

基于改进残差网络的农作物病虫害检测研究

白雪松¹, 吴建平^{1,2,3}, 景文超¹, 崔亚楠¹, 康小霖¹

(1. 云南大学 信息学院, 云南 昆明 650504;

2. 云南省电子计算中心, 云南 昆明 650223;

3. 云南省高校数字媒体技术重点实验室, 云南 昆明 650223)

摘要:针对病虫害症状相似导致类间差异小、难以区分的问题,提出一种基于 Res2Net50 改进模型的农作物病虫害检测算法。首先,在 Res2Net50 模型中进行分组卷积得到 Res2Net50 模型,提高了模型在细粒度层面的特征提取能力。然后,将 7×7 卷积换成新的混合卷积,提取局部和全局特征;使用高斯误差线性单元(Gaussian Error Linear Unit, GELU)函数代替残差块中的修正线性单元(Rectified Linear Unit, ReLU)函数,提高鲁棒性;改进下采样来增强信息流通性;调整网络层数,以减少模型计算量。其次,在训练中使用标签平滑(Label Smoothing)和指数移动平均(Exponential Moving Average, EMA)来提高模型的泛化能力。在重组的 AI Challenger 2018 农作物病虫害数据集上进行实验,结果表明改进模型的准确率高达 98.79%,参数量为 18.20M, FLOPs 为 3.73G。同时,该模型在 Plantvillage 和 Plant_leaves 数据集中分别达到了 99.89% 和 99.23% 的准确率。所提出的算法模型识别准确率高,泛化能力强,更符合实际应用需求。

关键词:农作物病虫害;卷积神经网络;Res2Net50;混合卷积;标签平滑;细粒度特征

中图分类号:TP312

文献标识码:A

文章编号:1673-629X(2023)05-0145-07

doi:10.3969/j.issn.1673-629X.2023.05.022

Research on Detection of Crop Disease and Insect Pest Based on Improved Residual Network

BAI Xue-song¹, WU Jian-ping^{1,2,3}, JING Wen-chao¹, CUI Ya-nan¹, KANG Xiao-lin¹

(1. School of Information Science & Engineering, Yunnan University, Kunming 650504, China;

2. Yunnan Provincial Electronic Computing Center, Kunming 650223, China;

3. Digital Media Technology Key Laboratory of Universities and Colleges in Yunnan Province, Kunming 650223, China)

Abstract: Aiming at the problem of small differences and indistinguishability between classes due to similar symptoms of disease and insect pest, a crop disease and insect pest detection algorithm based on the improved Res2Net50 model is proposed. Firstly, grouping convolution is performed in the Res2Net50 model to obtain the Res2Net50 model, which improves the feature extraction capability of the model at the fine-grained level. Then, the 7×7 convolution is replaced with a new mixed convolution to extract local and global features. The Gaussian Error Linear Unit (GELU) is used to replace the Rectified Linear Unit (ReLU) in the residual block in order to improve robustness. Downsampling is improved to enhance information flow, and the number of network layers is adjusted to reduce the amount of model computation. Secondly, Label Smoothing and Exponential Moving Average are used in training to improve the generalization ability of the model. Experiments were carried out on the restructured AI Challenger 2018 crop disease and insect pest dataset, which showed that the accuracy of the improved model was as high as 98.79%, the number of parameters was 18.20M, and the FLOPs was 3.73G. Meanwhile, the model achieves 99.89% and 99.23% accuracy in Plantvillage and Plant_leaves datasets, respectively. The proposed algorithm model has high recognition accuracy and strong generalization ability, which is more in line with practical application requirements.

Key words: crop disease and insect pest; convolutional neural network; Res2Net50; mixed convolution; label smoothing; fine-grained feature

收稿日期:2022-08-01

修回日期:2022-12-07

基金项目:云南省重大科技专项计划项目(202002AD080001);云南大学第一届专业学位研究生实践创新项目(2021Y183)

作者简介:白雪松(1996-),男,硕士研究生,研究方向为图像处理、AI技术;通信作者:吴建平(1965-),男,高级工程师,硕士,研究方向为智能化、信息化技术。

0 引言

农作物病虫害严重威胁着国家粮食安全和环境,是制约农业生产的重要因素之一^[1]。据国家农业技术中心预测,2022 年小麦、水稻、玉米等重大病虫害的复发频率增加,影响全国 70% 的粮食主产区,覆盖面积达 20.26 亿亩^[2]。

