

基于改进SAS-YOLOv8的水稻病害检测

宋优林, 余 静*

重庆文理学院数学与人工智能学院, 重庆

收稿日期: 2026年7月6日; 录用日期: 2026年8月10日; 发布日期: 2026年8月18日

摘 要

水稻病害的快速准确检测对保障粮食安全和实现智慧农业具有重要意义。本文提出一种基于改进YOLOv8n的SAS-YOLOv8n模型。首先引入SE注意力增强关键病害特征的表达。其次使用轻量化自适应空间特征融合模块ASFFLite替代原有独立特征精炼层, 在提升多尺度融合能力的同时显著降低参数量。最终采用SPDConv (空间-深度卷积) 替代部分步长卷积, 以无损下采样方式保留小目标的细粒度空间信息。在水稻病害数据集上的实验结果与基线对比, 所提出的SAS-YOLOv8n模型的mAP@50, mAP@50:95和R分别提升1.9%, 1.1%和2%。实现了检测精度的有效提升, 在水稻病害的田间实时检测中具有良好的可靠性。

关键词

水稻病害检测, SAS-YOLOv8n, SE注意力, ASFFLite, SPDConv

Rice Disease Detection Based on Improved SAS-YOLOv8

Youlin Song, Jing Yu*

School of Mathematics and Artificial Intelligence, Chongqing University of Arts and Sciences, Chongqing

Received: July 6, 2026; accepted: August 10, 2026; published: August 18, 2026

Abstract

Rapid and accurate detection of rice diseases is of great significance for ensuring food security and realizing smart agriculture. This paper proposes an improved YOLOv8n-based model, termed SAS-YOLOv8n. First, SE attention is introduced to enhance the expression of critical disease features. Second, a lightweight adaptive spatial feature fusion module, ASFFLite, is adopted to replace the original independent feature refinement layer, which improves multi-scale fusion capability while significantly reducing the number of parameters. Finally, SPDConv (Spatial-Depth Convolution) is

*通讯作者。

文章引用: 宋优林, 余静. 基于改进 SAS-YOLOv8 的水稻病害检测[J]. 计算机科学与应用, 2026, 16(8): 114-125.
DOI: 10.12677/csa.2026.168267

employed to replace certain strided convolutions, preserving fine-grained spatial information of small targets through lossless downsampling. Experimental results on a rice disease dataset show that, compared with the baseline, the proposed SAS-YOLOv8n model improves mAP@50, mAP@50:95, and Recall by 1.9%, 1.1%, and 2%, respectively, achieving effective enhancement in detection accuracy and demonstrating good reliability.

Keywords

Rice Disease Detection, SAS-YOLOv8n, SE Attention, ASFFLite, SPDConv

Copyright © 2026 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 引言

水稻病害的快速准确检测对保障粮食安全具有重要意义[1]。深度学习目标检测算法因其端到端的高精度表现,已成为该领域的主流方法[2],其中 YOLOv8n 因其优异的实时性与精度平衡而广受关注[3]。然而,标准 YOLOv8n 在面对田间复杂场景时,仍存在以下三个核心问题:其一,骨干网络中的步长卷积在下采样时会丢弃约 75%的空间信息,导致早期微小病斑(如稻瘟病初级斑点)的特征在深层网络中被严重削弱甚至湮没;其二,颈部网络的 PANet 结构虽能实现双向特征融合,但直接拼接不同尺度的特征图可能引发语义冲突——高层特征擅长全局语义感知但缺乏细节,底层特征保留丰富纹理却对背景噪声敏感,两者的简单叠加使融合特征中有效信息与噪声并存;其三,颈部末端原有的独立 C2f 精炼层在三个尺度分支上各自独立运作,缺乏跨尺度的信息交互机制,同时这些精炼层及关联卷积合计引入了结构性冗余参数,不利于模型在边缘设备上的高效部署。

针对上述问题,学者们从不同角度展开了改进研究。在缓解小目标信息丢失方面,戴林华等采用 ADown 下采样模块替代传统步长卷积,并结合 SE 注意力与 WIoU 损失提升了检测精度[4]。丁鹏等和 Qu 等则将 SPD-Conv 空间-深度卷积引入骨干浅层,分别与 LSKA 和 RPSA 注意力协同部署,在浅层阶段最大程度保留了微小病斑的细粒度空间特征[5][6]。Zhang 等将 SPD-Conv 与 SimAM 注意力结合用于棉铃小目标检测,进一步证实了该模块在农业场景下的通用性[7]。在多尺度特征融合方面,刘珊珊将 CA 注意力与标准 ASFF 及 EIou 损失函数相结合,通过为每个空间位置学习融合权重来动态整合不同尺度的特征,有效缓解了直接拼接带来的语义冲突[8]。Lu 等则将可变形卷积与加权双向特征金字塔 BiFPN 结合,在提升多尺度特征交互质量的同时降低了计算开销[9]。在轻量化设计方面,郭丽峰等融合 iRMB、DCNv2 与 LSKA,通过多模块协同实现了参数量的显著压缩[10]。聂俊等引入 FasterNeXt 模块替代 C2f 结构,并设计 C3K 多尺度卷积以平衡特征提取能力与计算效率[11]。时庆涛等则采用 GhostNet 重构骨干网络,并结合知识蒸馏技术以教师模型指导学生模型训练,最终在 Jetson Nano 边缘设备上实现了实时推理[12]。

