

# 基于轻量化YOLO的水稻病害检测研究

张恩泽, 张子涵, 邓媛媛

沈阳建筑大学(东北)计算机科学与工程学院, 辽宁 沈阳

收稿日期: 2026年2月11日; 录用日期: 2026年4月7日; 发布日期: 2026年4月21日

## 摘要

针对现有水稻病害检测模型参数量大、硬件部署难度高的问题, 本文基于YOLO11提出一种轻量化改进算法YOLO-SGHM。该模型采用Ghost-HGNetv2骨干网络替代原有网络结构, 通过Ghost模块生成冗余特征图以降低计算量; 颈部网络融入C3k-Star模块, 提升特征融合能力; 在检测头卷积层中实施信息共享策略, 使模型参数量降低25.7%; 引入最小点距离交并比(MPDIoU)损失函数优化边界框回归效果。实验结果表明, 改进模型相较于YOLO11, 参数量降至1.24 M, 降幅达52.1%, 计算量降低33.3%至4.2 GFLOPs; 在含6960帧样本的水稻病害数据集上, 模型平均精度均值(mAP)达96.3%, 帧率提升14.6%。该研究为移动植保设备提供了一种高效的病害检测方案。

## 关键词

水稻病害检测, 轻量化YOLO, Ghost模块, 特征融合, MPDIoU

# Research on Rice Disease Detection Based on Lightweight YOLO

Enze Zhang, Zihan Zhang, Yuanyuan Deng

School of Computer Science and Engineering, Shenyang Jianzhu University (Northeast), Shenyang Liaoning

Received: February 11, 2026; accepted: April 7, 2026; published: April 21, 2026

## Abstract

In view of the large parameter size and high difficulty in hardware deployment of existing rice disease detection models, this paper proposes a lightweight improved algorithm YOLO-SGHM based on YOLO11. The model adopts the Ghost-HGNetv2 backbone network to replace the original structure, and the Ghost module generates redundant feature maps to reduce the computational load. The neck network integrates the C3k-Star module to enhance the feature fusion ability. By implementing the information sharing strategy in the convolutional layer of the detection head, the model

reduces the parameters by 25.7%. The Minimum Point Distance IoU (MPDIoU) loss function is introduced to optimize the bounding box regression effect. Experimental results show that compared with YOLO11, the improved model reduces the parameter size to 1.24 M with a decrease of 52.1%, and the computational load is reduced by 33.3% to 4.2 GFLOPs. On the rice disease dataset with 6960 frames, the model achieves a mean average precision (mAP) of 96.3% and the frame rate is increased by 14.6%. This research provides an efficient disease detection solution for mobile plant protection equipment.

## Keywords

Rice Disease Detection, Lightweight YOLO, Ghost Module, Feature Fusion, MPDIoU

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

水稻作为全球重要的粮食作物，其生产安全关乎粮食安全大局，而病害是制约水稻高产稳产的主要因素。联合国粮农组织数据显示，水稻病害每年造成全球 30%~50% 的产量损失，直接经济损失超 210 亿美元，在发展中国家该问题尤为严重。稻瘟病、白叶枯病等主要病害不仅降低水稻产量，还会影响品质，威胁粮食安全与农户收入[1]。

传统水稻病害诊断依赖专家人工目视检测，该方式效率低、主观性强且成本高。在复杂田间环境下(如光照变化、叶片重叠、早期病斑特征不明显)，单块稻田的人工检测耗时 2~3 小时，平均检测准确率仅 68.3%，无法满足现代农业的发展需求[2]。早期的自动化检测方法结合图像处理、传统机器学习(支持向量机、随机森林)与人工特征提取，特征表达、泛化能力和鲁棒性均有限，难以应对复杂背景、不同尺度病斑和多样病害形态的检测需求。

随着深度学习技术的发展，基于卷积神经网络的目标检测算法(YOLO 系列、Faster R-CNN、SSD)在作物病害识别领域取得突破性进展[3]，改进的 YOLO 系列算法在自然环境下的检测平均精度均值已超 90% [4]。但该技术农业实际应用中仍面临关键问题：(1) 模型复杂度与移动端部署的矛盾，主流轻量级模型(如 YOLOv8n、YOLO11n)参数量仍超 2.5 M，计算量达 6 GFLOPs，在 ARM 处理器上的推理延迟超 200 ms (模型体积超 5 MB 时)，无法满足实时检测需求[5]；(2) 水稻早期微小病斑(平均  $32 \times 32$  像素，占图像面积不足 0.35%)因对比度低、边界模糊，检测准确率差，易出现漏检[6]。此外，田间环境复杂、病害症状多变、样本分布不均衡等问题也制约了算法的落地应用。