农作物病虫害检测是实现粮食安全的重要途径之一。及时准确地识别病虫害有助于采取适当的预防和保护措施,从而提高农产品的产量和质量^[3]。传统的检测方法是经过培训或有经验的人员进行现场检查。然而,传统方法对检测人员的专业素质要求较高,并且浪费大量的时间和资源。此外,由于检测人员的主观因素,极有可能造成误检。随着人工智能技术的迅速发展,深度学习技术已应用到各个领域^[4]。近年来,国内外研究人员利用深度学习技术在农作物病虫害检测领域取得了一系列重要成果。Chen 等^[5]提出了一种基于 AlexNet 模型的 LeafNet 模型来检测茶叶病害,获得了比多层感知机 (Multi-layer Perceptron, MLP) 和支持向量机 (Support Vector Machine, SVM) 更好的表现。Barbedo^[6]利用图像分割技术提取病虫害的主要特征,并通过卷积神经网络进行训练,提高了识别准确率。王佳^[7]通过提取香芋叶片的颜色和纹理特征建立数据库,并使用 SVM 方法进行分类,准确率达到 93.00%。项小东等^[8]在 Xception 模型中结合 CEM 模块,提出了一种通道扩张方法 (扩张-保持-再扩张-压缩),在实验中获得了 91.90% 的准确率。Hassan 等^[9]提出一种基于 Inception 架构和跳跃连接的新型网络模型,且将标准卷积换成深度可分离卷积来实现更高的精度。

上述研究均取得了较好的实验结果,但缺乏细粒度层次的特征感知能力。由于受到农作物品种、发病时期、环境等因素的影响,导致病虫害出现类间差异小和类内差异大的情况,增加了细粒度级别的分类难度。现有的解决方案,一方面通过采集更多样本来改善数据源,但难以获取和标注图像;另一方面,采用多模型融合或增加网络层数来提高特征提取能力,但模型参数和复杂度也会显著增加。

针对病虫害叶片特征的识别问题,该文提出了一种基于改进的 Res2NeXt50 模型的农作物病虫害检测算法。首先,在残差网络 (Residual Network, ResNet) 的基础上改进得到 Res2NeXt50 模型,增加网络每一层的感受野,可以在细粒度的层次上学习图像的特征信息。随后,通过分解大卷积、改进下采样、替换激活函数、减少网络层数等方法进一步优化模型,减少模型参数和复杂度。此外,采用标签平滑和 EMA 方法训练模型以提高泛化能力。

1 基础理论与模型介绍

1.1 Res2NeXt 残差块

尽管 ResNet 在图像识别领域表现不错^[10],但仅通过 3×3 卷积很难有效地提取病变特征。因此,该文采用了一种新的多尺度骨干架构 (A New Multi-scale Backbone Architecture, Res2Net)^[11],在细粒度级别增加特征感受野,以挖掘病变特征之间的微小差异。

参考 ResNeXt50 模型^[12]中的分组设计,该文构建了 Res2NeXt50 模型。模型通过分组学习得到的特征耦合度低,且涉及的主要特征不同,因此可以得到互补的信息来更全面地学习图像。Res2NeXt50 残差块结构如图 1 所示。

