秦皓翔,赵霞,王敏,等.基于改进YOLO11的番茄叶片病害检测方法[J].华中农业大学学报,2026,45(3):115-126.
DOI:10.13300/j.cnki.hnlkxb.2026.03.010

基于改进YOLO11的番茄叶片病害检测方法

秦皓翔,赵霞,王敏,周慧

甘肃农业大学信息科学技术学院,兰州 730070

摘要 为解决番茄叶片病害检测中存在的类别分布不均、小目标特征提取困难及复杂环境检测精度不足等问题,提出了一种融合多模块的YOLO11改进算法。模型首先采用自适应阈值焦点损失函数(adaptive threshold focal loss,ATFL)替换传统的交叉熵损失,通过动态权重分配策略,针对病害样本不平衡问题优化训练过程,增强模型对低频病害类别的特征学习能力,提高整体检测精度;其次,引入混合池化注意力模块(hybrid pooling attention,HPA)替换C3k2模块中的普通卷积,设计并行池化分支,结合分组特征重校准技术,强化小目标病害的空间特征提取能力,提升复杂背景下的抗遮挡检测能力;最后,将Conv结构中的归一化替换为重参数批归一化(re-parameterized batch normalization,RepBN),引入可学习调节参数重构归一化过程,稳定训练阶段的特征分布,加速模型收敛并增强泛化性能。结果显示,改进后的YOLO11模型在番茄叶片病害数据集上有着很好的性能,其精确率、召回率、mAP@0.5和mAP@0.5:0.95评价指标相较于YOLO11基础模型分别提升了5.8、4.3、2.3和1.2百分点,特别是在小目标病害区域和密集遮挡场景下,具有很好的检测效果。结果表明,YOLO11改进算法有效提升模型对番茄叶片病害的检测性能,实现番茄叶片病害检测精度与鲁棒性的同步提升。

关键词 深度学习;YOLO11;番茄叶片病害检测;损失函数;HPA;RepBN

中图分类号 S641.2;TP391.41 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2026)03-0115-12

番茄作为全球重要的蔬菜作物,其产量与品质对农业经济和食品安全均有重要影响[1]。然而,在番茄生长过程中,很容易受到各种病害的侵扰,为了能够有效防治这些病害,快速准确地识别番茄叶片病害显得尤为重要[2]。根据联合国粮食及农业组织(FAO)统计,病害导致的番茄产量损失每年高达15%～20%,其中叶片病害占比超过60%。早疫病、晚疫病、叶霉病等常见病害初期症状细微,易受田间复杂光照、叶片重叠遮挡、病斑大小差异显著等因素影响,导致传统人工检测效率低下,漏检率高,而且又费时费力,易受外界环境的影响[3],难以满足智慧农业自动化监测与精准防治的需求。因此,尽早准确地识别这些病害对于及时干预和控制至关重要[4]。

传统番茄叶片病害的检测和诊断主要依靠人工观察叶片情况,并凭借经验做出判断。然而,番茄叶片病害种类繁多、症状相似度高,且易受田间复杂光照、叶片重叠、粉尘附着等环境因素干扰,传统人工识别不仅依赖操作者的丰富经验,还存在效率低下、主观性强、漏检和误检率高等突出问题[5],难以满足智慧农业自动化、精准化监测的现实需求。随着深度学习技术在农业智能检测领域的深度渗透,其强大的特征提取与模式识别能力,为突破传统方法的局限提供了新路径,众多学者针对农作物病虫害检测开展了大量探索性研究[6]。Sardogan等[7]提出了一种结合卷积神经网络(convolutional neural networks,CNN)与学习矢量量化(learning vector quantization,LVQ)的番茄叶部病害检测与分类技术,该技术可有效识别4种不同类型的番茄叶部病害。方晨晨等[8]提出了一种高效的番茄病害识别模型,创新性地采用多尺度卷积结构替代传统单一尺度卷积,增强特征提取能力。同时引入深度可分离卷积技术代替部分标准卷积层,减少了模型参数,该优化模型在保持较高识别性能的同时实现了轻量化,平均识别准确率达98.58%,在实际应用中具有显著优势。Liu等[9]在YOLOv3算法基础上进行改进,通过运用图

收稿日期:2025-05-29
基金项目:甘肃省自然科学基金项目(24JRRA656)
秦皓翔,E-mail:2541791509@qq.com
通信作者:赵霞,E-mail:zhaox@gsau.edu.cn

像金字塔技术实现了对番茄病虫害的多尺度特征检测，进而达成了对病虫害的快速分类与具体位置的精确识别。Karthik等[10]提出了2种不同的深层架构，首先利用残差学习提取分类特征，再结合注意力机制对3种番茄叶片病害进行识别，实现了较高的识别精度。周巧黎等[11]提出了一种改进的MobileNetV3模型，通过结合MixUp数据增强、Focal Loss损失函数和迁移学习技术，有效提升了模型对番茄叶片病害的识别精度和推理速度。贾兆红等[12]创新性地提出融合ResNet架构与双线性注意力机制的深度学习方法，通过整合多尺度特征提取和注意力机制，显著增强了网络对病害细粒度特征的表征能力，该方法在面对14类不同的番茄叶片病害时，展现出强大的检测能力，检测准确率高达86.89%。

上述研究虽然通过优化网络结构、引入注意力机制、改进损失函数等方法有效解决了传统番茄叶片病害检测中类别区分难、准确率低等问题，但是在复杂场景下对小目标病害检测精度不足、类别不平衡导致的训练偏差，以及卷积过程中归一化效率待优化等问题还有待解决。因此，本研究提出在YOLO11模型中引入混合池化注意力模块（hybrid pooling attention，HPA）、自适应阈值焦点损失函数（adaptive threshold focal loss，ATFL）和重参数批归一化（re-parameterized batch normalization，RepBN）。通过HPA模块集成多维度池化操作强化空间特征捕捉能力，运用ATFL动态校准损失权重以缓解类别不平衡对训练的干扰，借助RepBN优化卷积归一化机制提升模型训练的稳定性，以期实现番茄叶片病害检测精度与鲁棒性的同步提升。

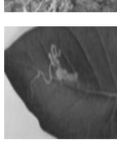
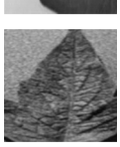
1 材料与方法

1.1 数据集

本改进算法所采用的试验数据集源自Kaggle平台的PlantVillage公开数据集，以及经由合法途径获取的私有数据集并自行标注所得。该数据集共计包含9类病虫害样本，涵盖健康（health）、花叶病（mosaic disease）、早疫病（early blight disease）、晚疫病（late blight disease）、斑枯病（septoria disease）、黄曲叶病（yellow leaf curl disease）、叶霉病（leaf mold disease）、潜叶蝇（leaf miner）、红蜘蛛（spider mites），样本总量为3 920张，具体类别信息如表1所示。其中，大部分图像采用单叶片独立成像格式（约占数据集的70%），清晰呈现单一叶片的完整病害特征或健康状态，小部分采用多叶片组合成像格式（约占数据集的30%），单张图像内集成多个叶片样本，可能分属不同病害类别，这种混合格式设计模拟了更贴近实际的复杂场景。采用LabelImg对这9类数据集进行标注，将标注信息存储为txt格式，针对每个叶片单独进行框选操作，标注出叶片上病害的位置与类别，从而使模型能够更有效地开展训练与特征学习。通过翻转、旋转、裁剪、缩放、平移等方式对数据集进行数据增强，提升模型的泛化能力，减少过拟合。最后将数据集按照8∶1∶1的比例划分为训练集、测试集和验证集，其中，训练集3 136张、测试集392张、验证集392

