53.6	53.7
YOLO 11n	95.2	67.5	2.80×10^6	6.20×10^9	5.7	114.8
YOLO 12n	94.2	64.6	2.81×10^6	5.90×10^9	5.7	76.7
Mask R－CNN(resnet50)	94.4	59.2	4.38×10^7	1.47×10^{11}	334.7	12.0
Mask R－CNN(resnet101)	93.9	61.5	6.69×10^7	2.53×10^{11}	479.8	3.9
TSM－YOLO	97.6	78.9	2.60×10^6	5.70×10^9	5.2	128.7

由表 3 可知，TSM－YOLO 模型在幼苗分割任务的综合性能上显著优于多数主流分割模型：在分割精度方面，TSM－YOLO 分割 AP_{50} 达到 97.6%、分割 AP_{50-95} 达 78.9%，超越 YOLO v8n、YOLO v9c 等主流 YOLO 系列模型及 2 类 Mask R－CNN 模型，展现出更强的目标检出能力和边缘定位精度；在模型轻量化层面，TSM－YOLO 参数量仅 2.60×10^6、浮点运算量 5.70×10^9、内存占用量 5.2 MB，不仅较基准模型 YOLO 11n 分别减少 2×10^5、5×10^8、0.5 MB，远低于 YOLO v9c 以及 Mask R－CNN 类传统模型，轻量化优势突出；在推理速度上，TSM－YOLO 帧率达到 128.7 f/s，较基准模型 YOLO 11n 提升 13.9 f/s，工作效率高于其他模型，实时性表现优异。

TSM－YOLO 模型在分割精度、推理速度和轻

量化程度上实现了高效平衡,较其他主流分割模型具备显著综合优势,能够充分满足出苗早期番茄幼苗分割任务对精度和实时性的核心要求。

2.2 幼苗生长点定位试验

为评估不同定位算法在幼苗生长点定位任务中的性能表现,选取多种主流形态学中心点定位算法,包括质心法、外接框法、外接圆法以及骨架结构法[26-28]。如图 11 所示,以各种形态的番茄幼苗黑白掩码图作为样本开展定位试验,其中类型 A 是形态完整匀称、边缘清晰和连通性好的优质掩码,类型 B 是形态基本匀称、边缘清晰但出现一定碎片化的掩码,类型 C 是形态不规则、边缘精度一般但连通性好的掩码,类型 D 是形态不规则、边缘模糊且碎片化比较严重的掩码。对于每类幼苗掩码图,各准备 100 幅样本,使用 LabelMe 内置的点标注工具对掩码中心进行手动标注,作为检验定位算法的基准中心点。

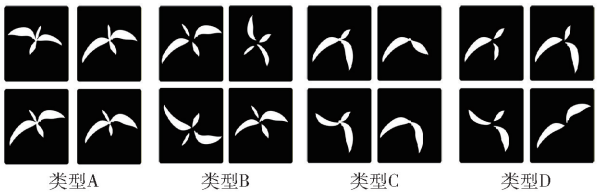


图 11 定位算法试验样本

Fig. 11 Samples for location algorithm experiment

为更直观地展示各种中心点定位算法的工作表现,展示了各种算法的定位结果,并用不同颜色的点标记表示不同定位算法得到的番茄幼苗掩码中心点。各种算法定位结果如图 12 所示,质心法的定位中心更靠近手绘基准点,相比其他方法工作表现更加精准稳定。