尽管上述工作从不同维度推动了水稻病害检测技术的发展,但现有改进大多侧重于其中某一类或两类问题的解决,尚未有研究将通道注意力、轻量级空间特征融合与无损下采样三者纳入统一的协同框架进行系统性优化。为此,本文提出一种 SAS-YOLOv8n 水稻病害检测模型,通过三项协同改进实现精度与效率的平衡:在颈部网络引入 SE 注意力机制,对融合后的多通道特征进行自适应的通道维度重标定,采用轻量级自适应空间特征融合模块 ASFFLite,完全替代颈部末端原有的独立 C2f 精炼层,以极低的参数代价在三个尺度之间建立动态加权融合链路。在骨干浅层部署 SPD-Conv 替代部分步长卷积,确保微

小病斑的细粒度信息能够完整传递至深层网络。

水稻病害的视觉表现具有鲜明的多尺度与细粒度特征。稻瘟病早期病斑仅数个像素, 依赖高分辨率空间细节。纹枯病等大面积病斑则需全局语义理解, 而病斑的颜色、纹理及病健交界等细微变化又要求模型具备精准的通道特征筛选能力。基于此, 本文选择 SE 注意力、ASFFLite 与 SPD-Conv 三项改进构建协同链路。SPD-Conv 在骨干浅层以无损下采样保留微小病斑的每一个像素, 解决“信息丢失”问题。SE 注意力在颈部各融合层后自适应增强病害关键通道、抑制背景噪声, 解决“感知什么特征”的问题。ASFFLite 在颈部末端为每个空间位置动态分配多尺度融合权重, 使大、小病斑各取所需, 解决“如何融合”的问题。三者形成“信息保留→通道筛选→空间融合”的前后衔接链路, 共同回应水稻病害检测中“小目标易丢失、多尺度难兼顾、特征冲突”的核心挑战。

2. YOLOv8n 的算法概述

YOLOv8 是 Ultralytics 团队于 2023 年发布的目标检测模型, 按照网络宽度与深度的不同, 提供 n、s、m、l、x 五个版本。本文选用的是轻量化的 YOLOv8n, 其中“n”代表 Nano, 即网络深度和宽度最小的版本, 专为计算资源受限的边缘设备设计, 拥有约 3.01 M 的参数量和 8.1 GFLOPs 的计算量。

YOLOv8n 的整体网络结构由输入端(Input)、骨干网络(Backbone)、颈部网络(Neck)和检测头(Head)四部分组成。骨干网络采用 C2f 模块替代前代 YOLOv5 中的 C3 模块。C2f 模块通过并行更多的梯度流分支和跨阶段局部连接, 在增强特征提取能力的同时有效控制了计算开销。骨干末端使用空间金字塔池化(SPPF), 通过多个不同尺寸池化核的级联操作, 实现多尺度感受野的高效聚合。颈部网络采用路径聚合结构(PANet), 通过自上而下和自下而上的双向特征融合路径, 将骨干网络输出的 P3 (80×80)、P4 (40×40)、P5 (20×20)三个尺度特征图进行深度交互与增强, 使高层语义信息与底层细节信息得以充分融合。检测头采用解耦结构(Decoupled Head), 将分类任务与回归任务分离为两个独立分支, 分别处理类别预测和边界框回归, 有效提升了检测精度和收敛速度。在正负样本匹配策略上, YOLOv8n 摒弃了传统的锚框(Anchor-Based)机制, 采用无锚框(Anchor-Free)设计, 并结合任务对齐分配器(Task-Aligned Assigner), 根据分类与回归的综合质量动态分配正负样本, 进一步简化了网络结构并提升了训练效率。

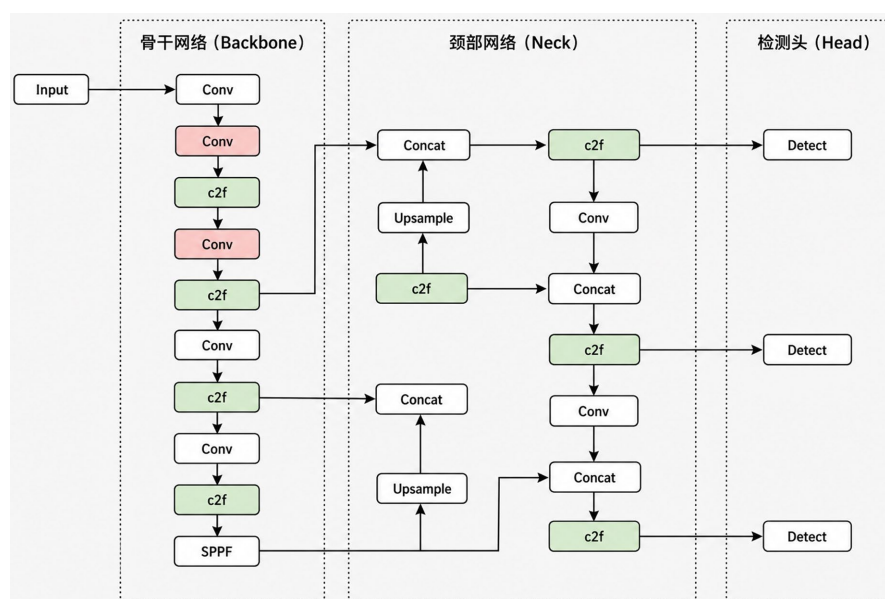


Figure 1. Structure of the YOLOv8 model

图 1. YOLOv8 模型结构图

YOLOv8n 在保持极低参数量和计算量的前提下, 兼顾了优异的检测精度与实时推理速度, 为后续的轻量化改进工作提供了坚实的基准模型。具体 YOLOv8 模型结构图如图 1 所示。

3. SAS-YOLOv8n 算法

针对 YOLOv8n 在水稻病害检测中微小病斑易丢失, 多尺度特征融合存在语义冲突等问题, 本文提出 SAS-YOLOv8n 模型。该模型在骨干网络浅层引入 SPDConv (Spatial-to-Deep Convolution) 替代部分步长为 2 的普通卷积, 以无损下采样方式保留小目标细粒度空间信息。在颈部网络嵌入 SE (Squeeze-and-Excitation) 注意力机制, 增强关键病害特征的通道响应。同时设计轻量级自适应空间特征融合模块 ASFFLite (Lightweight Adaptive Spatial Feature Fusion), 替代原有独立特征精炼层, 实现多尺度特征的动态加权融合。三项改进协同作用, 整体结构如图 2 所示。