表1 番茄叶片病害数据集

Table1 Tomato leaf disease dataset

图像 Images	病虫害类别 Pest and disease categories	样本标注数量 Number of annotated samples
	健康 Healthy	729
	花叶病 Mosaic disease	1 546
	早疫病 Early blight disease	1 057
	晚疫病 Late blight disease	1 612
	斑枯病 Septoria disease	1 570
	黄曲叶病 Yellow leaf curl disease	1 556
	叶霉病 Leaf mold disease	1 276
	潜叶蝇 Leaf miner	1 233
	红蜘蛛 Spider mites	1 252

张，为模型训练提供数据支撑。

1.2　实验环境配置

本研究所用的操作系统为 Windows11 64 位，GPU 为 NVDIA GeForce RTX4060，CPU 为 Intel（R）Core（TM）i7-14650HX，深度学习框架为 PyTorch，CUDA 版本为 11.8，PyTorch 版本为 2.0.1，Python 版本为 3.10.16。

在训练之前，需要对配置文件的参数进行更改，使其能够符合数据集的训练要求，训练参数设置如表 2 所示。

表 2　训练参数

Table 2　Training parameters

参数项 Parameter item	数值 Numerical value
图片尺寸 Image size	640×640
训练轮次 Training rounds	200
批量大小 Batch size	32
学习率 Learning rate	0.01
动量 Momentum	0.937
线程数 Number of threads	8

1.3　评估指标

为了能够客观评价模型对番茄叶片病害的检测效果，本研究采用精确率（precision，P）、召回率（recall，R）、平均精度（average precision，P_A）、平均精度均值（mean average precision，P_{mA}）、参数量（parameters）和浮点运算速度（floating-point operations per second，FLOPs）作为评估指标。

其中，精确率表示正确检测的正样本占所有预测正样本的比例，召回率表示正确检测的正样本占所有真实正样本的比例：

$$P=\frac{T_P}{T_P+F_P} \tag{1}$$

$$R=\frac{T_P}{T_P+F_N} \tag{2}$$

式（1）～（2）中，T_P 表示正确检测到的病害类别的数量，F_P 表示误检病害类别的数量，F_N 表示未检测到的病害类别的数量。在目标检测中，精确率高意味着误检少，召回率高则表示漏检少。P_{mA} 对多个类别 P_A 的平均值，P_A 是针对每个类别，根据其精确率和召回率曲线下的面积来计算：

$$P_A=\int_0^1 P(r)\,dr \tag{3}$$

$$P_{mA}=\frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}P_A \tag{4}$$

式（3）～（4）中，$P(r)$ 表示的是召回率为 r 时的精确率，P_A 是对 PR 曲线采样点求和得到的，n 表示的是番茄叶片病害样本的类别数量。另外，mAP@0.5 表示在 IoU 阈值为 0.5 时计算得到的平均精度均值，mAP@0.5：0.95 表示在 IoU 阈值从 0.5 到 0.95，以 0.05 为步长进行取值时，计算得到的一系列 P_{mA} 值。

1.4　YOLO11 模型

YOLO11 是 Ultralytics 公司在 2024 年 9 月发布的目标检测模型，延续了该系列标志性的“单阶段、全卷积、端到端”的设计思路，在检测速度、识别精度、多任务处理能力以及边缘设备部署性能等方面都有了显著提升。而且 YOLO11 采用了改进的主干和颈部架构，提升了特征提取能力，让模型在处理复杂任务时能更精准地检测目标[13]。如图 1 所示，YOLO11 模型结构由主干网络（Backbone）、颈部网络（Neck）、检测头（Head）3 部分组成[14]，主干网络负责从原始图像中提取特征信息；颈部网络使用自下向上与自上向下相结合的特征金字塔网络融合来自不同层级的多尺度信息；检测头则负责分类预测以及边界框位置预测[15]。与前几代相比，YOLO11 主要引入了对 C2f 优化的 C3k2 机制，使特征提取能力更加灵活；添加了包含注意力机制的结构 C2PSA 模块，增强特征表示的有效性，帮助模型聚焦在图像的关键部分，提高检测的准确性和效率[16]；在检测头中加入 2 个深度可分离卷积 DWConvs，减少了参数量和计算量，同时保持了检测精度[17]。针对复杂场景，YOLO11 增强了多尺度目标的检测能力，尤其在小目标和遮挡目标的识别上有明显进步，通过共享特征层减少计算冗余，提升了模型综合效率。

然而，将 YOLO11 应用于番茄叶片病害检测时，仍存在一些问题。特别是在光照变化剧烈的复杂田间环境下，训练过程不稳定；由于叶片密集遮挡，无法保留关键判别信息；对番茄叶片病害检测存在类别不平衡的情况，导致出现漏检或误判等问题。

1.5　YOLO11 改进模型

在番茄叶片病害检测数据集中，不同病害类别的样本数量差异明显，这种不平衡的样本分布会导致模型训练时偏向于样本数量多的类别，传统的损失函数在处理这种不平衡数据时，难以有效区分不同类别的样本，使得模型对样本数量少的病害类别检测精度较低，容易出现漏检或者误检的情况；番茄叶片上的一些病害，比如‘septoria’，其病斑通常较小，在图像中占据的像素数量少。同时，由于叶片的重叠、纹理的干扰以及拍摄角度等因素，部分病斑可能会被遮挡，常规的卷积操作难以捕捉到小目标的

