

基于深度学习特征融合技术的小麦病虫害图像识别准确性研究

李冰¹ 李纪云¹ 贾猛¹

LI Bing LI Jiyun JIA Meng

摘要

小麦病虫害在植株上的分布是不均匀的,导致图像中病虫害的特征不一致,降低了病虫害图像识别的准确性。深度学习特征融合技术能够自动从原始数据中学习多层次的特征表示,并且能够有效地处理和融合这些特征。基于此,提出一种基于深度学习特征融合技术的小麦病虫害图像识别方法,旨在提升识别准确性。利用图像分割技术精准地识别出病虫害的目标区域。借助深度学习技术,构建了一个病虫害图像识别模型,从已分割的病虫害目标区域中提取关键特征。这些特征包括目标区域的边缘特征和区域梯度特征,对于准确识别病虫害至关重要。为了更全面、更细致地描述病虫害的多维特征,采用特征融合技术,整合了不同尺度的图像特征,以捕捉病虫害的多层次信息。这些融合后的特征作为模型输入,通过深度学习模型的训练和学习,实现对病虫害图像的精准分类。将模型的识别结果与真实的标签进行匹配,通过对比识别结果与真实标签的一致性来准确评估识别的准确性。实验结果表明,与传统方法相比,采用所提出的方法可以实现99%~100%的识别准确率,并在F1分数上展现出显著优势,接近理想值1。这一结果显著优于传统方法,为小麦的健康种植提供了可靠的技术保障。

关键词

小麦病虫害图像; 图像识别; 深度学习; 特征融合技术

doi: 10.3969/j.issn.1672-9528.2024.08.019

0 引言

在现代农业生产中,小麦作为全球广泛种植的粮食作物,其健康状态对粮食安全和农业经济的稳定具有至关重要的作用。然而,小麦病虫害的频发对作物的产量和品质构成了严重威胁。传统的病虫害监测方法主要依赖人工巡查,这种方式不仅效率低下、劳动强度大,而且难以实现大面积、实时监控,难以满足现代农业对高效、精准管理的需求。因此,开展小麦病虫害图像识别研究,旨在通过先进的技术手段实现病虫害的自动识别和监测,具有重要的研究意义。这一研究不仅能够有效提高小麦病虫害的监测和防控水平,减少农业生产损失,还能够推动农业生产的智能化、精准化发展,为农业生产的可持续发展提供有力支持。

针对此类问题,研究人员设计了多种图像识别方法。其中,文献[1]提出的基于ALBERT与规则的小麦病虫害图像识别方法,在利用ALBERT模型提取深度特征和Transformer预训练能力学习深层次特征表示的同时,结合

颜色、形状、纹理等特征设定识别规则,提高图像识别的准确性。尽管ALBERT模型可以学习到病虫害图像的深层次特征表示,但这些特征可能并不总是能够完全捕捉到病虫害的所有关键信息。尤其是在病虫害图像特征不一致的情况下,模型可能无法准确地区分不同的病虫害种类或阶段。文献[2]基于卷积神经网络和迁移学习的小麦病虫害图像识别方法,通过利用预训练的卷积神经网络模型作为基础网络,结合迁移学习的方式,可以显著加速小麦病虫害图像识别任务的训练过程,并提升识别的准确性。该方法的弊端是由于小麦病虫害种类繁多,且不同种类的病虫害图像特征可能存在较大差异,基于卷积神经网络和迁移学习的方法可能会面临泛化能力不足的问题,即模型在训练集上表现良好,但在面对新的、未见过的病虫害图像时,识别准确率可能会显著下降。

小麦病虫害在植株上的分布往往是不均匀的,这种不均匀性导致图像中病虫害的特征表现出显著的不一致性,从而降低了传统病虫害图像识别方法的准确性。为了克服这一问题,本文充分利用深度学习特征融合技术的优势,提出了一种新型的小麦病虫害图像识别方法。这种方法能够更有效地提取和融合图像中的关键特征,从而提高病虫害识别的准确性。

1. 河南职业技术学院现代信息技术学院 河南郑州 450046

[基金项目] 河南省科技厅科技攻关(242102111190); 河南省高等学校重点科研项目(24B520017)