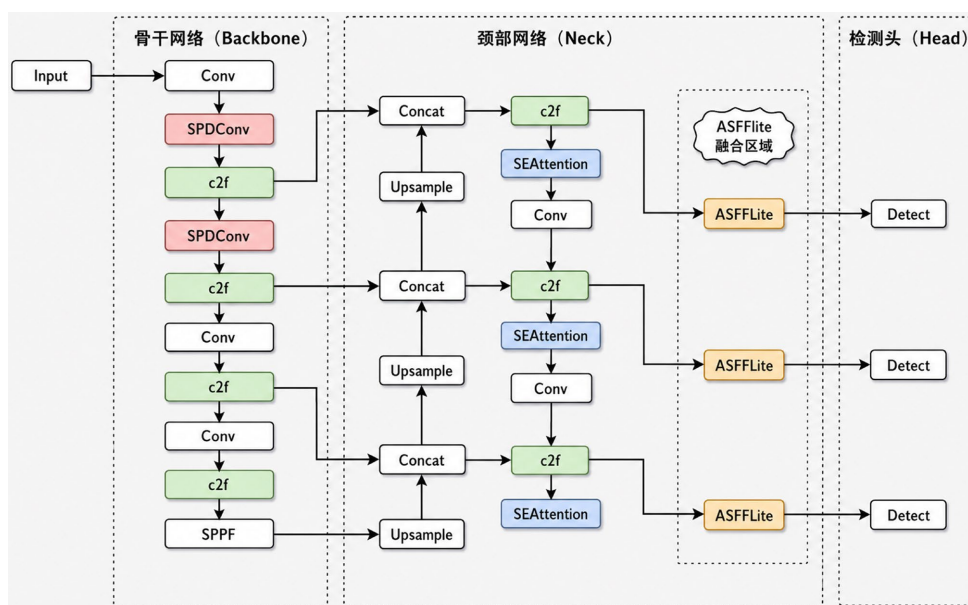


Figure 2. Structure of the SAS-YOLOv8 model

图 2. SAS-YOLOv8 模型结构图

3.1. SPDConv 空间深度卷积

标准 YOLOv8n 在骨干网络中使用步长为 2 的 3×3 卷积进行下采样操作。步长卷积在每次滑动时仅对部分像素位置进行采样计算, 会直接丢弃约 75% 的空间细节信息。对于尺寸较大的目标(如纹枯病斑), 这种信息损失对最终检测的影响较小, 但对于稻瘟病早期的微小病斑, 经过多次步长下采样后, 病斑特征极易在深层网络中被稀释甚至完全湮没。为缓解这一问题, SAS-YOLOv8n 采用空间-深度卷积(SPD-Conv)替代骨干网络浅层的两个步长卷积。

先是 Space-to-Depth 变换, 对于输入特征图 $X \in R^{H \times W \times C}$, 将其划分为互不重叠的 2×2 空间块, 每个块内的 4 个像素按通道维度依次堆叠, 生成中间特征图 $X' \in R^{H/2 \times W/2 \times 4C}$ 。该变换可形式化表示为:

$$X'_{i,j,k} = X_{i \cdot 2 + (k \bmod 2), j \cdot 2 + \lfloor k/2 \rfloor, \lfloor k/4 \rfloor}, \quad k = 0, 1, \dots, 4C - 1,$$

其中, i, j 为输出特征图的空间位置索引, k 为通道索引, $\bmod$ 表示取模运算, $\lfloor \cdot \rfloor$ 表示向下取整。此过程不引入任何可学习参数, 将空间信息完整折叠至通道维度, 所有像素值均被保留, 无一丢弃。

接着是 1×1 卷积通道变换, 中间特征图 X' 的通道数已增至原来的 4 倍, 为控制通道维度并实现特征

学习, 接一个步长为 1 的 1×1 卷积进行通道压缩与变换, 得到输出特征图 Y :

$$Y = \text{Conv}_{1 \times 1}(X'),$$

其中, $\text{Conv}_{1 \times 1}$ 表示卷积核尺寸为 1×1 、步长为 1 的卷积操作。在 SAS-YOLOv8n 中, SPD-Conv 被部署于骨干网络的前两个下采样阶段(P1→P2 和 P2→P3, 对应 YAML 配置第 1 层和第 3 层), 用于替换原有的步长为 2 的 3×3 卷积; 而在更深层的 P3→P4 和 P4→P5 阶段, 由于特征已高度抽象为语义信息, 仍保留原步长卷积以保证计算效率。如图 3 是 SPD-Conv 模块的结构示意图。

