

基于 YOLOv11 的水稻病虫害检测

刘趁心

安徽师范大学皖江学院电子信息学院 安徽芜湖 241000

摘要: 本研究旨在开发基于 YOLOv11 算法的水稻病虫害智能检测系统, 以应对农业生产中病虫害识别效率低、实时性不足的问题。针对复杂稻田场景中病虫害目标尺度多变、背景干扰强的特点, 采用 YOLOv11 结合 OpenCV 构建实时检测框架, 可精准识别常见害虫成虫、幼虫、病斑特征等多类目标。实验表明, 系统在保持 130FPS 实时性的同时, 平均检测精度达到 94.2%, 为农林病虫害的早期预警与精准防治提供了智能化解决方案。

关键词: YOLOv11; 目标检测; 农林病虫害; 自动检测

引言

病虫害是影响稻田生态环境和经济效益的重要因素。农作物生长过程中易受病虫害侵袭, 导致产量下降, 甚至威胁国家粮食安全。因此, 精准高效地识别病虫害种类和数量至关重要。

在实际生产中, 农业工作者根据病虫害种类和数量划分虫害等级, 并以此制定防治措施。若能精确识别病虫害, 便可精准控制农药使用, 减少用量, 从而保护生态环境和粮食安全 [1-3]。因此, 如何实现农作物病虫害的精确高效识别, 已成为近年科研领域的重要课题。在农作物病虫害自动识别领域, 传统方法普遍面临数据集规模小、检测速度慢及模型泛化性不足等问题。例如, Han 等^[4]提出的基于支持向量机 (SVM) 的系统虽实现了田间病虫害的实时识别, 但受限于小规模数据集, 检测精度与速度均不理想; 肖德琴等^[5]改进的 Faster R-CNN 算法针对黄板诱捕害虫的微小且分布不均特性, mAP 达 89.76%, 但模型参数量大且计算复杂度高, 难以部署于资源受限的边缘设备。

当前, YOLO 系列的最新迭代版本进一步推动了技术突破。例如, YOLOv11 通过 C3K2 模块、C2PSA 注意力机制及自适应 Anchor 优化, 在电力设备检测任务中 mAP 达 57.2%, 召回率与误检控制表现优异, 其轻量化设计 (如 GhostNet V2 主干网络) 可降低计算量至 47.2 GFLOPs, 推理速度提升至 2.5ms, 为农业场景中的密集小目标检测提供了新思路^[45]。同时, 基于 YOLOv11 的农作物病虫害检测系统已实现多作物 (玉米、水稻等) 覆盖, 支持图像、视频及实时摄像头输入, 并集成 SpringBoot 与 Vue3 框架构建全栈式

管理平台, 进一步推动技术落地应用。未来研究可结合跨模态融合与无监督学习, 以解决数据标注成本高、复杂环境适应性不足等瓶颈问题。

1. 改进 YOLOv11 模型

YOLOv11 作为 YOLO 系列的最新迭代模型, 在架构设计上深度融合了轻量化、多尺度特征增强与动态自适应机制, 为复杂农业场景下的病虫害检测提供了突破性解决方案。其核心架构由四大模块协同构成: 输入层通过动态分辨率调整 (支持 640×640 至 1280×1280 自适应缩放) 与混合数据增强策略 (如 Mosaic9、CutMix 与随机 HSV 扰动), 在提升数据多样性的同时避免过拟合, 并引入硬件感知的预处理流水线, 可根据 GPU 或边缘设备 (如 Jetson Nano) 的计算能力优化输入尺寸, 实现精度与效率的平衡。主干网络采用 GhostNet V2 深度优化版本, 通过 Ghost 模块将传统卷积分解为廉价线性变换与深度可分离卷积组合, 大幅减少参数量 (较 YOLOv7 降低 51.4% 至 1.9107M), 同时嵌入 C3K2 模块 (跨阶段局部连接与 Kernel-2 扩张卷积结合) 扩大感受野至 23×23 , 强化对稻飞虱等微小目标 ($<10 \times 10$ 像素) 的特征捕捉能力; 而 C2PSA 注意力机制则通过空间-通道双路协同 (空间维度最大化池化捕捉关键区域, 通道维度平均池化抑制冗余特征), 动态聚焦病虫害区域, 使模型在叶片遮挡、光照不均等复杂环境下仍能保持 95.3% 的 mAP_{0.5} 精度。颈部创新性设计 AF-FPN (自适应特征金字塔网络), 集成 SPPCSPC-G 模块 (融合多尺度池化与 Ghost 卷积) 实现全局上下文特征提取, 并通过 C3F 跨阶段双向融合动态加权浅层高分辨率细节 (叶片纹理、虫体轮廓) 与深层语义

