

徐虹, 李林峰, 杨昊, 等. 基于深度学习的植物叶病斑精细化分割方法[J]. 沈阳农业大学学报, 2025, 56(1): 92-107.
XU H, LI L F, YANG H, et al. Fine segmentation method for plant leaf disease spots based on deep learning[J]. Journal of Shenyang Agricultural University, 2025, 56(1): 92-107.

基于深度学习的植物叶病斑精细化分割方法

徐虹^a, 李林峰^a, 杨昊^a, 文武^a, 陈敏^b, 周航^a

(成都信息工程大学 a. 计算机学院; b. 学生工作处, 成都 610200)

摘要: [目的]为解决植物叶中小目标病斑和病斑边缘分割精度差的问题,实现精确的植物叶病害严重程度的评估任务,开发了一种基于深度学习的植物叶片病斑精细分割方法。[方法]以葡萄叶黑腐病、葡萄叶黑麻疹病、草莓叶斑病组成的数据集 I, 苹果叶斑点落叶病、苹果叶黑星病以及苹果叶桧胶锈病组成的数据集 II 为例,以 Deeplabv3+ 为基础,提出一种名为 MFA-Net 的改进的深度学习网络,其使用改进的 Xception 网络作为主干网络。首先,在编码器部分提出多尺度特征提取模块,并用其对主干网络进行改进;该模块通过 3 个分支提取不同尺度的信息,再通过由坐标注意力机制和通道注意力机制组成的双分支注意力部分突出病斑特征信息。其次,在编码器部分提出双残差空洞空间金字塔池化模块,其使用 2 个残差分支对病斑区域信息进行弥补,并利用自注意力机制帮助模型捕捉输入图像的细节信息。最后,通过引入 2 个融合模块构建解码器,有助于减轻信息的丢失问题并维持特征的丰富性。[结果]在评价指标上,2 个数据集的 mIoU 分别为 92.07% 和 91.91%。与 Unet、Unet(Resnet50)、Unet++、HRNetV2、Deeplabv3+(Resnet101) 和 Deeplabv3+(Xception) 等模型相比,在数据集 I 上, mIoU 分别提高 3.73%、5.44%、3.18%、2.79%、5.93% 和 2.65%;在数据集 II 上, mIoU 分别提高 3.82%、5.17%、2.92%、2.38%、6.37% 和 2.13%。[结论]在植物叶病斑区域分割领域中,该方法的分割效果得到了较好的提升,并改善了小目标病斑和病斑边缘的分割效果。

关键词: 多尺度特征; 注意力机制; 残差结构; 小目标病斑分割; 病斑边缘分割

中图分类号: S436.6

文献标识码: A

文章编号: 1000-1700(2025)01-0092-16

Fine Segmentation Method for Plant Leaf Disease Spots Based on Deep Learning

XU Hong^a, LI Linfeng^a, YANG Hao^a, WEN Wu^a, CHEN Ming^a, ZHOU Hang^a

(a. School of Computer Science; b. Student Affairs Office, Chengdu University of Information Technology, Chengdu 610200, China)

Abstract: [Objective] In order to solve the problem of poor segmentation accuracy of small target disease spots and disease spot edges in plant leaves, and to achieve accurate assessment of the severity of plant leaf diseases, a refined segmentation method for plant leaf disease spots based on deep learning was developed. [Methods] This article takes dataset I consisting of grape leaf black rot disease, grape leaf black measles disease, and strawberry leaf spot disease, and dataset II consisting of apple leaf spot drop disease, apple leaf black spot disease, and apple leaf rust disease as examples. Based on Deeplabv3+, an improved deep learning network called MFA Net is proposed, which uses an improved Xception network as the backbone network. Firstly, a multi-scale feature extraction module was proposed in the encoder section and used to improve the backbone network; This module extracts information of different scales through three branches, and then highlights lesion feature information through a dual branch attention mechanism consisting of coordinate attention mechanism and channel attention mechanism. Secondly, a dual residual cavity space pyramid pooling module was proposed in the encoder section, which uses two residual branches to compensate for the information of the lesion area and utilizes self

收稿日期: 2024-07-13

修回日期: 2024-10-13

基金项目: 四川省科技计划项目(2023JZDH0034); 四川省自然科学基金项目(2022NSFSC0964)

第一作者: 徐虹(1967-), 女, 硕士, 教授, 从事云计算及高性能计算研究, E-mail: xuhong@cuit.edu.cn

attention mechanism to help the model capture the detailed information of the input image. Finally, by introducing two fusion modules to construct a decoder, it helps alleviate the problem of information loss and maintain feature richness. [Results] In terms of evaluation indicators, the mIoU of the two datasets were 92.07% and 91.91%, respectively. Compared with models such as Unet, Unet (Resnet50), Unet++, HRNetV2, Deeplabv3+(Resnet101), and Deeplabv3+(Xception), on dataset I, mIoU improved by 3.73%, 5.44%, 3.18%, 2.79%, 5.93%, and 2.65%, respectively. On dataset II, mIoU increased by 3.82%, 5.17%, 2.92%, 2.38%, 6.37%, and 2.13%, respectively. [Conclusion] In the field of plant leaf lesion segmentation, the segmentation performance of this method has been significantly improved, and the segmentation effect of small target lesions and lesion edges has been improved.

Key words: mlti scale features; attention mechanism; residual structure; small target lesion segmentation; edge segmentation of lesions

植物病害的迅速传播对农业生产和全球粮食安全构成了可持续性威胁,并对经济造成重大损失^[1-2]。在中国,葡萄、草莓和苹果等植物也深受病害的影响,因此及时发现病害并采取相应措施对于我国相关产业的发展极其重要。在生长过程中,葡萄、草莓和苹果等水果会出现葡萄叶黑腐病、葡萄叶黑麻疹病、草莓叶斑病、苹果叶斑点落叶病、苹果叶黑星病和苹果叶桧胶锈病等多种叶病,这些病害会严重影响果实产量^[3-5]。对于上述水果出现的多数果叶疾病,病斑不仅数量多,而且在形状、大小和颜色上也表现出显著的差异。因此,准确识别并高效地分割植物叶上的病斑对于实现智能化病害监测和农业管理任务至关重要。

在农业领域,图像处理技术为自动化监测和诊断植物病害作出了卓越贡献。其中,利用图像处理技术来实现植物叶病斑的准确分割是实现自动化病害监测和诊断的关键步骤之一。图像处理技术具有高效、准确、客观等特点,其经历了传统图像处理方法、基于特征提取的方法、机器学习的方法以及深度学习的方法4个阶段^[6]。

近年来,随着硬件性能的提高,深度学习在计算机视觉领域取得了显著的进展,其在农业图像处理中的应用为精准农业提供了新的解决方案,因此智能农业化成为了当前研究的热点^[7]。常见的深度学习模型有Unet^[8]、Unet++^[9]、DeeplabV3+^[10]和HRNetV2^[11]等,在这些方法上进行改进的方法更是层出不穷。YUAN等^[12]为了准确分割葡萄叶黑腐病的病点,将ResNet101^[13]网络作为DeepLabv3+的骨干网络,并引入通道注意力模块,还在编码器中增加了基于特征金字塔网络的特征融合分支,融合了不同层次的特征图,使平均交并比、平均召回率和F1分数分别提高了3.0%、2.3%和1.7%。DENG等^[14]为了提高番茄病害的分割精度,提出了一种跨层注意力融合机制结合多尺度卷积的模型MC-Unet,其利用不同大小的卷积提取多尺度番茄叶片的信息,并使用一种跨层注意力融合机制(CAFM)替换了网络的输出层,达到了91.32%的准确率。FU等^[15]对马铃薯叶病斑分割精度低的问题提出了RS-Unet模型,其引入ResNet50作为骨干网络并引入了SE^[16](Squeeze and Excitation)注意力机制,在平均交并比和Dice指标上分别比Unet提高了8.96%和6.33%。毛万菁等^[17]出了一种基于注意力机制的改进Unet草莓语义分割模型,在编码器中加入了CNN-Transformer混合结构,并在解码器中用双上采样模块代替传统的上采样,实现了92.56%的分割准确率。何自芬等^[18]针对苹果叶片病斑分割精度低和泛化能力差的问题,在骨干网络中引入了改进的空间通道压缩与激励注意力机制(Spatialchannel Squeeze & Excitation, scSE),并使用非对称混洗卷积模块代替原始的残差模块来扩大卷积核的感受野和增强特征提取能力,还在非对称混洗卷积模块引入scSE模块弥补了关联性不足的问题,最终得到了较高的分割精度。赵小虎等^[19]针对番茄叶部病害分割精度低和训练速度过慢等问题,减小了图像输入尺寸,并在Unet解码器结构上添加了注意力机制,关注病斑边缘,有效地提高了分割精度和速度。晁晓菲^[20]提出了斜纹池化方法和交叉池化方法,并构建了斜纹池化模块、交叉池化模块以及交叉混合池化模块,再将上述模块融入到Unet网络中以提升网络全局空间注意力提取能力,提高了苹果叶部病斑分割中的性能。王英允等^[21]以苹果叶锈病、褐斑病、灰斑病和链格孢菌叶斑病为例,提出了一种改进Unet语义分割模型,以提高对苹果叶部病斑的分割能力。其中骨干网络采用ResNet50,在跳跃连接部分引入卷积块状注意力机制(CBAM),最后利用条件随机场优化分割结果,较大程度上提升了分割性能。

综上所述,基于深度学习的植物叶病斑分割已经取得了较好的发展。然而,针对较小病斑分割和病斑边缘分割效果较差仍然是一个值得深入研究的问题。本研究以此为切入点,使用优秀分割性能的Deeplabv3+模型为基础,提出了一种改进的用于植物叶病斑精细化分割的模型(Multi Feature Attention Network, MFA-Net),以提高较小区域病斑的分割准确性并改善病斑边缘分割不够精确的问题。