为给定位算法选取提供可靠的性能参考,反映各算法在定位精度、稳定性与鲁棒性上的差异,以中心点定位偏差最大值、平均值以及标准差作为评价依据。

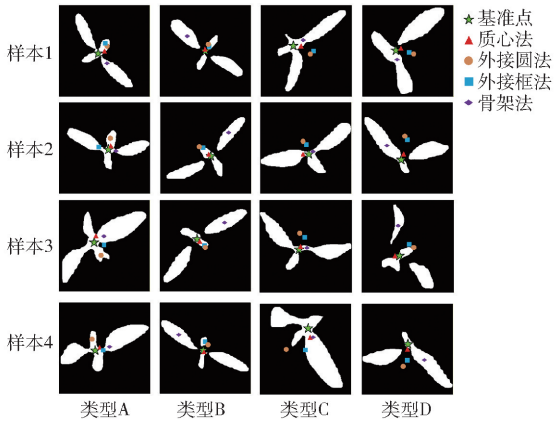


图 12 不同定位算法工作表现

Fig. 12 Performance of different positioning algorithms

不同定位算法的定位偏差最大值、平均值以及标准差如表 4 ~6 所示,分析可知质心法定位偏差最大值(8.09 mm)、平均值(3.39 mm)和标准差(1.78 mm)均小于其他 3 种算法。外接圆、外接框法精度略低于质心法,且在不规则型掩码图(类型 C、D)上的表现变差,说明这 2 类定位方法一定程度上会受到掩码形态的影响。骨架法在完整型掩码图(类型 A、C)上的工作表现正常,而在非完整型掩码图(类型 B、D)上的定位表现极差,证明其稳定性不足以实现对各类掩码的有效定位。

表 4 不同算法定位偏差最大值

Tab. 4 Maximum positioning deviation of different algorithms mm

定位方法	类型 A	类型 B	类型 C	类型 D	平均值
质心法	7.88	7.84	8.39	8.26	8.09
外接框法	9.08	9.12	10.05	10.34	9.65
外接圆法	9.30	9.05	10.69	11.01	10.01
骨架法	8.96	15.93	9.61	16.19	12.67

表 5 不同算法定位偏差平均值

Tab. 5 Average positioning deviation of different algorithms mm

定位方法	类型 A	类型 B	类型 C	类型 D	平均值
质心法	2.93	3.04	3.74	3.85	3.39
外接框法	4.24	4.35	6.96	7.06	5.65
外接圆法	4.12	4.18	7.03	7.44	5.69
骨架法	3.53	10.29	4.39	11.05	7.32

表 6 不同算法定位偏差标准差

Tab. 6 Standard deviation of localization deviation mm

定位方法	类型 A	类型 B	类型 C	类型 D	平均值
质心法	1.77	1.71	1.85	1.80	1.78
外接框法	2.17	2.26	3.05	3.22	2.68
外接圆法	2.24	2.21	3.61	3.53	2.90
骨架法	2.47	5.58	2.63	5.09	3.94

整体而言,质心定位算法在掩码中心点定位工作中误差最小且稳定性最高,故采用质心法作为番茄幼苗生长点定位算法。

2.3 盘穴中心点定位结果

基于幼苗生长点与盘穴中心匹配的缺苗检测方法中,其中的盘穴中心点定位,通过设定颜色通道阈值对图像内穴盘盘体部分进行提取[29],提取结果如图 13 所示。由图 13 可知,由于基质和叶片的遮挡,导致提取出的穴盘盘体掩码存在明显碎片化问题。

基于上方穴盘掩码建立如图 14 所示的像素分布直方图,可见穴盘掩码在沿特定方向上呈现出规律的波动性。波谷位置对应盘穴区域,而波峰则对

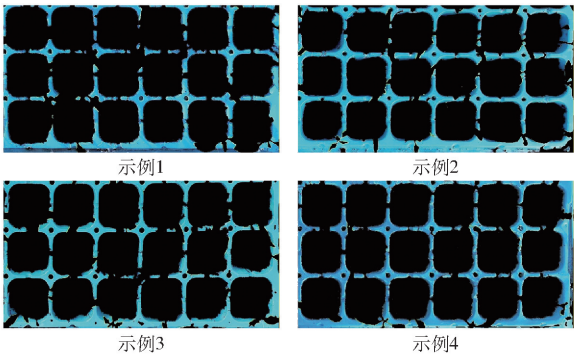


图 13　穴盘掩码

Fig. 13　Seedling plug tray masks

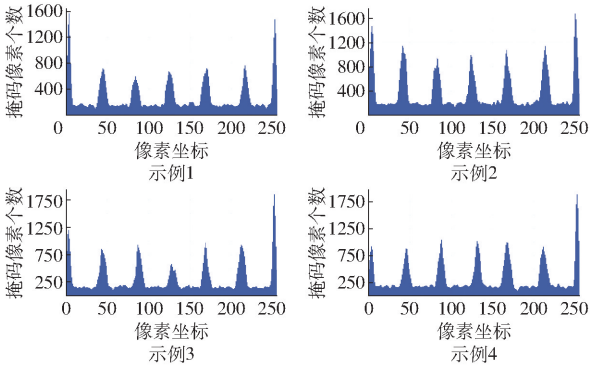


图 14　穴盘网格掩码直方图

Fig. 14　Seedling plug tray grid mask histograms

应盘穴之间的隔板区域。这种波动特征与穴盘的阵列式结构高度契合，能够清晰反映出穴孔的分布密度与排列规律。

使用直方图检测技术对波峰位置进行定位后，记录坐标信息并在相应坐标处绘制直线，在完成直线检测的同时计算出盘穴中心位置。最终构建的穴盘网格及盘穴中心点定位结果如图 15 所示，橘色线为穴盘网格线，橘色标记点为盘穴中心点。