1 基于深度学习特征融合小麦病虫害图像识别方法设计

1.1 图像分割技术识别病虫害目标区域

小麦病虫害在植株上的分布通常呈现出不均匀性,这种特性使得图像中的病虫害特征表现出显著的不一致性。在小麦病虫害图像识别的过程中,精确地提取出与病虫害相关的边缘特征至关重要,这有助于更好地适应特征的不一致性,并有效避免将非病虫害区域错误地识别为病虫害区域^[3]。

本研究利用图像分割技术来识别病虫害目标区域。首先,利用高斯滤波对图像进行平滑处理,以减少图像中的噪声和细节,使病虫害的特征更加突出^[4]。高斯滤波公式为:

$$G(x, y) = \frac{1}{2\pi\delta^2} e^{-\frac{(x^2+y^2)}{2\delta^2}} \quad (1)$$

式中: $G(x, y)$ 为平滑处理之后的图像在点 (x, y) 的像素点; δ 为平滑参数,用于控制滤波器的宽度。为了更精确地分割病虫害目标区域,同时考虑空间域与值域的差别。通过结合像素点的空间位置和像素值信息,可以更准确地识别病虫害区域^[5]。这通常通过引入一种结合空间域和值域的分割算法来实现:

$$g(i, j) = \frac{\sum_{k,l} G(x, y)w(i, j, k, l)}{\sum_{k,l} w(i, j, k, l)} \quad (2)$$

式中: $g(i, j)$ 表示像素点 (i, j) 的分割结果; $w(i, j, k, l)$ 是空间域和值域结合的权重系数,用于描述像素点 (i, j) 与其邻域像素点 (k, l) 之间的相似性或差异。

通过上述种图像分割技术,能够更加准确地提取出病虫害目标区域,为后续的特征提取和识别提供有力的支持。

1.2 基于深度学习特征融合的病虫害图像识别模型构建

(1) 提取目标区域的边缘特征和区域梯度特征

在病虫害图像的识别过程中,准确地提取关键特征是至关重要的步骤。这些特征主要包括边缘特征和区域梯度特征,它们能够准确地反映出病虫害的形态、纹理等关键信息,对于后续的模式训练和识别具有决定性的影响。

为了从识别出的病虫害目标区域中提取这些关键特征,首先对原始图像进行预处理。考虑到小麦病虫害图像的特点,选择合适的颜色空间,并将图像转换为灰度图像^[6]。这一步骤是为了减少颜色信息对边缘检测的影响,同时降低计算复杂度。灰度图像的转换通过加权平均每个像素的 RGB 值来实现,即:

$$G(x, y) = 0.299R(x, y) + 0.587G(x, y) + 0.114B(x, y) \quad (3)$$

式中: $G(x, y)$ 是转换后的灰度图像在位置 (x, y) 的灰度值, $R(x, y)$ 、 $g(x, y)$ 和 $B(x, y)$ 分别是原始图像在位置 (x, y) 的红、绿、蓝三种颜色的强度值。

在灰度图像上提取边缘特征时,使用 Sobel 算子来检测边缘。Sobel 算子是一种常用的边缘检测算子^[7],它通过计算

图像中每个像素点的梯度强度和方向来检测边缘。虽然 Sobel 算子实际上是由两个 3*3 的卷积核组成(一个检测水平边缘,一个检测垂直边缘),但可以将其简化为以下公式来表示边缘强度:

$$E(x, y) = G(x, y)[|\nabla_x(x, y)| + |\nabla_y(x, y)|] \quad (4)$$

式中: $E(x, y)$ 是边缘特征图像在位置 (x, y) 的边缘强度值, $\nabla_x(x, y)$ 和 $\nabla_y(x, y)$ 分别是灰度图像在位置 (x, y) 的水平梯度和垂直梯度。

通过提取边缘特征,可以得到病虫害图像中病虫害区域的边缘轮廓信息。此外,为了更全面地描述病虫害的特征,还提取了区域梯度特征,如边缘周长、面积、紧凑度、纵横比等。这些特征可以从不同角度反映病虫害的形态和纹理信息,为后续的识别提供可靠的基础。表 1 展示了小麦病虫害图像的一些典型边缘特征数据。这些数据是基于实际图像提取得到的,反映了不同病虫害类型在边缘特征上的差异。通过比较这些特征数据,可以发现不同病虫害类型在形态和纹理上的特点,为后续的识别提供有力的依据。