1 材料与方法

1.1 数据来源及预处理

本试验所用的数据集由 ZHOU 等^[22]于 2023 年使用 Paint.net 标注工具进行标注和发布,其通过该工具打开图像,使用线宽为 1 像素的铅笔来描述一个点的边缘以形成封闭区域,封闭区域用与边缘线相同的颜色填充,最后保存为注释文件。经过整理,共获得 2 个数据集,数据集 I 包含葡萄叶黑腐病、葡萄叶黑麻疹病和草莓叶斑病 3 种疾病;数据集 II 包含苹果叶斑点落叶病、苹果叶黑星病和苹果叶桧胶锈病 3 种疾病,作为补充数据集额外验证模型对病斑的分割能力。数据集 I 和数据集 II 原图像分别为 293 张、275 张,经过不同角度旋转、上下翻转、左右翻转、亮度调整以及对对比度调整等 12 种增强方法扩展数据集,增强后分别包含 3 809 张、3 575 张斑点状叶病的图像。数据集的构成如表 1 和表 2。数据集中病叶图像格式为 jpg,标注图像格式为 png,复杂背景图像及其标注图像大小为 512×512,其余图像大小为 256×256。2 个数据集均按照 6:2:2 的比例划分为训练集、验证集以及测试集。为了提升模型的鲁棒性和泛化性能,在预处理时再对图像进行随机缩放、随机旋转以及高斯模糊等在线增强操作。

表1 数据集I构成

Table 1 Dataset I composition

疾病名称 Disease name	图片数量 Number of images
葡萄叶黑腐病 Grape leaf black rot disease	1 300
葡萄叶黑麻疹病 Grape leaf black measles disease	1 300
草莓叶斑病 Strawberry leaf spot disease	1 209

表2 数据集II构成

Table 2 Dataset II composition

疾病名称 Disease name	图片数量 Number of images
苹果叶斑点落叶病 Apple leaf spot and leaf drop disease	1 014
苹果叶黑星病 Apple leaf smut	1 287
苹果叶桧胶锈病 Apple leaf juniper gum rust	1 274

数据集 I 和数据集 II 部分示例如图 1 和图 2,展示了原图(第 1 列)及部分增强图像。

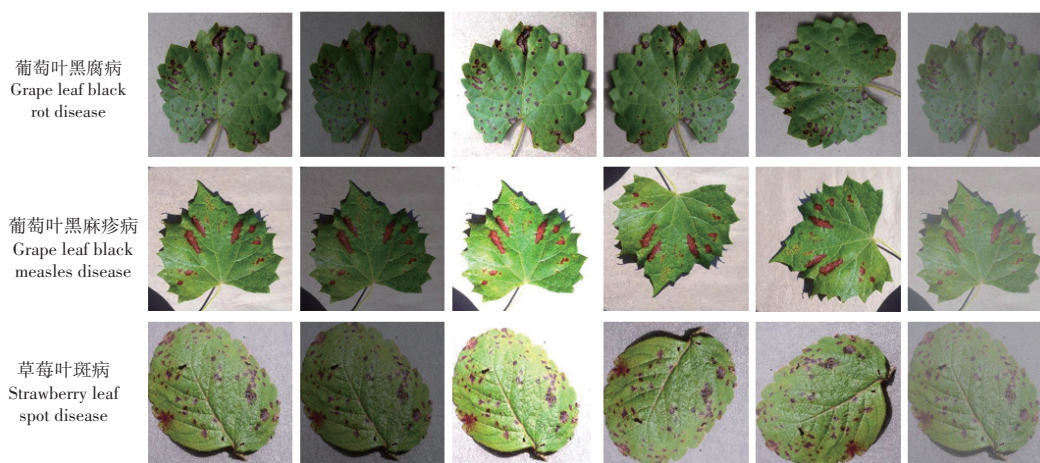


图1 数据集I示例

Figure 1 Example of dataset I

1.2 研究方法

1.2.1 研究流程 MFA-Net进一步提升了多尺度特征提取能力、空间信息保留能力以更好地适应病斑分割任务。整体研究框架图如图3。研究流程为,首先将数据集进行在线增强以增强输入数据的丰富性;其次,输入数据通过提出的多尺度特征提取方法提高分割网络对病斑特征的捕获能力;再通过所提出的特征融合方法融合不同层次的特征信息,改善上下文信息的整合能力和边界别能力。



图2 数据集II示例
Figure 2 Example of dataset II

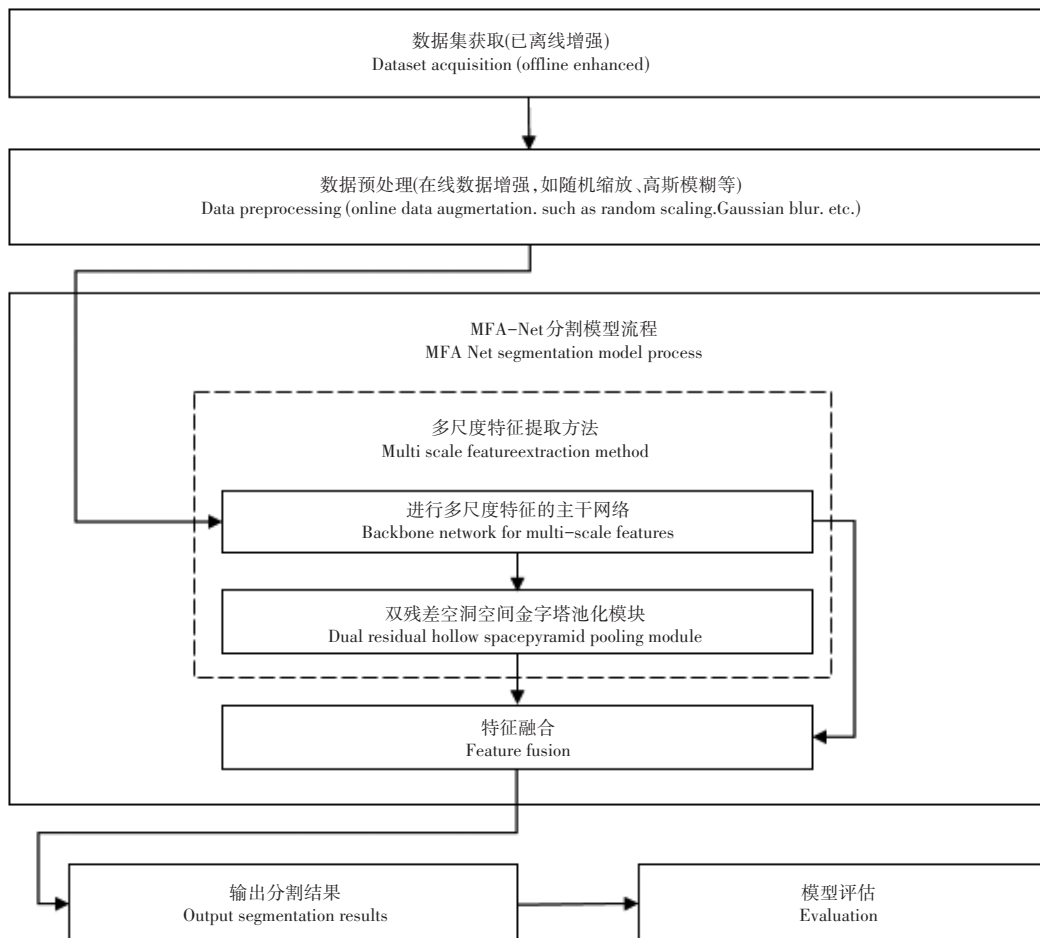


图3 研究框架
Figure 3 Research framework

1.2.2 MFA-Net网络框架 MFA-Net网络结构如图4。其以Deeplabv3+网络为基础,虽然Deeplabv3+具有一定的多尺度处理能力,但在较小目标的病斑分割上仍稍显不足,为了使模型更适合植物叶病斑分割任务,首先,通过本研究提出的TDB和TDBP模块改进Xception^[23]并将其作为主干网络,增加多尺度特征提取能力;然后,使用DresASPP模块替换ASPP^[24]模块;最后,改进了Deeplabv3+网络中的解码器部分,通过两个Fuse模块逐步融合不同层次的特征。该网络不仅继承了Deeplabv3+的优点,且加入了3种不同的改进方法,能够更全面、准确地捕