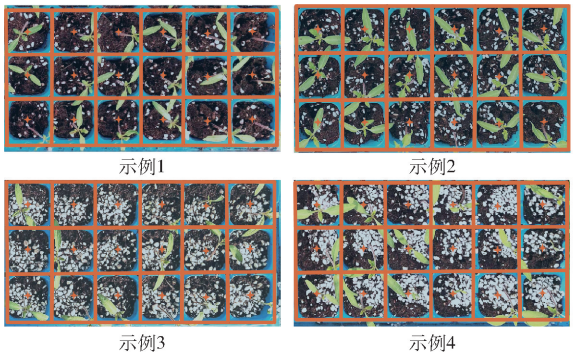


图 15　穴盘网格及盘穴中心点

Fig. 15　Seedling plug tray grid and tray hole center point

2.4　中心点匹配结果

为检验匈牙利算法优化的有效性以及针对苗穴匹配工作的匹配正确性和工作效率，设置了匹配算法对比试验，对比就近匹配算法[30]以及优化前后的匈牙利算法对于各生长阶段的番茄苗盘中的苗穴匹配结果。

使用 15 幅子叶期番茄穴盘、15 幅出苗早期番茄苗盘图像作为样本，按照前文步骤通过图像完成中心点定位工作后，分别使用 3 种匹配算法对 2 类中心点进行匹配。各算法的匹配结果如图 16 所示，其中黄色点表示幼苗生长点，绿色、红色点分别表示匹配成功、失败的盘穴中心点，黑色、红色和紫色连接线分别表示就近匹配算法、传统匈牙利算法和优化后的匈牙利算法的匹配结果。

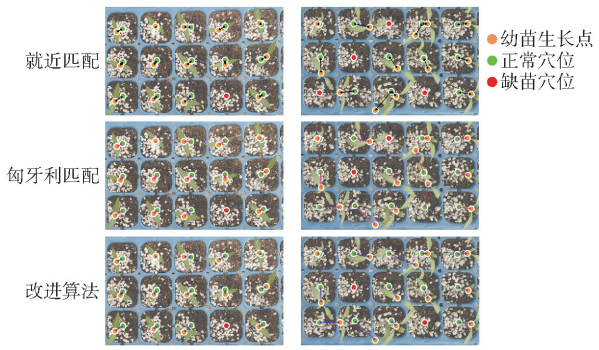


图 16　不同算法匹配结果

Fig. 16　Matching results by different matching algorithms

由图 16 可知，在子叶期番茄苗盘中，幼苗的生长范围较小，不会超过自身所在的盘穴，3 种匹配方法均未出现明显错误。而在出苗早期的番茄苗盘中，由于幼苗生长范围扩大，超出自身所在穴位，就近匹配算法无法捕捉全局信息以及实现苗穴中心点的一一匹配，因此在出苗早期的番茄苗盘中的工作表现极差。而传统匈牙利算法虽然能够实现幼苗点与苗穴中心点的一一匹配，但其为了满足总匹配距离最短的要求，过度注重整体而忽略了局部细节，导致其易出现极端匹配现象，相距特别远的幼苗生长点和盘穴中心点也有可能发生匹配，致使其工作正确率难以提高且稳定性较差。对于优化后的匈牙利算法，在传统匈牙利算法满足总匹配距离最短的要求下，加入距离限制，使幼苗生长点只能在与之相邻的穴位之间进行匹配，遏制了极端匹配现象的发生，提高了匹配稳定性。