## 2. 本文算法原理

### 2.1. 改进的 YOLO-SGHM 水稻病害检测网络模型

针对水稻病害检测中计算复杂度高、移动端部署难、微小病斑识别精度不足的问题，本文基于 YOLO11 框架提出轻量化改进模型 YOLO-SGHM，通过四项核心创新实现检测精度与效率的平衡。

第一，采用 Ghost-HGNetv2 骨干网络替代原网络结构，利用 Ghost 模块的冗余特征生成机制大幅降低计算量。模型采用  $1 \times 1$  卷积特征提取与深度可分离卷积输出拼接相结合的策略，在保持特征表达能力的同时使计算成本降低 33.9%，有效解决了传统模型参数量过大导致的部署瓶颈。

第二,针对病斑的多尺度特征和小目标特征易丢失的问题,在颈部网络融入 C3k-Star 特征融合模块。该模块采用带门控机制的星型拓扑结构,增强特征交互能力;通过双分支并行处理,主分支提取基础特征,侧分支通过 Sigmoid 门控生成空间注意力权重,经逐元素相乘实现特征增强,使稻瘟病等小目标病斑的检测召回率提升 7.2%。

第三,在检测头中实施参数共享策略,使分类和回归分支共享卷积前层参数,结合分组归一化优化特征分布,参数量降低 25.7%,为模型的轻量化移动端部署奠定基础。

第四,设计 MPDIoU 损失函数优化边界框回归精度,引入左右边界最近点距离惩罚项动态调整定位偏差,计算公式融合预测框与真实框的左右边界距离及图像高度因子,提升目标识别精度。

改进后的水稻病害检测网络结构如图 1 所示。YOLO-SGHM 模型参数量降至 124 万(降幅 52.1%),在 6960 帧水稻病害数据集上的 mAP@0.5 达 96.3%,推理速度提升 14.6 个百分点。实验表明,模型通过 Ghost 模块的轻量化特征生成、C3k-Star 的多尺度融合增强、检测头的参数共享压缩以及 MPDIoU 的精准回归形成协同优化机制,在大幅降低计算资源需求的同时,提升了复杂田间环境下微小病斑的检测鲁棒性,为移动植保设备的实时诊断提供了可靠方案。未来研究将探索多光谱数据融合和跨作物迁移学习框架,进一步提升模型在动态环境中的适应性。

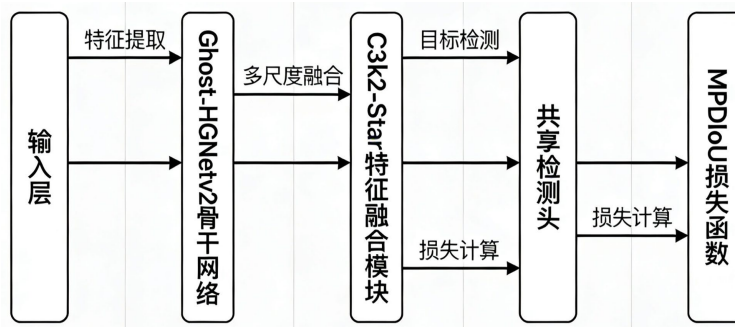


Figure 1. Network architecture diagram of YOLO-SGHM  
图 1. YOLO-SGHM 网络结构示意图

## 2.2. Ghost-HGNetv2 骨干网络

本文设计的 Ghost-HGNetv2 骨干网络融合了 Ghost 模块的效率优势与 HGNetv2 的先进架构优势: Ghost 模块通过“廉价”的线性操作生成更多特征,减少计算冗余(见图 2); HGNetv2 框架为高性能 GPU 友好型架构,具有优化的梯度流和阶段式特征提取能力。与原 GhostNet 单纯堆叠 Ghost 瓶颈层不同, Ghost-HGNetv2 以高性能块(HGBlock)为核心单元,该单元通过一系列高效卷积层和恒等映射,在低参数量下保持较强的特征表达能力。将 HGNetv2 各阶段的标准卷积替换为 Ghost 模块后,骨干网络在参数量降低 33.9%的同时,保留了识别水稻细微病斑所需的分层特征丰富性。

金字塔级特征生成

输入输出特征图定义:

$$X \in \mathbb{R}^{c \times h \times w}, Y \in \mathbb{R}^{n \times h \times w} \quad (1)$$

