

基于图结构引导的稻穗骨架解析与关键表型参数无损测量方法

周云成¹ 李瑞阳¹ 张羽¹ 梁铨玮² 王珏¹

(1. 沈阳农业大学信息与电气工程学院, 沈阳 110866; 2. 沈阳农业大学水稻研究所, 沈阳 110866)

摘要: 穗部表型参数的高通量、无损获取是水稻育种与表型组学研究的关键环节。针对传统人工测量方法效率低、破坏性强,以及现有图像法依赖人工先验、灵活性差等问题,提出一种基于图结构引导的稻穗骨架解析与关键表型参数无损测量方法。首先,在 YOLO v9 模型基础上,引入混合背景数据增广与 WIoU 损失,训练出鲁棒性更强的穗节与穗颈节关键点检测模型;其次,对稻穗图像进行阈值分割与细化,提取其骨架并构建无向图拓扑结构;最后,将模型检测到的关键点与骨架拓扑图深度融合,判别关键点类别,并辅助图论算法自动识别提取穗轴、一次枝梗与二次枝梗,依据标定物实现像素尺度至物理尺度的转换。试验结果表明,优化后的关键点检测模型在穗颈节与穗节检测上的 mAP 较基准模型分别提高 4.5、2.4 个百分点,召回率分别提升 7.8、4.0 个百分点,关键点正确检测比例分别提升 4.6、5.0 个百分点。在结构计数方面,穗节点计数实现零误差,一次枝梗与二次枝梗计数的平均相对误差分别不超过 0.39%、2.38%。在尺度参数测量中,稻穗的一次枝梗、二次枝梗、穗轴长度及穗节间长度的平均相对误差可控制在 3.2%、7.5%、3.1% 与 5.2% 以内,平均绝对误差分别不超过 2.9、2.3、2.3、1.6 mm。本研究实现了稻穗关键表型参数的自动无损提取,可为稻穗表型分析提供一种技术方案。

关键词: 水稻; 稻穗; 表型参数; 图结构引导; 目标检测

中图分类号: S24; TP391

文献标识码: A

文章编号: 1000-1298(2026)01-0092-12

OSID:



Graph Structure-guided Rice Panicle Skeleton Parsing and Non-destructive Measurement of Key Phenotypic Parameters

ZHOU Yuncheng¹ LI Ruiyang¹ ZHANG Yu¹ LIANG Chengwei² WANG Jue¹

(1. College of Information and Electrical Engineering, Shenyang Agricultural University, Shenyang 110866, China

2. Rice Research Institute, Shenyang Agricultural University, Shenyang 110866, China)

Abstract: The high-throughput and non-destructive acquisition of panicle phenotypic parameters is a key step in rice breeding and phenomics research. To address the limitations of traditional manual methods—which are inefficient and destructive—and the poor flexibility of existing image-based methods that rely on manual priors, a graph structure-guided approach for skeleton parsing and non-destructive measurement of key phenotypic parameters was proposed. Firstly, building on the YOLO v9 framework, a more robust key point detection model was trained by incorporating mixed-background data augmentation and a Wise-IoU (WIoU) loss function to improve the detection of panicle nodes and neck nodes. Next, threshold segmentation and thinning were applied to panicle images to extract skeletal structures and construct an undirected graph topology. The detected key points were then deeply integrated with the skeleton topology to classify key point types and assist graph-based algorithms in automatically identifying the rachis, primary branches, and secondary branches. Physical scale conversion was achieved by using a calibration object. Experimental results demonstrated that the improved detection model increased mAP for neck nodes and panicle nodes by 4.5 and 2.4 percentage points, respectively, compared with the baseline, while recall was improved by 7.8 and 4.0 percentage points, and the correct detection ratio of key points was increased by 4.6 and 5.0 percentage points. In structural counting, panicle node counting achieved

收稿日期: 2025-10-01 修回日期: 2025-10-20

基金项目: 国家重点研发计划项目(2023YFD1501303、2021YFD1500204)

作者简介: 周云成(1979—),男,教授,博士,主要从事农业人工智能技术研究,E-mail: zhouyc2002@syau.edu.cn

通信作者: 王珏(1980—),女,讲师,主要从事机器学习与农业信息化技术研究,E-mail: wangjue@syau.edu.cn

zero error, and the mean relative errors for primary and secondary branch counts were within 0.39% and 2.38%, respectively. For dimensional measurements, the mean relative errors of primary branch length, secondary branch length, rachis length, and internode length were controlled within 3.2%, 7.5%, 3.1%, and 5.2%, respectively, with mean absolute errors not exceeding 2.9 mm, 2.3 mm, 2.3 mm, and 1.6 mm. The research result achieved automatic and non-destructive extraction of key rice panicle phenotypic parameters, providing a viable technical solution for high-throughput panicle phenotyping.

Key words: rice; rice panicle; phenotypic parameter; graph structure guidance; target detection

0 引言

水稻是我国主要粮食作物,其高产稳产对国家粮食安全至关重要^[1]。稻穗的穗轴长度、穗节间长、枝梗长度与数量、穗轴直径等表型参数,是决定产量与品质的关键结构性状^[2-5]。穗部不仅是产量的承载器官,其本身也具备光合能力,直接贡献于籽粒灌浆。然而,近期研究^[6]指出,穗部生理功能的深入解析长期受困于精确、无损表型测量方法的缺失。传统稻穗表型测量依赖人工脱粒与裁枝,过程繁琐且具破坏性,难以满足基因组学推动的高通量表型测量需求^[7-8]。因此,开发高效、无损的稻穗表型参数提取技术,对于现代水稻育种与遗传研究具有重要意义^[9-10]。

围绕这一目标,国内外学者在水稻等作物的形态学识别、表型参数测量等方面开展了广泛的研究,其技术路线大致经历了从传统图像处理到深度学习应用的演进。SUN 等^[9]通过阈值分割和 Astar 算法实现了穗长的测量,其测量精度为 97.13%。但该方法无法提取复杂的枝梗参数,且应用了最长路径为穗轴的先验假设,该假设在一些品种的稻穗上并不成立。IKEDA 等^[10]应用扫描仪成像,提出一种基于图像处理技术的水稻穗部参数提取方法,能够实现穗长、一次枝梗长度和各级枝梗数量的测量。但该方法依赖于人工提供的元信息,需手工标注出穗轴根部。HUANG 等^[11]应用长、短焦镜头相机,分别获取稻穗的局部细节图像和整体图像,通过共配准技术获取穗颈节并测量稻穗长度。该方法需固定稻穗摆放形态和方向,灵活性不足。AL-TAM 等^[12]开发的 P-TRAP 软件同样在关键节点判断上依赖人工。传统方法^[9-12]的共性问题在于,高度依赖人工干预与先验知识,难以自动化地解析复杂的穗部拓扑结构。

深度学习技术的兴起为作物表型检测开辟了新路径。在器官级识别方面,DUAN 等^[13]基于多角度成像与神经网络实现了水稻穗数的自动化统计;杨万里等^[14]应用深度学习进行了穗部检测与穗质量预测。然而,与穗计数这类整体性任务相比^[15-16],稻穗内部精细结构(如穗轴、枝梗)的自动化解析与参数测量更具挑战性。为此,研究焦点逐渐转向关

键点检测与骨架提取。王敏娟等^[17]分别采用 YOLO v5m 与改进的 CBAM-CPN 模型、堆叠沙漏网络,实现了单分蘖水稻植株的关键点预测与骨架还原。然而,当面对多分蘖、籽粒密集、枝梗遮挡的天然稻穗时,这些方法易受粘连与遮挡干扰,导致骨架提取不完整、关键点定位漂移,更缺乏对稻穗整体拓扑结构的深层理解,因而难以准确拆解穗轴、一次枝梗与二次枝梗等语义部位,限制了关键构件参数的高精度自动化获取。为突破室内可控环境的限制,实现田间复杂场景下的性状采集,近期研究开始探索基于三维重建的解决方案。例如,PanicleNeRF 方法融合神经辐射场与深度学习模型,成功实现了田间稻穗的高精度三维重建与穗长、穗体积等宏观性状的提取,标志着技术从受控环境走向田间应用的重要进展^[18]。然而,此类三维方法的研究重心仍在于穗部整体的外部几何属性,内部复杂的拓扑结构解析问题仍未得到充分解决,且三维重建成本高,计算复杂度大。