捉植物叶片上的细微结构和病斑信息,从而提高病斑分割精度。

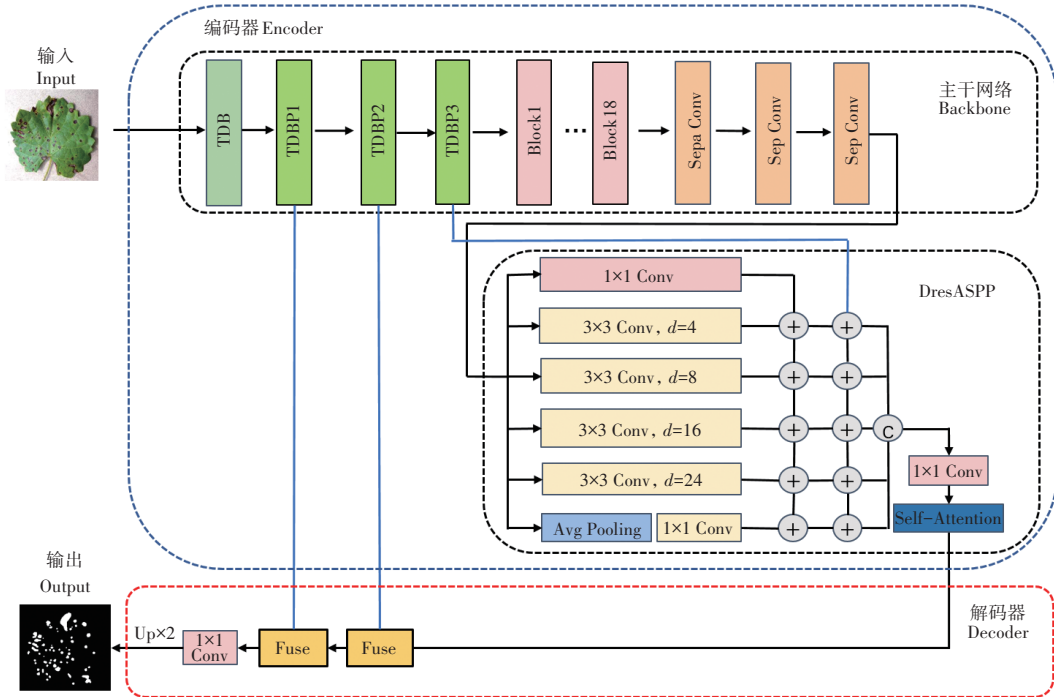


图4 MFA-Net网络结构

Figure 4 MFA-Net network architecture

1.2.3 多尺度特征提取模块 对于病斑分割任务,普通卷积感受野固定且较小,难以在同一层次上捕捉到不同范围的上下文信息,因此普通卷积可能无法从更大范围的上下文中获取足够的信息来正确识别和分割病斑。为了克服单一尺度的卷积无法充分学习病斑特征的问题,本研究提出了多尺度特征提取模块TDB (Three Dilated Brach Module) 和 TDBP (Three Dilated Brach Pooling Module) 用于获取不同尺度的特征。图5显示了TDB模块的结构。第1个分支采用卷积核为3×3的卷积,然后添加了组归一化GN^[25](Group Normalization),组归一化通过将每个样本划分为若干组,对每组内的通道进行归一化,从而减少了对小批量样本的依赖。最后再添加上激活函数,加速模型收敛、缓解梯度消失的问题并增强特征的非线性表达能力。第2个分支和第3个在3×3卷积后引入了膨胀卷积^[26](Dilated Convolution)以增大感受野,再经过组归一化层和激活函数层。

3个分支的特征合并后,再并行经过高效通道注意力模块^[27](Efficient Channel Attention, ECA)和坐标注意力模块^[28](Coordinate Attention, CA)。通过引入ECA模块实现局部跨通道的信息交互,突出特征图中有效信息,ECA模块整体结构如图6。该模块首先将输入的特征图进行全局平均池化操作,再执行大小为k的一维卷积操作来得到各个通道的权重,然后将权重系数与原始输入特征图相对应元素乘,实现模型对重要通道信息的定位。

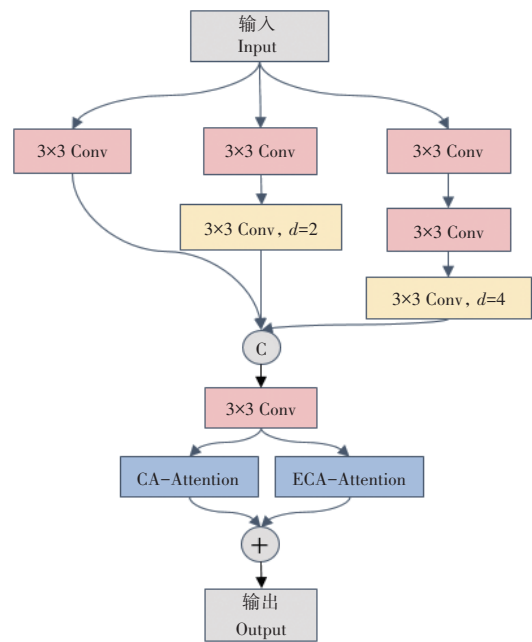


图5 TDB模块结构

Figure 5 TDB module structure diagram

该模块首先将输入的特征图进行全局平均池化操作,再执行大小为k的一维卷积操作来得到各个通道的权重,然后将权重系数与原始输入特征图相对应元素乘,实现模型对重要通道信息的定位。

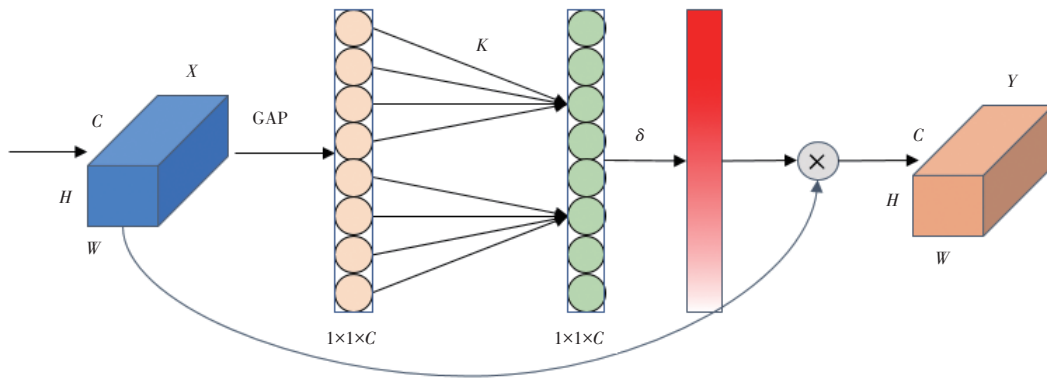


图6 ECA模块结构

Figure 6 ECA module structure

坐标注意力机制增添了空间信息的精确性和位置关系的捕捉能力,整体结构如图7。该机制通过将位置信息嵌入通道注意力,实现了通道注意力的分解。该分解过程涉及2个一维特征编码过程,分别沿2个空间方向聚合特征。这样的设计使得模型能够更有效地处理植物叶片图像中的空间特征,同时在沿着另一个空间方向保留了对位置关系的精确感知,从而获得更强大的空间建模能力。

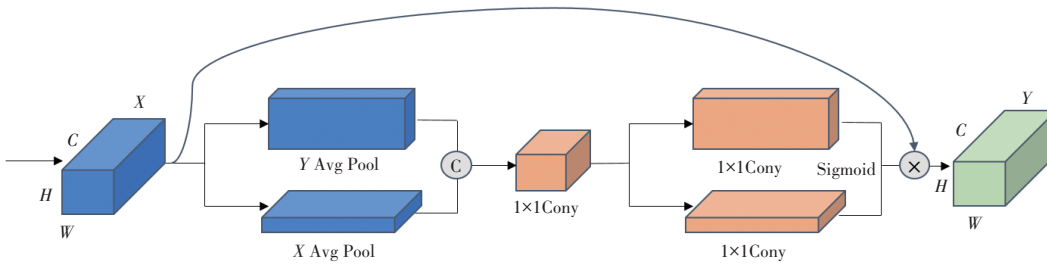


图7 CA模块结构

Figure 7 CA module structure

由此,输入特征并行经过不同分支和注意力模块,确保了模型能从多个尺度反映病斑的特征、关注重要的特征并改善长距离依赖关系。

TDBP模块包含了TDB模块的所有部分,每个分支的最后一个卷积或膨胀卷积的步长设置为2,并且额外引入了由全局平均池化和全局最大池化组成的残差分支,用于减轻信息丢失问题。图8显示了TDBP模块的结构。

1.2.4 主干网络改进 Xception网络大量使用的深度可分离卷积允许网络更好地捕捉输入数据的高级抽象表示,能适应病斑复杂的特征并有效地结合了参数效率和梯度传播的优点,但是仍然缺乏多尺度特征提取能力,提取的病斑特征丰富性有限。因此,利用1个TDB模块和3个TDBP模块代替Xception中的Entry flow部分原有的结构,为主干网络增加多尺度特征提取能力。改进后,输入特征先后经过了4个多尺度特征提取模块、18基础模块(Block),以及3个深度可分离卷积。改进前后结构如图9和图10。