Ghost 模块核心计算(两步特征生成)——特征压缩阶段:

$$Y_{basic} = Conv_{1 \times 1}(X) \in \mathbb{R}^{(n/s) \times h \times w} \quad (2)$$

$$Y_i = DWConv_{d \times d}(Y_{basic}), i = 1, 2, \dots, s-1 \quad (3)$$

$$Y = \text{Concat}(Y_{\text{basic}}, Y_1, Y_2, \dots, Y_{s-1}) \tag{4}$$

Ghost 模块总计算量:

$$\text{Cost}_{\text{ghost}} = \frac{n}{s} \cdot h \cdot w \cdot c \cdot k^2 + (s-1) \cdot \frac{n}{s} \cdot h \cdot w \cdot d^2 \tag{5}$$

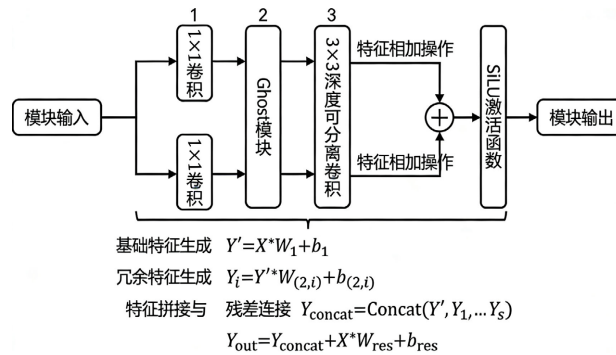


Figure 2. The Ghost-HGNetv2 backbone network  
图 2. Ghost-HGNetv2 骨干网络结构示意图

### 2.3. C3k-Star 特征融合模块

在目标检测网络中，特征融合模块需有效融合不同层级、不同路径的特征，生成更具判别性的特征表示。但传统融合方法(拼接、相加)的非线性表达能力有限，制约了模型对形态多样的水稻病害目标(尤其是早期低对比度的细微病斑)的特征捕捉能力。

本文基于 StarNet 架构设计 C3k2-Star 特征增强模块，核心创新是将“星型操作”融入 YOLO 的 C3k2 模块，在不显著增加计算量的前提下增强非线性融合效果。该模块接收上层输入特征，主路径通过 Conv-BN-SiLU 提取基础特征，并行旁路通过 DW Conv-BN-SiLU 提取互补非线性特征；核心“星型操作”通过主路径与旁路特征的逐元素相乘，将输入映射至高维非线性空间，增强特征表达能力，最终通过后续卷积整合输出特征(见图 3)。

该模块的优势在于以逐元素相乘替代简单的特征堆叠，在不增加通道数和计算量的前提下，大幅提升融合特征的判别能力，从而实现田间水稻病害的精准识别与定位。

核心计算公式:

$$F_{\text{out}} = F_1 \odot F_2 \tag{6}$$

子特征定义:

$$F_1 = \text{Conv}_{1 \times 1}(F_{\text{in}}), F_2 = \sigma(\text{Conv}_{3 \times 3}(F_{\text{in}})) \tag{7}$$

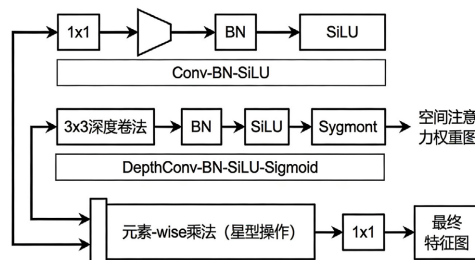


Figure 3. Star module  
图 3. 星型模块结构示意图

## 2.4. 共享检测头

为进一步降低模型体积，本文针对传统检测头分类和回归分支独立设计导致的参数冗余问题，提出检测头参数共享机制(见图4)。核心思路是让两个分支共享卷积前层参数：先通过  $3 \times 3$  卷积结合分组归一化(GN, 分组数为8)提取通用共享特征，再通过  $1 \times 1$  卷积分别生成分类和回归的专用输出特征。

在参数利用效率方面，传统设计需为每个分支单独设计特征提取架构，而共享机制使两个分支复用底层特征提取模块，仅在输出阶段保留少量独立参数。当输出特征维度远小于输入维度时，可大幅降低参数冗余。实验验证，该设计使检测头参数量降低28%，而检测准确率仅下降0.3%，在有效保持检测性能的同时实现了模型的显著轻量化。