表 1 小麦病虫害图像边缘特征

病虫害类型	边缘周长	面积	紧凑度	纵横比	RGB
叶锈病	123.45	567.89	0.37	0.85	(150,80,40)
赤霉病	156.78	987.65	0.41	0.72	(200,120,80)
麦蚜虫	89.12	345.67	0.45	1.23	(180,100,60)
吸浆虫	180.23	1 234.56	0.33	0.90	(130,70,30)
纹枯病	109.87	678.90	0.39	0.80	(160,90,50)
腥黑穗	98.76	456.78	0.48	1.15	(170,110,70)
白粉病	134.56	789.01	0.35	0.75	(140,80,45)
麦蜘蛛	170.34	1 123.45	0.32	0.95	(190,130,90)
全蚀病	112.34	567.80	0.42	1.02	(185,105,65)
金针虫	145.67	890.12	0.36	0.88	(120,65,35)

(2) 特征融合

病虫害图像由于其复杂性和多样性,往往包含丰富的信息,从局部细节到全局结构都有所体现。虽然本研究已经准确地提取了如边缘特征和区域梯度特征等关键特征,但这些单一尺度的特征提取方法通常只能捕捉到图像中的部分信息,无法全面反映病虫害的多维特征^[8]。

病虫害图像在不同尺度下呈现出不同的特征表现。在较小的尺度下,可以观察到病虫害的局部细节,如纹理和颜色等,这些信息对于识别病虫害的特定类型或阶段至关重要。而在较大的尺度下,可以看到病虫害的整体形状和结构,这些信息则有助于理解病虫害在植物体上的分布和扩散情况^[9]。为了充分利用这些多尺度的特征信息,本研究借助深度学习技术来融合不同尺度下的图像特征。通过深度学习模型强大的特征学习能力,能够综合考虑病虫害图像的局部细节和全

局结构,从而更准确地识别病虫害。这种特征融合的方法使得模型能够捕捉到病虫害在不同尺度下的多层次信息,提高了识别的准确性和鲁棒性。

在特征融合的过程中,采用了特征融合门结构来将不同的小麦病虫害图像特征进行深度融合^[10]。该结构包括两个主要部分:F门和D门。F门负责对融合特征进行全连接处理,以便学习不同特征之间的非线性关系,并提取出更高级别的融合特征。D门则直接传递特征,允许那些显著且对识别贡献较大的特征直接参与到后续的计算中。通过这种方式,F门和D门的结合使得特征融合过程更加灵活和高效。对于明显的特征,它们可以直接通过D门输出,减少了不必要的计算。而对于那些不够明显或者需要进一步处理的特征,它们则通过F门进行全连接处理,以便更好地融合和提取关键信息。特征融合结果的表达式如下:

$$F_R = \sigma(F_g(v) + w_F + B_f) + D_g(v) \quad (5)$$

式中: F_R 为特征融合结果; $F_g(v)$ 表示F门对融合特征 v 的处理结果; w_F 和 B_f 分别表示F门的权重参数和偏置参数; σ 表示激活函数; $D_g(v)$ 表示D门直接传递的特征。

(3) 模型输入

融合后的特征作为深度学习模型的输入,对病虫害图像进行识别时,本研究利用Tensorflow的可视化工具TensorBoard来监测和分析图像融合特征以及模型训练过程。TensorBoard能够直观地展示模型的结构、训练过程中的损失变化、权重更新等信息,从而帮助研究者更好地理解和优化模型。

在模型的训练过程中,使用损失函数来衡量模型预测值与真实值之间的差异,并通过优化算法如梯度下降法来不断迭代更新模型的参数,以最小化损失函数,从而提高模型的识别准确性。具体来说,多个同级层次学习不同的目标,从而得到多种图像特征。这些学习层在激活函数的作用下,将输入的特征映射到更高层次的特征空间,以捕捉更抽象、更复杂的图像信息。学习层激活输出图像特征:

$$V_j = F_R \frac{\|S_j\|^2 S_j}{1 + \|S_j\|^2 \|S_j\|} \quad (6)$$

式中: V_j 为学习层激活的第 j 个输出图像特征; S_j 为激活函数。

在模型训练过程中,使用TensorBoard来可视化图像融合特征以及模型的训练过程。同时,定义一个损失函数来指导模型的训练,损失函数的数学表达式可以表示为:

$$L_k = T_k \max(0, m^+ - \|V_j\|)^2 \quad (7)$$

式中: L_k 为损失函数; T_k 为学习间隔损失; m^+ 为正则项参数。

将不同的病虫害图像特征输入到融合后的深度学习模型

中,通过多尺度特征融合技术,模型能够综合考虑图像的局部细节和全局结构,从而识别出更加准确的病虫害类别。

1.3 模型评估与准确性验证

在小麦病虫害图像识别模型的评估过程中,将模型的识别结果与真实标签进行匹配,通过对比识别结果与真实标签的一致性来准确评估识别的准确性。

将模型对目标域的小麦病虫害类别识别结果与相应的真实标签进行比对。若模型输出的识别结果与真实标签相符,则表明模型正确识别了病虫害的类别;若两者不一致,则意味着模型在识别过程中存在误差,可能需要进一步的训练或参数调整以提高识别的准确性。

为了优化模型的识别能力,对AlexNet的全连接层特征信息进行了调整,并基于特征融合门(F门与D门)构建了两个识别模块。通过迁移学习的方法,将目标域的小麦病虫害融合特征输入到这两个识别模块中进行训练,使得模型能够更有效地标注出病虫害的类别,特别是在特征表现明显的区域。这样,模型在识别过程中能够更精确地匹配病虫害图像的目标域。图1展示了小麦病虫害图像目标域识别的示意图,其中红色虚线标记的是模型识别到的目标域范围。



图1 小麦病虫害图像目标域识别示意图

在识别过程中,识别病虫害目标区域。通过深度学习的方式,模型对目标域内的融合特征进行训练,并识别出图像中包含此类特征的所有目标域,进而确定病虫害的类别。

在模型训练阶段,充分利用了深度学习与特征融合的思想,使得全连接层的图像特征得到了充分的训练。在训练过程中,对ConvNet()的参数进行了微调,并加载了预训练的小麦病虫害图像识别模型。为了避免在测试阶段由于反向传播导致的识别损失,设置了requires_grad=False来冻结模型的识别参数。这样的设置使得模型在测试阶段能够更稳定地输出识别结果,从而实现小麦病虫害图像的准确识别。

2 实验

为了验证本文所设计的方法是否满足小麦病虫害图像识别的准确性需求,进行以下实验。

2.1 实验过程

本次实验环境：使用 Inter@core i7-9700K 处理器，配备 NVIDIA Geforce GTX3090 显卡（24 GB 显存），系统内存为 32 GB，操作系统为 Ubuntu 20.04 64 位系统。深度学习框架为 Pytorch1.8.0，编程语言为 Python3.8.5。在数据集准备方面，从多个来源选取了 3540 张小麦病虫害图像，包括公开数据集、农业数据库以及专业图库。这些图像涵盖了白粉病、赤霉病、叶锈病、吸浆虫等多种常见的小麦病虫害。实验数据的来源及数量如表 2 所示。在实验过程中，将本文设计的基于深度学习特征融合的识别方法与文献 [1] 中基于 ALBERT 与规则的识别方法、文献 [2] 中基于卷积神经网络和迁移学习的识别方法进行了对比。通过对比不同方法的识别准确率、召回率、 F_1 分数等指标，来评估本文所提出方法的性能。

表 2 实验数据来源

图像名称	类别	备注	图片数量
heal_0.jpg	health	无病虫害	300
bfb_0.jpg	bfb	小麦白粉病	500
cmb_0.jpg	cmb	小麦赤霉病	190
yxb_0.jpg	yxb	小麦叶锈病	550
xjc_0.jpg	xjc	小麦吸浆虫	60
awm_0.jpg	awm	小麦纹枯病	220
nls_0.jpg	nls	小麦腥黑穗病	340
b&d_0.jpg	b&d	小麦麦蚜虫	420
f&c_0.jpg	f&c	小麦麦蜘蛛	210
t&v_0.jpg	t&v	小麦全蚀病	350
s&f_0.jpg	s&f	小麦金针虫	400

小麦病虫害的清晰图像如图 2 所示。



图 2 小麦病虫害示意图

2.2 实验结果

在特定的实验条件下，本文随机选取出 11 组图像用于识别图像中的小麦病虫害类别。通过对比识别结果与准确率，评估了小麦病虫害图像识别的准确性。在控制其他所有条件相同的前提下，本文对比了三种不同的识别方法：文献 [1] 中基于 ALBERT 与规则方法的识别性能、文献 [2] 中基于卷