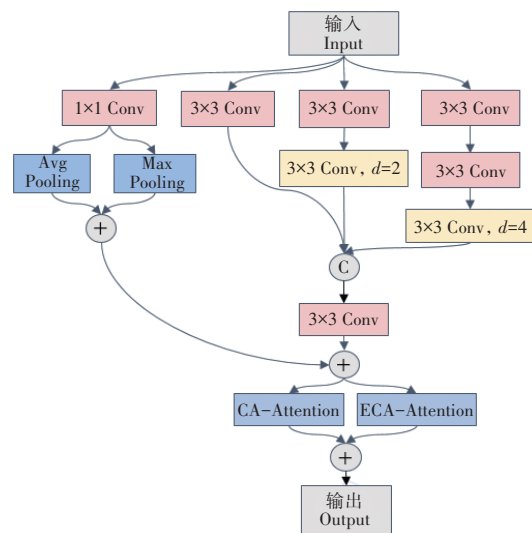


图8 TDBP模块结构

Figure 8 TDBP module structure

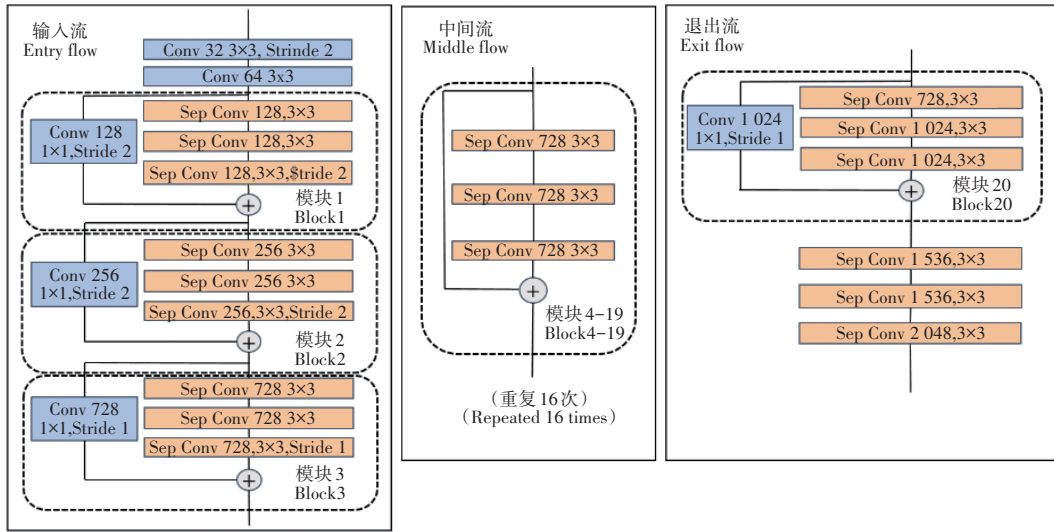


图9 改进前的Xception网络结构

Figure 9 Xception network structure before improvement

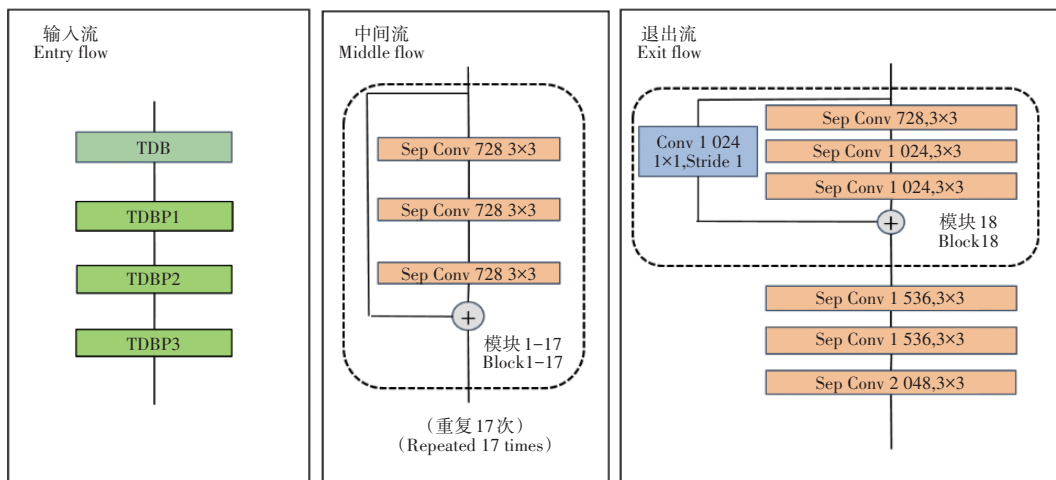


图10 改进后的Xception网络结构

Figure 10 Improved Xception network structure

1.2.5 双残差空洞空间金字塔池化模块 双残差空洞空间金字塔池化模块(Double Residual Atrous Spatial Pyramid Pooling, DresASPP)结合了空间金字塔池化(Atrous Spatial Pyramid Pooling, ASPP)以及残差结构(Residual Block)的思想,有助于保留关键的浅层特征。因为对于较小的病斑,主干网络提取的特征由于多次卷积操作,细节信息会有一定程度的丢失,因此增加合理的残差连接对于改善病斑细节信息至关重要。图11为该模块结构,分别展示了ASPP模块和DresASPP模块。在DresASPP模块中,特征分别输入到6个分支,将第1个分支由ASPP模块中的卷积分支改作为一个残差分支;第2~5个分支的膨胀卷积模块的膨胀率分别为4,8,16,24,卷积核的大小为3×3;最后一个分支为全局平均池化和1×1卷积组成,全局平均池化的作用是捕获整个图像的全局上下文信息,使模型能够获得整个图像的平均信息。由于双残差空洞空间金字塔池化模块具有不同膨胀率的卷积以及两个不同来源的残差结构输入,增大了感受野并一定程度上减轻了信息丢失问题。然后,将第2~6个分支的输出分别与2个残差单元的输出相加,得到5个输出特征图。最后,将5个特征图通过串联运算合并,再将合并的结果输入到1×1卷积模块中调整通道数,因为一些微小的病斑可能需要更精细地定位和分割,而自注意力机制可以学习不同位置的像素之间的权重,从而增强模型对图像中重要特征的关注并强化区域的关联性。因此,将特征输入至自注意力^[29](Self-attention)模块,最终得到具有丰富特征输出。

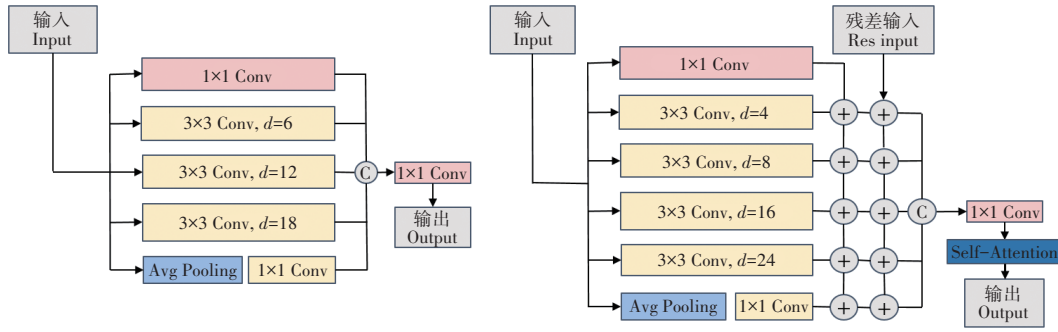


图11 DresASPP模块结构

Figure 11 DresASPP module structure

自注意力机制的结构图如图 12,其通过计算查询(Query)与键(Key)之间的相似度,得到一个权重系数。该系数用于对值(Value)进行加权求和,生成最终的自注意力表示。

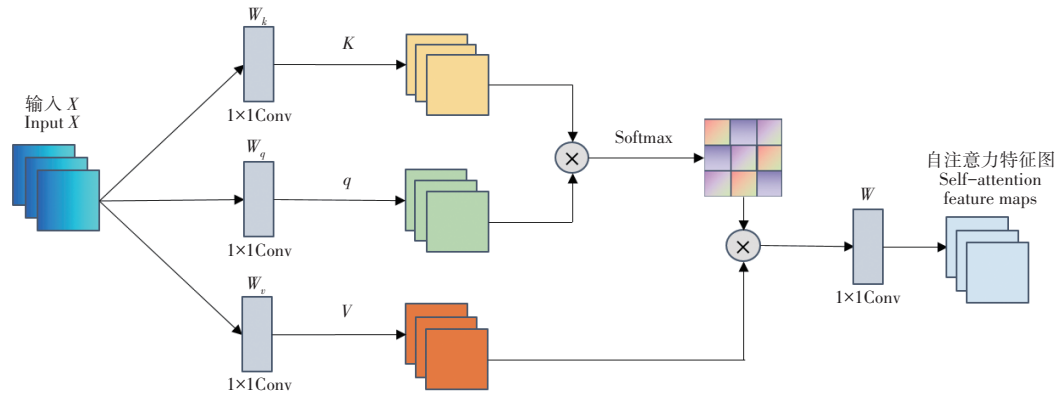


图12 Self-attention模块结构

Figure 12 Self-attention module structure

计算查询(Query)、键(Key)和值(Value)的过程如式 1、式 2 和式 3:

$$Q = W_q * X \tag{1}$$

$$K = W_k * X \tag{2}$$

$$V = W_v * X \tag{3}$$

式中: X 为输入的特征图; W_q 、 W_k 、 W_v 为通过 1×1 卷积生成的权重矩阵; Q 、 K 、 V 分别为查询(Query)、键(Key)和值(Value)。

自注意力机制整体运算的公式如式 4:

$$Self - Attention(X) = Soft \max \left(\frac{QK^T}{\sqrt{d_k}} \right) V \tag{4}$$

式中: X 为输入的特征图; Q 为查询矩阵; K 为键矩阵; V 为值矩阵; d_k 为键的维度; T 为矩阵的转置运算;Softmax为将矩阵的每一行转换为概率分布。

1.2.6 融合模块 保留合适的浅层特征是实现病斑精细化分割的一个关键点,所提出的融合模块(Fuse)通过将TDBP模块产生的浅层特征与DresASPP模块输出的高层特征充分融合,模型能够更好地保留图像中的细节信息,可以有效地减轻小目标特征丢失的问题并维持特征的丰富性,并有助于准确地识别植物叶病斑的边界和形状。在该模块中,首先将高层特征双线性上采样2倍后和浅层特征沿通道维度进行拼接,拼接后的特征包含了不同层次的信息,再将拼接后的特征图并行经过高效通道注意力模块和坐标注意力模块突出特征图中有效信息以及增加空间信息的精确性和位置关系的捕捉能力。融合模块结构如图13。

2 结果与分析

2.1 试验环境及参数设置

本研究在 Linux 操作系统下进行,具体配置如表 3。试验阶段均采用相同的参数设置,损失函数使用 CE-Loss+DiceLoss,为了保证公平性,所有试验均从头开始训练。具体试验配置如表 4。