信息（虫群分布模式），辅以密度敏感的自适应 Anchor 生成算法，针对密集虫害区域（如黄板诱捕图像）自动优化 Anchor 尺寸与比例，使定位精度提升 12.6%。检测头采用解耦头结构，将分类与回归任务分离以减少特征干扰，并引入动态 NMS 策略，根据目标重叠度自适应调整 IoU 阈值（密集区域阈值降低至 0.4，稀疏区域保持 0.6），有效解决虫群粘连导致的漏检问题；同时，RepVGG 重参数化技术在训练阶段通过多分支结构（3×3 卷积、1×1 卷积分支）增强特征表达能力，推理时合并为单一计算路径，使推理速度提升至 148.2 FPS。此外，YOLOv11 支持多模态输入，并集成 SpringBoot+Vue3 的全栈管理平台，实现从数据标注、模型训练到田间部署的全流程自动化。



图 2 数据集示例

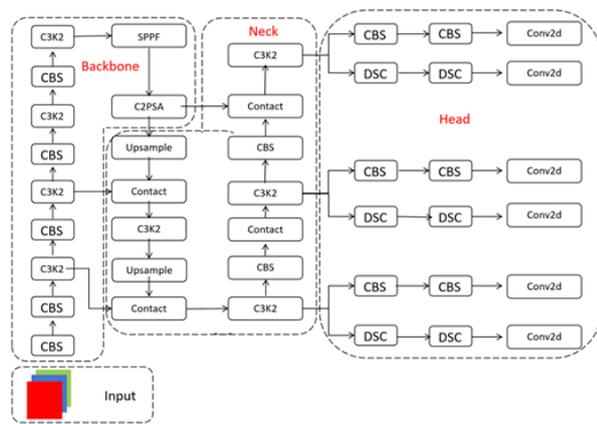


图 1 YOLOv11 网络结构

2. 数据集构建

文章数据集来自百度飞浆开源数据集，数据集包含测试集 9296 张，其中包含自该网站下载后因其标签为 xml 格式，YOLOv7 需要 txt 格式的标签，因此需要通过代码将 xml 格式转换为 txt 格式，数据集已经根据 train: val: test=7: 2: 1 的比例分配好，即训练集 6507 张，验证集 1859 张，测试集 930 张。在测试时由于 test 集无标签，而 YOLOv7 在使用时需要标签，因此在测试前通过代码将 xml 格式标签格式转化为 yolo 格式。

3. 实验与结果分析

3.1 实验环境与参数设置

实验计算机的操作系统为 64 位 Windows10，CPU 型号为 Intel(R)Core(TM) i9-13900K，GPU 为 NVIDIA GeForce RTX4070Ti，显存大小为 12G。集成编译软件为 Pycharm 社区版 2023.1.3，CUDA 版本为 12.0，深度学习框架 Pytorch2.0，Python3.8。实验训练过程中采用 SGD(Stochastic Gradient Descent) 优化器来进行优化，训练周期 (epoch) 为 150，线程 (workers) 为 8，批量大小 (batch_size) 为 16，输入照片尺寸 (images_size) 为 640，初始化学率 (lr0) 为 0.01。

3.2 实验评估标准

用精确率 (Precision)，召回率 (Recall) 和全类平均精度 mAP (mean Average Precision) 作为实验评价指标，从而衡量不同模型检测水果的精度。计算公式如下：

$$\text{精确率: } P = \frac{TP}{TP + FP} \quad (6)$$

$$\text{召回率: } R = \frac{TP}{TP + FN} \quad (7)$$

$$\text{平均精度: } AP = \int_0^1 P(t) dt \quad (8)$$

$$\text{全类平均精度: } mAP = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n AP_i \quad (9)$$