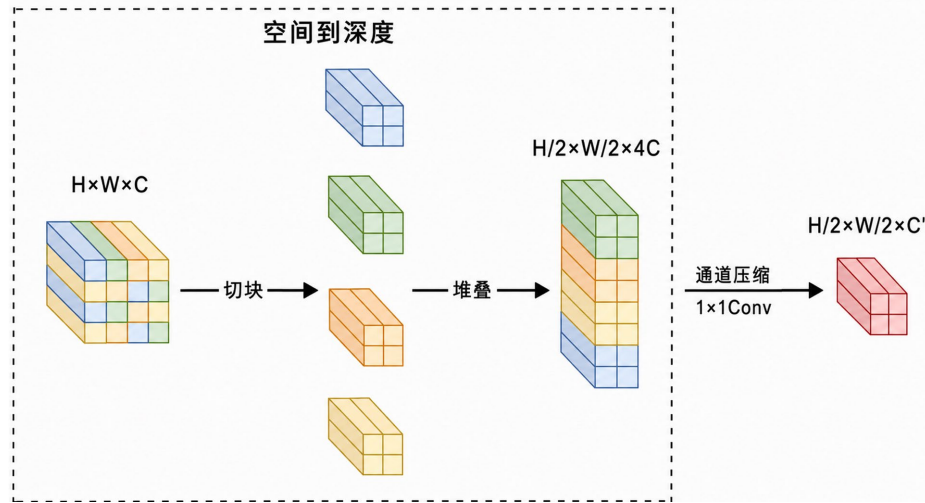


Figure 3. Schematic diagram of the SPD-Conv module structure

图 3. SPD-Conv 模块的结构示意图

3.2. SE 注意力机制

YOLOv8n 的颈部网络采用 PANet 结构进行双向特征融合。各 C2f 融合层输出的特征图包含大量通道, 其中部分通道对病害检测起关键作用(如响应病斑边缘、颜色异常的通道), 另一部分通道则主要编码叶片正常纹理或复杂农田背景。为增强关键特征的通道表达、抑制无关噪声, SAS-YOLOv8n 在颈部网络的四个 C2f 融合层之后各引入一个 SE 注意力模块。SE 注意力通过挤压(Squeeze), 激励(Excitation)和重标定(Scale)三步实现通道维度的自适应权重学习。

对输入特征图 $X \in R^{H \times W \times C}$ 的每个通道进行全局平均池化, 其中 H 、 W 分别为特征图的空间高度和宽度, C 为通道数, 将空间维度压缩, 生成通道描述符 $z \in R^{1 \times 1 \times C}$, 其第 c 个分量为:

$$z_c = \frac{1}{H \times W} \sum_{i=1}^H \sum_{j=1}^W X_c(i, j), \quad c = 1, 2, \dots, C,$$

该操作使每个通道获得了全局感受野的统计信息, 为后续的通道间依赖关系建模提供了基础。

通道描述符 z 经两个全连接层构成的瓶颈结构处理, 生成通道权重向量 $s \in R^{1 \times 1 \times C}$:

$$s = \sigma(W_2 \cdot \delta(W_1 \cdot z))$$

其中, δ 表示 ReLU 激活函数, σ 表示 Sigmoid 函数 W_1 和 W_2 分别为降维与升维全连接层的权重矩阵。第一个全连接层将通道数由 C 压缩至 C/r (r 为缩减率, 本文取 16), 经 ReLU 激活后, 第二个全连接层再将其扩展回 C , 最后经 Sigmoid 将各通道权重归一化至 $[0, 1]$ 区间。该瓶颈结构在限制参数数量的同时, 使网络能够学习通道间的非线性依赖关系。

将通道权重向量 s 与原始输入特征图 X 逐通道相乘, 得到增强后的特征图 $\tilde{X}$:

$$\tilde{X} = s \odot X,$$

权重趋近于 1 的通道响应被保留并增强, 权重趋近于 0 的通道响应被抑制。由于 SE 仅基于全局平均池化和两个全连接层进行通道权重学习, 每个模块的参数量仅约 500, 四个 SE 模块合计仅引入约 0.01 M 参数。如图 4 是 SE 注意力模块示意图。

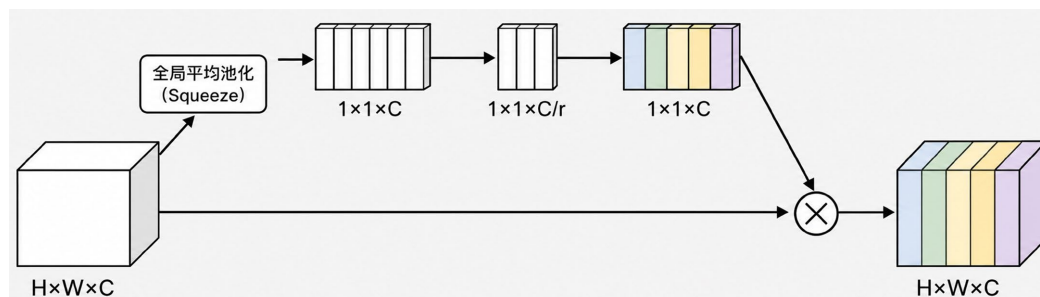


Figure 4. Schematic diagram of the SE attention module

图 4. SE 注意力模块示意图

在 SAS-YOLOv8n 中, SE 模块被部署于颈部网络的四个 C2f 融合层之后(详见整体结构图), 分别位于自上而下路径的 P4 和 P3 分支、以及自下而上路径的 P4 和 P5 分支。这一设计使每次特征融合之后, SE 都能立即对融合结果进行通道筛选, 确保后续的上采样/下采样传播的是经过优化后的特征图。

3.3. ASFFLite 轻量化自适应空间特征融合

多尺度特征融合是目标检测的关键环节。YOLOv8n 的颈部采用 PANet 结构进行特征交互, 但不同尺度的特征之间存在固有的语义不一致性, 深层特征语义信息丰富但空间分辨率低, 浅层特征空间定位精细但语义抽象程度不足, 直接拼接或逐元素相加会导致特征冲突。标准自适应空间特征融合(ASFF)通过为每个空间位置学习融合权重, 动态整合多尺度特征, 有效缓解了上述问题。然而, 标准 ASFF 依赖多个 3×3 卷积进行辅助特征变换与权重平滑, 三组模块的参数量合计约 0.5~1.0 M, 不利于轻量化部署。为此, 本文使用一种轻量化的 ASFF 变体——ASFFLite, 在保留自适应融合能力的同时将参数量压缩约 100 倍。