本研究为克服现有方法在自动化程度、解析粒度方面的不足,提出一种在不脱粒条件下的稻穗关键表型参数自动获取方法。首先基于 YOLO v9 目标检测模型进行优化,构建穗颈节与穗节关键点检测模型;进而从稻穗图像中提取骨架并构建无向图拓扑结构;结合关键点检测结果和图结构分析,自动确定穗轴;在此基础上,利用图论算法对稻穗拓扑结构进行自动拆解,分离出穗轴、一次枝梗与二次枝梗;最终,通过标定物实现像素尺度至物理尺度的转换,完成穗轴长度、枝梗长度、穗节间长、穗轴直径等关键表型参数的高精度、无损提取。

1 数据集构建

1.1 供试材料

选取了 3 种具有典型穗型特征的水稻亚种群体作为试验材料,具体包括粳型代表材料、东北粳稻育种家恢复系材料及东北粳稻杂交种材料各 35 份。粳稻材料于 2022 年在沈阳农业大学水稻研究所试验基地种植,其穗型紧凑,一次枝梗数量较多;籼稻材料则于 2023 年夏季在海南试验田种植,穗型多呈松散状,籽粒分布较为稀疏。两地试验均采用随机

区组设计,栽培管理措施严格遵循当地标准化生产规程。在水稻成熟期,从每个品种群体中随机选取10株典型植株,使用标准采样工具截取其主穗,经自然阴干处理后,统一置于温度 $(25\pm2)^{\circ}\text{C}$ 、相对湿度45%的干燥环境中保存,以供后续表型参数测定使用。

1.2 成像平台

为获取高质量稻穗图像用于后续分析,本研究搭建了一套专用成像平台(图1a)。平台的载物台为一块黑色EVA泡棉板 $(1\text{ m}\times0.5\text{ m}\times45\text{ mm})$,该材质能有效抑制光线反射,且其表面质地便于插拔用于固定稻穗的标本针。图像采集设备为海康威视MV-CH250-90VC型工业相机(分辨率:5120像素 $\times$ 5120像素),通过USB 3.0接口与便携式计算机相连,用于图像采集与处理。相机安装于三脚架的水平滑动杆上,高度与位置可灵活调节。图像拍摄时,确保相机光轴近似垂直于载物台,相机镜头中心与载物台表面距离约80 cm。

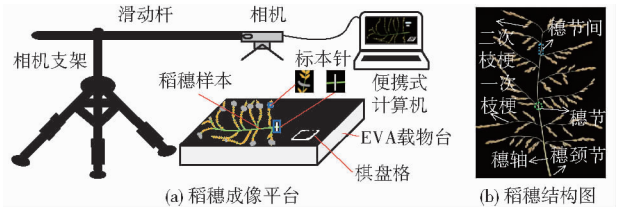


图1 稻穗成像平台与稻穗结构图

Fig.1 Imaging platform and rice panicle structure diagram

1.3 图像采集

分别从105份供试材料中随机选择多个稻穗用于图像采集,共选取了973个稻穗。每次将单个稻穗置于载物台上,梳理开枝梗并用标本针固定。稻穗旁放置一块浮法玻璃基板材质的棋盘格标定板(尺寸70 mm $\times$ 70 mm,格距10 mm),用于后续图像尺度与实际物理尺度的换算。调整相机位置,使其垂直对准稻穗上方进行成像,每个稻穗拍摄1幅图像。随机选取273幅图像及对应稻穗作为测试集样本,用于测试算法所提取表型参数的准确性,其余样本作为训练集,用于训练后续基于YOLO的关键点检测模型。

图像拍摄完成后,对测试集样本稻穗做进一步处理,剪枝测量稻穗枝梗及穗轴长度并记录数量与对应编号。测量工具为最小刻度0.5 mm、长度20 cm的直钢尺,将人工测量及计数结果作为真实值。稻穗图像及测量结果共同构成本研究数据集。

2 稻穗关键表型参数提取方法

2.1 总体技术框架

稻穗结构形态(图1b所示)可以看作是以穗茎

节为根的树状结构。因此在稻穗图像上,如果穗茎节、穗节、枝梗末梢点(关键点)位置已知,可基于稻穗二值化图像,应用最短路径搜索算法提取出稻穗上任何两个关键点之间的部位。传统方法在测量过程中,通过人工来指定穗茎节等关键点位置^[12],自动化程度低。本研究则借助基于深度学习的目标检测模型,检测稻穗的关键点。当前目标检测模型的训练主要采用有监督学习的方法,需要大量的标注数据^[16]。针对本研究目标,即基于稻穗图像自动实现穗轴长度与直径、一/二次枝梗数量与长度、穗节数等关键表型参数提取,则需要目标检测模型能同时检测出穗茎节、穗节、所有枝梗末梢和枝梗的分叉点。这要求对训练目标检测模型的样本做详细的精细化标注,标注工作量大、成本高。为降低模型训练样本的标注工作量,提出穗茎节、穗节关键点检测和稻穗骨架拓扑结构分析相结合的表型解析方法。

首先用训练好的目标检测模型,在原始稻穗图像上检测穗茎节与穗节的位置,输出二者的检测框。进一步对稻穗图像进行二值化处理,提取稻穗像素区域,并通过细化算法生成单像素宽度的骨架图。在骨架图基础上结合8邻域检测构建无向图结构,根据无向图顶点度的分析,识别出稻穗所有端点(包括穗颈节点和枝梗末梢)和分支点(包括穗节点和二次枝梗在一次枝梗上的分叉点)。进而根据端点和分支点的图像坐标,将落在穗颈节检测框内的端点判定为根(穗颈节)端点,其他端点则是枝梗末梢端点,将落在穗节检测框内的分支点判定为穗节点(一次枝梗的分叉点),其他则是次级枝梗的分叉点。进一步基于无向图拓扑分析,将距离根端点最远的穗节点至根的最短连通路径识别为穗轴。基于穗轴识别结果和无向图拓扑结构分析,解析出稻穗的整体结构,实现穗轴与一/二次枝梗的语义分离。通过分别累加各枝梗路径所包含的像素数,并依据棋盘格标定物获得的像素-物理尺寸转换关系,最终计算出枝梗长度等表型参数。整个技术框架如图2所示。

采用关键点检测结合骨架图拓扑结构分析的稻穗表型检测流程具有一定的优势。首先二者相结合,能够有效降低目标检测模型的样本标注工作量。由于枝梗末梢端点的数量远大于穗茎节的数量,二次枝梗分叉点的数量通常多于穗节点的数量,基于图结构分析出的关键点,可有效降低对目标检测模型关键点检测范围的需求,进而降低模型训练样本的标注工作量。同时基于图结构分析出的关键点,也能对关键点检测模型的出错率具有良好的容限性。如果仅基于关键点检测结果进行表型检测,检