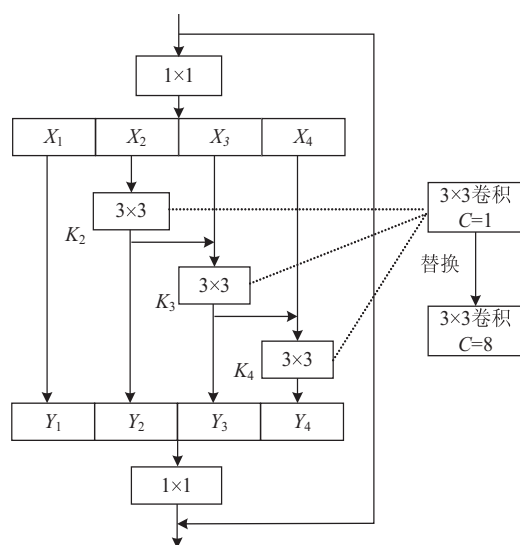


图 1 残差块结构

在图 1 中,输入特征经过 1×1 卷积后按通道分成 4 组子特征,记为 X_i 。特征 X_i 不经过卷积得到输出 $Y_1 = X_1$,特征 X_2 经过 8 组 3×3 卷积得到输出 $Y_2 = K_2(X_2)$,特征 X_3 与 Y_2 作残差连接后经过 8 组 3×3 卷积得到输出 $Y_3 = K_3(X_3 + Y_2)$,特征 X_4 与 Y_3 作残差连接后经过 8 组 3×3 卷积得到输出 $Y_4 = K_4(X_4 + Y_3)$ 。依次类推,输出特征 Y_i 的计算方法如式(1):

$$Y_i = \begin{cases} X_i & i = 1 \\ K_i(X_i) & i = 2 \\ K_i(X_i + Y_{i-1}) & i = 3, 4 \end{cases} \quad (1)$$

1.2 分解大卷积

在农作物病虫害诊断时,通常根据病斑颜色变化、受损部位大小等症状进行鉴别。Res2NeXt50 模型使用 7×7 卷积来提取图像的初级特征,但卷积核较大,导致局部特征丢失。如图 2 所示,为了解决病虫害特征的提取问题,该文提出混合卷积代替 7×7 卷积来获取局部和全局特征,从而得到更丰富的图像语义信息。

在图 2 中,改进模型使用 7×7 、 3×3 和 5×5 卷积来提取图像的初级特征,并加入 P-ReLU 函数和 BN 层

以增强特征的表述能力。然后,通过拼接(Concat)进行特征融合。

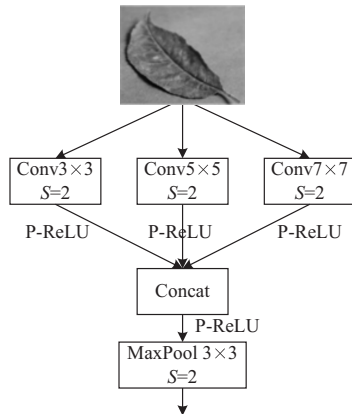


图2 混合卷积

1.3 更换激活函数

ReLU 函数能有效抑制梯度消失和爆炸,而被广泛使用。Res2NeXt50 模型经过分组卷积后,结构更加复杂,更容易过拟合。因此,该文选择具有正则化效果的 GELU 函数来代替原始残差块中的 ReLU 函数,以提高鲁棒性。GELU 函数的定义如下。

$$\text{GELU}(x) = x\Phi(x) = x \int_{-\infty}^x \frac{e^{-\frac{(x-u)^2}{2\sigma^2}}}{\sqrt{2\pi}\sigma} dX \quad (2)$$

在式2中, x 作为输入值, $\Phi(x)$ 是高斯分布的累积分布函数。当 x 减小时, $\Phi(x)$ 也减小,激活函数输出为0的概率更高,则神经元被丢弃。反之,当 x 增大时, $\Phi(x)$ 也增大,激活函数输出为1的概率更高,则保留神经元。

1.4 改进下采样

在 Res2NeXt50 残差块中,主通道使用两个 1×1 卷积和一个 3×3 卷积来改变特征图的大小和数量,并在捷径连接(Shortcut)中使用一个 Stride 为 2 的 1×1 卷积进行下采样以匹配输出。因为 1×1 卷积下采样时丢失大量特征信息,会对主通道的信息流通产生负面影响,所以,该文选择平均池化(Average Pooling, AvgPool)代替 1×1 卷积完成下采样,以保留更多的信息。下采样改进方法如图3所示。

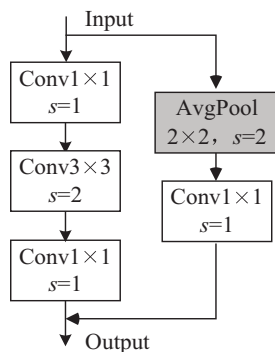


图3 改进下采样

在图3中,主通道保持不变,而Shortcut使用Stride为2的AvgPool完成下采样,并加入 1×1 卷积和BN层,以增加特征的非线性能力。

1.5 改进模型的网络结构

最初的 Res2NeXt50 模型残差块仍沿用标准的(3,4,6,3)架构,而该文将 layer1 到 layer4 的 block 数调整为(2,4,6,2),从48层变为现有的42层。与原来相比,通过减少网络层数,降低了过拟合风险,同时充分利用 Res2Net 架构的特征挖掘能力。