2.2 评价指标

植物叶病斑分割问题可被转化为前景与背景的分类问题,当模型对一个样本进行分类时,如果该样本是正类(正例),而分类器正确地将其预测为正类,称之为 TP(真阳性)。如果正样本被错误地预测成负类,那么这被称为 FP(假阳性)。同样,对于负样本,如果模型正确地将其预测为负类,则为 TN(真阴性),如果负样本被错误地预测为正类,则为 FN(假阴性)。IoU(Intersection over Union)是指预测结果和真实标签的交集面积与它们的并集面积的比值,其衡量了模型预测的分割结果与实际标签之间的重叠程度;Recall(召回率)衡量了模型在实际正例中正确识别的能力;Precision(精确率)衡量了模型对每个类别的预测中正例的准确性。mIoU(平均交并比)、mRecall(平均召回率)、mPrecision(平均精确率)为所有类别的平均值。F1 分数是一个综合考虑精确率和召回的指标,用于评估分类模型性能。本研究使用 mIoU、mRecall、mPrecision 和 F1 分数来评估模型的整体性能。

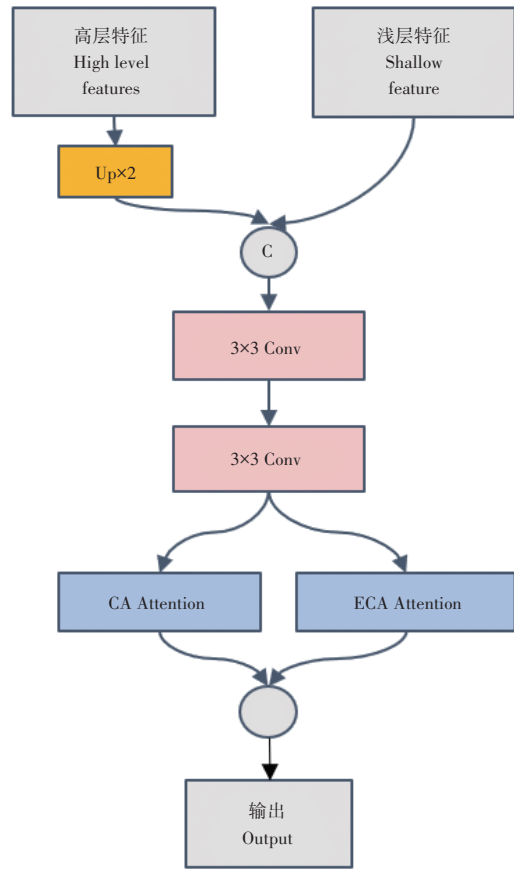


图13 Fuse模块结构

Figure 13 Fuse module structure

表3 试验环境

Table 3 Experimental environment

名称 Name	配置 Config
操作系统 Operating System	Ubuntu 20.04.6
CPU	Intel(R) Core(TM) i9-9820X CPU @ 3.30GHz
GPU	NVIDIA GeForce RTX 3060
显存 Video Random Access Memory	12 G
Python	3.8.18
Pytorch	1.8.1
CUDA	11.1

表4 试验配置

Table 4 Experimental configuration

名称 Name	值 Value
优化器 Optimizer	SGD
学习率下降策略 Learning rate reduction strategy	余弦退火 Cosine annealing
动量 Momentum	0.9
权值衰减 Weight decay	0.000 1
批量大小 Batch size	4
迭代总次数 Total number of iterations	125
初始学习率 Initial learning rate	0.032 5
最小学习率 Minimum learning rate	0.000 05

IoU 和 mIoU 的计算公式如式(5)和如式(6):

$$IoU = \frac{TP}{TP + FP + FN} \tag{5}$$

$$mIoU = \frac{1}{2} \sum_{i=0}^1 IoU \tag{6}$$

Recall 和 mRecall 的计算公式如式(6)和式(8):

$$Recall = \frac{TP}{TP + FN} \tag{7}$$

$$mRecall = \frac{1}{2} \sum_{i=0}^1 Recall \quad (8)$$

Precision 和 *mPrecision* 的计算公式如式(9)和式(10):

$$Precision = \frac{TP}{TP + FP} \quad (9)$$

$$mPrecision = \frac{1}{2} \sum_{i=0}^1 Precision \quad (10)$$

F1 的计算公式如式(11):

$$F1 = \frac{2 \times Recall \times Precision}{Recall + Precision} \quad (11)$$

2.3 试验结果

为了全面地验证 MFA-Net 的有效性,使用 MFA-Net 与植物叶病斑分割领域常用的分割模型进行对比,包括:Unet、Unet(resnet50)、Unet++、HRNetV2、Deeplabv3+(Xceptipn)和 Deeplabv3+(Resnet101)模型。在数据集 I 以及用作额外验证模型对病斑分割能力的数据集 II 上分别进行训练和测试,对比试验结果如表 5。

表 5 试验比较

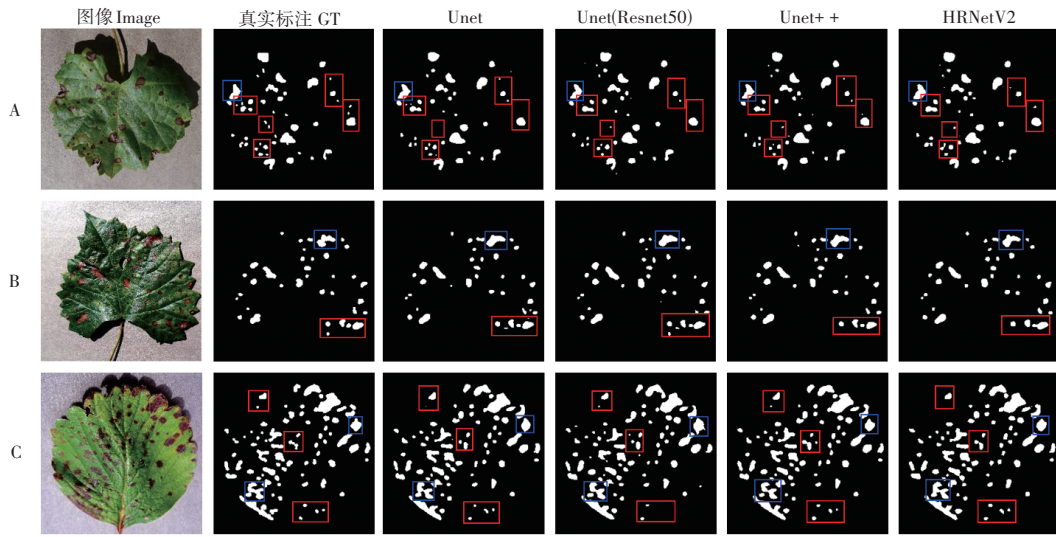
Table 5 Experimentation comparison

模型 Model	数据集 Dataset	平均交并比 <i>mIoU</i>	平均召回率 <i>mRecall</i>	平均精准率 <i>mPrecision</i>	<i>F1</i> 分数 <i>F1 score</i>
Unet	数据集 I Dataset I	0.883 4	0.931 9	0.937 2	0.934 5
	数据集 II Dataset II	0.880 9	0.930 7	0.935 0	0.932 8
Unet(Resnet50)	数据集 I Dataset I	0.866 3	0.919 6	0.927 6	0.923 6
	数据集 II Dataset II	0.867 4	0.926 2	0.922 0	0.924 1
Unet++	数据集 I Dataset I	0.888 9	0.934 9	0.941 2	0.938 0
	数据集 II Dataset II	0.889 9	0.936 0	0.941 1	0.938 5
HRNetV2	数据集 I Dataset I	0.892 8	0.938 2	0.942 6	0.940 4
	数据集 II Dataset II	0.895 3	0.939 1	0.944 7	0.941 9
Deeplabv3+(Xceptipn)	数据集 I Dataset I	0.894 2	0.949 3	0.933 6	0.941 4
	数据集 II Dataset II	0.897 8	0.949 6	0.937 4	0.943 4
Deeplabv3+(Resnet101)	数据集 I Dataset I	0.861 4	0.923 9	0.916 8	0.920 3
	数据集 II Dataset II	0.855 4	0.929 1	0.904 0	0.916 4
MFA-Net(Ours)	数据集 I Dataset I	0.920 7	0.955 1	0.959 2	0.957 1
	数据集 II Dataset II	0.919 1	0.954 1	0.958 2	0.956 1

由表 5 可知,本研究所提出的方法(MFA-Net)在各个评价指标上均取得了最优,在数据集 I 上,*mIoU*、*mRecall*、*mPrecision* 和 *F1* 指标分别比 Unet 高 3.73%、2.32%、2.2% 和 2.26%;分别比 Unet(Resnet50)高 5.44%、3.55%、3.16% 和 3.35%;分别比 Unet++ 高 3.18%、2.02%、1.8% 和 1.91%;分别比 HRNetV2 高 2.79%、1.69%、1.66% 和 1.67%;分别比 Deeplabv3+(Xceptipn)高 2.65%、0.58%、2.56% 和 1.61%;分别比 Deeplabv3+(Resnet101)高 5.93%、3.12%、4.24% 和 3.68%。在数据集 II 上,*mIoU*、*mRecall*、*mPrecision* 和 *F1* 指标分别比 Unet 高 3.82%、2.34%、2.32% 和 2.33%;分别比 Unet(Resnet50)高 5.17%、2.79%、3.62% 和 3.2%;分别比 Unet++ 高 2.92%、1.81%、1.71% 和 1.76%;分别比 HRNetV2 高 2.38%、1.5%、1.35% 和 1.42%;分别比 Deeplabv3+(Xceptipn)高 2.13%、0.45%、2.08% 和 1.27%;分别比 Deeplabv3+(Resnet101)高 6.37%、2.5%、5.42% 和 3.97%。数据结果表明,本研究建立的方法在病斑分割任务上具有更高的精度。

为了直观地表现出各个模型对植物叶病斑分割的效果差异,在数据集 I 和数据集 II 的测试集中分别选择每种疾病的叶片图像用于预测,分割结果如图 14、图 15、图 16 和图 17。