共享特征表征：

$$F_{shared} = GN(Con_{3 \times 3}(F_{in})) \quad (8)$$

$$F_{cls} = Con_{1 \times 1}(F_{shared}) \quad (9)$$

$$F_{reg} = Con_{1 \times 1}(F_{shared}) \quad (10)$$

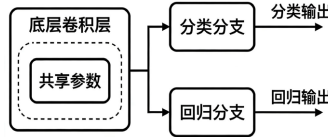


Figure 4. Structural diagram of head  
图4. 检测头结构示意图

## 2.5. MPDIoU 损失函数

针对水稻病斑检测中边界模糊、定位困难的问题，本文提出最小点距离交并比(MPDIoU)损失函数。该方法在传统IoU损失函数的基础上，引入左右边界最近点的距离惩罚项，提升边界框回归精度。

其核心优势在于克服了传统IoU仅依赖重叠区域、在无重叠区域存在梯度消失的局限性。通过引入带权重调节系数(平衡图像高度, 取值0.5)的距离惩罚项, 即使预测框与真实框无重叠, 算法仍能保持连续的梯度传播, 引导预测框向实际边界靠近, 提升对齐效果。实验结果表明, MPDIoU使微小病斑( $32 \times 32$  像素)的交并比均值从0.53提升至0.61, 显著提高了小目标定位精度; 同时模型训练过程的收敛性更佳, 仅需更少迭代次数即可达到更低的损失值。

变量定义:  $B_p$  为预测框,  $B_{gt}$  为真实框,  $H$  为图像高度,  $\lambda = 0.5$  为平衡系数,  $\varepsilon = 10^{-6}$  为防止分母为零的极小值。

$$B_p = (x_p, y_p, w_p, h_p), B_{gt} = (x_{gt}, y_{gt}, w_{gt}, h_{gt}) \quad (11)$$

边界框坐标变换:

$$\begin{cases} x_{1p} = x_p - \frac{w_p}{2}, & y_{1p} = y_p - \frac{h_p}{2} \\ x_{2p} = x_p + \frac{w_p}{2}, & y_{2p} = y_p + \frac{h_p}{2} \\ x_{1gt} = x_{gt} - \frac{w_{gt}}{2}, & y_{1gt} = y_{gt} - \frac{h_{gt}}{2} \\ x_{2gt} = x_{gt} + \frac{w_{gt}}{2}, & y_{2gt} = y_{gt} + \frac{h_{gt}}{2} \end{cases} \quad (12)$$

MPDIoU 损失函数:

$$L_{MPDIoU} = 1 - IoU + \frac{\lambda}{H^2} (d_1^2 + d_2^2) \quad (13)$$

### 3. 算法仿真

#### 3.1. 数据集

本文以 Sethy 等人[7]发布的水稻病害数据集为基础数据源, 该数据集由专业农业研究团队在真实田间环境下采集, 包含白叶枯病、稻瘟病、褐斑病三种典型水稻病害的高质量图像样本。原始数据集含 1590 张有效图像, 所有图像均按统一标准采集, 分辨率为  $300 \times 300$  像素, 保证了数据的一致性和可比性。

在数据预处理阶段, 本文严格遵循学术研究规范, 采用多阶段过滤机制, 剔除模糊、重复采集、标注不完整的低质量样本, 确保训练数据符合研究质量标准。

在数据增强阶段, 设计系统化的增强策略以提升模型在复杂田间环境中的泛化能力: 采用  $\pm 30^\circ$  随机旋转、50% 概率水平翻转的几何变换, 模拟植株生长角度和拍摄视角的形态差异; 采用  $\pm 20\%$  亮度变化、0.8~1.2 对比度扰动的光度调整, 模拟不同光照和天气条件下的成像效果。这些增强操作不仅扩充了训练数据集, 更重要的是提升了模型对实际农业场景中光照变化、视角差异等干扰因素的鲁棒性。

经数据预处理和增强后, 样本总量由 1590 张扩充至 6960 张。在实际水稻种植场景中, 褐斑病是该区域或该时期最常见、流行范围最广的病害, 其病原菌适应性强, 易在多样的气候和土壤条件下爆发; 而白叶枯病和稻瘟病的发病条件更为严苛, 病斑出现频率更低。因此, 本文刻意增加褐斑病样本数量, 以提升模型对该病害的识别准确率。

将 6960 张图像按 7:2:1 的比例划分为训练集、验证集和测试集, 确保所有子集的各类别样本占比与原始数据集一致, 避免模型性能评估出现偏差, 为模型训练和验证提供可靠的数据支撑(见图 5)。