积神经网络和迁移学习方法的识别性能，以及本文设计的基于深度学习特征融合方法的识别性能。实验结果如表 3 所示。

表 3 实验结果

图像名称	文献 [1] 识别方法		文献 [2] 识别方法		本文设计的识别方法	
	识别结果	正确识别数量 / 张	识别结果	正确识别数量 / 张	识别结果	正确识别数量 / 张
heal_0.jpg	无	90	无	98	无	99
bfb_0.jpg	吸浆虫	82	白粉病	94	白粉病	99
cmb_0.jpg	赤霉病	89	赤霉病	93	赤霉病	99
yxb_0.jpg	纹枯病	75	叶锈病	91	叶锈病	99
xjc_0.jpg	白粉病	77	吸浆虫	89	吸浆虫	99
awm_0.jpg	叶锈病	74	纹枯病	92	纹枯病	99
nls_0.jpg	全蚀病	81	全蚀病	85	腥黑穗	100
b&d_0.jpg	麦蚜虫	73	麦蚜虫	98	麦蚜虫	99
f&c_0.jpg	麦蜘蛛	82	麦蜘蛛	93	麦蜘蛛	99
t&v_0.jpg	全蚀病	88	全蚀病	95	全蚀病	99
s&f_0.jpg	金针虫	91	金针虫	96	金针虫	99

如表 3 所示，针对每类小麦病虫害图像选取了 100 张进行识别，并将正确识别的数量与总数量的比值作为准确率来评估图像识别的准确性。在保持其他所有条件一致的情况下，首先采用了文献 [1] 中基于 ALBERT 与规则的小麦病虫害图像识别方法，该方法在测试图像上的准确率波动较大，范围在 70% ~ 95% 之间，显示出相对较低的识别准确性，显然无法满足实际的小麦病虫害识别需求。随后，采用文献 [2] 提出的基于卷积神经网络和迁移学习的小麦病虫害图像识别方法，该方法在准确率上有所提升，波动范围在 85% ~ 99% 之间。尽管如此，在 nls_0.jpg 图像上出现了较多的识别失误，这说明该方法仍需进一步优化以提高识别的稳定性和准确性。最后，采用本文设计的基于深度学习特征融合技术的小麦病虫害图像识别方法。这种方法在测试图像上展现出了极高的准确率，范围在 99% ~ 100% 之间。这种高度的图像识别准确性完全能够满足小麦病虫害识别的需求。相比其他方法，本文方法的优势在于采用特征融合技术融合不同尺度下的图像特征。特征融合技术能够整合多个尺度的信息，提供更全面、更鲁棒的特征表示，这对于提高识别的准确性至关重要。通过融合不同尺度的特征，模型能够更好地捕捉到病虫害在不同尺度下的特征表现，从而提高识别的准确性和鲁棒性。

为了进一步验证本文提出的基于深度学习特征融合技术的小麦病虫害图像识别方法的可靠性，将其与文献 [1] 中基于 ALBERT 与规则方法的识别方法、文献 [2] 中基于卷积神经网络和迁移学习方法的识别方法进行了对比。 F_1 分数作为精确率和召回率的调和平均，能够综合评估模型在正确识别

病虫害图像（正例）的同时，避免将健康图像（负例）错误分类的能力。使用 F_1 得分作为实验指标，具体对比结果如图3所示。

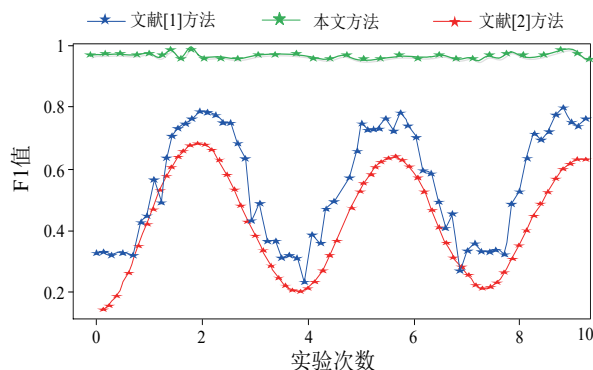


图3 F_1 值对比结果

从图3所示的 F_1 值对比结果可以看出，在小麦病虫害图像识别任务中，本文设计的基于深度学习特征融合技术的方法在 F_1 分数这一关键性能指标上展现出了显著的优势。与传统方法相比，本文方法的 F_1 值不仅更高，而且更趋近于理想的极限值1。这一结果充分证明了本文方法在识别准确性和鲁棒性方面的卓越表现。本文方法在 F_1 值上的优异表现，意味着它在确保高精确率的同时，也实现了高召回率，即在保证识别准确性的前提下，最大限度地捕捉到了潜在的病虫害情况。这对于农业生产中及时采取防治措施、减少农作物损失具有重要意义。