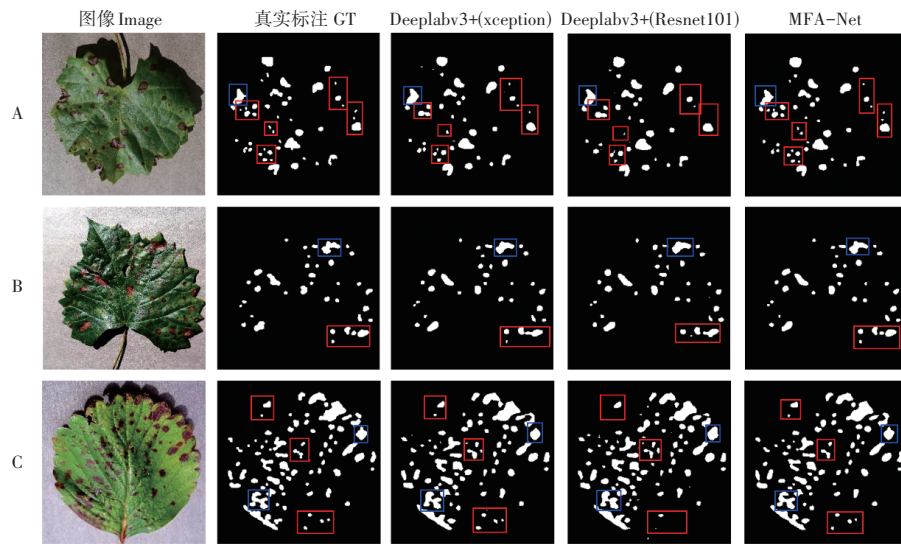
总体而言,MFA-Net 所取得的效果最好,最贴近于真实标注。分析其原因,在对比的模型中,使用 Resnet 作为主干网络的模型在病斑分割任务中表现欠佳,因为网络层次较深,所以对较小特征丢失比较严重;Unet++ 通过改进跳跃连接,相比于 Unet 精度得到了提升;HRNetV2 保留了多个分辨率的特征在整个网络中并行处理,取得了更好的效果;Deeplabv3+(Xception)中的深度可分离卷积在捕捉全局与局部信息方面具有优势,再结合其网络结构的优点,病斑分割精度得到了进一步提升。而 MFA-Net 通过引入多尺度特征提取模块、双残差空



A. 葡萄叶黑腐病; B. 葡萄叶黑麻疹病; C. 草莓叶斑病; □. 病斑丢失或误分割; □. 边界精度比较
 A.Grape leaf black rot disease; B.Grape leaf black measles disease; C.Strawberry leaf spot disease; □.Loss or misclassification; □.Comparison of boundary accuracy

图14 不同模型的分割结果I(数据集I)

Figure 14 Segmentation results of different models I(Dataset I)



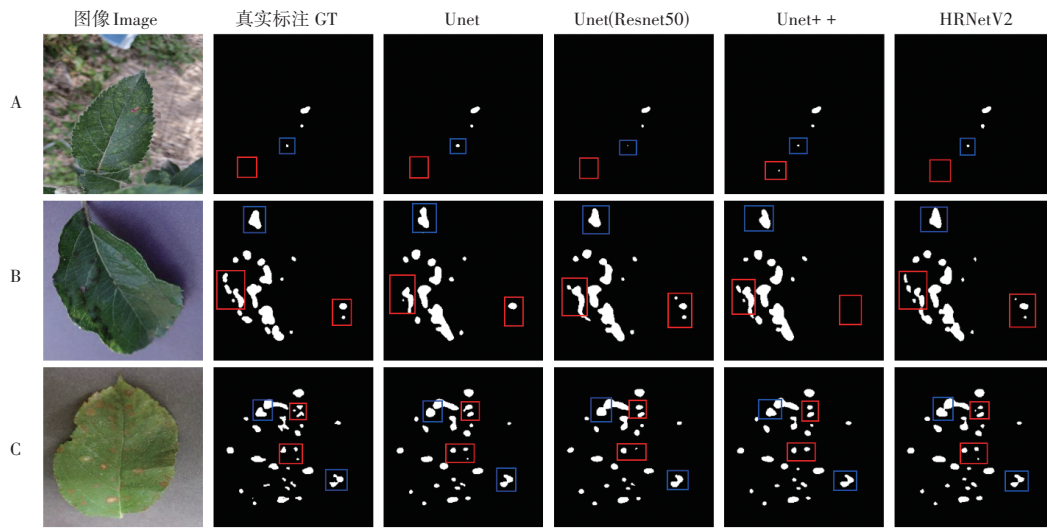
A. 葡萄叶黑腐病; B. 葡萄叶黑麻疹病; C. 草莓叶斑病; □. 病斑丢失或误分割; □. 边界精度比较
 A.Grape leaf black rot disease; B.Grape leaf black measles disease; C.Strawberry leaf spot disease; □.Loss or misclassification; □.Comparison of boundary accuracy

图15 不同模型的分割结果II(数据集I)

Figure 15 Segmentation results of different models II(Dataset I)

洞空间金字塔池化模块和融合模块增强了主干网络的多尺度特征提取能力、改善了跳跃连接以及聚合了多个关键分辨率特征,使得 MFA-Net 对植物叶病斑的分割精度更高以及对边缘细节的特征捕捉更准确。通过试验结果的展示,也证明了本方法对于病斑分割的有效性。

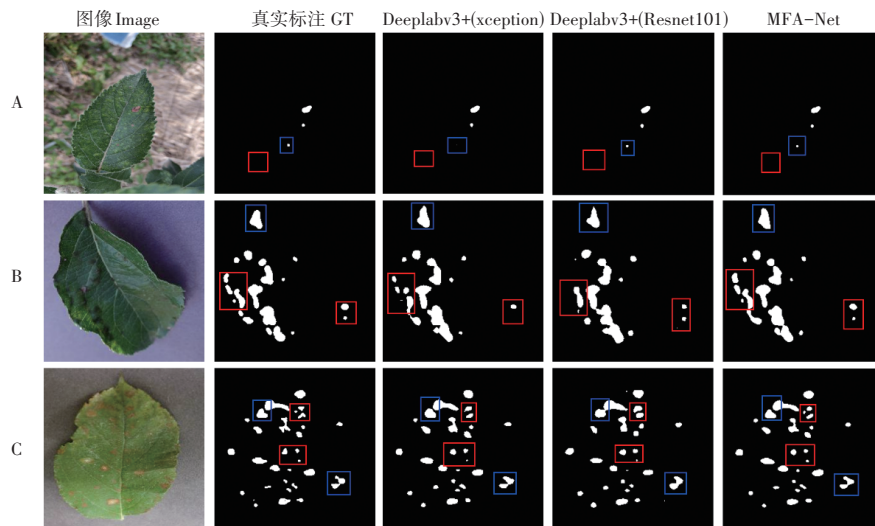
不同分割模型在数据集 I 和数据集 II 上的训练损失值变化趋势分别如图 18 和图 19,所有模型在初期的训练阶段呈现出明显的下降趋势,显示了对数据的快速学习和适应能力。随着训练的进行,下降速度逐渐减缓,表明模型逐渐趋于收敛。在接下来的中期阶段,损失值的下降趋势仍然持续,但幅度较初期略有减缓,反映了模型对训练数据的更深入理解。在训练后期,各个模型的损失值趋于稳定。这表明模型已经达到了一个相对较优的状态。验证损失值变化趋势如图 20 和图 21,DeepLabV3+(Xception)和 DeepLabV3+(resnet101)在前期



A. 苹果叶斑点落叶病; B. 苹果叶黑星病; C. 苹果叶桧胶锈病; □. 病斑丢失或误分割; □. 边界精度比较
 A.Apple leaf spot and leafdrop disease; B.Apple leaf smut; C.Apple leaf juniper gum rust; □. Loss or misclassification of lesions; □. Comparison of boundary accuracy

图16 不同模型的分割结果I(数据集II)

Figure 16 Segmentation results of different models I(Dataset II)



A. 苹果叶斑点落叶病; B. 苹果叶黑星病; C. 苹果叶桧胶锈病; □. 病斑丢失或误分割; □. 边界精度比较
 A.Apple leaf spot and leafdrop disease; B.Apple leaf smut; C.Apple leaf juniper gum rust; □. Loss or misclassification of lesions; □. Comparison of boundary accuracy

图17 不同模型的分割结果II(数据集II)

Figure 17 Segmentation results of different models II(Dataset II)

都表现出了较为明显的振荡现象,直到中后期才逐渐稳定下降,相比之下,其他模型的下降趋势较为稳定。这种现象可以部分地归因于上述2种模型采用了深度可分离卷积、空洞卷积等复杂的结构以及网络较深,因此模型在初始阶段更难以准确地学到有用的特征,可能需要更多的训练迭代来适应数据的特征。而MFA-Net通过引入几种改进方法,较好地改善了振荡现象,损失指标更低也表明了该方法在植物叶病斑分割任务上具有更高的精度以及更强的泛化能力。

2.4 消融试验

为了验证各个模块和网络结构的改进对植物叶病斑分割的有效性,在相同的试验条件下分别在2个数据集上进行5组消融试验,第5组为对照组。消融试验具体设置如表6,消融试验结果如表7。

由表7可知,第1组为加入了所有改进措施的试验,第2和第3组试验逐步去除TDB和TDBP,根据试验结

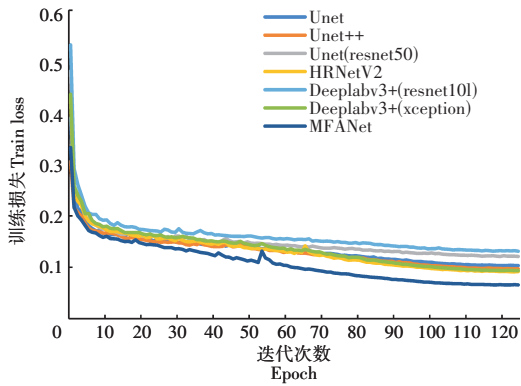


图18 不同模型的训练损失曲线(数据集I)