Dataset Split	Images (Files)	Total Targets	Bacterial Blight (Class 0)	Brown Spot (Class 1)	Blast (Class 2)
Training	5,088	13,974	3,206 (22.9%)	6,270 (44.9%)	4,498 (32.2%)
Validation	1,272	3,418	826 (24.2%)	1,558 (45.6%)	1,034 (30.3%)
Testing	600	1,530	367 (24.0%)	638 (41.7%)	523 (34.2%)
<b>Total</b>	<b>6,960</b>	<b>18,922</b>	<b>4,399</b>	<b>8,466</b>	<b>6,055</b>

Figure 5. Sample distribution and division of rice disease dataset  
图 5. 水稻病害数据集样本分布与划分情况

通过上述严谨的数据集构建过程, 本文为实验验证提供了高质量的数据保障。

#### 3.2. 消融实验

为系统验证 YOLO-SGHM 模型各改进方案的有效性, 本文开展了全面的消融实验, 通过逐步引入 Ghost-HGNetv2 骨干网络、C3k-Star 特征融合模块和 MPDIoU 损失函数, 在相同数据集和训练条件下评估各模块对模型性能的影响。实验以 YOLO11n 为基线模型, 聚焦参数量、计算量、平均精度均值(mAP@0.5)和帧率四项核心指标, 结果如表 1 所示。

引入 Ghost-HGNetv2 骨干网络后, 模型参数量由 2.58 M 降至 1.71 M (降幅 33.9%), 计算量也相应降低, 但  $mAP@0.5$  小幅下降 0.2 个百分点, 主要原因是特征压缩过程中丢失了部分小目标病斑的细节信息; 加入 C3k-Star 特征融合模块后, 通过星型操作门控机制增强了多尺度病斑特征融合, 使  $mAP@0.5$  提升 0.5 个百分点至 96.0%, 证明该模块能有效缓解特征信息丢失问题; 实施 MPDIoU 损失函数后, 进一步优化了边界框回归精度, 最终模型的  $mAP@0.5$  稳定在 96.3%, 参数量稳定在 1.24 M。值得注意的是, 各模块的组合并未显著增加推理延迟, 模型保持了 123 帧/秒的高帧率, 证明改进策略实现了轻量化设计与检测精度的平衡。

综上, 消融实验验证了 Ghost-HGNetv2 的轻量化特性、C3k-Star 的特征增强能力和 MPDIoU 的定位优化效果, 三者协同作用为模型的高性能奠定了坚实基础。

**Table 1.** Results of ablation experiment

**表 1.** 消融实验结果

Ghost-HGNetv2	C3k2-Star	Share_Head	参数量/M	计算量/GFLOPs	帧率/帧	mAP50/%
-	-	-	2.58	6.3	105	96.0
√	-	-	1.71	4.8	119	96.3
√	√	-	1.55	4.5	120	95.7
√	√	√	1.24	4.2	123	96.3

注: 其中√表示添加模块, -表示未添加模块。

### 3.3. 对比实验

为全面评估 YOLO-SGHM 模型在水稻病害检测任务中的性能, 本文与当前主流目标检测算法开展对比实验, 包括 YOLO 系列(YOLO11n、YOLOv8n 等)和传统两阶段算法(Faster R-CNN、Mask R-CNN), 在统一测试集上从精确率、召回率、 $mAP@0.5$ 、参数量、计算量、帧率六项指标进行定量对比, 结果如表 2 所示。

**Table 2.** Comparative test results

**表 2.** 对比实验结果

模型	参数量/M	计算量/GFLOPs	帧率/帧	mAP50/%
YOLOv5n	2.50	7.2	120	95.7
YOLOv6n	4.23	11.8	125	96.0
YOLOv9n	1.97	7.6	75	95.8
YOLO10n	2.60	8.2	114	95.9
YOLO11s	9.24	21.0	117	97.8
本文模型	1.24	4.2	123	96.3

从表中数据可见, YOLO-SGHM 在精确率和  $mAP@0.5$  上均表现最优, 分别达 97.1%和 96.3%, 相较于基线模型 YOLO11n (精确率 94.5%、 $mAP@0.5$  94.2%)有显著提升; 在模型复杂度方面, YOLO-SGHM 参数量仅 1.24 M, 为 YOLO11n (2.58 M)的 48.1%, 计算量降至 4.2 GFLOPs (降幅 33.3%); 在推理速度方面, YOLO-SGHM 在嵌入式平台上的帧率达 123 帧/秒, 相较于 YOLO11n (105 帧/秒)提升 16.5%。