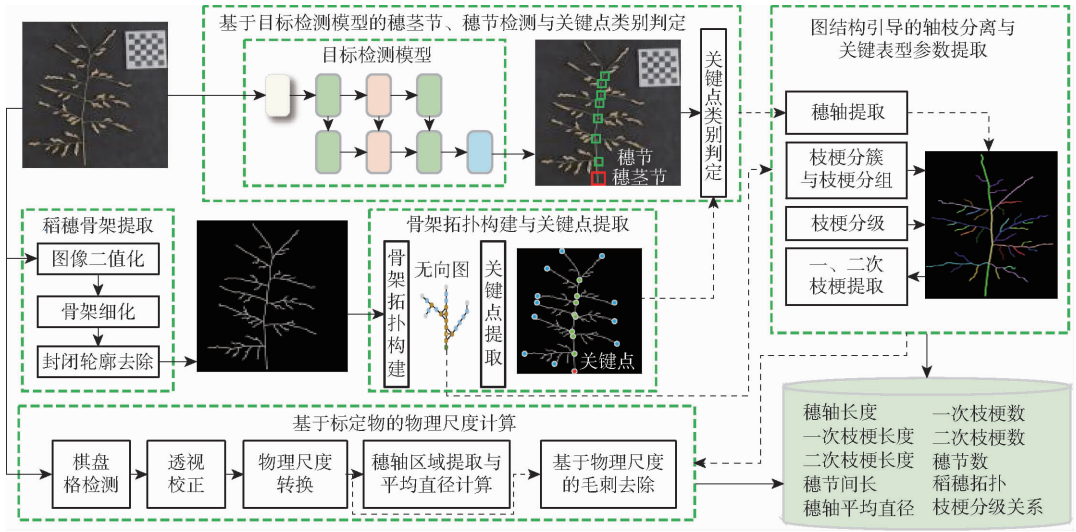


图 2 稻穗关键表型参数提取总体技术框架图

Fig. 2 Overall technical framework for extracting key phenotypic parameters of rice panicle

测模型一旦漏检关键点,则完全无法正确检测稻穗表型。如果仅基于骨架拓扑结构分析,则需要在检测过程中人工参与标记关键点,自动化程度低。而二者相结合,则能够有效弥补各自的缺点。

2.2 基于目标检测模型的穗茎节与穗节检测

2.2.1 基于 YOLO v9 的穗茎节与穗节检测模型

YOLO^[19]在目标检测中表现卓越,本研究选用 YOLO v9 作为稻穗穗茎节、穗节关键点检测的基准模型,并针对稻穗关键点检测任务的特点进行优化。YOLO v9 采用基于广义高效层聚合网络(GELAN)构建的主干网络,从输入稻穗图像中提取多尺度特征金字塔(P1 ~ P5)。随后,通过双向路径聚合网络(PANet)对 P3、P4 和 P5 共 3 层特征进行跨尺度融合,增强语义信息与位置细节的传递。融合后的多尺度特征分别输入至不同规格的解耦检测头,独立输出对应尺度目标的边界框坐标、类别标签及置信度。

2.2.2 混合背景图像增广方法

为提高目标检测模型的泛化能力,在模型训练过程中,常采用多种数据增广方法(如 Mosaic、MixUp、翻转、旋转、透视变换及色彩空间调整等)对图像进行变换。用于表型检测的稻穗图像通常在背景单一的受控环境中采集,即使经过常规增广处理,图像复杂度仍然有限,模型容易过拟合。此外,实际应用场景中成像背景可能变化,要求关键点检测模型具备良好的背景适应能力。为此,提出一种基于背景替换的数据增广策略,以进一步提高样本多样性。设 I_b 为新背景图像, I 为稻穗图像, M 为稻穗二值图像。将 M 作为稻穗区域掩码,背景变换后的稻穗图像为

$$I' = M \odot I + (1 - M) \odot I_b \quad (1)$$

式中 $\odot$ ——Hadamard 积运算符号

通过实际拍摄与网络搜索,构建了包括木纹、布纹、金属、石材、皮革、路面等材质类型的背景图像数据集。在模型训练过程中,随机从该数据集中选择 k 幅图像 $\{I_1, I_2, \dots, I_k\}$, $k \in [1, K]$, K 为控制混合背景复杂度的超参数,同时生成 k 维随机向量 $\mathbf{v}$,并通过 Softmax 函数将 $\mathbf{v}$ 转化为随机概率分布向量 $\mathbf{q} = [q_1, q_2, \dots, q_k]^T$,用 $\mathbf{q}$ 作为权重向量,将 k 幅图像组合成 I_b ,该过程公式为

$$I_b = \sum_{i=1}^k q_i I_i \quad (2)$$

通过随机混合背景生成方法,增加稻穗图像背景的多样性与复杂性,背景增广示例如图 3a。由于该方法仅替换图像背景区域,不改变稻穗前景及关键点位置,因此无需对训练样本进行重新标注。通过混合背景增广,提升模型对关键点的定位能力与背景变化的鲁棒性。

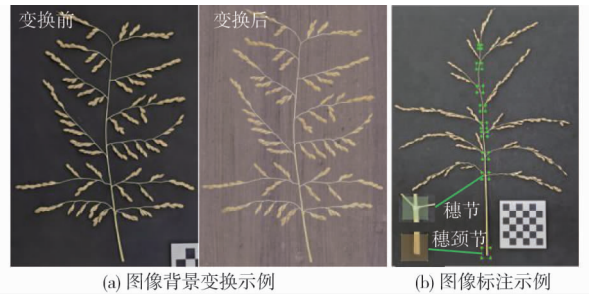


图 3 图像背景变换与标注示例

Fig. 3 Example of image background transformation and annotation

2.2.3 损失函数改进

目标检测模型主要采用有监督学习方法,其中框回归(Bounding box regression, BBR)损失最小化是模型的主要优化目标,直接决定模型的目标定位性能。稻穗穗轴上的穗节与穗茎节是待检测的关键

目标,这两类目标细小,为了使目标检测模型能够框选出关键点,在稻穗图像训练样本构建过程中,会在关键点周围较大尺度范围内人工圈选标注框,但这也可能造成不同操作员在不同图像上难以把握相同的标注尺度,待检测的关键点也难以严格定位在标注框的中心位置。YOLO v9 采用 CIoU 作为边界框回归损失,该损失对预测框与标注框之间的中心点距离和长宽比施加额外惩罚。然而,由于标注框本身存在尺度不一致和中心偏移问题,CIoU 中的惩罚项反而会降低模型的泛化能力。为解决上述问题,采用对标注差异更具鲁棒性的 WIoU 损失^[20]作为边界框回归的优化目标,其计算公式为

$$L_{WIoU} = rR_{WIoU}L_{IoU}$$

(3)

$$L_{IoU} = 1 - IoU \quad (IoU \in [0, 1])$$

(4)

其中

$$R_{WIoU} = \exp\left(\frac{(x - x_{gt})^2 + (y - y_{gt})^2}{(W_g^2 + H_g^2)^*}\right)$$

$$(R_{WIoU} \in [1, e])$$

(5)

式中 r ——非单调梯度增益因子
 L_{IoU} ——预测框与标注框的 IoU 损失
 R_{WIoU} ——预测框与标注框的中心点距离
 (x, y) ——预测框中心点坐标
 (x_{gt}, y_{gt}) ——标注框中心点坐标
 W_g, H_g ——预测框与标注框的最小外接矩形宽和高
 $*$ ——梯度停止操作运算符

预测框与标注框的中心点距离越远, R_{WIoU} 越大,可通过式(4)有效放大一般质量预测框的 L_{IoU} ,提高模型对这种预测框的关注度。预测框与标注框的重合度越高, L_{IoU} 值越小,进而可降低 R_{WIoU} 对中心点距离的关注度。因此式(4)的定义具有双重注意力机制,理论上可缓解稻穗图像标注差异对模型训练造成的影响。非单调梯度增益因子 r 为

$$r = \frac{\beta}{\delta \alpha^{\beta - \delta}}$$

(6)

其中 $\beta = \frac{L_{IoU}^*}{L_{IoU}}$
式中 α, δ ——调节 r 的超参数
 $\bar{L}_{IoU}$ ——模型训练过程中 L_{IoU} 的滑动平均值
 L_{IoU}^* ——梯度停止的 IoU 损失

β ——离群度

该设计使 WIoU 具备非单调特性,在预测质量较高或标注质量较低时均会减小梯度,从而引导模型聚焦于一般质量的预测框,避免对异常标注的过拟合。WIoU 因此对标注差异具备良好鲁棒性,适用于本任务中的关键点检测场景。