改进模型共有44层,由Conv1卷积层、Res2NeXt残差块、池化层和全连接层组成。如表1所示,Conv1卷积层使用混合卷积提取图像的初级特征;Res2NeXt残差块由 1×1 卷积、 3×3 卷积和 1×1 卷积组成,并行拓扑数为8;layer1模块保留原有的下采样方式,其他模块使用改进后的下采样方式;自适应平均池化用于实现全局特征降维。最后,将全连接层的输出维度设置为实验所需的类数。

表1 网络结构参数

层数	输出尺寸	网络结构
Conv1	112×112	$\begin{pmatrix} 7 \times 7, 32, s = 2 \\ 3 \times 3, 16, s = 2 \\ 5 \times 5, 16, s = 2 \end{pmatrix}$
layer1	56×56	Maxpool3×3, $s = 2$ $\begin{pmatrix} 1 \times 1, 128 \\ 3 \times 3, 32, C = 8 \times 2 \\ 1 \times 1, 256 \end{pmatrix}$
layer2	28×28	$\begin{pmatrix} 1 \times 1, 256 \\ 3 \times 3, 64, C = 8 \times 4 \\ 1 \times 1, 512 \end{pmatrix}$
layer3	14×14	$\begin{pmatrix} 1 \times 1, 512 \\ 3 \times 3, 128, C = 8 \times 6 \\ 1 \times 1, 1024 \end{pmatrix}$
layer4	7×7	$\begin{pmatrix} 1 \times 1, 1024 \\ 3 \times 3, 256, C = 8 \times 2 \\ 1 \times 1, 2048 \end{pmatrix}$
GAP	1×1	Adaptive AvgPool
FC	36	Softmax

2 实验设计

2.1 数据集介绍

AI Challenger 2018 农作物病虫害数据集包括训练集 31 718 张图像,验证集 4 540 张图像,测试集 9 027张无标签图像。数据集包含:10 种农作物(苹果、辣椒、马铃薯、桃子、草莓、樱桃、玉米、葡萄、柑桔和番茄)、27 种病害(24 种分为轻度和重度)和 10 种健

康类别。实验的主要目的是准确识别各种病虫害,因此对原始数据集做了一些调整。首先,对数据集进行清理,删除训练和验证集中的 238 张重复图像;然后,将同一病害的轻度和重度样本混合,剔除样本数量极不均匀的类别,比如仅有 3 张图像的番茄疮痂病;最后,将训练集和验证集的同类样本混合打乱,总共得到 36 020 张图像。调整后的数据集按照“物种-状态”分为 36 类,即 26 种病害和 10 种健康类别。

Plantvillage 数据集共有 54 305 张图像,分为 38 类。数据集包含:14 种农作物(苹果、蓝莓、樱桃、玉米、葡萄、柑橘、桃子、辣椒、马铃薯、树莓、大豆、草莓、南瓜和番茄),26 种病害和 12 种健康类别。

Plant_leaves 数据集共有 4 502 张图像,分为 22 类。数据集包含:12 种农作物(芒果、榄仁、番石榴、萨塔帕尼、鹰楸、蒲桃、麻风树、番红花、罗勒、粉红石榴、柠檬和梧桐),11 种病害和 11 种健康类别。

上述数据集以 4:1 的比例分成训练集和测试集,使用相同的数据增强技术和评价指标。

2.2 数据增强

数据增强不仅可以增加样本数量,还可以丰富样本的多样性,避免过拟合。现有的数据增强技术分为两类,一是离线增强,二是在线增强。考虑到实验数据的规模和数量,采用在线增强技术。在训练集中,先将图像缩放到 256 px×256 px,随后进行图 4 所示处理。