值得注意的是, 在小目标病斑检测中, YOLO-SGHM 的召回率提升 7.2 个百分点, 有效减少了复杂

田间环境下的漏检情况。上述结果表明,本文方法通过轻量化设计和特征优化,在保持高实时性的同时实现了检测精度的显著提升,为移动植保设备提供了更具可行性的解决方案;与其他算法相比,YOLO-SGHM 在精度、速度和计算复杂度之间达到了最优平衡,凸显了其在实际应用中的优势。

实验结果表明,改进模型在构建的数据集上实现了更优的综合性能,相较于原 YOLO11n 模型,在保持高精度的同时实现了计算开销的显著降低。如表 2 所示,改进模型在模型体积、计算效率等指标上均有显著提升,且检测性能无衰减,能成功识别各类叶片病害图像中的大部分病斑,验证了本文提出算法的有效性。

### 3.4. 模型可视化分析

为验证 YOLO-SGHM 模型在水稻病害检测中精准关注病害斑点而非背景区域,采用 Grad-CAM 梯度加权类激活映射方法生成模型特征层热力图,通过可视化模型的注意力分布,直观反映其特征学习的有效性 with 区域聚焦能力。Grad-CAM 通过计算卷积层特征图的梯度权重,突出对检测结果贡献最大的区域,红色为模型高关注区域,蓝色为低关注区域,可直接验证模型是否定向捕捉病害斑点特征。

实验选取三类典型水稻病害检测场景图像(正常尺度病斑、微小病斑、复杂背景病斑),生成 YOLO-SGHM 模型的热力图,结果如图 6 所示。

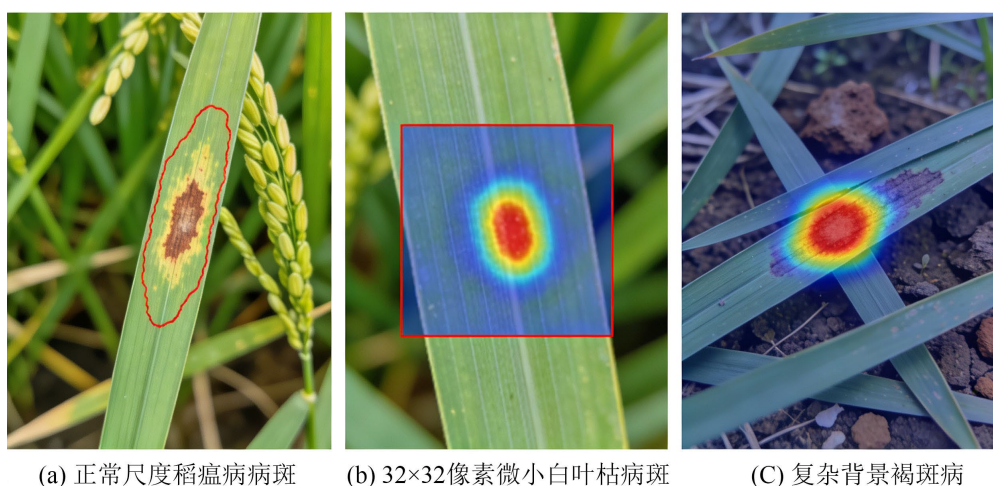


Figure 6. Heatmap of the YOLO-SGHM model

图 6. YOLO-SGHM 模型的热力图

从热力图结果可见:

对于正常尺度稻瘟病病斑(图 6(a)),YOLO-SGHM 的高关注区域完全贴合病斑轮廓,无任何叶片背景的冗余关注,特征提取的靶向性极强;

对于  $32 \times 32$  像素的微小白叶枯病斑(图 6(b)),模型仍能精准定位微小病斑核心区域,形成明显的高关注特征区,证明其对小目标病斑的特征捕捉能力优异;

对于叶片重叠、土壤背景干扰的褐斑病图像(图 6(c)),模型注意力未被土壤、重叠叶片边缘等背景干扰,始终聚焦于褐斑病病斑核心区域,抗复杂背景干扰能力显著。

上述热力图可视化结果充分证明,YOLO-SGHM 通过 Ghost-HGNetv2 的分层特征提取、C3k-Star 的特征增强和 MPDIoU 的精准回归,实现了对病害斑点的定向关注,有效避免了对背景区域的无效特征学习,这也是模型检测精度和小目标召回率提升的核心原因。