设三个输入特征图分别为 $F_3 \in R^{H \times W \times C_3}$ (P3 尺度)、 $F_4 \in R^{H/2 \times W/2 \times C_4}$ (P4 尺度)和 $F_5 \in R^{H/4 \times W/4 \times C_5}$ (P5 尺度)。ASFFLite 以三种输出模式并行工作, 分别以 P3、P4、P5 为融合主尺度, 对应 level = 0、1、2。以下以 P3 为主尺度(level = 0)为例说明其工作流程。

三个尺度的特征图统一到主尺度的空间分辨率 $H \times W$ 。P4 通过双线性插值上采样 2 倍, P5 通过双线性插值上采样 4 倍, P3 自身尺寸不变。此阶段仅调整空间尺寸, 不引入任何可学习参数, 也不改变各特征图的通道数。

对齐后的三个特征图沿通道维度堆叠, 得到组合特征 $F_{\text{stack}} \in R^{H \times W \times (C_3 + C_4 + C_5)}$ 。权重生成采用极简的点操作路径, 首先通过自适应平均池化将堆叠特征的空间信息压缩为 1×1 的全局描述子, 使每个通道获得全局感受野的统计信息。随后通过一个 1×1 卷积将通道数投影为 3, 经 Softmax 沿通道维归一化后, 得到三个尺度的空间融合权重 $w_1, w_2, w_3 \in (0, 1)$, 满足 $w_1 + w_2 + w_3 = 1$ 。 1×1 卷积的参数量仅约为 $(C_3 + C_4 + C_5) \times 3$, 约 600 个参数。该纯点操作路径使每个空间位置的权重只取决于该位置自身的特征响应, 避免了 3×3 卷积引入的邻域平滑, 让融合权重对微小病斑的边缘响应更加精准。

融合特征 Y 由三个对齐后的特征图与对应权重加权求和得到:

$$Y = w_1 \cdot F_3 + w_2 \cdot F_4^\uparrow + w_3 \cdot F_5^\uparrow,$$

其中, $F_4^\uparrow$ 和 $F_5^\uparrow$ 分别表示经双线性插值上采样后的 P4 和 P5 特征图。该加权融合在每个空间位置上独立进行, 使模型能够在不同区域自适应地选择最合适的尺度组合。例如, 在检测稻瘟病微小病斑时, P3 的高分辨率特征被赋予更高的权重, 而在处理纹枯病大面积病斑时, P4 和 P5 的全局语义信息则占据主导。如图 5 是 ASFFLite 模块的结构示意图。

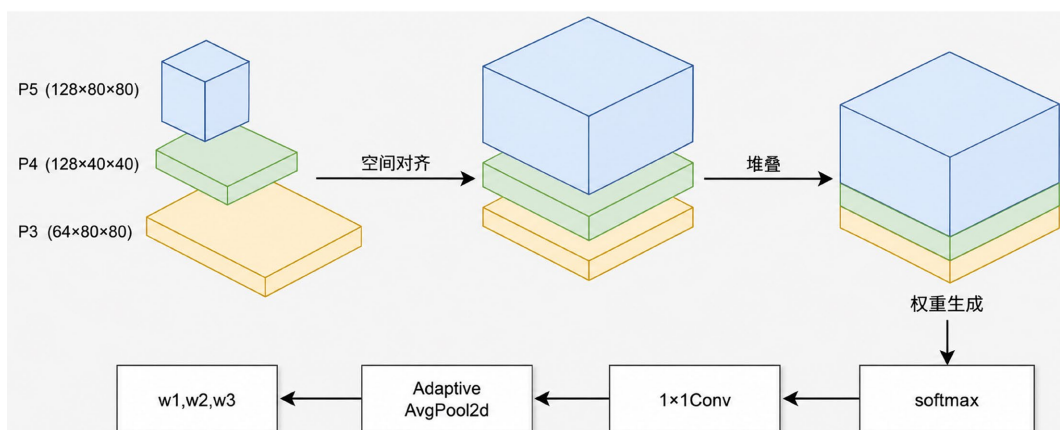


Figure 5. Schematic diagram of the ASFFLite module structure
图 5. ASFFLite 模块的结构示意图

与标准 ASFF 相比, ASFFLite 从三个方面进行了轻量化简化。第一, 舍弃辅助特征变换的 3×3 卷积。标准 ASFF 在空间对齐前需使用 3×3 卷积将 P4、P5 的通道数统一变换至 P3 的通道数, 这部分卷积的参数量约 0.3 M。ASFFLite 直接跳过该步骤, 仅做纯粹的空间尺寸对齐, 不同通道数的特征图直接参与后续的加权融合, 权重生成网络能够自适应地处理不同通道数的特征, 无需强制统一。第二, 简化权重生成路径。标准 ASFF 的权重生成采用“ 1×1 卷积 $\rightarrow 3 \times 3$ 卷积 $\rightarrow$ Sigmoid”的路径, 其中 3×3 卷积用于对堆叠特征进行邻域聚合, 参数量约 0.05 M。ASFFLite 将其替换为“AdaptiveAvgPool2d $\rightarrow 1 \times 1$ 卷积 $\rightarrow$ Softmax”的纯点操作, 参数量仅约 600。全局平均池化赋予权重生成全局感受野, 使每个空间位置能够基于全图上下文做出更合理的尺度选择。第三, 去除融合后精炼的 3×3 卷积。标准 ASFF 在加权融合后通常再接一个 3×3 卷积进行空间平滑。ASFFLite 认为, 由于未参与通道变换, 融合后的特征图已具有良好的空间连续性, 无需额外的精炼处理。