2.2.4 目标检测模型训练

用 Labellmg 作为图像标注工具,对本研究采集的 973 幅原始稻穗图像进行标注,人工框选出穗茎节和穗节位置并标注目标类型,标注示例如图 3b 所示。用训练集图像及人工标注结果,训练基于 YOLO v9 的关键点目标检测模型,使模型具备在原始稻穗图像上检测穗节和穗茎节的能力。而测试集图像及对应标注结果主要用于检验优化后的 YOLO v9 模型的穗节与穗茎节检测能力。训练过程中,将本研究提出的混合背景增广策略与 YOLO v9 原有的数据增广方法结合,并用 WIoU 作为模型框回归损失,训练方法则与原始 YOLO v9 模型相同。用训练后的模型来检测原始稻穗图像上的穗茎节与穗节位置,输出检测框,用于后续分析。

2.3 稻穗骨架提取

2.3.1 图像二值化

先对稻穗图像(图 4a)进行二值化处理。基于稻穗与载物台背景之间的颜色差异,采用大津法(OTSU)^[21]分割稻穗像素区域,进行二值化处理,其中前景(稻穗)像素设为 1,背景像素设为 0。由于枝梗结构纤细,在特定光照条件下部分区域与背景对比度较低,易导致前景误分为背景,造成枝梗区域不连续,影响后续拓扑结构分析的准确性。本研究进一步对二值化图像进行形态学闭运算,以连接可能断裂的枝梗区域并填充细小孔隙。图像采集时,载物台上可能残留脱落籽粒、碎枝梗等杂物,此类干扰物在二值化后仍被保留。为有效提取完整稻穗区域,进一步开展连通域分析,采用 8 邻域广度优先搜索算法标记图像中所有连通区域,依据“稻穗主体外接多边形面积大于其他连通域”先验,保留外接多边形面积最大的连通域,剔除其余杂散区域,获取仅包含完整稻穗像素的二值化图像(图 4b)。

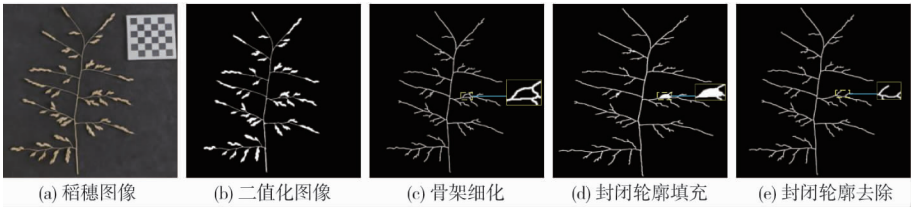


图 4 稻穗骨架提取过程

Fig. 4 Rice panicle skeleton extraction process

2.3.2 骨架提取及封闭轮廓去除

进一步在二值化图像基础上提取稻穗骨架。本研究首先应用 Zhang - Suen 细化算法^[22] 获取初始骨架(图 4c)。在稻穗图像中,稻粒之间以及稻粒与枝梗之间常存在封闭孔隙,细化过程中这些孔隙会诱导骨架形成冗余的封闭轮廓(图 4c),影响后续拓扑结构分析的准确性。为解决这一问题,采用文献[23]提出的轮廓检测方法,定位初始骨架中的封闭轮廓区域,并对轮廓内部背景像素进行浸染处理,即以前景像素填充封闭轮廓区域,形成浸染图像(图 4d)。随后,对浸染图像再次进行细化处理,即可获得去除封闭轮廓后的单像素宽度稻穗骨架图像(图 4e)。

2.4 稻穗骨架拓扑构建与关键点提取

2.4.1 稻穗骨架拓扑图构建

单像素宽度的稻穗骨架图像为后续结构分析与表型参数提取提供了基础。在骨架连续(即每个前景像素均存在相邻前景像素)的前提下,可将稻穗骨架像素建模为无向图结构^[24]。在该无向图构建过程中,每个骨架像素被视为一个顶点。通过 8 邻域(图 5a)检测方法识别每个顶点的相邻骨架像素,并将其视为直接连通的顶点。在此基础上,向无向图 G 中添加相邻顶点之间的连通边,并将所有边的距离权重设为 1。通过逐像素遍历,最终将稻穗骨架图像转换为无向图 G (图 5b、5c)的数据结构,表示为

$$G = \langle V, E \rangle \tag{7}$$

式中 V ——所有骨架像素构成的顶点集合

E ——顶点间的邻接边集合

在无向图生成过程中,同时记录顶点及对应像素坐标 P 的映射关系 $\{V, P\}$ 。后续通过对 G 进行拓扑与连通性分析,提取相关参数。

2.4.2 基于顶点度的关键点提取

穗茎节、穗节、二次枝梗分叉点、枝梗末梢点是稻穗拓扑结构的关键顶点,其准确判别是后续表型参数提取的关键前提。在单像素宽度的稻穗骨架中,穗茎节点和枝梗末梢点(端点)具有明显特征,即 8 邻域内相邻像素只有 1 个,而穗节和二次枝梗分叉点(分支点)的相邻像素则不少于 3 个,该特点体现为无向图 G 顶点的度(邻接顶点的数量)。通过对 G 进行顶点度的分析,实现端点和分支点的提取。遍历各顶点 v_i 的度 $d(v_i)$,若 $d(v_i) = 1$,则顶点为端点,若 $d(v_i) \geq 3$,则顶点为分支点,其余度为 2 的顶点则对应穗轴或枝梗上的普通骨架像素。基于分析结果,初步提取出端点集合 T 与分支点集合 N , T 和 N 均为 V 的子集。

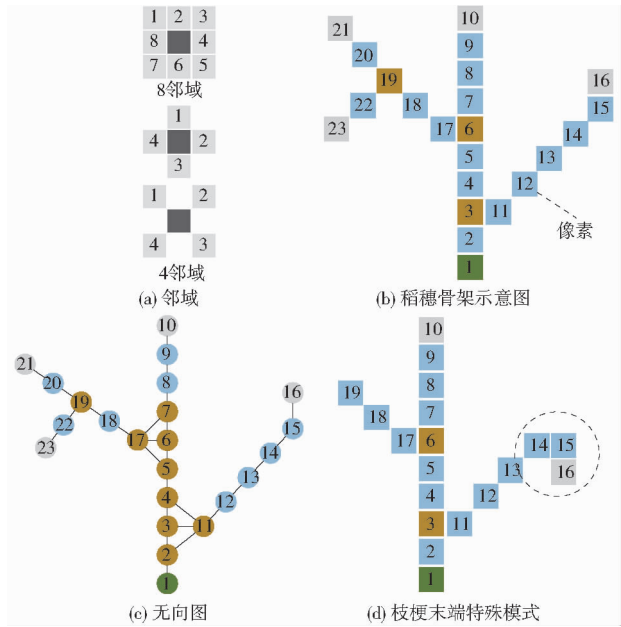


图 5 稻穗骨架拓扑图构建示意图
Fig. 5 Schematics of rice panicle skeleton topology

试验中发现,细化处理后的单像素稻穗骨架在穗轴或枝梗末梢会出现图 5d 所示的模式,即末梢顶点在 8 邻域内会有 2 个邻接顶点,此时该末梢顶点不会出现在端点集合 N 中,导致端点漏检。对于该问题,进一步用图 5a 所示的 4 邻域,在单像素稻穗骨架图像上对所有 $d(v_i) = 2$ 的骨架像素进行检测,若两种检测模式下 v_i 的邻接前景像素数均不超过 1,则将该顶点 v_i 补充到端点集合 T 中。

2.4.3 基于目标检测结果的关键点类别判定

基于顶点度分析得到的端点集合 T 和分支点集合 N 中的关键点具体类别尚未确定,其类别的确定是进一步提取稻穗各部位的基础。用上文训练得到的 YOLO v9 关键点目标检测模型(简记为 f)辅助进行关键点类别判定。设 $B = f(I)$ 为对稻穗原始图像 I 进行关键点检测后得到的检测框集合,其中每个检测框包含坐标 $b_i = (x_1, y_1, x_2, y_2)$ 、置信度 c_i 和类别 s_i ,即 $B = \{(b_i, c_i, s_i)\}$ 。首先,遍历 B ,提取所有类别为穗颈节的检测框,若存在多个穗茎节检测框,则根据置信度,选取 c_i 最高的检测框作为穗茎节 b_i 。鉴于稻穗图像与其单像素骨架图像像素对齐,进一步遍历 T ,若其中某端点的坐标 P 位于穗颈节 b_i 内,则将该端点判定为穗茎节(根)端点,记为 ζ ,其也是顶点集合 V 的元素。从 T 中去除 ζ ,此时 T 表示枝梗末梢端点集合。再次遍历 B ,提取所有类别为穗节的检测框。继而遍历 N ,将顶点坐标落入任一穗节检测框内的分支点判定为穗节点,构成穗节分支点集合 N_s ,其也是 V 的子集。 N 中的其余分支点则为二次枝梗分叉点。