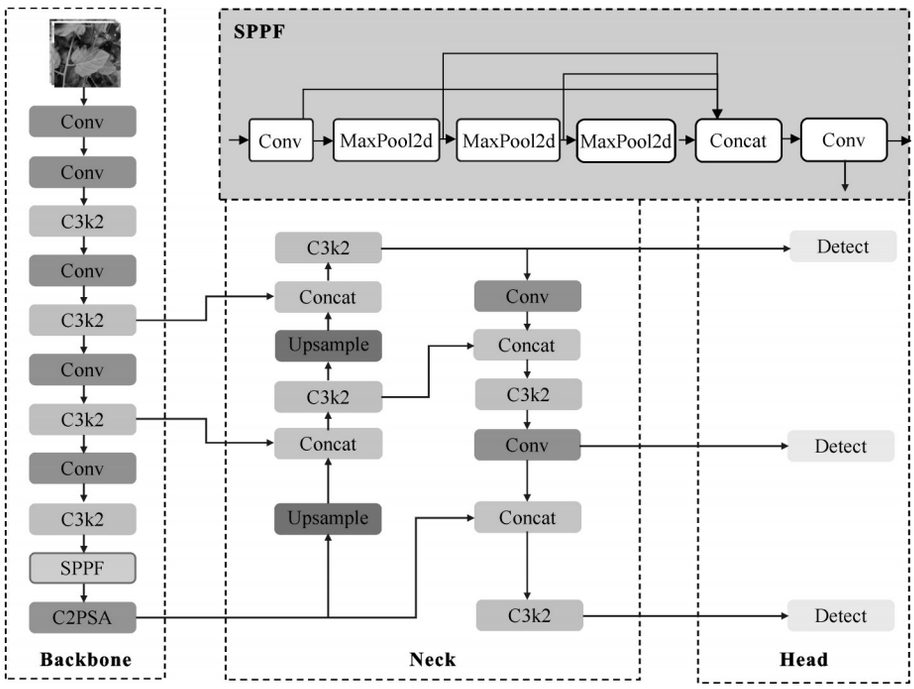


图1 YOLO11模型结构

Fig. 1 Structure of the YOLO11 model

细微特征，对于被遮挡部分的特征更容易忽略，从而导致模型对这些病害的检测精度不高，影响整体的检测效果；在YOLO11的卷积神经网络结构中，归一化操作对于模型的训练稳定性和性能至关重要。传统的归一化方法在处理复杂的番茄叶片图像数据时，存在一定的局限性。由于番茄叶片的纹理、颜色等特征较为复杂，难以准确地对特征进行归一化处理，进而导致模型训练过程中出现梯度不稳定等问题，影响模型的整体性能和检测精度。针对上述番茄叶片病害检测面临的核心挑战：类别不平衡导致模型偏好主导类别、小目标/遮挡病害特征提取困难以及复杂叶片纹理下归一化稳定性不足的问题，本研究提出了一种协同优化的改进算法，融合了自适应阈值焦点损失函数（ATFL）、混合池化注意力模块（HPA）和重参数化批归一化（RepBN），显著提升了模型在复杂田间场景下的鲁棒性和检测精度，如图2所示。ATFL根据每个样本的预测概率和真实标签之间的差异，自适应调整阈值，进而调整损失权重；HPA替换YOLO11中的C3k2模块中的普通卷积，在不同空间维度上分别进行平均池化和最大池化操作，然后利用分组和重加权的思想对输入特征图进行分组处理，通过跨空间学习的方式整合不同组的特征，自适应地重新校准通道间的关系，从而有效捕捉和学习复杂的低级特征表示，增强对小目标和被遮挡目标的检测能力；RepBN替换YOLO11中主干和颈部部分Conv模块中的归一化，通过引入可学习参数，对传统的归一化方法进行改进，根据数据的特点动态调整归一化方法，以适应复杂的番茄图像数据。ATFL、HPA与RepBN并非孤立运作，而是形成了针对番茄叶片病害检测痛点的协同优化闭环：ATFL确保模型关注所有类别（尤其是稀少类），HPA精准提取复杂场景下的关键特征（特别是小/遮挡目标），RepBN则为前两者的有效训练提供稳定的特征分布基础。

1）自适应阈值焦点损失函数（ATFL）。在利用YOLO11基础模型对番茄叶片病虫害数据集进行检测时，受限于传统损失函数的固有缺陷与数据集自身特性，模型在类别不平衡处理、特征混淆区分及难分类别学习等方面存在显著不足，导致对健康类、黄曲叶病、叶霉病、潜叶蝇等病害的检测性能薄弱。

自适应阈值焦点损失函数（ATFL）[18]是一种针对目标检测中类别不平衡与难分样本忽视问题设计的动态权重损失函数。其核心目标是通过预测概率动态调整样本损失权重，实现“易分样本权重抑制、难分样本权重增强”，从而提升模型对少数类和低显著性特征的检测能力。ATFL基于焦点损失（focal loss）的“难例聚焦”思想，针对传统焦点损失函数固定阈值无法适应复杂数据集的问题，引入动态阈值

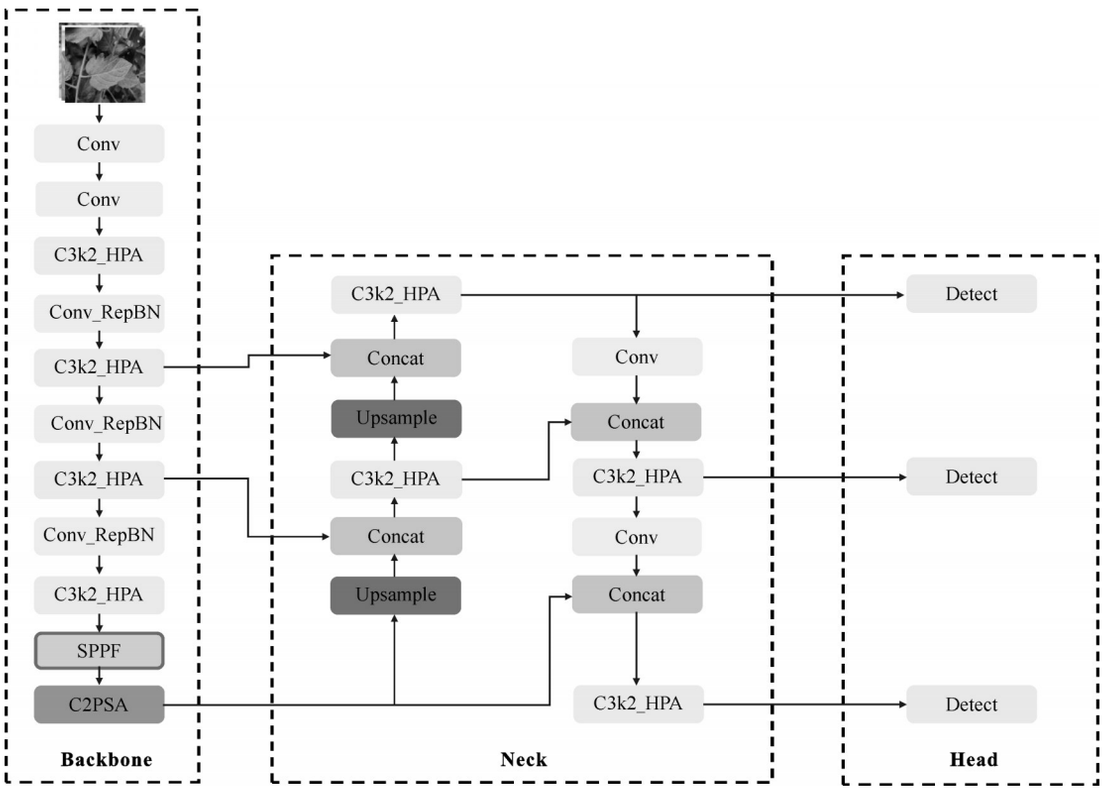


图 2　YOLO11 改进模型结构

Fig. 2　YOLO11 improved model structure

调整机制，使损失权重随样本预测难度自适应变化。主要有自适应性、焦点机制、阈值分治等特性，ATFL 会先计算基础损失，设输入样本预测值为 x，真实标签为 $y\in\{0,1\}$，基础损失函数为二元交叉熵（BCE）：

$$L_{\text{base}}=-\frac{1}{N}\sum_{i=1}^{N}[\,y_i\log\sigma(x_i)+(1-y_i)\log(1-\sigma(x_i))\,] \tag{5}$$

式（5）中，N 为批次样本总数，y_i 为第 i 个样本的真实标签。其中 $\sigma(x_i)=\dfrac{1}{1+\mathrm{e}^{-x_i}}$ 为 Sigmoid 函数，输出逐元素损失，便于后续加权。对于正类样本，预测概率直接反映模型对该类的置信度；对于负类样本则通过 $\sigma(x_i)$ 衡量正确预测为负类的概率，记为 p_{t}：

$$p_{\text{t}}=y\cdot\sigma(x)+(1-y)\cdot(1-\sigma(x)) \tag{6}$$

式（6）中，p_{t} 的值域为 $[0,1]$。当 $p_{\text{t}}\to1$ 时，样本易分类；当 $p_{\text{t}}\to0$ 时，则表明样本难分类。为避免单批次数据波动对损失权重的干扰，模块引入指数移动平均（exponential moving average，EMA）机制对全局预测难度进行平滑处理，首先计算当前批次所有样本的平均预测概率，通过加权更新公式实现历史趋势与当前分布的平衡，记为 $p_{\text{t}}^{\text{new}}$：

$$p_{\text{t}}^{\text{new}}=\lambda\cdot p_{\text{t}}^{\text{old}}+(1-\lambda)\cdot\bar{p}_{\text{t}} \tag{7}$$