在 SAS-YOLOv8n 的整体架构中, ASFFLite 的三个实例位于颈部网络末端, 接收经过 SE 注意力增强后的 P3、P4、P5 三个尺度特征图, 分别以 level=0、1、2 输出优化后的 P3'、P4'、P5' 融合特征, 直接送入对应的三个解耦检测头。该模块通过替换原有独立的 C2f 精炼层及关联卷积, 在增强多尺度交互的同时简化了颈部末端结构。ASFFLite 与标准 ASFF 的参数对比详见实验部分表 1。

Table 1. Comparison of parameter counts between standard ASFF and ASFFLite

表 1. 标准 ASFF 与 ASFFLite 参数量对比

处理阶段	标准 ASFF	ASFFLite	参数量节省
辅助特征变换	每尺度独立的 3×3 Conv	无	~0.3 M
权重生成	1×1 Conv + 3×3 Conv	AdaptiveAvgPool2d + 1×1 Conv	~0.05 M
融合后精炼	3×3 Conv	无	~0.1 M
三组总参数量	0.5~1.0 M	~0.005 M	压缩约 100 倍

4. 实验设计与结果分析

4.1. 实验环境与参数设置

本文所有实验均在以下软硬件环境下完成：操作系统为 Windows 11，CPU 为 AMD Ryzen 9 系列，GPU 为 NVIDIA GeForce RTX 4060 Laptop (8 GB 显存)，深度学习框架为 PyTorch 2.6.0，CUDA 版本为 12.4，Ultralytics 版本为 8.4.40。

在训练参数方面，所有模型的输入图像尺寸统一为 640×640 ，批大小设置为 16，训练周期为 200 个 epoch，采用 AdamW 优化器，初始学习率为 0.001111，动量参数为 0.9，权重衰减系数为 0.0005，预热训练持续 3 个 epoch。数据增强策略采用 YOLOv8 默认方案，包括 Mosaic 数据增强、随机翻转、色彩空间调整等操作，并在训练最后 10 个 epoch 关闭 Mosaic 增强以稳定收敛。以上参数设置适用于所有对比实验与消融实验，确保实验条件公平一致。

4.2. 实验数据

本文实验使用的水稻病害数据集来源于 Roboflow 和百度云网盘公开数据集，共包含 5 种常见水稻病害类别：白叶枯病(Bacterial Blight)、褐斑病(Brown Spot)、叶黑粉病(Leaf Smut)、稻瘟病(Rice Blast)和纹枯病(Sheath Blight)。数据集已按照约 7:2:1 的比例随机划分为训练集、验证集和测试集，训练集中每个病害类别各包含 500 张图像，总计 2500 张。验证集共有 716 张图像，测试集包含 362 张图像，用于最终模型性能的独立评估。所有图像均已使用 LabelImg 工具完成精确标注，标注框格式为 YOLO 格式，与后续网络训练和推理完全兼容。

4.3. 量化指标

本文采用目标检测领域通用的评价指标对模型性能进行量化评估：精确率(Precision, P)衡量模型预测为病害的目标中真正为病害的比例；召回率(Recall, R)衡量所有真实病害目标中被模型正确检出的比例；平均精度均值(mAP@0.5)在交并比阈值为 0.5 时计算所有类别的平均精度，是衡量模型综合检测能力的主要指标；严格平均精度均值(mAP@0.5:0.95)在交并比阈值从 0.5 到 0.95 (步长 0.05)共 10 个阈值下取平均，对定位精度要求更高。此外，本文还报告了模型参数量(Parameters)和计算量(GFLOPs)作为轻量化部署的参考指标。

4.4. 对比实验

Table 2. Performance comparison of different lightweight detection models
表 2. 不同轻量级检测模型性能对比

模型	Recall	mAP@0.5	参数量	GFLOPs
YOLOv5n	0.656	0.685	2.50 M	7.1
YOLOv7-tiny	0.668	0.693	2.58 M	6.3
YOLOv3-tinyu	0.638	0.626	12.13 M	18.9
YOLOv8n	0.679	0.677	3.01 M	8.1
YOLOv10n	0.647	0.690	2.38 M	5.2
YOLOv26n	0.656	0.696	2.38 M	5.2
SAS-YOLOv8n (Ours)	0.673	0.696	3.17 M	9.3

为验证 SAS-YOLOv8n 的整体检测性能, 本文将其与 5 种代表性轻量级目标检测模型, 有 YOLOv5n、YOLOv7-tiny、YOLOv3-tiny、YOLOv8n、YOLOv10n 和 YOLOv26n, 他们都是在相同实验条件下进行对比。这些模型均以 nano 或 tiny 版本作为基础版本, 与本文的改进基线 YOLOv8n 在模型规模上处于同一量级, 确保了对比的公平性。各模型的检测结果汇总于表 2。

由表 2 可知, YOLOv3-tiny 尽管拥有 12.13 M 的最大参数量和 18.9 GFLOPs 的最高计算量, 其 mAP@0.5 仅为 62.6%, 在所有对比模型中处于最低水平, 反映出该经典模型在当前数据集上的特征提取能力已明显落后于新一代轻量级架构。在其余的 nano 级轻量模型中, YOLOv5n 以 2.50 M 参数取得了 68.5% 的 mAP@0.5, YOLOv7-tiny 以 2.58 M 参数达到 69.3%, 而 YOLOv10n 以 2.38 M 参数实现了 69.0% 的检测精度。值得注意的是, YOLOv26n 以仅 2.38 M 的参数和 5.2 GFLOPs 的计算量取得了 69.6% 的 mAP@0.5, 与本文所提 SAS-YOLOv8n 并列最高, 代表了当前该数据集上最先进的轻量级检测水平。SAS-YOLOv8n 在参数量略高的条件下(3.17 M), mAP@0.5 达到 69.6%, 与 YOLOv26n 持平, 验证了 SE 注意力、ASFFLite 轻量融合与 SPD-Conv 无损下采样三项协同改进的整体有效性。