2.5 轴枝分离及关键表型参数提取

基于稻穗骨架拓扑无向图 G 、已确定的穗茎节根端点 ζ 、穗节分支点集合 N_s 、枝梗末梢端点集合 T ，通过进一步的拓扑分析，进行稻穗穗轴和一、二次枝梗的分离，进而提取稻穗关键表型参数。

2.5.1 穗轴提取

基于无向图 G 的数据结构，对 N_s 中每一个穗节点 $N_{s,j}$ ，分别使用 Dijkstra 算法计算其到 ζ 的最短路径，路径顶点集合则记为 $P(N_{s,j})$ ，其元素数量反映了 $N_{s,j}$ 与 ζ 的远近。将距离 ζ 最远的穗节点 $N_{s,m}$ 视为顶端穗节， ζ 到 $N_{s,m}$ 的路径顶点集合 $P(N_{s,m})$ 对应的像素则构成了独立的穗轴骨架。穗轴骨架的提取依赖于根端点 ζ 和顶点穗节的有效检测。为提高关键点检测结果的可靠性和精确率，实际工作中，可通过集成学习来结合多个目标检测器的检测结果，提高穗颈节与穗节的检测精度与召回率。

无向图 G 基于 8 邻域构建，在枝梗分支处会提取出重复的分支点（图 5c）。通过对穗节分支点集合 N_s 进行去重，可降低后续算法的计算开销，根据穗节应位于穗轴上这一先验，可去除 N_s 的部分重复。同时为应对关键点检测模型可能漏检穗节点，将 $P(N_{s,m})$ 顶点集合中，度不小于 3 的顶点重新认定为穗节点。本研究对穗节分支点集合 N_s 进行修正，计算式为

$$N_s \leftarrow N_s \cap P(N_{s,m}) \cup \{v_i | v_i \in P(N_{s,m}), d(v_i) \geq 3\}$$

(8)

2.5.2 枝梗分簇及穗节计数

基于枝梗末梢端点集合 T 和穗节分支点集合 N_s ，进一步对无向图 G 进行拓扑分析，将发育自同一穗节的所有枝梗归为同一簇，在同一个一次枝梗上的末梢端点归为同一分组（图 6）。

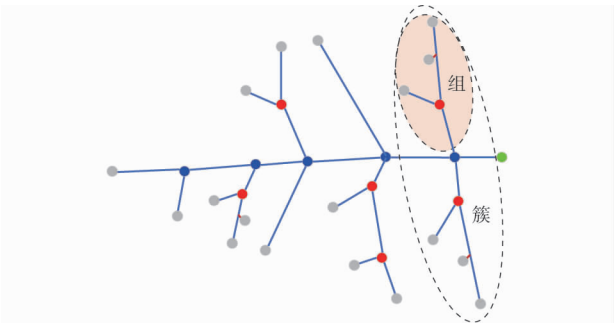


图 6 枝梗分簇与分组示例

Fig. 6 Example of branch clustering and grouping

基于分簇结果可进行穗节计数和下一步应用。枝梗分簇的具体步骤如下：

- (1) 初始化空哈希映射 $C_b \leftarrow \langle \rangle$ 用于枝梗分簇， $G_b \leftarrow \langle \rangle$ 用于存储一/二次枝梗路径。
- (2) 遍历枝梗端点集合 T ，对每个端点 T_i ，使用

Dijkstra 算法分别计算其到 N_s 中各分支点的最短路径，并将距离 T_i 最近的分支点 $N_{s,n}$ 作为其所属一次枝梗的穗节分支点，同时将 T_i 到 $N_{s,n}$ 的最短路径记为 T_i 的枝梗路径 $P(T_i, N_{s,n})$ ，进而建立映射 $T_i:P(T_i, N_{s,n})$ 并存入 G_b 中。

(3) 将 T_i 归类至对应穗节点 $N_{s,n}$ 的簇中。若 C_b 中不存在键 $N_{s,n}$ ，则创建新簇并初始化分组 $N_{s,n}:\{[T_i]\}$ ；若已存在键 $N_{s,n}$ ，则遍历该簇下各分组，若 T_i 枝梗路径与分组中某端点的枝梗路径存在重叠顶点，则表示 T_i 与该端点位于同一个一次枝梗上，将 T_i 归入该分组，若与所有组均无重叠顶点，则在 $N_{s,n}$ 下创建新分组。

(4) 重复步骤(2)、(3)，直至遍历完所有枝梗末梢端点。

经过上述步骤，可提取出枝梗的分簇和分组关系。由于发育自同一穗节的多个一次枝梗分叉点在位置上存在微小差异，在骨架细化时，同一穗节处会产生多个分支点，因此需对初步提取的簇做进一步合并，才能根据簇数统计穗节数。继续基于无向图 G ，利用 Dijkstra 算法计算各穗节点之间的最短连通路，将路径长度小于设定值的多个分支点所对应的簇合并为一个簇，并随机选择其中的一个分支点作为簇的主键。在簇合并操作后的 C_b 中，簇的数量表示穗轴上的穗节数量，各簇中所有分组的数量和则表示一次枝梗的个数，结合穗轴骨架，簇的主键穗节点则可进一步用于穗轴上各穗节间骨架的提取。

2.5.3 一/二次枝梗的提取

在上文提取的一/二次枝梗路径映射 G_b 中，记录了每个枝梗末梢端点到穗节分支点的最短路径，因二次枝梗发育自一次枝梗，该路径不能直接作为二次枝梗的独立骨架。 C_b 簇中的每个分组记录了单个一次枝梗上的所有末梢端点，设 g 为 C_b 某个簇中的一次枝梗分组，需要对分组中的所有端点进行分级，确定其是一次枝梗端点还是二次或多次枝梗端点。为对 g 中的端点进行分级，应用递归的方法设计了枝梗分级算法，如算法 1 所示。

算法 1：枝梗分级 (Branch-classify, BC)

input: 枝梗分组 g ，枝梗路径映射 G_b ，稻穗拓扑无向图 G

output: 枝梗分级树 $tree$

初始化分级树空映射 $tree \leftarrow \langle \rangle$

识别主导枝梗。结合 G_b 和 G ，在 g 中找寻枝梗路径最长的端点 T_m ，其枝梗路径 $G_b[T_m]$ 顶点集合为主导枝梗骨架。

$g \leftarrow g - T_m$ ，从 g 中移除主导枝梗端点

for each T_x in g do // 路径剪枝

$G_b[T_x] \leftarrow G_b[T_x] - G_b[T_x] \cap G_b[T_m]$, 从当前路径中移除与主导枝梗共享的路径部分
子组聚类。将 g 中端点划分为若干子组 $\{g_1, g_2, \dots, g_k\}$, 任意两个端点 T_i, T_j 被划分为一个子组的依据为二者剪枝后的路径满足 $G_b[T_i] \cap G_b[T_j]$ 元素数大于 1

```
for each  $g_k$  in  $\{g_1, g_2, \dots, g_k\}$  do    // 递归构建子树
    if length( $g_k$ ) > 1 then
         $subtree_k \leftarrow BC(g_k, G_b, G)$ , 递归调用构建子树
     $tree \leftarrow \langle T_m : \{subtree_1, subtree_2, \dots, subtree_k\} \rangle$ , 将根到子树集合的映射添加到枝梗分级树中
return tree
```