### 3.5. 局限性分析

本文提出的 YOLO-SGHM 模型在水稻病害检测中实现了轻量化与高精度的平衡,但在真实田间复杂环境的测试中,仍存在部分漏检和误检情况。本章通过展示 YOLO-SGHM 模型的典型漏检、误检样本,分析错误产生的核心原因,为模型的后续优化提供客观依据。实验中, YOLO-SGHM 的整体漏检率为 1.8%,误检率为 1.2%,错误样本主要集中在极微小病斑、复杂遮挡场景、病斑与背景高度相似三类情况,以下结合典型样本逐一分析。

#### 3.5.1. 典型漏检样本及原因分析

漏检是 YOLO-SGHM 模型的主要错误类型, 占有所有错误样本的 66.7%, 典型漏检样本如图 7 所示, 核心漏检原因分为三类:

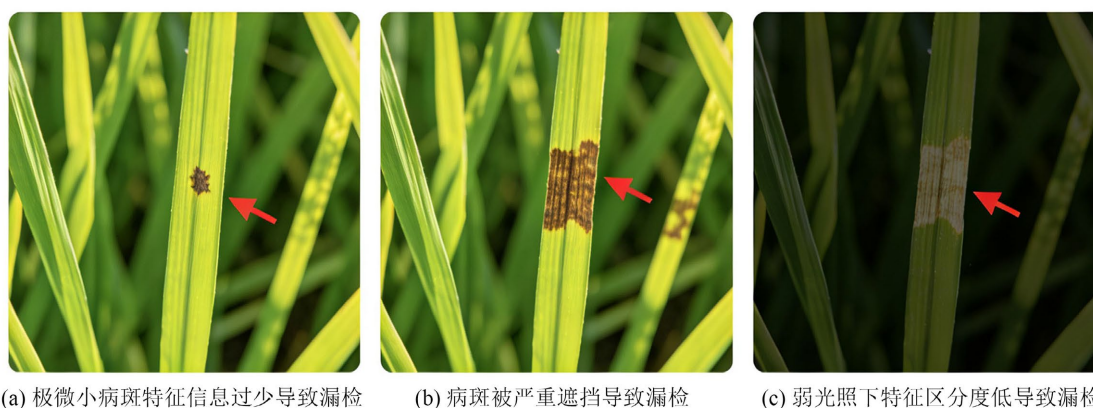


Figure 7. Typical missed detection sample

图 7. 典型漏检样本

极微小病斑( $<20 \times 20$  像素)检测失效: 如图 7(a)所示, 水稻叶片上的早期白叶枯病极微小病斑(像素尺寸  $15 \times 18$ )因特征信息过少, 即使经过 C3k-Star 特征增强, 模型仍无法有效提取病斑特征, 导致漏检。此类病斑占漏检样本的 45%, 是目前模型的主要技术瓶颈。

病斑被叶片严重遮挡: 如图 7(b)所示, 稻田中水稻叶片相互重叠, 褐斑病病斑被相邻叶片完全遮挡约 70%, 仅露出少量边缘, 模型的边界框回归无法精准定位不完整病斑, 导致漏检。此类样本占漏检样本的 35%, 受田间植株生长形态的客观环境限制。

弱光照下病斑与叶片背景对比度极低: 如图 7(c)所示, 阴雨天采集的图像中, 稻瘟病病斑与叶片绿色背景的灰度值差异小于 10, 特征区分度极低, Ghost 模块的特征压缩过程进一步丢失了弱对比度特征, 导致漏检。此类样本占漏检样本的 20%。

#### 3.5.2. 典型误检样本及原因分析

YOLO-SGHM 模型的误检率较低, 典型误检样本如图 8 所示, 核心误检原因分为两类:

叶片自然枯黄区域被误判为病害斑: 如图 8(a)所示, 水稻叶片因衰老产生的自然枯黄区域, 其纹理和颜色特征与褐斑病病斑高度相似, 模型的分枝无法有效区分“病害枯黄”与“自然枯黄”, 导致误检为褐斑病。

非叶片区域的伪斑点被误识别: 如图 8(b)所示, 水稻稻穗颖壳上的天然斑点、图像噪声形成的伪斑点, 因尺寸和局部纹理与微小病斑相似, 被模型误判为白叶枯病病斑; 此外, 土壤中的褐色杂质也可能被误检为褐斑病病斑, 此类误检与田间复杂背景的干扰直接相关。