为探究各种算法可靠性和实时性，统计不同算法对于两时期的苗穴中心点匹配工作正确率 R_k 以及匹配速度 t_m（不含中心点提取时间），统计结果如表 7、8 所示。

由表 7、8 可知，匹配算法计算量主要与 2 类中心点的数量相关，因此匹配速度基本不受番茄幼苗生长所处的时期影响。3 种匹配方法在子叶期均有

表 7　子叶期苗穴匹配结果

Tab. 7　Seedling－cell matching results at cotyledon stage

匹配方式	R_k/%	t_m/(ms·盘$^{-1}$)
就近匹配	99.9	5.8
传统匈牙利	99.9	24.8
优化匈牙利	99.9	8.3

表 8 出苗早期苗穴匹配结果

Tab. 8 Seedling – cell matching results at early emergence stage

匹配方式	R_k/%	t_m/(ms·盘$^{-1}$)
就近匹配	67.6	5.8
传统匈牙利	85.3	24.9
优化匈牙利	90.7	8.5

极高的匹配正确率,其中,就近匹配由于其计算逻辑的简单性在 3 种方法中匹配工作所需时间最短,其次是优化后的匈牙利算法,传统匈牙利算法所用时间最长。

通过分析匹配正确率,就近匹配算法在出苗早期的匹配正确率仅有 67.6%,无法胜任针对出苗早期番茄苗盘缺苗检测工作。传统匈牙利算法虽然以 85.3% 的正确率实现了出苗早期番茄苗盘的匹配工作,但 24.9 ms/盘的匹配计算耗时过长。改进匈牙利算法将出苗早期正确率提升至 90.7%,匹配耗时 8.5 ms/盘,实现了效率与精度的平衡,更适用于出苗早期番茄苗盘的检测工作。

2.5 缺苗检测结果

为证明基于幼苗生长点与盘穴中心点匹配的缺苗检测方法的优越性,展示了使用该方法与目前主流视觉检测方法对子叶期与出苗早期番茄苗盘的缺苗检测结果,并设立缺苗检测试验,记录和统计各检测方法的检测数据。

各检测方法对子叶期与出苗早期番茄穴盘的检测结果如图 17 所示,各方法在子叶期阶段的穴盘检测中能够正常检测,而在出苗早期的番茄穴盘检测中出现明显差异。依靠特征驱动的阈值检测法错误率激增,出现大量漏检以及误检情况,而本文提出的基于中心点匹配的缺苗检测方法在该阶段下仍可正常工作,未出现大量误检漏检的异常状况。

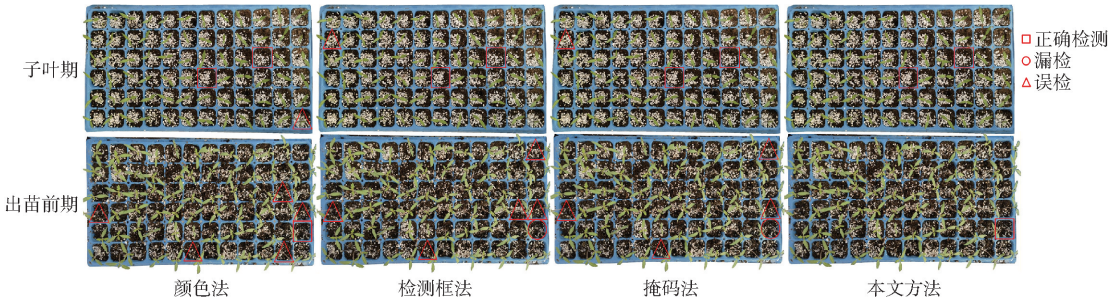


图 17 不同缺苗检测方法检测结果

Fig. 17 Results of different missing seedling detection methods

缺苗检测试验中,使用子叶期及出苗早期的番茄苗盘图像各 15 幅,即 2 个时期盘穴各 1 080 个,作为缺苗检测样本。评价指标公式为

$$R_c = \frac{N_c}{N_e} \times 100\% \tag{25}$$

$$R_m = \frac{N_m}{N_e} \times 100\% \tag{26}$$

$$R_f = \frac{N_f}{N_a - N_e} \times 100\% \tag{27}$$

式中 N_a——盘穴总个数

N_c——缺苗盘穴个数

N_m——漏检盘穴个数

N_f——误检盘穴个数 R_c——检测成功率

R_m——漏检率 R_f——误检率

为验证本文所提方法的优越性,使用基于颜色特征、目标检测框、目标掩码的特征阈值检测法(后文中简称为颜色法、检测框法和掩码法)与本文提出的缺苗检测方法分别对子叶期和出苗早期的番茄苗盘进行缺苗检测试验。检测结果如表 9、10 所示,其中 t_d 为苗盘检测速度。