应用算法 1, 可将 C_b 中每个一级枝梗分组转换为枝梗分级树, 同时算法 1 在递归执行过程中, 已将 G_b 中所有层级的枝梗路径更新为独立骨架。因此根据每个一级枝梗分级树的枝梗末梢端点分组层级, 可确定对应枝梗的层级(一次、二次等), 对应统计出二次枝梗的数量。根据 G_b 中的枝梗骨架路径可计算各级枝梗的像素长度。

2.5.4 穗轴平均直径计算

基于多级枝梗独立骨架路径提取结果 G_b , 生成与稻穗图像 I 大小相同的枝梗骨架二值图像 I_f , 对 I_f 进行非运算, 生成 I_r , 将 I_r 与稻穗单像素宽度骨架图像 I_m 做 Hadamard 积运算, 生成仅保留穗轴单像素骨架的图像 I_z , 即有 $I_z = I_r \odot I_m$ 。进一步对 I_z 进行形态学膨胀操作, 生成穗轴掩码图像 I_s 。对 I_s 和 I 进行 Hadamard 积运算, 可提取出只包含穗轴的二值图像 I_l 。 I_l 的前景像素数可表示穗轴区域的面积 S_l , 用穗轴单像素宽骨架的像素数作为穗轴的像素长度 l_l , 用 $\bar{R} = S_l / l_l$ 可计算穗轴的平均像素直径。

总体上, 根据上述方法, 可统计出一、二次枝梗和穗节的数量。根据穗轴、穗节间和一、二次枝梗独立骨架的提取, 可获取以像素计的骨架长度、直径等参数信息。

2.6 基于标定物的物理尺度计算

2.6.1 物理尺度转换

为便于比较不同品种稻穗的尺度参数差异, 需将穗轴等的像素长度转换为实际物理长度。借助于图像采集时稻穗样本旁放置的已知尺寸棋盘格标定物, 实现物理尺度转换。首先计算棋盘格区域单个像素对应的实际物理尺寸。考虑到相机成像时光轴难以完全垂直于载物台平面, 视角倾斜会导致图像不同区域的像素物理尺度不一致。为减小由此引入的测量误差, 在分析稻穗图像前先进行透视校正处理。理想正视条件下, 棋盘格的平行线在图像中应保持平行。基于此, 采用文献[25]提出的棋盘格角

点检测算法定位角点坐标, 据此计算透视变换矩阵并对图像进行校正。校正后, 重新提取棋盘格角点坐标, 根据角点位置计算各单元格边长(以像素为单位), 进而计算物理尺度转换系数 λ

$$\lambda = \frac{1}{C} \sum_{i=1}^C \frac{L}{L_i} \quad (9)$$

式中 C ——棋盘单元格数

L ——单元格的实际物理长度, mm

L_i ——单元格边长, 像素

并用系数 λ 将穗轴等的像素尺度转换为物理尺度。

2.6.2 基于物理尺度的毛刺去除

一、二次枝梗上向外突出的松散稻粒细化后会产生毛刺(图 7a、7b)。根据上文方法构建的枝梗簇分级结构 C_b , 这些毛刺会被当作一次枝梗上的二次枝梗, 或者二次枝梗上的次级枝梗。如果不将这些毛刺去除, 会影响二次枝梗数量的统计精度。因此, 基于 C_b , 对一次枝梗的下级枝梗进行长度分析, 去除可能的毛刺。根据当前骨架去毛刺的相关研究, 基于长度阈值的去毛刺被普遍采用^[26]。考虑相机物理参数、离稻穗远近、图像分辨率等因素, 毛刺的像素长度是不固定的, 因此采用基于物理尺度的阈值设定方法。基于实际测量多个供试稻穗材料的稻粒长度, 采用 1.5 倍稻粒长度均值作为长度阈值, 将物理长度小于该阈值的枝梗从 C_b 中移除。考虑到稻粒根部紧密附着在枝梗上, 细化后其骨架的长度不会高于稻粒长度本身, 因此采用 1.5 倍稻粒长度阈值能够将稻粒产生的毛刺去除。同时根据许娜等^[27]的研究, 二次枝梗是稻粒的主要着生区, 单枝着生数普遍高于 20 粒且渐次排列, 1.5 倍的粒长通常也不会高于二次枝梗的长度。因此采用该阈值设定, 误将二级枝梗去除的概率极低。本研究应用该阈值设定, 对供试材料中的多个品种进行了去毛刺测试, 去除效果如图 7c 所示。从图中可以看出, 本研究的阈值设定, 较好去除了毛刺, 同时保留了二次枝梗的路径。因此采用 1.5 倍粒长作为阈值设定, 开展后续试验。

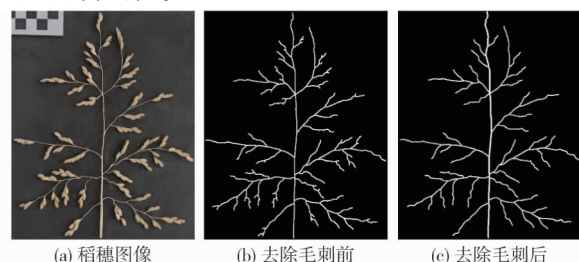


图 7 毛刺去除效果

Fig. 7 Burr removal effect

3 结果与分析

3.1 关键点检测模型有效性分析

3.1.1 检测方法比较

在 YOLO v9c 基础上引入本研究提出的基于背景变换的数据增广方法,以及框回归损失函数优化,作为关键点检测模型。关键点有效检测是本研究技术框架进行表型参数提取的基础,为验证优化后的

关键点检测模型的有效性,与优化前的 YOLO v9c,参数近似的 YOLO v8n、YOLO v10n、YOLO 11n^[20],以及经典的双阶段检测算法 Faster R – CNN^[29] 进行比较。各模型均使用本文构建的稻穗数据集进行训练和测试,用关键点检测的 mAP₅₀、mAP₅₀₋₉₅、召回率、精确率等指标进行评估,mAP₅₀ 和 mAP₅₀₋₉₅ 分别表示在交并比阈值为 0.5 和 0.5 ~0.95 之间的平均精度均值。结果见表 1。

表 1 不同模型的穗轴关键点检测性能比较
Tab.1 Comparison of detection performance of cob key points of different models

模型	穗颈节				穗节				计算延时/
	mAP ₅₀ /%	mAP ₅₀₋₉₅ /%	召回率/%	精确率/%	mAP ₅₀ /%	mAP ₅₀₋₉₅ /%	召回率/%	精确率/%	ms
Faster R – CNN	71.3	21.1	32.6	79.0	65.6	19.0	31.8	65.7	41.5
YOLO v8n	79.8	25.2	84.0	83.5	66.2	19.6	67.1	79.9	12.6
YOLO v9c	79.5	25.0	81.2	93.4	69.5	20.9	70.7	83.6	11.2
YOLO v10n	81.0	25.8	78.5	88.6	68.4	20.2	69.3	84.3	9.8
YOLO 11n	68.2	20.6	70.2	91.0	80.8	26.8	85.1	84.0	7.3
本文模型	85.4	28.1	89.0	98.0	72.6	22.6	74.7	88.6	8.7

由表 1 可知,在 YOLO v9c 基础上引入背景变换数据增广与框回归损失函数优化后,模型在穗颈节和穗节关键点检测上均取得显著性能提升。优化后的模型在 mAP₅₀ 和 mAP₅₀₋₉₅ 指标上分别达到了 85.4% 和 28.1%,较基准模型 YOLO v9c 提升约 5.9 个百分点和 3.1 个百分点。具体而言,优化模型在穗颈节点检测精确率方面较原模型提高了 4.6 个百分点,在穗节点的检测精确率上提升了 5.0 个百分点。相较于其他检测模型,本文模型也具有优势,在穗节检测精确率上,较 YOLO v8n、YOLO v10n 和 YOLO 11n 分别提高 8.7、4.3、4.6 个百分点。YOLO 11n 在穗节召回率 (85.1%) 上表现突出,但其穗颈