在测试集,先将图像缩放到 256 px×256 px,然后中心裁剪至 224 px×224 px、像素归一化和标准化。

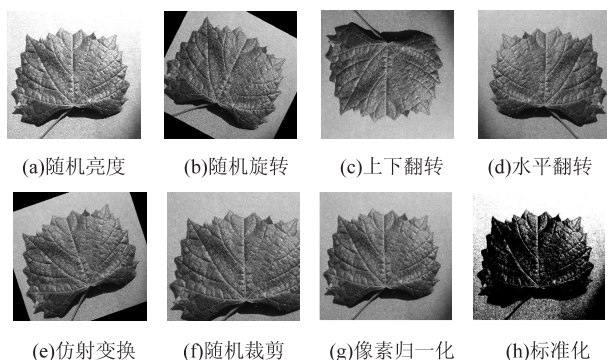


图 4 数据增强处理

2.3 训练设计

考虑到收敛效果和速度,实验最终选择 AdamW 优化器。初始学习率和 weight-decay 分别设置为 0.001 和 0.05, Batchsize 设置为 32。此外,使用周期余弦退火策略(Cyclic Cosine Annealing Learning Rate Schedule)调整学习率,每 20 个 epoch 进行一次热重启,以获得更好的收敛结果。

在训练中,使用标签平滑和 EMA 方法来提高模型的训练效果。当标签平滑系数和 EMA 系数分别为 0.1 和 0.999 时,实验效果最佳。

2.4 实验环境

代码基于 PyTorch1.71, Python 3.6 版本。电脑配置:Windows10 OS, 32 GB 内存, AMD Ryzen7 5800X 处理器和 NVIDIA 3070 显卡。

2.5 评价指标

在实验中,选择准确率(Accuracy, Acc)、参数量和 FLOPs 作为评价指标。Acc 的定义如下:

$$\text{Acc} = \frac{\text{TP} + \text{TN}}{\text{all}} \quad (3)$$

式中, TP (True Positive) 为真阳; TN (True Negative) 为真阴, all 为样本总数。

参数量即网络参数和,单位 M。FLOPs 即浮点运算次数,用来衡量模型的复杂度,单位 G。

3 实验及结果分析

3.1 不同模型实验对比分析

为了验证改进模型的性能,在 AI Challenger 2018 农作物病虫害数据集上与另外 8 种模型进行实验对比。所有模型均在相同的实验条件下进行,并使用开源代码和默认参数复现。每个模型训练 100 轮,根据其在数据集上的表现选择最佳模型。对比结果如表 2 所示。

表 2 不同模型实验对比

模型	参数量/M	FLOPs/G	准确率/%
VGG16	138.36	15.50	98.01
Inception-v4	41.20	6.15	97.26
DenseNet169	14.15	3.42	97.92
ResNet50	25.56	4.12	97.96
ResNet101	44.55	7.85	98.02
ResNeXt50	25.03	4.27	98.06
Res2Net50	25.60	4.29	98.15
Res2NeXt50	22.70	4.21	98.25
改进模型	18.20	3.73	98.79

由表 2 可见,不同模型的识别准确率均在 97% 以上,说明 CNN 可以有效识别农作物病虫害。Res2NeXt50 模型结合了 Res2Net50 和 ResNeXt50 模型的结构优势,其识别率高于以上 7 种模型,达到了 98.25%。改进模型在 Res2NeXt50 模型的基础上优化了网络结构和信息流通,不仅减少了模型参数和复杂度,还进一步提高了模型性能。同时,该文利用标签平滑对样本的真实标签进行处理,以更好地训练网络,提高模型的泛化能力。与 VGG16、Inception-v4、DenseNet169、ResNet50、ResNet101、ResNeXt50 和 Res2Net50 模型相比,改进模型的准确率分别提高了 0.78 百分点、1.53 百分点、0.87 百分点、0.83 百分点、

0.77 百分点、0.73 百分点和 0.64 百分点。相较于 Res2NeXt50 模型,改进模型减少了 4.5 M 参数和 0.48 G FLOPs,但准确率提高了 0.54 百分点。

另外,该文使用改进模型对测试集中的 26 种病害图像进行测试,实验结果如表 3 所示。

表 3 26 种病害的测试准确率

病害类别	准确率/%	病害类别	准确率/%
苹果黑星病	100	马铃薯早疫病	91.89
苹果灰斑病	100	马铃薯晚疫病	100
苹果雪松锈病	100	草莓叶枯病	100
樱桃白粉病	100	番茄白粉病	95.83
玉米灰斑病	98.78	番茄早疫病	100
玉米锈病	100	番茄晚疫病	100
玉米叶斑病	100	番茄叶霉病	100
玉米花叶病毒病	100	番茄斑点病	100
葡萄黑腐病	100	番茄斑枯病	100
葡萄轮斑病	100	番茄红蜘蛛损伤	100
葡萄褐斑病	100	番茄黄化曲叶病毒病	95.83
柑桔黄龙病	95.00	番茄花叶病毒病	85.00
桃疮痂病	100	辣椒疮痂病	100