式（7）中，$\bar{p}_{\text{t}}$ 为当前批次所有样本的平均预测概率，$p_{\text{t}}^{\text{old}}$ 为历史批次的平均预测概率均值，$\lambda=0.05$ 为平滑系数，该机制适用于健康类等少数样本，避免因单批次样本缺失导致的阈值剧烈波动。基于平滑后的阈值 $p_{\text{t}}^{\text{new}}$，动态计算聚焦参数 γ，能够控制难易样本权重衰减速度，其值随阈值自适应调整：

$$\gamma=-\log\left(p_{\text{t}}^{\text{new}}\right) \tag{8}$$

当模型整体分类困难（$p_{\text{t}}^{\text{new}}\to0$）时，$\gamma$ 增大，强化对难样本的关注；当分类较易（$p_{\text{t}}^{\text{new}}\to1$）时，$\gamma$ 减小，避免过度抑制易样本。针对样本分类难度的差异，模块采用分治策略设计差异化的权重调制公式。对于预测概率大于 0.5 的易分样本通过 M_{Fhigh} 降低损失权重：

$$M_{\text{Fhigh}}=\left(1.000001-p_{\text{t}}\right)^{\gamma} \tag{9}$$

式（9）中，1.000001 为微小偏移量，避免 $p_{\text{t}}=1$ 时出现零值。幂次衰减降低其损失权重，防止模型过度优化易样本。对于预测概率≤0.5 的难分样本，则通过 M_{Flow} 放大损失权重：

$$M_{\text{Flow}}=\left(1.5-p_{\text{t}}\right)^{-\log\left(p_{\text{t}}+\epsilon\right)} \tag{10}$$

式（10）中，引入数值稳定性项 $\epsilon=1e^{-8}$，在 $p_{\text{t}}\to0$

时该项可显著放大损失权重，促使模型重点关注难分样本。2类权重经条件判断完成合并后，再与基础损失逐元素相乘，从而实现对不同难度样本的差异化加权：

$$M_{\mathrm{F}}=M_{\mathrm{Fhigh}}+M_{\mathrm{Flow}} \tag{11}$$

$$L_{\mathrm{ATFL}}=L_{\mathrm{base}}\cdot M_{\mathrm{F}} \tag{12}$$

ATFL的核心创新在于数据驱动的动态阈值机制与分治权重策略，前者通过EMA平滑解决了健康类等少数样本的预测波动问题，后者通过对数变换与指数函数的结合，有效区分易分样本与难分样本的梯度贡献。EFLNet采用固定步长的阈值更新，而ATFL通过EMA机制（$\lambda=0.05$）融合历史50～80个批次的预测概率均值，有效解决了农业数据中少数类样本（如健康叶片）的单批次波动问题。在番茄数据集训练中，该策略使健康类样本的预测概率波动幅度从EFLNet的±0.32降至±0.08，模型收敛时的损失波动标准差从0.21降低至0.09，验证了EMA对训练稳定性的显著提升。相较于EFLNet，ATFL在小众病害类P_{A}提升了6.5%，收敛速度减少了20%，小目标病害召回率提升了16.4%，特征混淆类误检率较少了40.6%。在番茄叶片病害数据集中，该机制显著提升了健康类、黄叶卷曲病毒病、叶霉病和潜叶蝇的检测精度，为解决反向类别不平衡与特征混淆难题提供了系统性方案。

2）混合池化注意力模块（HPA）。针对番茄叶片病虫害检测任务，鉴于传统卷积神经网络在复杂病虫害特征提取中存在局限性，因此在YOLO11基础模型中引入混合池化注意力模块（HPA）[19]，HPA通过在C3k2结构中替换传统卷积层，有效增强了模型对多尺度病害特征的语义融合能力，有效提升了对健康叶片、黄曲叶病、斑枯病和潜叶蝇为害的检测效率。

混合池化注意力模块（HPA）是一种融合多尺度池化与跨空间注意力机制的特征增强模块，如图3所示。其核心思想是通过分组池化融合与跨空间注意力校准，整合平均池化的全局统计信息与最大池化的局部极值特征，实现对多尺度、低对比度目标的增强表示。首先输入特征图$X\in R^{B\times C\times H\times W}$，其中$B$表示批量大小，$C$为通道数，$H$和$W$分别代表特征图的高度和宽度。为实现语义特征的解耦，使其能够针对特定病害属性进行独立学习，沿通道维度将其划分为G个子组：

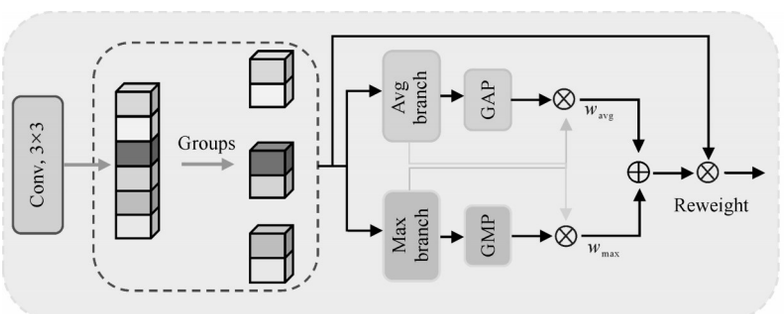


图3 混合池化注意力模块结构

Fig. 3 Structure of the hybrid pooling attention module

$$X_{\mathrm{group}}=\mathrm{Reshape}\left(X,\left[B\times G,\frac{C}{G},H,W\right]\right) \tag{13}$$

通过该分组操作将原始特征解耦为G个低维子空间（默认$G=16$），有效减少特征冗余并增强模型对细微差异的敏感性。为全面捕捉空间特征信息，设计双路径池化策略，分别提取全局统计特征和局部显著特征。平均池化路径用于捕捉全局统计特征，通过沿高度和宽度维度进行自适应平均池化操作，得到垂直和水平方向的全局特征表示：

$$F_{\mathrm{avg}}^{\mathrm{h}}=\mathrm{AdaptiveAvgPool_h}\left(X_{\mathrm{group}}\right),$$

$$F_{\mathrm{avg}}^{\mathrm{w}}=\mathrm{AdaptiveAvgPool_w}\left(X_{\mathrm{group}}\right) \tag{14}$$

最大池化路径则强化局部显著特征，通过沿相同维度的自适应最大池化操作，突出特征中的局部关键信息：

$$F_{\mathrm{max}}^{\mathrm{h}}=\mathrm{AdaptiveMaxPool_h}\left(X_{\mathrm{group}}\right),$$

$$F_{\mathrm{max}}^{\mathrm{w}}=\mathrm{AdaptiveMaxPool_w}\left(X_{\mathrm{group}}\right) \tag{15}$$