节 mAP₅₀ (68.2%) 低于其他 YOLO 模型。优化模型在关键点正确检测比例和召回率上均表现良好,尤其在穗节检测精确率方面,结果验证了关键点检测模型的有效性。

3.1.2 关键点检测模型消融试验

为进一步验证背景变换数据增广以及 WIoU 损失函数引入对稻穗关键点检测任务中的独立和联合贡献,基于 YOLO v9c 架构设计了系统的消融试验。分别将两种优化策略单独及组合引入基线模型,构成多个变体模型,并在同一稻穗数据集与相同训练条件下进行对比评估。结果如表 2 所示。

表 2 关键点检测模型消融试验结果
Tab.2 Results of ablation study of key point detection model %

数据增广	WIoU 损失	穗颈节				穗节			
		mAP ₅₀	mAP ₅₀₋₉₅	召回率	精确率	mAP ₅₀	mAP ₅₀₋₉₅	召回率	精确率
		79.5	25.0	81.2	93.4	69.5	20.9	70.7	83.6
√		82.9	27.3	85.8	97.4	70.6	21.7	72.4	88.0
	√	81.0	25.2	84.0	94.6	70.4	21.2	71.0	84.4
√	√	85.4	28.1	89.0	98.0	72.6	22.6	74.7	88.6

注:√表示使用混合背景数据增广方式或 WIoU 损失函数。

由表 2 可知,背景变换数据增广与 WIoU 损失函数的引入均对模型性能提升具有明确正向作用,且两者结合时可实现最佳性能。在仅引入背景变换数据增广后,模型对所有关键点类型的检测能力均有提升。在穗颈节检测中,mAP₅₀ 提升 3.4 个百分点,mAP₅₀₋₉₅ 提升 2.3 个百分点,召回率提升 4.6 个百分点,精确率提升 4.0 个百分点。在穗节检测中,

各项指标亦保持稳定增长。结果表明,背景变换数据增广有效增强了模型的鲁棒性,提高了模型的识别能力与泛化性能,尤其对缓解漏检问题贡献显著。仅引入 WIoU 损失函数也带来了小幅性能提升,表明 WIoU 通过优化边界框回归过程,更专注于提升定位质量,对整体检测精度产生了积极影响。同时使用背景变换数据增广与 WIoU 损失时,模型在穗

颈节与穗节的所有评估指标上均达到了峰值。联合策略带来的性能增益超过了任一策略单独使用的效果,显示出二者具备良好的协同效应。总体上,各优化策略对模型性能提升均是有效的。模型能够有效检测穗茎节和穗节,用于支撑进一步的稻穗拓扑分析。

3.2 稻穗骨架提取有效性评估

为验证本文提出的图结构引导的稻穗骨架及部位提取方法的有效性,从测试集中选取了多个典型形态的稻穗样本,结合关键点检测和拓扑结构分析,提取稻穗的穗轴、一次枝梗、二次枝梗等部位。部分样本的骨架及各部位提取结果如图 8 所示,不同颜色代表稻穗的不同部位。由可视化结果可以看出,本方法能够将提取的骨架位置信息精确地映射回原始稻穗轮廓,能够揭示骨架结构与稻穗形态之间的对应关系,在保留稻穗原始形态(非脱粒状态)的前提下,准确识别出穗轴与穗颈节间的空间走向,并清晰区分和重建了一次枝梗与二次枝梗的层级分支结构。所提出的图结构引导骨架提取方法,对不同形态稻穗均具有较好识别精度与结构还原能力。

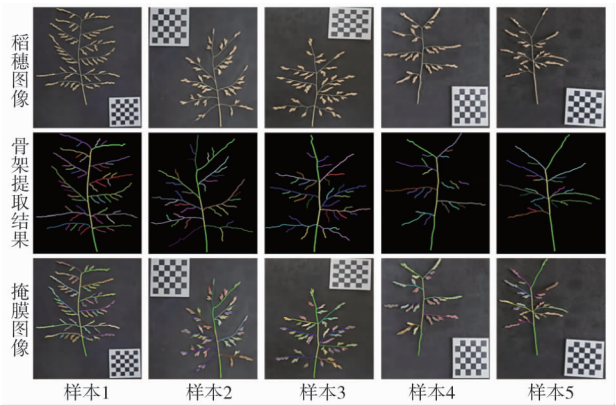


图 8 稻穗骨架提取效果示例

Fig. 8 Example of extraction effect of rice panicle skeleton

为验证本文方法在稻穗部位自动统计计数上的有效性与可靠性,在提取稻穗骨架的基础上,进一步开展基于稻穗骨架拓扑提取结果的穗节点、一次枝梗及二次枝梗计数试验,并将算法计数结果与人工计数结果进行对比。用平均绝对误差 (Mean absolute error, MAE)、平均相对误差 (Mean relative error, MRE)、均方根误差 (Root mean squared error, RMSE) 以及决定系数 R^2 评估计数性能。在稻穗图像测试样本上,算法对穗节点、一次枝梗、二次枝梗的计数精度如表 3 所示。

表 3 的定量计数结果进一步表明本文所提方法在稻穗结构自动化计量上是有效的。穗节点计数在所有评估样本中均实现零误差,证明方法对穗轴上关键点位识别的可靠性。一次枝梗计数的平均相对误差小于 1%,表明本文方法对一次枝梗具有良好

表 3 稻穗部位计数结果

Tab. 3 Counting results of rice panicle components				
部位	MAE	MRE/%	RMSE	R^2
一次枝梗	0. 04	0. 39	0. 20	0. 998
二次枝梗	0. 54	2. 38	0. 87	0. 996
穗节点	0	0	0	1. 000

的识别能力。二次枝梗作为最细小、密集的构件,计数难度较大,但方法仍将平均相对误差控制在 2. 38% 的较低水平,表明其对于复杂层级结构同样具备优良的解析与计量稳定性。总体上,本文方法能够实现稻穗结构部位的高精度计数。

3.3 稻穗尺度表型测量的有效性分析

为系统评估本研究方法在尺度相关的表型参数自动化测量上的准确性,进一步计算算法测量值与人工测量值之间的差异,对方法的有效性进行定量评估。考虑到不同亚种(籼稻与粳稻)及遗传背景(恢复系与杂交种)材料在穗部形态上存在固有差异,特别针对每类材料,重复测量了其枝梗长度、穗轴长度、穗颈节间长度及穗轴直径 5 项关键表型指标,以检验方法在不同形态特征下的普适性与鲁棒性。方法对 3 类材料测量精度如表 4 所示。

表 4 不同品种稻穗尺度参数测量结果

Tab. 4 Measurement results of dimensional parameters in different rice varieties					
试验材料	样本数量	参数	MAE/ mm	RMSE/ mm	MRE/ %
籼型代表材料	90	一次枝梗长度	2. 3	2. 9	3. 1
		二次枝梗长度	1. 5	2. 0	7. 2
		穗轴长度	2. 2	3. 0	2. 4
		穗节间长度	1. 9	2. 5	4. 1
		穗轴直径	0. 1	0. 2	14. 8
东北粳稻育种家恢复系材料	90	一次枝梗长度	2. 1	2. 7	2. 9
		二次枝梗长度	1. 4	1. 9	6. 5
		穗轴长度	2. 6	3. 3	2. 9
		穗节间长度	2. 2	2. 9	4. 9
		穗轴直径	0. 1	0. 2	12. 4
东北粳稻杂交种	97	一次枝梗长度	2. 3	3. 1	3. 2
		二次枝梗长度	1. 6	2. 1	7. 5
		穗轴长度	2. 9	3. 8	3. 1
		穗节间长度	2. 3	3. 0	5. 2
		穗轴直径	0. 1	0. 3	15. 4

表 4 结果表明,本文方法在不同品种稻穗的尺度参数测量中均表现出较高的准确性。从测量误差来看,枝梗长度、穗轴长度及穗节间长度等宏观尺寸的测量误差普遍较低,其平均绝对误差 (MAE) 均小于 3 mm,平均相对误差 (MRE) 基本控制在 8% 以内。具体来说,对穗轴、一次枝梗、二次枝梗及穗节间长度的 MRE 分别不超过 3. 1%、3. 2%、7. 5% 与