表 9 子叶期缺苗检测结果

Tab. 9 Missing seedling detection at cotyledon stage

参数	颜色法	检测框法	掩码法	本文方法
N_a	1 080	1 080	1 080	1 080
N_e	52	52	52	52
N_c	50	51	51	51
N_m	2	1	1	1
N_f	10	3	3	3
R_c/%	96.2	98.1	98.1	98.1
R_m/%	3.8	1.9	1.9	1.9
R_f/%	0.9	0.3	0.3	0.3
t_d/(ms·盘$^{-1}$)	19.1	27.6	27.9	28.1

表 10 出苗早期缺苗检测结果

Tab. 10 Missing seedling detection at early-emergence stage

参数	颜色法	检测框法	掩码法	本文方法
N_a	1 080	1 080	1 080	1 080
N_e	58	58	58	58
N_c	39	42	44	53
N_m	19	16	14	5
N_f	69	51	50	10
R_c/%	67.2	72.4	75.9	91.4
R_m/%	32.8	27.6	24.1	8.6
R_f/%	6.8	4.9	4.9	1.0
t_d/(ms·盘$^{-1}$)	18.8	28.0	28.3	28.8

由表 9、10 可知，不同方法的性能表现呈显著的场景适配性差异：在子叶期试验中，各方法的精度指标基本一致，仅在检测速度上存在微小差距。表明此阶段视觉特征相对简单时，各种机器视觉检测方法均具有极高的检测精度。

而在出苗早期，检测场景的复杂度显著提升，各方法的性能分化进一步凸显：颜色法的检测成功率降至 67.2%，漏检率升至 32.8%，误检率达 6.8%，暴露出其对复杂视觉特征的适配性不足。而检测框法、掩码法的精度虽优于颜色法，但成功率、漏检率仍难以满足实际检测的精度需求。而本文方法在出苗早期展现出突出的鲁棒性，检测成功率升至 91.4%，漏检率与误检率分别低至 8.6% 与 1.0%。相较于检测框法与颜色法，实现了精度的跨越式提升，在检测速度上基本不逊色于前 2 种方法，属于可接受的精度与速度的平衡。

综上所述，出苗早期的复杂视觉场景对检测方法的鲁棒性提出了更高要求。颜色法、检测框法和掩码法均存在场景局限性，而本文方法既能够在子叶期保持与其他视觉检测方法相当的精度，又可在出苗早期维持较高的检测性能，是所有检测方法中综合适配性与检测效果最优的方案。

3　结论

（1）提出了基于改进 YOLO 11n 的番茄幼苗实例分割模型 TSM - YOLO 和基于的缺苗检测方法，消融试验以及不同实例模型性能对比试验结果表明，改进后的模型 TSM - YOLO 分割 AP_{50}、AP_{50-95} 分别达到 97.6%、78.9%，对比基线模型提升 2.4、11.4 个百分点，模型参数量、浮点运算量和内存占用量分别减少 7.1%、8.1%、8.8%，推理速度提升 12.1%。

（2）结合深度学习目标分割技术与质心算法，实现了对穴盘密集生长条件下番茄幼苗生长点的精准识别，并设置对比试验验证了质心算法与生长点定位工作的适配性。

（3）通过颜色特征提取和像素直方图检测的方式，成功完成对穴盘的网格直线检测，构建出高质量的番茄穴盘网格，并依靠直线坐标统一定位盘穴中心点，实现了对盘穴中心点的快速定位。

（4）为实现 2 类中心点高精度高效率匹配，根据匹配场景定向优化匈牙利算法，子叶期苗盘匹配正确率达到 99.9%，平均每盘匹配用时 8.3 ms；出苗早期苗盘的匹配正确率达到 90.7%，平均每盘匹配用时 8.5 ms。

（5）本文方法在设立的缺苗检测试验中，子叶期阶段检测成功率达到 98.1%，漏检率 1.9%，误检率 0.3%。在出苗早期阶段检测成功率达到 91.4%，漏检率 8.6%，误检率 1.0%。与传统视觉检测方法相比，展现出了更强的环境适应性与缺苗检测能力。

参　考　文　献

[1] Pandiyaraj P. Modern nursery raising systems in vegetables[J]. International Journal of Agriculture Sciences, 2017, 9(52): 4889 - 4892.