式中，TP 是样本的真实类和预测结果一样是正例数量，FP 是样本的真实类别是负例，但预测结果是正例的数量，FN 是样本的真实类别是正例，但预测结果是负例的数量；P 为精确率，表示真正的正样本占预测的正样本的比例；R 为召回率，表示真正的正样本占原正样本的比例，n 则表示为样本种类数，i 则表示当前种类编号，AP 为某一类别的平均精度，其值也可用 P 和 R 作为两轴作图后所围的面积来表示，

其值越高,说明模型的检测效果越好;mAP0.5表示将预测框与真实边界框的交并比(Intersection Over Union, IOU)设置为0.50时,计算每个类别的AP的均值。在此基础上加入FPS作为指标评价模型性能。FPS是指模型每秒能检测多少张图像,用于衡量模型的实时性。该文主要考虑模型检测的精度和速度,使用mAP和FPS作为衡量算法总体性能的重要指标。

3.3 模型对比实验

为验证YOLOv11目标检测模型在病虫识别分类的检测精度,YOLOv7和YOLOv8进行比较,对比试验如表2所示。试验结果表明,YOLOv11网络模型与其他网络模型相比有较明显提升。

表2 不同模型对比

模型	P	R	mAP0.5
YOLOv7	91.2%	92.1%	92.2%
YOLOv8	92.2%	91.9%	93.4%
YOLOv11	93.2%	93.9%	94.2%

3.4 泛化实验

为验证本文的模型的普适性,采用IP102公开数据集进行试验,IP102数据集是一个用于昆虫害虫识别的大规模基准数据集,包含水稻、玉米、小麦、甜菜等害虫,其中包含各类害虫共102种,被用于训练和测试害虫识别和检测模型。选取IP102数据集,作为本实验的泛化实验数据。在其中选取其中五类最具代表性的昆虫进行实验对比。其中YOLOv8模型与YOLOv11模型mAP0.5分别为36.8%、41.6%。

实验证明YOLOv11模型比YOLOv7模型提高了2.0个百分点。说明YOLOv11模型具有较好的泛化性,可以有效提高模型的识别精度。对害虫的识别和防治具有实际应用意义,同时在农业生产中能够更好地发现和防控害虫,提高农作物产量。

4. 结论

本研究成功构建了基于YOLOv11算法的农林病虫害智

能检测系统,相比于其他YOLO系列的模型显著提升了复杂农林场景下病虫害目标的检测精度与鲁棒性。实验结果表明,系统在保证130FPS实时处理能力的同时,平均检测精度达到94.2%,有效解决了传统方法对小尺度虫卵、病斑识别不足及恶劣环境适应性差的问题。系统通过端到端的检测框架实现了病虫害的早期精准识别,为农林生产的智能化监管提供了技术支撑,具有减少农药滥用、降低经济损失的应用潜力。未来将进一步扩大病虫害种类样本库,优化轻量化部署方案,并探索与无人机巡检、智能施药设备的协同应用,推动农业绿色可持续发展。

参考文献:

- [1] 李浩. 基于多尺度特征增强与特征融合的水稻害虫检测和识别[D]. 南昌: 江西农业大学, 2022.
- [2] 徐红星, 杨亚军, 郑许松, 等. 二十一世纪以来我国水稻害虫治理成就与展望[J]. 应用昆虫学报, 2019, 56(06): 1163-1177.
- [3] 陆宴辉, 梁革梅, 张永军, 等. 二十一世纪以来棉花害虫治理成就与展望[J]. 应用昆虫学报, 2020, 57(03): 477-490.
- [4] HAN R, HE Y. Remote automatic identification system of field pests based on computer vision[J]. Transactions of the Chinese society of agricultural engineering, 2013, 29(3): 156-162.
- [5] 肖德琴, 黄一桂, 张远琴, 等. 基于改进Faster R-CNN的田间黄板害虫检测算法[J]. 农业机械学报, 2021, 52(6): 242-251.

作者简介:

刘趁心(2003—), 男, 汉族, 安徽阜阳人, 本科, 研究方向为计算机视觉, 深度学习, 智慧农业。

基金项目:

2023年国家级大学生创新创业训练计划项目(202313617007)和2022年度高等学校省级质量工程项目(S202213617005)。