3.2 消融实验及分析

为了分析改进方法的效果,在相同的实验条件下进行消融实验。每个模型训练 100 轮,实验对比结果如表 4~表 8 所示。

表 4 分解大卷积

模型	参数量/M	FLOPs/G	准确率/%
Res2NeXt50	22.70	4.21	98.25
3 组 3×3 卷积	22.72	4.44	98.37
混合卷积	22.69	4.17	98.42

在表 4 中设置了两组对照实验,分别采用传统的 3 组 3×3 卷积和该文提到的混合卷积代替 7×7 卷积。通过对比实验结果,模型使用混合卷积时,准确率高达 98.42%,比原来提高了 0.17 百分点。

表 5 更换激活函数

模型	参数量/M	FLOPs/G	准确率/%
Res2NeXt50	22.70	4.21	98.25
GELU 函数	22.70	4.21	98.35

在表 5 中,对照模型使用 GELU 函数代替原残差块中的 ReLU 函数,准确率提高了 0.1 百分点。

表 6 改进下采样

模型	参数量/M	FLOPs/G	准确率/%
Res2NeXt50	22.70	4.21	98.25
改进下采样	22.70	4.20	98.40

在表 6 中,对照模型使用 Stride 为 2 的 AvgPool 进

行下采样。与原来相比,模型的准确率提高了 0.15 百分点,而且参数量和 FLOPs 保持不变。

表 7 调整网络层数

模型	参数量/M	FLOPs/G	准确率/%
Res2NeXt50	22.70	4.21	98.25
调整网络层数	18.20	3.76	98.37

在表 7 中,对照模型将 layer1 到 layer4 的 block 数调整为(2,4,6,2)。与 Res2NeXt50 模型相比,改进模型的准确率提高了 0.12 百分点,而且参数量和 FLOPs 分别减少了 4.50M、0.45G。

表 8 训练方法对比

训练方法	准确率/%
Res2NeXt50	98.25
+EMA	98.39
+Label Smoothing	98.42
+EMA+Label Smoothing	98.52

在表 8 中,通过不同的训练方法,模型的准确率均有不同程度的提高。当同时使用 EMA 和标签平滑方法时,模型准确率达到 98.52%,比原来提高了 0.27 百分点。

3.3 可视化分析

该文采用类激活映射(Class Activation Mapping, CAM)方法^[13],以热力图的形式显示图像响应的强弱特征。为了展示改进模型的检测效果,将部分病虫害可视化输出,如图 5 所示。