[2] 宋文彬, 任玲, 赵斌栋, 等. 穴盘苗移栽试验台漏苗检测及补苗系统设计[J]. 农机化研究, 2023, 45(7): 58 - 64.
Song Wenbin, Ren Ling, Zhao Bindong, et al. Design of the missing seedling detection and seedling replenishment system of the plug seedling transplanting test bench[J]. Journal of Agricultural Mechanization Research, 2023, 45(7): 58 - 64. (in Chinese)

[3] 文永双, 张宇, 田金元, 等. 蔬菜移栽钵苗检测与缺苗补偿系统设计与试验[J]. 农业机械学报, 2020, 51(增刊 1): 123 - 129.
Wen Yongshuang, Zhang Yu, Tian Jinyuan, et al. Design and experiment of detection and supply system of vegetable plug seedlings for transplanting[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2020, 51(S1): 123 - 129. (in Chinese)

[4] 寻真福. 穴盘苗自动检测及补苗装置的设计[D]. 长沙: 湖南农业大学, 2015.
Xun Zhenfu. Design of automatic detection and seedling replenishing device for plug seedlings[D]. Changsha: Hunan Agricultural University, 2015. (in Chinese)

[5] Wen Y S, Zhang Y, Tian J Y, et al. Design of and experiment with seedling selection system for automatic transplanter for vegetable plug seedlings[J]. Agronomy, 2021, 11(10): 2031.

[6] 王永维, 肖玺泽, 梁喜凤, 等. 蔬菜穴盘苗自动补苗试验台穴孔定位与缺苗检测系统[J]. 农业工程学报, 2018, 34(12): 35 - 41.
Wang Yongwei, Xiao Xize, Liang Xifeng, et al. Plug hole positioning and seedling shortage detecting system on automatic seedling supplementing test-bed for vegetable plug seedlings[J]. Transactions of the CSAE, 2018, 34(12): 35 - 41. (in Chinese)

[7] 张国栋, 范开钧, 王海, 等. 基于机器视觉的穴盘苗检测试验研究[J]. 农机化研究, 2020, 42(4): 175 - 179.
Zhang Guodong, Fan Kaijun, Wang Hai, et al. Experimental study on detection of plug tray seedlings based on machine vision[J]. Journal of Agricultural Mechanization Research, 2020, 42(4): 175 - 179. (in Chinese)

[8] 曹丹丹, 朱玉桃, 王寅初, 等. 基于深度学习的穴盘苗缺苗穴位检测[J]. 农机化研究, 2023, 45(3): 210 - 215.
Cao Dandan, Zhu Yutao, Wang Yinchu, et al. Detection of missing holes in plug seedlings based on deep learning[J]. Journal of Agricultural Mechanization Research, 2023, 45(3): 210 - 215. (in Chinese)