4.5. 消融实验

为验证各改进模块的独立贡献与协同效果, 本文以 YOLOv8n 为基线, 在相同实验条件下进行了系统的消融实验。除逐步叠加外, 还补充了单独引入 ASFFLite 和 SPD-Conv 的实验, 以全面评估各模块在独立状态下的性能表现。实验结果汇总于表 3。

Table 3. Ablation experiment results of each module
表 3. 各模块消融实验结果

SE	ASFFLite	SPDConv	P (%)	mAP50 (%)	mAP50~95 (%)	Params (M)
			73.5	67.7	39.5	3.01
	✓		75.5	67.9	39.8	2.33
		✓	74.4	69.2	39.0	3.13
✓			75.4	69.4	40.1	3.02
✓	✓		75.0	69.4	39.9	2.33
✓	✓	✓	75.5	69.6	40.6	3.17

在基线 YOLOv8n 的颈部网络各 C2f 融合层之后引入 SE 通道注意力后, 模型的 mAP@0.5 由 67.7% 提升至 69.4%, 增幅达 1.7 个百分点; 精确率由 73.5% 提升至 75.4%, 提升 1.9 个百分点。该结果表明, SE 注意力能够有效增强关键病害特征的通道响应, 抑制复杂农田背景中的无关噪声。参数量方面, 四个 SE 模块合计仅增加约 0.01 M 参数, 几乎不引入额外计算开销。

在 SE 注意力的基础上进一步引入 ASFFLite 模块, 替代颈部网络末端原有的独立 C2f 特征精炼层及关联卷积后, 模型参数量由 3.02 M 大幅压缩至 2.33 M, 降幅约 23%; 而 mAP@0.5 仍保持在 69.4%, 与未压缩前持平。该结果验证了 ASFFLite 在实现多尺度自适应融合的同时, 能够通过轻量化的空间对齐与权重生成路径有效消除颈部末端的结构冗余, 在不损失检测精度的前提下实现参数的显著压缩, 体现了“无损轻量化”的设计目标。GFLOPs 由 8.1 降至 7.6, 降幅约 6%, 进一步反映了轻量化设计的综合效益。

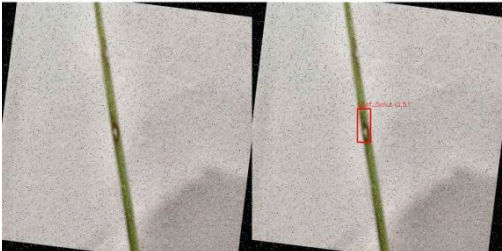
在轻量化基线上引入 SPD-Conv 替换骨干网络浅层的前两个步长卷积后, 模型的 mAP@0.5:0.95 由 39.9% 提升至 40.6%, 达到所有消融实验中的最优值, 验证了无损下采样对小目标定位精度的改善作用。精确率达到 75.5%, mAP@0.5 提升至 69.6%, 都达到了最优水平。参数量回升至 3.17 M, 较基线仅增加 5.5%, 仍处于轻量级模型范畴。

综合来看，三项改进形成了“通道筛选 - 空间融合 - 信息保留”的协同优化链路：单独引入任一模块的增益均有限，但 SE 注意力首先筛选出高质量的通道特征，为 ASFFLite 的轻量化融合提供了优质的输入基础；在两者构建的轻量化基线上，SPD-Conv 保留的细粒度空间信息得以被充分挖掘，最终使 mAP@0.5:0.95 提升至 40.6%。三者分工明确、互补协同，使 SAS-YOLOv8n 在参数量仅微增的前提下，mAP@0.5 较基线提升 1.9%，mAP@0.5:0.95 提升 2.8%，验证了所提方法的有效性。

4.6. 模型可视化

为直观呈现 SAS-YOLOv8n 在不同病害类型与检测难度下的改进效果，从测试集中选取了白叶枯病、褐斑病、叶黑粉病、稻瘟病和纹枯病五种病害的代表性图像，分别使用基线 YOLOv8n 与 SAS-YOLOv8n 进行检测，并将对比结果汇总于表 4 中(图中绿色框为基线预测，红色框为 SAS-YOLOv8n 预测)。从表中可以清晰地观察到，基线模型在稻瘟病、白叶枯病和叶黑粉病等微小病斑场景下存在不同程度的漏检，尤其当病斑尺寸较小时，检测框缺失现象更为明显；SAS-YOLOv8n 则成功补全了这些被遗漏的病斑，验证了 SPD-Conv 无损下采样在保留小目标空间信息方面的关键作用。在稻瘟病多目标密集场景下，SAS-YOLOv8n 不仅恢复了基线漏检的多个病斑，各检测框的置信度也获得了 0.1 至 0.2 的一致提升，反映出 SE 注意力对病害区域识别确信度的增强效应。在纹枯病大面积病斑场景中，SAS-YOLOv8n 同样展现出更优的检出能力与更高的置信度，表明三项改进的协同融合有效提升了模型在不同病害类型下的综合检测性能，与消融实验中的定量指标提升相互印证。

Table 4. Comparison of detection performance between baseline YOLOv8n and SAS-YOLOv8n
表 4. 基线 YOLOv8n 与 SAS-YOLOv8n 检测效果对比

病害类型	基线 YOLOv8n (绿色框)	SAS-YOLOv8n (红色框)	对比要点
白叶枯病			小目标漏检 SAS 检出
褐斑病			小目标漏检 SAS 检出
叶黑粉病			小目标漏检 SAS 检出