3 结语

近年来，小麦作为全球性的重要粮食作物，其产量与品质对于农民经济收入和国家粮食安全具有举足轻重的地位。然而，小麦生长过程中时常受到各类病虫害的侵扰，这对小麦的生产品质构成了严重威胁。因此，如何有效防控小麦病虫害成为了农业生产中亟待解决的问题。传统的小麦病虫害识别方法在面对病虫害在植株上分布不均和图像特征多样性时，往往难以获得理想的识别效果。针对这一挑战，本研究提出了一种基于深度学习特征融合技术的小麦病虫害图像识别方法。该方法不仅充分发挥了深度学习在自动特征提取和融合方面的强大能力，还通过精确的边缘特征定位和特征信息融合，有效解决了图像中病虫害特征不一致的问题。通过设计的网络结构和优化的模型训练过程，本研究成功实现了小麦病虫害图像的精确识别，显著提升了识别准确率，并在 F_1 分数上取得了接近理想值的优异成绩。实验结果显示，该方法在测试图像上的识别准确率高达99%~100%，显著优于传统方法。

这一研究成果不仅为小麦病虫害的精准识别与防控提供

了强有力的技术支持，有助于农民及时采取防治措施、减少农作物损失，也为其他农作物病虫害的图像识别研究提供了有益的参考和借鉴。

参考文献：

- [1] 刘合兵, 张德梦, 熊蜀峰, 等. 融合 ALBERT 与规则的小麦病虫害命名实体识别 [J]. 计算机科学与探索, 2023, 17(6):1395-1404.
- [2] 姚建斌, 张英娜, 刘建华. 基于卷积神经网络和迁移学习的小麦病虫害识别 [J]. 华北水利水电大学学报 (自然科学版), 2022, 43(2):102-108.
- [3] 雷霆, 石彩云, 王永梅, 等. 临渭区 2023 年小麦病虫害防控效果与植保贡献率评价试验 [J]. 基层农技推广, 2024, 12(3):20-23.
- [4] 刘慧, 朱晓明, 卓富彦, 等. 2023 年全国三大粮食作物病虫害防控植保贡献率评价研究报告 [J]. 中国植保导刊, 2024, 44(1): 62-66+103.
- [5] 史雪岩, 李红宝, 王海光, 等. 我国小麦病虫草害防治农药减施增效技术研究进展 [J]. 中国农业大学学报, 2022, 27(3): 53-62.
- [6] 牛雯雯, 商明清, 于玲雅, 等. 2003—2022 年山东省小麦主要病虫害发生演变规律及防控对策建议 [J]. 中国植保导刊, 2023, 43(12):27-36.
- [7] 于海涛, 刘亚男, 代兴龙, 等. 施氮水平与种植密度互作对鲁东小麦病虫害发生、产量与氮素利用率的影响 [J]. 山西农业科学, 2023, 51(12):1370-1378.
- [8] 王桂宝. 构建农田无人机网络系统及其在水稻、小麦病虫害联合监测与精准防控方案中的应用 [J]. 农业灾害研究, 2023, 13(8):80-82.
- [9] 郭立, 赵艳丽, 王祥会, 等. 2010—2020 年鲁西南小麦主要病虫害发生演变及防控情况分析 [J]. 中国农学通报, 2023, 39(21): 118-125.
- [10] 陈巨莲, 曹雅忠, 倪汉祥. 李光博院士在小麦病虫害综合防治体系创建和实施中的重大贡献——纪念李光博院士诞辰 100 周年 [J]. 植物保护, 2022, 48(3):14-21.

【作者简介】

李冰（1980—），男，河南周口人，硕士，副教授，研究方向：计算机科学与技术。

（收稿日期：2024-05-27）