式（15）中，h和w分别表示沿高度和宽度维度的池化操作，$\mathrm{AdaptiveAvgPool_h}$和$\mathrm{AdaptiveMaxpool_h}$表示沿高度方向的自适应池化操作，分别生成尺寸为$(H,1)$的特征图；$\mathrm{AdaptiveAvgPool_w}$和$\mathrm{AdaptiveMaxPool_w}$表示沿宽度方向生成尺寸为$(1,W)$的特征图。通过这2种不同的池化方式，为后续的注意力融合提供多维度的特征信息。为整合双路径池化得到的特征，生成空间注意力权重矩阵，首先将4条路径的特征进

行拼接，然后通过1×1卷积操作进行特征融合与降维，最后经 Sigmoid 函数归一化得到空间注意力权重：

$$A_{\text{spatial}}=\sigma\left(\text{Conv}_{1\times1}\left(\text{Concat}\left(\left[F_{\text{avg}}^{\text{h}},F_{\text{avg}}^{\text{w}},F_{\text{max}}^{\text{h}},F_{\text{max}}^{\text{w}}\right]\right)\right)\right) \tag{16}$$

通过这种方式，有效整合了全局与局部特征信息，生成具有空间选择性的注意力权重矩阵。在得到空间注意力权重矩阵后，将其与分组特征进行元素级乘积操作，实现对分组特征的自适应增强：

$$Y=X_{\text{group}}\otimes A_{\text{spatial}} \tag{17}$$

式(17)中，⊗表示元素级乘积。通过该操作，根据空间注意力权重对分组特征中不同空间位置的特征进行动态调整，增强关键区域的特征响应，抑制无关区域的干扰。最后，为了恢复特征图的原始维度，以适配后续的网络结构，对处理后的特征进行通道重组：

$$Y_{\text{out}}=\text{Reshape}\left(Y,\left[B,C,H,W\right]\right) \tag{18}$$

HPA 通过分组-池化-融合-校准的4层架构，精准适配番茄叶片病害数据集中的复杂特征，有效解决了 YOLOv11 在小目标检测与遮挡场景下的特征提取难题，提升了对健康叶片、黄曲叶病、斑枯病和潜叶蝇的检测效率，为低对比度分类、小目标检测、形态多变性和鲁棒性等难题提供了系统性解决方案。

3)重参数批归一化(RepBN)。YOLO11基础模型采用传统BN层对卷积特征进行归一化，其固定的均值和方差统计量在处理特征差异细微的类别时，容易过度平滑原始输入的关键信息，而且传统BN层的性能依赖大规模批量统计量，在处理类别不平衡数据或小批量训练时，统计量波动易导致模型训练不稳定，加剧对少数类别或复杂特征类别的检测偏差，导致模型对健康叶片、花叶病、晚疫病、叶霉病、潜叶蝇为害的检测精度不高。因此引入了重参数批归一化(RepBN)[20]。本研究将其嵌入 YOLO11 的 Conv 模块，替换主干网络中的 Conv 归一化层，通过 Conv_RepBN 类实现卷积-归一化-激活的端到端优化。

RepBN的核心思想是通过可学习参数动态调整BN[21]与输入特征的融合比例，分为训练和推理2个阶段，如图4所示。RepBN继承传统BN的核心功能，对输入特征图计算批量均值μ_{B}和方差σ_{B}^2，并进行归一化与尺度变换：

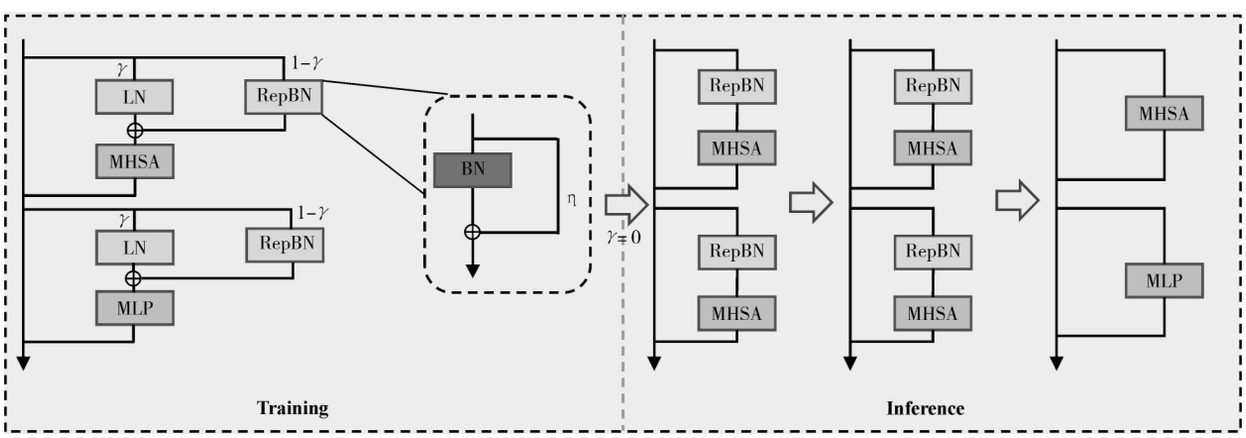


图4　重参数批归一化模块

Fig. 4　Batch normalization of multiple parameters

$$\text{BN}(X)=\gamma\cdot\frac{X-\mu_{\text{B}}}{\sqrt{\sigma_{\text{B}}^2+\epsilon}}+\beta \tag{19}$$

式(19)中，γ和β为可学习的缩放与偏移参数，ϵ为防止除零的极小值。RepBN引入标量参数α，训练开始时固定初始化为1，目的是平衡BN归一化作用与原始特征保留能力。针对番茄病害数据集中对比度低的样本，$\alpha=1$的初始设定能确保边缘纹理等原始特征不被过度平滑。将BN输出与原始输入特征按权重融合，得到RepBN核心公式：

$$\text{RepBN}(X)=\text{BN}(X)+\alpha\cdot X \tag{20}$$

α并非固定值，其取值范围为$(-\infty,+\infty)$，可通过端到端训练动态调整：训练初期(0～50 epoch)快速降至0.6～0.8，增强BN稳定特征分布的能力；训练中期(50～150 epoch)在0.4～0.6区间波动，适配各类病害的特征差异；训练后期(150～200 epoch)收敛至0.2～0.3，强化潜叶蝇虫道等小目标病害的细节捕捉。当$\alpha=0$时，模块退化为标准BN，当α增大时，原始输入特征的贡献增强，有效保留未归一化的特

征信息，避免梯度消失。将RepBN模块与卷积层、激活函数集成，形成完整的卷积块，正向传播流程为：

$$X'=\mathrm{Activation}\left(\mathrm{RepBN}\left(\mathrm{Conv}(X)\right)\right) \tag{21}$$

其中，卷积层采用无偏置设计（bias=False），激活函数默认使用SiLU[22]，确保非线性变换的平滑性。在推理阶段，BN的均值μ和方差σ^2可视为固定的全局统计量。此时，RepBN的参数可与前序卷积层进行融合，形成等效的带偏置卷积层，消除归一化计算开销。设卷积层权重为$W\in R^{C_{\mathrm{out}}\times C_{\mathrm{in}}\times k\times k}$，RepBN的参数为$\gamma$、$\beta$、$\alpha$，以及推理阶段的统计量$\mu$、$\sigma^2$，则融合后的等效卷积权重$W'$和偏置$b'$可计算为：

$$W'=W\cdot\left(\alpha+\frac{\gamma}{\sqrt{\sigma^2+\epsilon}}\right),\quad b'=\beta-\frac{\gamma\mu}{\sqrt{\sigma^2+\epsilon}} \tag{22}$$