续表

稻瘟病		多目标漏检 低置信度 SAS 补全 置信度提升
纹枯病		漏检 + 低置信度 SAS 检出 + 置信度显著提升

4.7. 讨论与局限性分析

尽管 SAS-YOLOv8n 取得了优于基线的检测精度,但仍存在以下局限。在测试集漏检与误检样本中,失败场景主要集中于三类情况。严重遮挡导致病斑仅露出极小边缘,模型难以恢复完整语义。图像模糊(运动失焦或低分辨率)抹除病斑边缘与纹理判别信息。超早期病斑与健康叶片颜色、纹理高度融合,SE 注意力也难以提取有效判别信号——后者是可见光 RGB 模型的共性瓶颈。在结构性局限方面,SPD-Conv 使计算量较基线增加约 15% (9.3 GFLOPs),对极端边缘设备的实时部署构成压力;模型仅覆盖五类病害,对稻曲病等其他病害的泛化能力有待验证;数据集规模有限,模型在未见光照、品种下的鲁棒性仍需评估。后续研究可从引入多光谱数据、采用知识蒸馏压缩模型、扩展病害类别等方面加以改进。

5. 结论

本研究在公开水稻病害数据集上开展了模型训练与评估实验,数据集包含白叶枯病、褐斑病、叶黑粉病、稻瘟病和纹枯病五类常见水稻病害,所有实验均在相同硬件环境与超参数设置下完成,确保了结果的公平可比。基于 YOLOv8n,本文提出了 SAS-YOLOv8n 改进模型,通过在颈部网络引入 SE 通道注意力机制、设计轻量级自适应空间特征融合模块 ASFFLite 以及在骨干浅层部署 SPD-Conv 空间-深度卷积,构建了“通道筛选-空间融合-信息保留”的协同优化链路。

实验结果表明,SAS-YOLOv8n 的 mAP@0.5 达到 69.6%,较基线提升 1.9%;mAP@0.5:0.95 达到 40.6%,提升 2.8%;精确率达到 75.5%,提升 2.0 个百分点。同时,ASFFLite 通过替换颈部末端冗余结构,使模型参数量降至 2.33 M,降幅约 23%,在提升检测精度的同时实现了无损轻量化。与 YOLOv5n、YOLOv7-tiny、YOLOv10n 及 YOLOv26n 等主流轻量级检测模型的对比结果表明,SAS-YOLOv8n 在 mAP@0.5 上达到 69.6%,与 YOLOv26n 并列最优,验证了所提改进方法的有效性。

尽管本研究取得了一定成果,但仍存在一些局限:病害种类局限于五类常见病害,数据集规模相对有限;模型计算量因 SPD-Conv 的引入略高于基线。未来将扩展病害种类与数据集规模,尝试结合结构化剪枝或知识蒸馏进一步降低计算开销,同时引入细粒度对比学习策略以提升易混淆类别的区分能力,并在边缘设备上验证模型的实时检测性能。

基金项目

本研究得到了重庆市教委科学技术研究资助项目(KJQN202301340)、重庆文理学院塔基计划项目(R2023SX20)的资助。

参考文献

- [1] Yu, X. and Zheng, J. (2024) A Review on the Application of Deep Learning Methods in Detection and Identification of Rice Diseases and Pests. *Computers, Materials & Continua*, **78**, 197-225. <https://doi.org/10.32604/cmc.2023.043943>
- [2] Li, K., Li, X., Liu, B., Ge, C., Zhang, Y. and Chen, L. (2023) Diagnosis and Application of Rice Diseases Based on Deep Learning. *PeerJ Computer Science*, **9**, e1384. <https://doi.org/10.7717/peerj-cs.1384>
- [3] Yaseen, M. (2024) What Is YOLOv8: An In-Depth Exploration of the Internal Features of the Next-Generation Object Detector. <https://doi.org/10.48550/arXiv.2408.15857>
- [4] 戴林华, 黎远松, 石睿. 基于改进 YOLOv8n 算法的水稻叶片病害检测[J]. 湖北民族大学学报(自然科学版), 2024, 42(3): 382-388.
- [5] 丁鹏, 陈西曲. 基于改进 YOLOv8n 的水稻叶片病害检测方法[J]. 辽宁开放大学学报(自然科学版), 2025(3): 1-8.
- [6] Qu, J., Li, G., Li, Y., Zhang, X., Yan, X. and Jin, H. (2025) SPW-YOLOv8: A High-Precision and Efficient Deep Learning Model for Rice Leaf Disease Detection. *Measurement Science and Technology*, **36**, Article ID: 095701. <https://doi.org/10.1088/1361-6501/ae01c4>
- [7] Zhang, M., Chen, W., Gao, P., Li, Y., Tan, F., Zhang, Y., et al. (2024) YOLO SSPD: A Small Target Cotton Boll Detection Model during the Boll-Spitting Period Based on Space-to-Depth Convolution. *Frontiers in Plant Science*, **15**, Article ID: 1409194. <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1409194>
- [8] 刘珊珊. 基于改进 YOLOv8 模型的水稻病害检测研究[D]: [硕士学位论文]. 长春: 吉林农业大学, 2024.
- [9] Lu, Y., Yu, J., Zhu, X., Zhang, B. and Sun, Z. (2024) YOLOv8-Rice: A Rice Leaf Disease Detection Model Based on YOLOv8. *Paddy and Water Environment*, **22**, 695-710. <https://doi.org/10.1007/s10333-024-00990-w>
- [10] 郭丽峰, 黄俊杰, 吴禹竺, 等. 基于 YOLOv8n 改进的水稻病害轻量化检测[J]. 农业工程学报, 2025, 41(8): 156-164.
- [11] 聂俊, 朱节中. 基于改进 YOLOv8 的水稻病害检测[J]. 计算机系统应用, 2025, 34(5): 124-137.
- [12] 时庆涛, 王佳贺, 司君蕊. 基于轻量化深度学习模型的水稻虫害实时识别方法研究[J]. 中国农机装备, 2025(11): 1-3.