Figure 18 Training loss curves for different models (Dataset I)

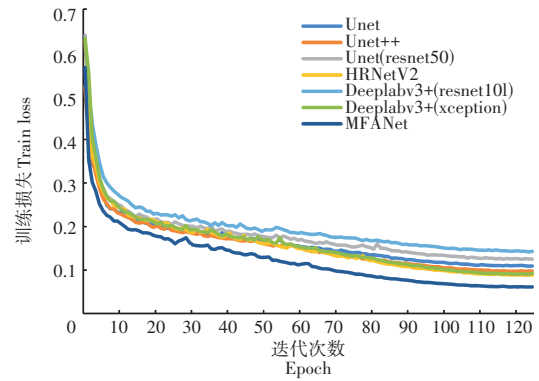


图19 不同模型的训练损失曲线(数据集II)

Figure 19 Training loss curves for different models (Dataset II)

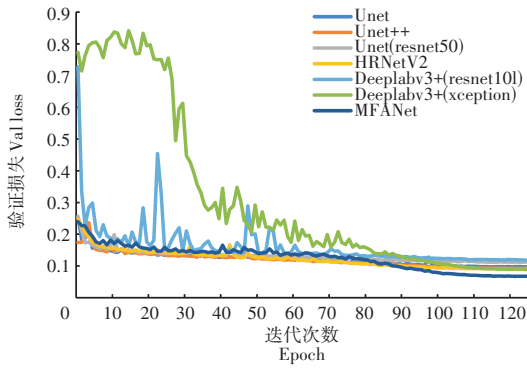


图20 不同模型的验证损失曲线(数据集I)

Figure 20 Validation loss curves for different models (Dataset I)

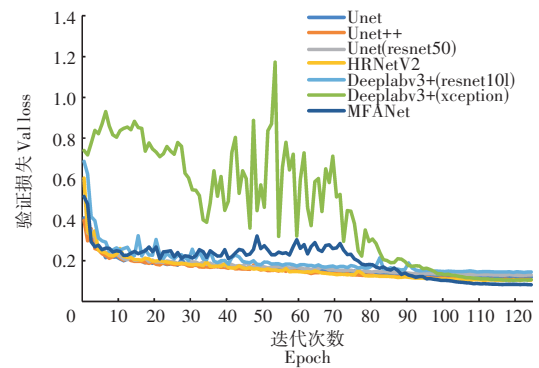


图21 不同模型的验证损失曲线(数据集II)

Figure 21 Validation loss curves for different models (Dataset II)

表6 消融试验设置

Table 6 Ablation experiment setup

组号 Group number	TDB 模块 TDB module	TDBP 模块 TDBP module	DresASPP 模块 DresASPP module	解码器改进 Decoder improvements
1	✓	✓	✓	✓
2		✓	✓	✓
3			✓	✓
4				✓
5				

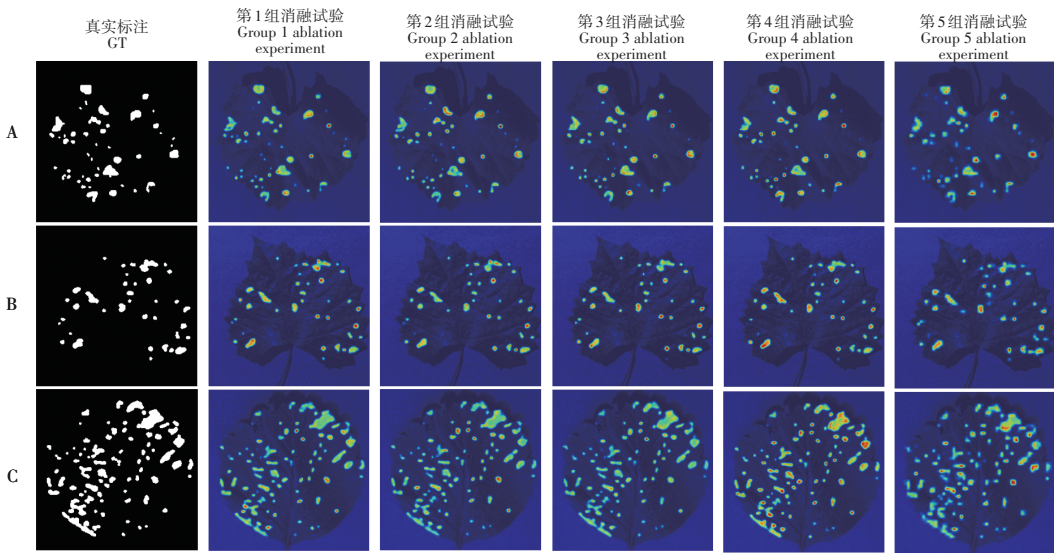
表7 消融试验结果

Table 7 Results of ablation experiment

组号 Group number	数据集 Dataset	平均交并比 <i>mIoU</i>	平均召回率 <i>mRecall</i>	平均精准率 <i>mPrecision</i>	F1 分数 F1 score
1	数据集 I Dataset I	0.920 7	0.955 1	0.959 2	0.957 1
	数据集 II Dataset II	0.919 1	0.954 1	0.958 2	0.956 1
2	数据集 I Dataset I	0.917 4	0.952 6	0.957 9	0.955 2
	数据集 II Dataset II	0.916 0	0.950 3	0.958 4	0.954 3
3	数据集 I Dataset I	0.910 3	0.954 1	0.948 0	0.951 0
	数据集 II Dataset II	0.910 2	0.946 9	0.954 9	0.950 9
4	数据集 I Dataset I	0.905 7	0.947 0	0.949 6	0.948 3
	数据集 II Dataset II	0.903 6	0.946 6	0.947 2	0.946 9
5	数据集 I Dataset I	0.894 2	0.949 3	0.933 6	0.941 4
	数据集 II Dataset II	0.897 8	0.949 6	0.937 4	0.943 4

果显示,病斑分割精度下降明显,表明了TDB和TDBP模块提升了模型的多尺度特征提取能力,强化了区域的关联性,使模型能提取到更丰富的病斑特征;第4组试验在第3组试验的基础上去除了DresASPP模块,采用原始的ASPP模块,根据结果显示,分割精度也有所下降,表明DresASPP模块引入双残差连接策略的有效性,一定程度上减少了病斑特征丢失;第5组试验在第4组试验的基础上去除了解码器改进部分,采用Deeplabv3+的原始解码器架构,根据结果显示,分割精度明显下降,表明了原始解码器架构不能充分聚合上下文信息,通过Fuse模块对解码器部分进行改进能够有效地不同层次特征进行融合,确保了病斑分割精度;总体来说,MFA-Net通过使用提出的改进策略使模型获得了更大的感受野,提取到了更丰富的特征并减少了小目标病斑区域信息的丢失,突出了特征图中有效信息,提高了分割准确度。

分别从数据集 I 和数据集 II 的测试集中选取每种病叶图像,采用梯度加权的类激活映射(Gradient-Weighted Class Activation Mapping, Grad-CAM)分别对5组消融试验的最后一层卷积层进行特征可视化,结果如图 22 和图 23。

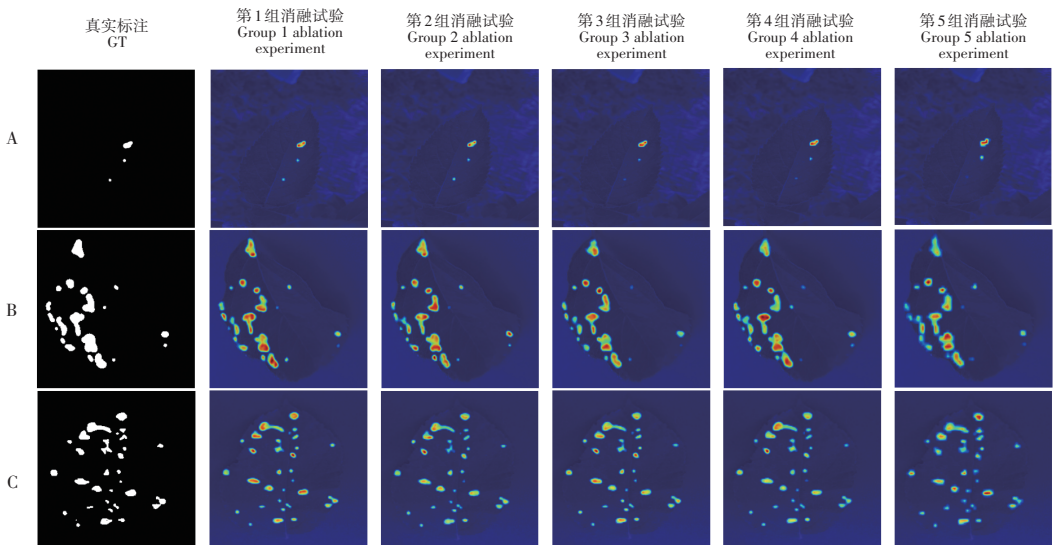


A. 葡萄叶黑腐病;B. 葡萄叶黑麻疹病;C. 草莓叶斑病;红色、黄色区域,贡献较高;蓝色区域,贡献较低

A.Grape leaf black rot disease;B.Grape leaf black measles disease;C.Strawberry leaf spot disease;Red and yellow areas. High contribution;Blue area. Low contribution

图22 不同组消融试验热力图示例(数据集I)

Figure 22 Example of thermal maps for different ablation experiments (Dataset I)