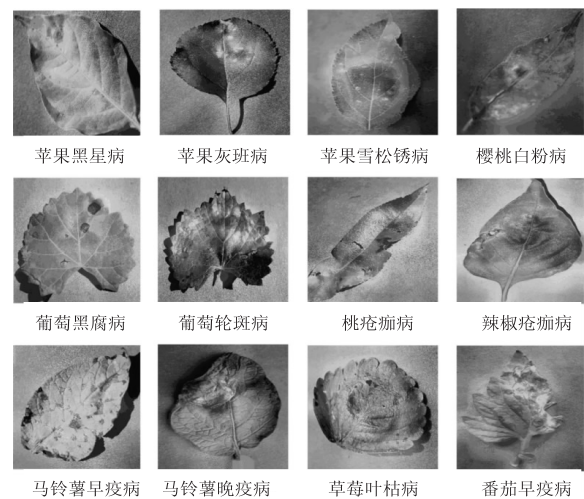


图 5 部分病虫害可视化

为了比较不同网络模型的特征提取能力,将 ResNeXt50、Res2Net50 和改进模型生成的热力图进行可视化,如图 6 所示。

在图 6 中,高亮区域代表图像中的关键部分。通过对比分析,改进后的模型高亮响应区域更多更细腻,能学习到更多的图像语义信息。

此外,为了更好地分析改进模型提取图像特征的

过程,将部分卷积层的特征图可视化输出,如图 7 所示。

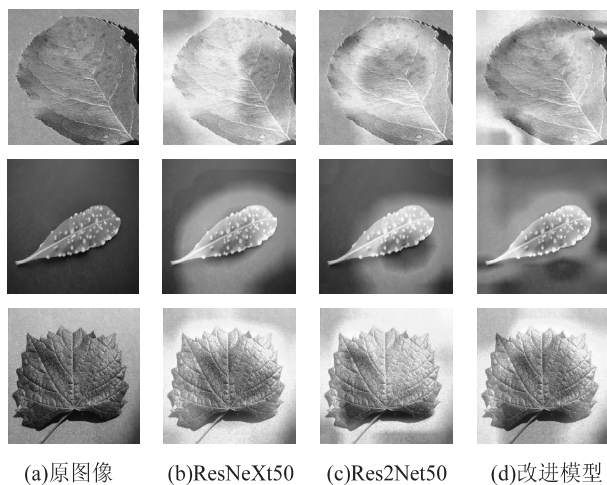


图 6 特征图可视化

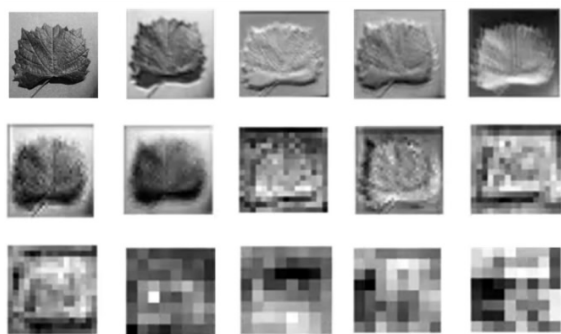


图 7 卷积核可视化

在图 7 中,随着网络层次不断加深,卷积核提取的图像特征越来越抽象,其纹理也被更高层次的语义信息所取代。

3.4 公开数据集实验对比与分析

为了全面客观地评价文中模型的泛化能力,分别在 Plantvillage 和 Plant_leaves 数据集进行实验,并和近几年的研究方法对比。实验对比结果如表 9 和表 10 所示。

表 9 Plantvillage 数据集实验对比

文献	研究方法	准确率/%
文献[14]	Inception-v3	95.62
文献[15]	VGG16	98.20
文献[16]	网络结构搜索	99.01
文献[17]	ResNet101	99.40
文献[18]	EfficientNet-B3	98.32
文献[19]	VGG16	99.37
文中模型	Res2NeXt50	99.89

由表 9 可见,文献[14]使用 Inception-v3 模型加载预训练权重,并部署到手机端进行病虫害识别,准确率为 95.62%。文献[15]建立了 VGG16 和 VGG19 的融合模型,并采用粒子群优化算法进行参数寻优,准确

率达到 98.20%。文献[16]使用神经结构搜索策略寻找最佳网络结构,且对数据集进行过采样和欠采样,得到了 99.01% 的准确率。文献[17]采用多尺度卷积和 SE 模块等方法改进 ResNet101 模型,达到了 99.40% 的准确率。文献[18]对 EfficientNet-B3 模型进行微调,并用双稳态逻辑损失函数训练,达到了 98.32% 的准确率。在文献[19]中,结合轻量级模块 Ghost 对 VGG16 进行改进,同时减少卷积核数量,取得了 99.37% 的准确率。与上述文献相比,该文提出的模型准确率达到 99.89%,高于上述研究方法,具有更强的泛化能力。

表 10 Plant_leaves 数据集实验对比

模型	研究方法	准确率/%
文献[20]	ResNet	91.95
文献[21]	HOG	99.18
文中模型	Res2NeXt50	99.23

由表 10 可见,文献[20]用改进的 ResNet 模型来识别叶片病害,在实验中获得 91.95% 的准确率。文献[21]用方向梯度直方图(Histogram of Oriented Gradient, HOG)来描绘图像特征,并结合 SVM 进行分类,准确率达到 99.18%。与上述研究方法相比,文中模型获得了 99.23% 的准确率,分别比文献[20]和文献[21]高 7.28 个百分点和 0.05 百分点。由于文献[21]中使用的 HOG 方法属于传统的模式识别,描述子生成慢,而该文采用的深度学习方法检测速度快,适用性更强。