融合后，推理流程可简化为：

$$X'=\mathrm{Activation}\left(\mathrm{Conv}'(X)+b'\right) \tag{23}$$

其中，Conv′为融合后的卷积层。通过这一操作，推理时无需执行BN的均值、方差计算和归一化步骤，直接通过一次卷积运算完成特征变换，大幅提升计算效率。

RepBN模块通过动态融合、重参数化等创新，在模型训练上展现出显著优势，极大改善了对健康叶片、花叶病、晚疫病、叶霉病、潜叶蝇的检测精度，提升了模型的特征表达能力与训练稳定性。

2 结果与分析

2.1 消融实验

为了验证各个模块以及最终组合的有效性，设置了多组消融实验。以YOLO11作为消融实验的基准，增加单个或者组合多个改进模块融合到YOLO11中，保持每组实验环境和模型超参数相同，比较添加不同改进模块对模型的影响，实验结果如表3所示。

表3 模型消融实验结果

Table 3 Results of model ablation experiments

模型 Model	精确率/% Precision	召回率/% Recall	mAP@0.5/%	mAP@0.5:0.95/%	参数量/10^6 Parameters	浮点运算速度/(10^9 s^{-1}) FLOPs
YOLO11	82.6	75.2	85.6	77.6	2.5	6.3
YOLO11+HPA	82.9	79.1	87.5	77.9	2.9	7.7
YOLO11+RepBN	86.0	79.0	86.9	78.1	2.6	6.5
YOLO11+ATFL	84.9	79.4	87.6	78.2	2.6	6.6
YOLO11+HPA+RepBN	85.2	78.9	87.6	78.5	2.9	7.7
YOLO11+HPA+RepBN+ATFL	88.4	79.5	87.9	78.8	2.9	7.7

由表3可知，与原始模型相比，引入混合池化注意力模块（HPA）替换传统卷积层后，模型的精确率提升0.3百分点、mAP@0.5:0.95提升0.3百分点，提升效果不显著；但召回率提升3.9百分点、mAP@0.5提升1.9百分点，提升效果显著，表明HPA模块对小目标、遮挡目标的特征提取能力增强，有效降低了漏检率。引入重参数批归一化（RepBN）替换Conv结构中的归一化后，模型的mAP@0.5:0.95提升0.5百分点，提升效果不显著；但精确率、召回率、mAP@0.5分别提升3.4、3.8、1.3百分点，提升效果显著，体现了RepBN对模型特征表达能力和训练稳定性的优化作用。引入自适应阈值焦点损失函数（ATFL）替换传统交叉熵损失后，模型的mAP@0.5:0.95提升0.6百分点，提升效果不显著；但精确率、召回率mAP@0.5分别提升2.3、4.2、2.0百分点，均有显著提升，有效缓解了类别不平衡带来的训练偏差。融合HPA和RepBN双模块后，模型的mAP@0.5:0.95提升0.9百分点，提升效果不显著；但精确率、召回率、mAP@0.5分别提升2.6、3.7、2.0百分点，提升效果显著，该结果表明HPA的特征提取增强与RepBN的训练稳定性优化存在协同效应，相较于单一模块，双模块组合进一步提升了模型对复杂场景的适应性，为后续融合ATFL模块奠定了性能基础。与YOLO11基础模型相比，改进模型的精确率、召回率、mAP@0.5、mAP@0.5:0.95分别提升5.8、4.3、2.3、1.2百分点，参数量增长16%，FLOPs增长22.2%。参数量与计算量增幅可控，模型复杂度得到良好控制，体现了改进模块在开销层面的合理性；适度的参数量和计算量增长换取了显著性能提升，验证了改进模块的有效性与可行性。

2.2　与其他模型检测效果对比

为了进一步验证改进模型的有效性，在实验配置环境和数据集不变的情况下，将该改进模型与应用广泛且具有代表性的主流目标检测算法进行对比，包括 Faster-RCNN、YOLOv5、YOLOv6、YOLOv8、YOLOv10。选择精确率、召回率、mAP@0.5、mAP@0.5：0.95、参数量和 FLOPs 作为评估指标。

由表4可知，针对番茄叶片病虫害检测，改进模型在检测精度和综合性能上显著优于其他对比模型，改进模型的精确率达到88.4%，虽然相较于YOLOv6有所降低，但显著高于其他模型。改进模型召回率为79.5%，是所有对比模型中最高的。高召回率意味着模型能检测出更多真实目标，尤其在密集目标或小目标场景下漏检率更低，验证了其对复杂布局中目标的捕捉能力。改进模型的mAP@0.5以87.9%领先所有对比模型，较YOLOv8提升3.1百分点，较YOLOv6提升4.6百分点。改进模型的mAP@0.5:0.95为78.8%，超越YOLOv6、YOLOv8等模型，说明在更严格的检测标准下，改进模型仍能保持较高的检测精度，对复杂场景中目标的尺度变化和重叠情况具有更强的鲁棒性。相较于其他模型，改进模型在增加有限计算量的情况下，实现了模型性能的有效增强，验证了改进模块在计算开销与性能收益间的平衡，改进后的模型在精度提升的同时，计算量未过度膨胀，具备实际应用中高效计算的潜力。以上结果表明，改进模型在检测精度和综合性能上全面优于YOLOv5、YOLOv6、YOLOv8、YOLOv10等主流算法，验证了其在实际应用场景中的有效性。

表4　不同检测模型对比实验

Table 4　Comparative experiments of different detection models

模型 Model	精确率/% Precision	召回率/% Recall	mAP@0.5/%	mAP@0.5:0.95/%	参数量/10^6 Parameters	浮点运算速度/($10^9 s^{-1}$) FLOPs
Faster-RCNN	62.6	78.6	79.2	64.3	137	370
YOLOv5	85.7	77.2	84.2	76.9	2.7	7.1
YOLOv6	88.7	73.2	83.3	77.9	4.2	11.8
YOLOv8	85.9	72.9	84.8	75.4	3.1	8.1
YOLOv10	81.1	78.4	83.7	75.1	2.6	8.2
YOLO11	82.6	75.2	85.6	77.6	2.5	6.3
改进模型 Improved model	88.4	79.5	87.9	78.8	2.9	7.7