[9] 赵广猛, 王卫兵. 基于 U-Net 模型和 FCM 算法的番茄穴盘苗重叠幼叶分割方法[J]. 江苏农业科学, 2022, 50(2): 206-212.
Zhao Guangmeng, Wang Weibing. Segmentation method for overlapping young leaves of tomato plug seedlings based on U-Net model and FCM algorithm[J]. Jiangsu Agricultural Sciences, 2022, 50(2): 206-212. (in Chinese)
[10] Liu W, Xu M Y, Jiang H Y, et al. Design, integration, and experiment of transplanting robot for early plug tray seedling in a plant factory[J]. Agri-Engineering, 2024, 6(1): 40.
[11] Sapkota R, Karkee M. Comparing YOLOv11 and YOLOv8 for instance segmentation of occluded and non-occluded immature green fruits in complex orchard environment[PP/OL]. V1. arXiv (2024-10-29)[2026-05-10]. https://arxiv.org/abs/2410.19869.
[12] Zhang J, Peng X L. YOLOv11-LC: accurate detection of benign and malignant endometrial lesions using LCA-enhanced YOLOv11 with CMA-C3k2[J]. Signal, Image and Video Processing, 2026, 20(1): 15.
[13] Yan J, Zeng Y, Lin J, et al. Enhanced object detection in pediatric bronchoscopy images using YOLO-based algorithms with CBAM attention mechanism[J]. Heliyon, 2024, 10(12): e32678.
[14] Zheng Y, Tian B, Yu S, et al. Adaptive boundary-enhanced dice loss for image segmentation[J]. Biomedical Signal Processing and Control, 2025, 106: 107741.
[15] 崔永志, 刘阳春, 毛文华, 等. 基于 ResAC-UNet 网络的玉米作物行识别与导航线提取算法研究[J]. 农业机械学报, 2026, 57(1): 348-357, 385.
Cui Yongzhi, Liu Yangchun, Mao Wenhua, et al. Corn crop row recognition and navigation line extraction algorithm based on ResAC-UNet network[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2026, 57(1): 348-357, 385. (in Chinese)
[16] 邹强, 宋欣, 宋中越, 等. 基于残差连接的轻量化番茄作物病害检测模型[J]. 农业机械学报, 2026, 57(1): 140-148.
Zou Qiang, Song Xin, Song Zhongyue, et al. Lightweight tomato crop disease detection model based on residual connections[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2026, 57(1): 140-148. (in Chinese)
[17] 陈燕, 李想, 曹勉, 等. 基于语义分割与实例分割的玉米茎秆截面参数测量方法[J]. 农业机械学报, 2023, 54(6): 214-222.
Chen Yan, Li Xiang, Cao Mian, et al. Measurement of maize stem cross section parameters based on semantic segmentation and instance segmentation[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2023, 54(6): 214-222. (in Chinese)
[18] 李功燕, 任亦立, 马丽艳. 基于梯度分布不均匀性的干瘪红枣识别[J]. 农业机械学报, 2016, 47(11): 213-218.
Li Gongyan, Ren Yili, Ma Liyan. Recognition of wizened red jujube based on ununiformities of gradient distribution[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2016, 47(11): 213-218. (in Chinese)
[19] Ha T, Duddu H, Bett K, et al. A semi-automatic workflow to extract irregularly aligned plots and sub-plots: a case study on lentil breeding populations[J]. Remote Sensing, 2021, 13(24): 4997.
[20] Zhang D, Lu R, Guo Z, et al. Algorithm for locating apical meristematic tissue of weeds based on YOLO instance segmentation[J]. Agronomy, 2024, 14(9): 2121.
[21] He X, Li Z, Pan X, et al. High-precision centroid measurement method based on 3D scanning and Hooke's law[J]. Sensors, 2025, 25(23): 7210-7210.
[22] Wang H, Zheng L, Liu Y, et al. Performance comparison of RGB and HSV color-space threshold segmentation for seedling target extraction under variable field illumination[J]. Sensors, 2022, 22(18): 7126.
[23] Scholkmann F, Boss J, Wolf M. An efficient algorithm for automatic peak detection in noisy periodic and quasi-periodic signals[J]. Algorithms, 2012, 5(4): 588-603.
[24] 谢博耶夫. 匈牙利算法及其推广[D]. 上海: 华东师范大学, 2016.
Xie Boyefu. The Hungarian algorithm and its generalizations[D]. Shanghai: East China Normal University, 2016. (in Chinese)
[25] Draelos R L, Carin L. Use HiResCAM instead of Grad-CAM for faithful explanations of convolutional neural networks[PP/OL]. V4. arXiv (2020-11-21)[2026-05-10]. https://arxiv.org/abs/2011.08891.
[26] 胡鹏, 王海军, 邵春丽, 等. 论多边形中轴问题和算法[J]. 武汉大学学报(信息科学版), 2005, 30(10): 853-857.
Hu Peng, Wang Haijun, Shao Chunli, et al. Polygon medial axis problem and the algorithm[J]. Geomatics and Information Science of Wuhan University, 2005, 30(10): 853-857. (in Chinese)
[27] 毛振帼. 基于中轴的骨架优化算法研究[D]. 武汉: 中南民族大学, 2019.
Mao Zhenguo. Research on skeleton optimization algorithm based on medial axis[D]. Wuhan: South-Central Minzu University, 2019. (in Chinese)
[28] 宗泽, 张雪, 郭彩玲, 等. 基于骨架提取算法的作物表型参数提取方法[J]. 农业工程学报, 2015, 31(增刊2): 180-185.
Zong Ze, Zhang Xue, Guo Cailing, et al. Crop phenotypic parameters extraction method based on skeleton extraction algorithm[J]. Transactions of the CSAE, 2015, 31(S2): 180-185. (in Chinese)
[29] 王东, 方圣辉, 王政. 基于光谱特征和颜色特征的油菜提取研究[J]. 农业机械学报, 2018, 49(3): 158-165.
Wang Dong, Fang Shenghui, Wang Zheng. Extraction for oilseed rape based on spectral feature and color feature[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2018, 49(3): 158-165. (in Chinese)
[30] Ivan G D, Murat B, Fernando D D M, et al. Neighborhood matching for image retrieval[J]. IEEE Transactions on Multimedia, 2017, 19(3): 544-558.