A. 葡萄叶黑腐病;B. 葡萄叶黑麻疹病;C. 草莓叶斑病;红色、黄色区域,贡献较高;蓝色区域,贡献较低

A.Grape leaf black rot disease;B.Grape leaf black measles disease;C.Strawberry leaf spot disease;Red and yellow areas. High contribution;Blue area. Low contribution

图23 不同组消融试验热力图示例(数据集II)

Figure 23 Example of thermal maps for different ablation experiments (Dataset II)

从整体上看,第5组消融试验获得的热力图较模糊且较小病斑的响应区域大多表现为蓝色。通过逐渐引入本研究所提出的改进方法,大部分较小病斑的响应区域逐渐表现为黄色或者变得更加清晰,并且大部分病斑的轮廓也逐渐变得与真实标签的轮廓相似,这也表明了本研究所提出方法的有效性。

3 讨论与结论

在近年来的植物叶病斑分割任务研究中,细致的病斑边缘及小病斑区域的分割一直是一个挑战性难题。前人的研究在整体上已取得了较为显著的分割效果,然而,由于植物叶病斑的边缘往往较为复杂,且小病斑区域的特征较难捕捉,导致分割精度较差。针对上述问题,本研究在 Deeplabv3+模型的基础上,提出了改进的适用于精细化分割植物叶病斑的模型 MFA-Net。

本研究提出了多尺度特征提取模块(TDB和TDBP),并以此改进主干网络,该模块主要利用3个不同尺度提取特征以提升网络对植物叶片上的细节和整体信息的捕捉能力,缓解尺度不变性问题、增强模型适应性以达到更好地理解图像中的局部和全局结构的目的。本研究提出了双残差空洞空间金字塔池化模块(DresASPP)。该模块将2个不同的残差分支和改进的ASPP模块相结合,能够更好地捕捉病斑的多样化特征,有助于保留更多与病斑相关的特征信息。本研究利用了融合模块(Fuse)对网络结构中的解码器部分进行改进,以提高网络对不同尺寸目标的适应性,并充分融合特征,缓解了病斑信息丢失的问题,使模型在处理不同规模的病斑时更具有鲁棒性以及具有更高的精度。试验结果表明,在2个数据集上,MFA-Net的平均交并比分别为92.07%、91.91%,高出其他模型2.13%~6.37%,在其他评价指标上也均有提升。在植物叶病斑分割任务上,相比于其他模型,本研究的方法取得了更好的分割效果,更适合于植物叶病斑分割任务。

但该方法仍然存在着不足之处,对于植物叶复杂的病斑区域的分割结果仍然存在着轻微的粘连现象以及对复杂背景下的分割任务的有效性还需加强探索,所以后续工作准备扩充数据集,以及探索更适应植物叶病斑分割的网络结构,增强模型的鲁棒性和泛化性,使其能适应更加复杂的场景并取得更精确的分割效果。

参考文献:

- [1] JIANG S C, ENGLE N L, BANDAY Z Z, et al. ALD1 accumulation in Arabidopsis epidermal plastids confers local and non-autonomous disease resistance[J]. *Journal of Experimental Botany*, 2021, 72(7): 2710-2726.
- [2] ABINAYA S, KUMAR K U, ALPHONSE A S. Cascading autoencoder with attention residual U-Net for multi-class plant leaf disease segmentation and classification[J]. *IEEE Access*, 2023, 11: 98153-98170.
- [3] XIE X Y, MA Y, LIU B, et al. A deep-learning-based real-time detector for grape leaf diseases using improved convolutional neural networks[J]. *Front Plant Sci*, 2020, 11: 751.
- [4] GONG X L, ZHANG S J. A high-precision detection method of apple leaf diseases using improved faster R-CNN[J]. *Agriculture*, 2023, 13(2): 240.
- [5] LIAO T, YANG R L, ZHAO P, et al. MDAM-DRNet: Dual channel residual network with multi-directional attention mechanism in strawberry leaf diseases detection[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13: 869524.
- [6] 周罕觅, 陈佳庚, 代智光, 等. 基于知识蒸馏和轻量级卷积神经网络的植物病害识别方法[J]. *南京农业大学学报*, 2024, 47(6): 1189-1201.
ZHOU H M, CHEN J G, DAI Z G, et al. Plant disease recognition method based on knowledge distillation and lightweight convolutional neural network[J]. *Journal of Nanjing Agricultural University*, 2024, 47(6): 1189-1201.
- [7] LI D, SU H C, JIANG K L, et al. Fish face identification based on rotated object detection: Dataset and exploration[J]. *Fishes*, 2022, 7(5): 219.
- [8] RONNEBERGER O, FISCHER P, BROX T. U-net: Convolutional networks for biomedical image segmentation[M]// *Lecture Notes in Computer Science*. Cham: Springer International Publishing, 2015: 234-241.
- [9] ZHOU Z W, SIDDIQUEE M M R, TAJBAKHSI N, et al. UNet++: A nested U-net architecture for medical image segmentation[J]. *Deep Learning in Medical Image Analysis and Multimodal Learning for Clinical Decision Support: 4th International Workshop, DLMIA 2018, and 8th International Workshop, ML-CDS 2018, Held in Conjunction with MICCAI 2018, Granada, Spain, S, 2018, 11045: 3-11.*
- [10] CHEN L C, ZHU Y K, PAPANDEOU G, et al. Encoder-decoder with atrous separable convolution for semantic image seg-

- mentation[C]//European Conference on Computer Vision.Cham:Springer,2018:833-851.
- [11] WANG J D,SUN K,CHENG T H,et al.Deep high-resolution representation learning for visual recognition[J].IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence,2021,43(10):3349-3364.
- [12] YUAN H B,ZHU J J,WANG Q F,et al.An improved DeepLab v3+ deep learning network applied to the segmentation of grape leaf black rot spots[J].Frontiers in Plant Science,2022,13:795410.
- [13] HE K M,ZHANG X Y,REN S Q,et al.Deep residual learning for image recognition[C]//2016 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR).Las Vegas,NV,USA:IEEE,2016:770-778.
- [14] DENG Y B,XI H R,ZHOU G X,et al.An effective image-based tomato leaf disease segmentation method using MC-UNet [J].Plant Phenomics,2023,5:0049.
- [15] FU J,ZHAO Y C,WU G.Potato leaf disease segmentation method based on improved UNet[J].Applied Sciences,2023,13(20): 11179.
- [16] HU J,SHEN L,SUN G.Squeeze-and-excitation networks[C]//2018 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition.Salt Lake City,UT,USA:IEEE,2018:7132-7141.
- [17] 毛万菁,阮炬全,刘 朔.基于注意力机制的改进UNet草莓病害语义分割[J].计算机系统应用,2023,32(6):251-259.
MAO W J,RUAN J Q,LIU S.Improved UNet strawberry disease semantic segmentation based on attention mechanism[J]. Computer Systems & Applications,2023,32(6):251-259.
- [18] 何自芬,黄俊璇,刘 强,等.基于非对称混洗卷积神经网络的苹果叶部病害分割[J].农业机械学报,2021,52(8):221-230.
HE Z F,HUANG J X,LIU Q,et al.Apple leaf disease segmentation based on asymmetric mixed wash convolutional neural network[J].Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery,2021,52(8):221-230.
- [19] 赵小虎,李 晓,叶 圣,等.基于改进U-Net网络的多尺度番茄病害分割算法[J].计算机工程与应用,2022,58(10):216-223.
ZHAO X H,LI X,YE S,et al.Multi scale tomato disease segmentation algorithm based on improved U-Net network[J].Computer Engineering and Applications,2022,58(10):216-223.
- [20] 晁晓菲.基于深度学习的常见苹果叶片病害识别与病斑分割方法研究[D].杨凌:西北农林科技大学,2021.
CHAO X F.Research on common apple leaf disease recognition and spot segmentation method based on deep learning[D]. Yangling:Northwest A&F University,2021.
- [21] 王英允,龙 燕,杨智优,等.基于改进U-Net网络的苹果叶部病害语义分割方法[J].浙江农业学报,2023,35(11):2731-2741.
WANG Y Y,LONG Y,YANG Z Y,et al.Semantic segmentation method for apple leaf diseases based on improved U-Net network[J].Acta Agricultural Zhejiangensis,2023,35(11):2731-2741.
- [22] ZHOU L,XIAO Q L,TAHA M F,et al.Phenotypic analysis of diseased plant leaves using supervised and weakly supervised deep learning[J].Plant Phenomics,2023,5:0022.
- [23] CHOLLET F.Xception:deep learning with depthwise separable convolutions[C]//2017 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR).Honolulu,HI,USA:IEEE,2017:1800-1807.
- [24] CHEN L C,PAPANDREOU G,KOKKINOS I,et al.DeepLab:Semantic image segmentation with deep convolutional nets,atrous convolution,and fully connected CRFs[J].IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence,2018,40(4):834-848.
- [25] WU Y X,HE K M.Group normalization[J].International Journal of Computer Vision,2020,128(3):742-755.
- [26] YU F,KOLTUN V.Multi-scale context aggregation by dilated convolutions[EB/OL].2015:arXiv:1511.07122.<http://arxiv.org/abs/1511.07122>.
- [27] WANG Q L,WU B G,ZHU P F,et al.ECA-net:Efficient channel attention for deep convolutional neural networks[C]//2020 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR).Seattle,WA,USA:IEEE,2020:11531-11539.
- [28] HOU Q B,ZHOU D Q,FENG J S.Coordinate attention for efficient mobile network design[C]//2021 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR).Nashville,TN,USA:IEEE,2021:13708-13717.
- [29] ZHANG H,GOODFELLOW I,METAXAS D,et al.Self-attention generative adversarial networks[EB/OL].2018:arXiv:1805.08318.
<http://arxiv.org/abs/1805.08318>.