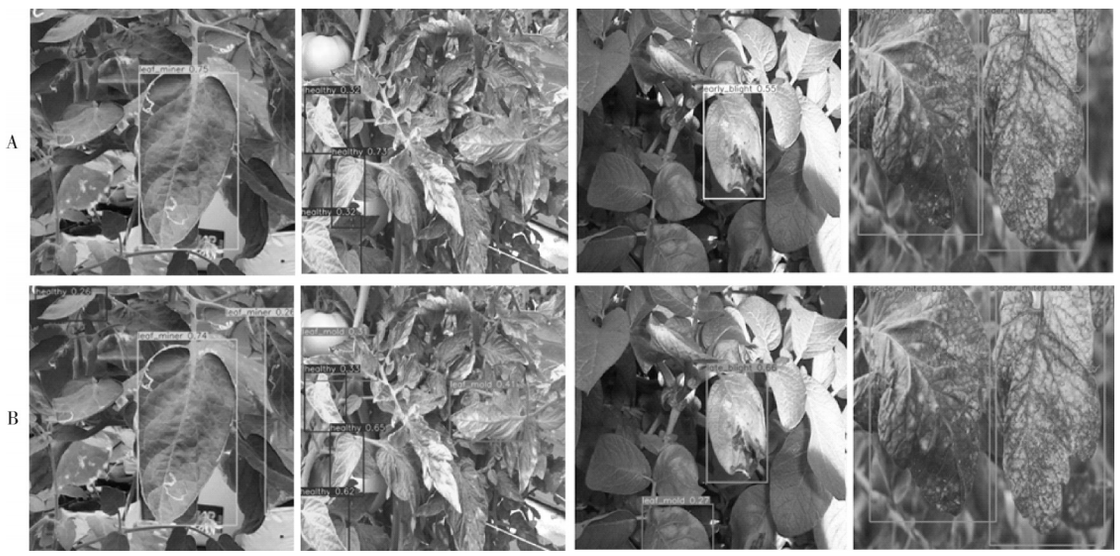
2.3　可视化分析

为了能够更直观地比较YOLO11改进模型和基础模型的检测效果，选择同样的数据集对2种算法进行测试，并选择具有针对性问题的图片进行可视化分析，YOLO11改进模型和基础模型可视化结果如图5所示。

通过对比检测效果，相较于YOLO11基础模型，改进模型在复杂背景的番茄叶片中显著减少了漏检和误检情况，有效提升了小目标检测与遮挡场景下的特征提取能力，增加了模型的特征表达能力和稳定性，显著提升了小目标检测的精度。YOLO11基础模型因小目标特征占比低、易受叶片纹理干扰，对斑枯病、潜叶蝇等小目标病虫害漏检率较高；而改进模型通过HPA模块强化小目标空间特征提取、ATFL模块提升小目标样本损失权重，使小目标病害的正确识别率显著提高，直接推动召回率与mAP@0.5上升，且改进模型的mAP@0.5:0.95较基础模型提升1.2百分点，说明在不同IoU阈值下，小目标病害的检测稳定性均优于基础模型。YOLO11基础模型面对叶片重叠样本时，易因遮挡导致关键病斑特征丢失，出现误判；改进模型通过HPA模块的分组特征重校准技术，有效区分遮挡区域的病害特征与非病害特征，减少遮挡干扰导致的误检，同时ATFL模块对遮挡这类“难分样本”的损失权重进行动态调整，避免模型忽视遮挡场景样本，最终使遮挡场景下的病害漏检率降低，召回率显著提升，验证了改进模型在复杂遮挡场景下的鲁棒性。综上所述，该改进模型不仅有效提高了复杂背景下番茄叶片病害的检测精度，而且还显著降低了漏检和误检情况，具备实际应用价值。

3　讨　论

针对番茄叶片病害检测中存在的类别分布不



A:基础模型Basic model; B:改进模型Improved model.

图5 番茄叶片病害检测效果对比

Fig. 5 Comparison of detection effects of tomato leaf diseases

均、小目标特征提取困难及复杂环境检测精度不足等问题,本研究提出了一种基于改进YOLO11的目标检测算法,通过引入自适应阈值焦点损失函数(ATFL)、混合池化注意力模块(HPA)和重参数批归一化(RepBN),显著提升了模型对番茄叶片病害的检测性能。

对9类番茄叶片病虫害图像的识别结果发现,改进模型的核心评估指标较YOLO11基础模型均有显著提升:精确率从82.6%提升至88.4%、召回率从75.2%提升至79.5%、mAP@0.5从85.6%提升至87.9%、mAP@0.5:0.95从77.6%提升至78.8%。相较于Faster-RCNN、YOLOv5、YOLOv6等主流目标检测模型,改进模型在召回率与mAP@0.5上均处于领先水平,且在小目标场景与复杂遮挡场景中表现出更优的鲁棒性。改进模型的参数量(2.9×10^6)与FLOPs($7.7\times10^9\ s^{-1}$)相较于基础模型增幅可控,在保证检测精度的同时,未过度增加部署成本。

本研究通过多模块协同优化,为番茄叶片病害的检测提供高效解决方案,为农业病害检测技术的发展提供了新的思路和参考。然而,结合实际田间应用场景与技术发展需求,本研究仍存在以下局限与可改进空间:其一,模型对极端田间环境的鲁棒性不足,在强光直射、弱光逆光、叶片附着粉尘或水渍等复杂条件下,病害特征易被环境噪声干扰,导致检测精度会出现明显波动;其二,数据集中罕见病害样本占比相对较低,模型对这类低频次病害的特征学习不够充分,泛化能力有待进一步验证;其三,现有模型虽控制了参数量增长,但在移动端、边缘计算设备的实时推理速度与功耗适配性上仍有优化空间,难以完全满足田间快速巡检的实际需求;其四,模型未充分考虑田间动态干扰因素的影响,实际部署时的环境适应性需进一步强化。未来工作将聚焦于以下几个方面:(1)模型精度与效率的协同优化,探索更先进的网络剪枝、知识蒸馏或量化感知训练技术,在保证(甚至提升)现有精度的前提下,显著降低模型参数量与计算复杂度;(2)轻量化模型架构的深度设计,研究专为移动端部署优化的高效骨干网络与注意力机制,并优化模型推理引擎;(3)增强模型在实际复杂场景中的鲁棒性、通过引入更丰富多样的田间背景数据,模拟不同光照、遮挡和病害发展阶段的数据增强策略,或探索半监督/自监督学习利用未标注数据,进一步提升模型在极端条件下的泛化能力与检测稳定性。这些方向的深入探索,将有力推动该技术在番茄叶片病害移动端智能诊断设备中的高效落地应用。

参考文献 References

[1] 吴六爱,许雪珂.基于改进YOLOv10n的轻量化番茄叶片病虫害检测方法[J].智慧农业(中英文),2025,7(1):146-155.
WU L A,XU X K.Lightweight tomato leaf disease and pest detection method based on improved YOLOv10n[J].Smart agriculture,2025,7(1):146-155 (in Chinese with English abstract).

[2] 姚佳成，葛浩然，张特．基于改进DeepLab V3＋模型的番茄叶片病害检测与识别研究[J]．农业技术与装备，2024(9)：6-9. YAO J C，GE H R，ZHANG T. Research on tomato leaf disease detection and recognition based on improved DeepLab V3＋ model[J]. Agricultural technology and equipment，2024(9)：6-9 (in Chinese with English abstract).

[3] 赵艳芹，王萌．改进YOLOv5模型的番茄叶部病害检测算法[J]．黑龙江科技大学学报，2023，33(1)：136-141. ZHAO Y Q，WANG M. Detection of tomato leaf diseases based on improved YOLOv5 model[J]. Journal of Heilongjiang University of Science and Technology，2023，33(1)：136-141 (in Chinese with English abstract).

[4] YANG Z C，SUN L X，LIU Z H，et al. FATDNet：a fusion adversarial network for tomato leaf disease segmentation under complex backgrounds[J/OL]. Computers and electronics in agriculture，2025，234：110270[2025-05-29]. https://doi.org/10.1016/j.compag.2025.110270.

[5] 王娜，陈勇，崔艳荣，等．基于改进轻量化YOLOv5n的番茄叶片病害识别方法[J]．江苏农业科学，2024，52(8)：192-199. WANG N，CHEN Y，CUI Y R，et al. Tomato leaf disease identification method based on improved lightweight YOLOv5n[J]. Jiangsu agricultural sciences，2024，52(8)：192-199 (in Chinese with English abstract).