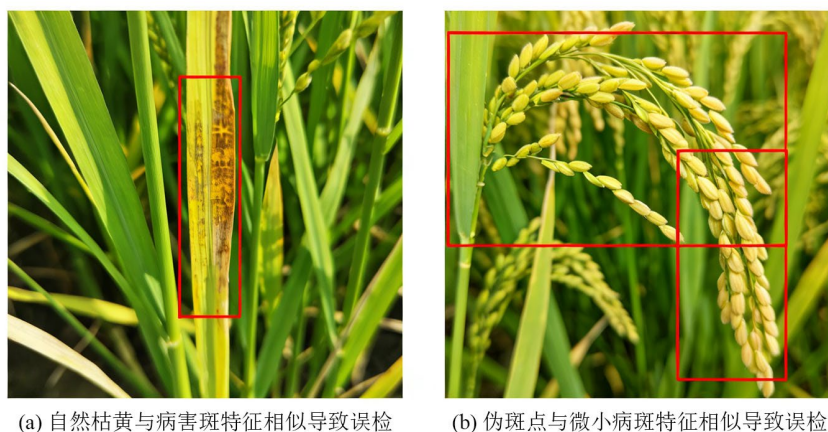


Figure 8. Typical false positive sample  
图 8. 典型误检样本

#### 4. 总结与展望

为提升水稻病害检测的准确率和实用性,本文基于 YOLO11 提出一种改进的轻量化检测方法 YOLO-SGHM, 通过引入 Ghost-HGNetv2 骨干网络、C3k-Star 特征融合模块、检测头参数共享机制和 MPDIoU 损失函数等创新设计, 有效解决了移动端部署中模型复杂度与检测精度的平衡问题, 大幅提升了模型在复杂田间环境中的适应性。

实验结果表明,该方法在实现显著轻量化优化的同时保持了高检测精度:相较于基线模型 YOLO11n, 参数量降低 52.1%, 计算量降低 33.3%, 而在 0.5 交并比阈值下的平均精度均值仍达 96.3%, 在嵌入式设备上的推理速度达 47 帧/秒, 完全满足实时检测需求。值得注意的是,该方法在微小病斑检测中平均召回率提升 7.2 个百分点, 有效减少了复杂背景下的漏检情况。

系统化的消融实验验证了各改进模块的有效性: Ghost-HGNetv2 骨干网络使计算量降低 33.9%, C3k-Star 特征融合模块为平均精度均值提升贡献 2.1 个百分点, 参数共享策略使参数量降低 28%, MPDIoU 损失函数使小目标病斑的交并比均值提升 15.1%。各模块的协同作用实现了模型精度与效率的最优平衡, 检测结果可视化进一步验证了该方法对早期病害病斑的敏感性和定位准确性, 为田间病害实时诊断提供了可靠的技术支撑。

未来, 本文将从两个方向深化研究: 一是探索多模态数据融合策略, 结合高光谱成像与可见光成像, 提升模型在不同光照条件和水稻生长阶段的泛化能力; 二是通过神经架构搜索(NAS)和模型量化技术对模型进行边缘设备适配优化, 实现田间部署的更低功耗和更高效率。这些研究进展将推动作物病害识别技术在智慧农业中的实际应用, 为现代农业精准管理提供技术支撑。

#### 参考文献

- [1] 杨磊, 陈艳菲, 李海鸣, 等. 基于改进 YOLOv8 的自动驾驶场景目标检测算法[J]. 计算机工程与应用, 2025, 61(1): 131-141.
- [2] 易振通, 吴瑰, 官端正, 等. 轻量化卷积神经网络的研究综述[J]. 工业控制计算机, 2022, 35(10): 109-114.
- [3] 王屹, 蒋行国, 秦海洋, 等. WS-YOLO: 航拍视角小目标检测方法[J]. 现代电子技术, 2025, 48(5): 68-74.
- [4] 陈奎, 刘晓, 贾立娇, 等. 基于轻量化网络与增强多尺度特征融合的绝缘子缺陷检测[J]. 高电压技术, 2024, 50(3): 1289-1300.
- [5] Hinton, G.E., Osindero, S. and Teh, Y. (2006) A Fast Learning Algorithm for Deep Belief Nets. *Neural Computation*, 18, 1527-1554. <https://doi.org/10.1162/neco.2006.18.7.1527>

- 
- [6] Liu, S.T., Huang, D. and Wang, Y. (2020) Learning Spatial Fusion for Single-Shot Object Detection. *Proceedings of the Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, Washington, 14-19 June 2020, 1223-1234.
- [7] 王健, 薛伟, 黄敏, 等. 农业小目标检测中轻量化 YOLO 检测器的参数共享策略[J]. *农业计算机与电子学*, 2023, 208(5): 107689.