4 结束语

该文提出了一种基于改进的 Res2NeXt50 模型的农作物病虫害检测算法,用于识别具有不同症状的农作物叶片图像。改进后的模型结合了 Res2Net50 模型和 ResNeXt50 模型的结构优势,不仅减少了模型参数和复杂度,而且泛化能力更强。与现有的研究方法相比,提出的改进模型可以在细粒度水平上学习图像特征,从而准确识别各种农作物疾病。

未来将进一步对模型进行剪枝,部署到手机端,建立实时的病虫害检测系统平台。

参考文献:

- [1] 杨孟辑. 基于迁移学习的农作物病虫害预警系统研究[D]. 成都:成都大学,2021.
- [2] 全国农业技术推广服务中心. 2022 年全国农作物重大病虫害发生趋势预报[N]. 农民日报,2022-02-16(6).
- [3] 翟肇裕,曹益飞,徐焕良,等. 农作物病虫害识别关键技术研究综述[J]. 农业机械学报,2021,52(7):1-18.
- [4] 仇秋飞,周武源,雷良育,等. 深度学习在机器人领域的应

- 用进展[J]. 计算机技术与发展,2021,31(11):208-215.
- [5] CHEN J,LIU Q,GAO L. Visual tea leaf disease recognition using a convolutional neural network model[J]. Symmetry, 2019,11(3):343.
- [6] BARBEDO J A. Plant disease identification from individual lesions and spots using deep learning[J]. Biosystems Engineering,2019,180:96-107.
- [7] 王 佳. 计算机视觉在香芋病害检测中的应用研究[J]. 农机化研究,2020,42(8):241-244.
- [8] 项小东,翟 蔚,黄言志,等. 基于 Xception-CEMs 神经网络的植物病害识别[J]. 中国农机化学报,2021,42(8):177-186.
- [9] HASSAN S M,MAJI A K. Plant disease identification using a novel convolutional neural network [J]. IEEE Access, 2022,10:5390-5401.
- [10] HE K,ZHANG X,REN S,et al. Deep residual learning for image recognition[C]//Proceedings of the 2016 IEEE conference on computer vision and pattern recognition. Las Vegas;IEEE,2016:770-778.
- [11] GAO S H,CHENG M M,ZHAO K,et al. Res2Net:a new multi-scale backbone architecture[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence,2021,43(2):652-662.
- [12] XIE S,GIRSHICK R,DOLLÁR P,et al. Aggregated residual transformations for deep neural networks[C]//Proceedings of the 2017 IEEE conference on computer vision and pattern recognition. Honolulu;IEEE,2017:1492-1500.
- [13] ZHOU B,KHOSLA A,LAPEDRIZAL A,et al. Learning deep features for discriminative localization[C]//Proceedings of the 2016 IEEE conference on computer vision and pattern recognition. Las Vegas;IEEE,2016:2921-2929.
- [14] 刘 洋,冯 全,王书志. 基于轻量级 CNN 的植物病害识别方法及移动端应用[J]. 农业工程学报,2019,35(17):194-204.
- [15] DARWISH A,EZZAT D,HASSANIEN A E. An optimized model based on convolutional neural networks and orthogonal learning particle swarm optimization algorithm for plant diseases diagnosis [J]. Swarm and Evolutionary Computation,2020,52:100616.
- [16] 黄建平,陈镜旭,李克新,等. 基于神经结构搜索的多种植物叶片病害识别[J]. 农业工程学报,2020,36(16):166-173.
- [17] 朱 帅,王金聪,任洪娥,等. 基于多特征融合的残差网络果树叶片病害识别[J]. 森林工程,2022,38(1):108-114.
- [18] 姜天宇,赵晓林,赵搏欣,等. 基于 EfficientNet 的木薯叶病变自动分类模型[J]. 计算机应用,2022,42(S1):64-70.
- [19] 王江晴,冀 星,莫海芳,等. 基于轻量化 VGG 的植物病虫害识别[J]. 中国农机化学报,2022,43(4):25-31.
- [20] POOLE L,BROWN D. Investigating popular CNN architectures for plant disease detection[C]//2021 international conference on artificial intelligence, big data, computing and data communication systems. Durban;IEEE,2021:1-5.
- [21] BOSE P,DUTTA S,GOYAL V,et al. Leaf diseases detection of medicinal plants based on image processing and machine learning processes[J]. Journal of Pharmaceutical Research International,2021,33(42A):111-119.