[6] 储鑫，李祥，罗斌，等．基于改进YOLOv4算法的番茄叶部病害识别方法[J]．江苏农业学报，2023，39(5)：1199-1208. CHU X，LI X，LUO B，et al. Tomato leaf disease identification met-hod based on improved YOLOv4 algorithm[J]. Jiangsu journal of agricultural sciences，2023，39(5)：1199-1208 (in Chinese with English abstract).

[7] SARDOGAN M，TUNCER A，OZEN Y. Plant leaf disease detection and classification based on CNN with LVQ algorithm[C]//2018 3rd International Conference on Computer Science and Engineering (UBMK). September 20-23，2018，Sarajevo，Bosnia and Herzegovina. Sarajevo：IEEE，2018：382-385.

[8] 方晨晨，石繁槐．基于改进深度残差网络的番茄病害图像识别[J]．计算机应用，2020，40(S1)：203-208. FANG C C，SHI F H. Image recognition of tomato diseases based on improved depth residual network[J]. Journal of computer applications，2020，40(S1)：203-208 (in Chinese with English abstract).

[9] LIU J，WANG X W. Tomato diseases and pests detection based on improved YOLOv3 convolutional neural network[J/OL]. Frontiers in plant science，2020，11：898[2025-05-29]. https://doi.org/10.3389/fpls.2020.00898.

[10] KARTHIK R，HARIHARAN M，ANAND S，et al. Attention embedded residual CNN for disease detection in tomato leaves[J/OL]. Applied soft computing，2020，86：105933[2025-05-29]. https://doi.org/10.1016/j.asoc.2019.105933.

[11] 周巧黎，马丽，曹丽英，等．基于改进轻量级卷积神经网络MobileNetV3的番茄叶片病害识别[J]．智慧农业(中英文)，2022，4(1)：47-56. ZHOU Q L，MA L，CAO L Y，et al. Identification of tomato leaf diseases based on improved lightweight convolutional neural networks MobileNetV3[J]. Smart agriculture，2022，4(1)：47-56 (in Chinese with English abstract).

[12] 贾兆红，张袁源，王海涛，等．基于Res2Net和双线性注意力的番茄病害时期识别方法[J]．农业机械学报，2022，53(7)：259-266. JIA Z H，ZHANG Y Y，WANG H T，et al. Identification method of tomato disease period based on Res2Net and bilinear attention mechanism[J]. Transactions of the CSAM，2022，53(7)：259-266 (in Chinese with English abstract).

[13] 袁婷婷，赖惠成，汤静雯，等．LMFI-YOLO：复杂场景下的轻量化行人检测算法[J]．计算机工程与应用，2025，61(15)：111-123. YUAN T T，LAI H C，TANG J W，et al. LMFI-YOLO：lightweight pedestrian detection algorithm in complex scenes[J]. Computer engineering and applications，2025，61(15)：111-123 (in Chinese with English abstract).

[14] 林汉源，范子安．基于改进YOLO11的小麦籽粒病害识别方法[J]．乡村科技，2024，15(19)：147-152. LIN H Y，FAN Z A. Identification method of wheat grain diseases based on improved YOLO11[J]. Rural science and technology，2024，15(19)：147-152 (in Chinese).

[15] 朱永军，蔡光琪，韩进，等．基于改进YOLOv11的露天矿复杂背景下小目标检测[J]．工矿自动化，2025，51(4)：93-99. ZHU Y J，CAI G Q，HAN J，et al. Small object detection in complex open-pit mine backgrounds based on improved YOLOv11[J]. Journal of mine automation，2025，51(4)：93-99 (in Chinese with English abstract).

[16] CHENG S，HAN Y，WANG Z Q，et al. An underwater object recognition system based on improved YOLOv11[J/OL]. Electronics，2025，14(1)：201[2025-05-29]. https://doi.org/10.3390/electronics14010201.

[17] WANG Y，JIANG Y，XU H Q，et al. Detection method of key ship parts based on YOLOv11[J/OL]. Processes，2025，13(1)：201[2025-05-29]. https://doi.org/10.3390/pr13010201.

[18] YANG B，ZHANG X Y，ZHANG J. EFLNet：enhancing feature learning for infrared small target detection[J]. IEEE transactions on geoscience and remote sensing，2024，62：1-11.

[19] CHEN P，HE W X，QIAN F，et al. A synergistic CNN-transformer network with pooling attention fusion for hyperspectral image classification[J/OL]. Digital signal processing，2025，160：105070[2025-05-29]. https://doi.org/10.1016/j.dsp.2025.105070.

[20] GUO J L，CHEN X H，TANG Y H，et al. SLAB：Efficient transformers with simplified linear attention and progressive reparameterized batch normalization[PP/OL]. arXiv，2024：2405.11582[2025-05-29]. https://doi.org/10.48550/arXiv.2405.11582.

[21] IOFFE S，SZEGEDY C. Batch normalization：accelerating deep network training by reducing internal covariate shift[PP/OL]. arXiv，2015：1502.03167[2025-05-29]. https://doi.org/

10.48550/arXiv.1502.03167.
[22] HENDRYCKS D,GIMPEL K.Gaussian error linear units(gelus)[PP/OL]. arXiv, 2016: 1606.08415 [2025-05-29]. https://doi.org/10.48550/arXiv.1606.08415.

An improved YOLO11-based method of detecting tomato leaf diseases

QIN Haoxiang, ZHAO Xia, WANG Min, ZHOU Hui

College of Information Science and Technology, Gansu Agricultural University, Lanzhou 730070, China

Abstract An improved YOLO11 algorithm integrating multiple modules was proposed to solve the problems of uneven distribution of categories, difficulties in extracting features of small target, and insufficient accuracy in detecting tomato leaf diseases in complex environments. Firstly, the adaptive threshold focal loss (ATFL) was used to replace the loss of traditional cross-entropy. The process of training was optimized by implementing a dynamic weight allocation strategy to address the issue of imbalanced samples of diseases, enhance the ability of model to learn features for disease categories with low-frequency and improve the overall accuracy of detection. Secondly, the hybrid pooling attention module (HPA) was introduced to replace the ordinary convolution in the C3k2 module, and a parallel pooling branch was designed. The ability of extracting spatial feature of small target diseases was strengthened by combining with the group feature recalibration technique to enhance the ability of antiocclusion detection in complex environments. Finally, the normalization in the Conv structure was replaced with re-parameterized batch normalization (RepBN), and a learnable adjustment parameter was introduced to reconstruct the process of normalization to stabilize the feature distribution at the stage of training, accelerate the convergence of model, and enhance the performance of generalization. The results showed that the improved YOLO11 model had excellent performance on the dataset of tomato leaf diseases, with increases of 5.8, 4.3, 2.3, and 1.2 percentage points in the precision, recall, mAP@0.5, and mAP@0.5:0.95 evaluation metrics compared with that of the YOLO11 base model, respectively. It had good performance on detecting areas of small target diseases and scenarios of dense occlusion in particular. It is indicated that the improved YOLO11 algorithm effectively improves the performance of the model in detecting tomato leaf diseases, achieving a synchronous improvement in the accuracy and robustness of detecting tomato leaf diseases.

Keywords deep learning; YOLO11; detection of tomato leaf diseases; loss function; hybrid pooling attention module (HPA); re-parameterized batch normalization (RepBN)

(责任编辑:葛晓霞)