5.2%,MAE 分别不超过 2.9、2.3、1.6、2.3 mm。这表明方法对于主体结构的测量具有良好的稳定性。相比之下,穗轴直径的测量误差相对较高(MRE:12.4%~15.4%),这主要源于其本身尺寸微小且受穗节间弯曲形态变化的影响较大,对测量精度构成了挑战。从品种差异来看,东北粳稻育种家恢复系的测量误差整体最低,籼型材料误差略有增加,而东北粳稻杂交种因枝梗数量多、长度大、穗型复杂,测量难度最大,误差相应最高。这表明穗部结构的复杂程度是影响测量精度的关键因素。本研究提出的自动化测量方法,在无需脱粒的前提下,能够较准确地完成多品类稻穗的关键表型参数提取。尽管对于微细直径和结构极端复杂的穗型测量精度有待进一步提升,但整体而言,该方法为高通量稻穗表型解析提供了可靠的技术方案,具备一定的实用价值。

4 结论

(1)关键点检测模型经混合背景数据增广与

WIoU 损失函数优化后,检测性能显著提升。相较于 YOLO v9c 模型,穗颈节与穗节的 mAP 分别提高 4.5 个百分点与 2.4 个百分点,召回率分别提升 7.8 个百分点与 4.0 个百分点,关键点检测精确率分别提升 4.6 个百分点与 5.0 个百分点,验证了改进策略的有效性。

(2)该方法在稻穗结构部位计数方面具有较高精度。测试样本范围内,穗节点计数无误差,一次枝梗与二次枝梗计数的平均相对误差(MRE)分别不超过 0.39%与 2.38%,表明该方法能够可靠地实现穗部构件的自动化统计。

(3)该方法对不同品种的穗部尺度参数测量均表现出较好的准确性。对籼型、粳稻育种家恢复系、粳稻杂交种稻穗的测试表明,一次枝梗、二次枝梗、穗轴长度及穗节间长度的 MRE 分别在 3.2%、7.5%、3.1%、5.2% 以内,平均绝对误差在 2.9、2.3、1.6、2.3 mm 以内,可满足表型测量的精度要求。该研究可为稻穗关键表型参数测量提供技术参考。

参 考 文 献

[1] 刘泽钰,周云成,梁铨玮,等. 基于可变形卷积的稻粒在穗计数方法[J]. 农业机械学报,2025,56(3): 363–373.
LIU Zeyu, ZHOU Yuncheng, LIANG Chengwei, et al. Method of counting rice grains in ears based on deformable convolution [J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2025, 56(3): 363–373. (in Chinese)

[2] 李宏,韦晓兰. 表型组学:解析基因型-表型关系的科学[J]. 生物技术通报,2013,22(7):41–47.
LI Hong, WEI Xiaolan. Phenomics: the science for deciphering genotype-phenotype relationships[J]. Biotechnology Bulletin, 2013, 22(7): 41–47. (in Chinese)

[3] ZHANG Y, TANG L, LIU X, et al. Modeling morphological dynamics and color characteristics of rice panicle[J]. European Journal of Agronomy, 2014, 52(1): 279–290.

[4] 赵三琴,李毅念,丁为民,等. 稻穗结构图像特征与籽粒数相关关系分析[J]. 农业机械学报,2014,45(12): 323–328.
ZHAO Sanqin, LI Yinian, DING Weimin, et al. Analysis of correlation between image features of rice panicle structure and grain number[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2014, 45(12): 323–328. (in Chinese)

[5] 王泽,周钦阳,刘聪,等. 基于无人机和地面图像的田间水稻冠层参数估测与评价[J]. 作物学报,2022, 48(5): 1248–1261.
WANG Ze, ZHOU Qinyang, LIU Cong, et al. Estimation and evaluation of paddy rice canopy characteristics based on images from UAV and ground camera[J]. Acta Agronomica Sinica, 2022, 48(5): 1248–1261. (in Chinese)

[6] DHARNI J S, DHATT B K, PAUL P, et al. A non-destructive approach for measuring rice panicle-level photosynthetic responses using 3D-image reconstruction[J]. Plant Methods, 2022, 18(1): 126.

[7] 温维亮,郭新宇,张颖,等. 作物表型组大数据技术及装备发展研究[J]. 中国工程科学,2023,25(4):227–238.
WEN Weiliang, GUO Xinyu, ZHANG Ying, et al. Technology and equipment of big data on crop phenomics[J]. Strategic Study of CAE, 2023, 25(4): 227–238. (in Chinese)

[8] 玉光惠,方宣钧. 表型组学的概念及植物表型组学的发展[J]. 分子植物育种,2009,7(4): 639–645.
YU Guanghui, FANG Xuanjun. The concept of phenomics and the development of plant phenomics[J]. Molecular Plant Breeding, 2009, 7(4): 639–645. (in Chinese)

[9] SUN J, REN Z, CUI J. A high-throughput method for accurate extraction of intact rice panicle traits[J]. Plant Phenomics, 2024, 6(4):854–868.

[10] IKED A, MAYUKO H, YOSHITSUGU T, et al. Analysis of rice panicle traits and detection of QTLs using an image analyzing method[J]. Breeding Science,2010, 60(1): 55–64.

[11] HUANG C, YANG W, DUAN L, et al. Rice panicle length measuring system based on dual-camera imaging[J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2013, 98: 158–165.

[12] AL-TAM F, ADAM H, ANJOS A, et al. P-TRAP: a panicle trait phenotyping tool[J]. BMC Plant Biology, 2013, 13(1): 122–135.

[13] DUAN L, HUANG C, CHEN G, et al. Determination of rice panicle numbers during heading by multi-angle imaging[J]. The

- Crop Journal, 2015, 3(3): 211–219.
- [14] 杨万里,段凌凤,杨万能. 基于深度学习的水稻表型特征提取和穗质量预测研究[J]. 华中农业大学学报,2021,40(1): 227–235.
YANG Wanli, DUAN Lingfeng, YANG Wanneng. Research on rice phenotypic trait extraction and panicle quality prediction based on deep learning[J]. Journal of Huazhong Agricultural University, 2021, 40(1): 227–235. (in Chinese)
- [15] 张远琴,肖德琴,陈焕坤,等. 基于改进 Faster R-CNN 的水稻稻穗检测方法[J]. 农业机械学报,2021,52(8): 231–240.
ZHANG Yuanqin, XIAO Deqin, CHEN Huankun, et al. Rice panicle detection method based on improved Faster R-CNN [J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2021, 52(8): 231–240. (in Chinese)
- [16] 翟肇裕,张梓涵,徐焕良,等. YOLO 算法在动植物表型研究中应用综述[J]. 农业机械学报,2024,55(11): 1–20.
ZHAI Zhaoyu, ZHANG Zihan, XU Huanliang, et al. Review of applying YOLO family algorithms to analyze animal and plant phenotype[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery,2024,55(11):1–20. (in Chinese)
- [17] 王敏娟,刘小丫,马啸霄,等. 基于堆叠沙漏网络的单分蘖水稻植株骨架提取[J]. 农业工程学报,2021,37(24): 149–157.
WANG Minjuan, LIU Xiaoya, MA Xiaoxiao, et al. Skeleton extraction method of single tillers rice based on stacked hourglass network[J]. Transactions of the CSAE, 2021, 37(24): 149–157. (in Chinese)
- [18] YANG X, LU X, XIE P, et al. PanicleNeRF: low-cost, high-precision in-field phenotyping of rice panicles with smartphone [J]. Plant Phenomics, 2024, 6: 1–14.
- [19] ULTRALYTICS. YOLOv5 (v8.0, v9.0, v11.0, v12.0) [EB/OL]. [2025–05–01]. <https://github.com/ultralytics>.
- [20] TONG Z, CHEN Y, XU Z, et al. Wise-IoU: bounding box regression loss with dynamic focusing mechanism [EB/OL]. (2023–10–20). <https://arxiv.org/abs/2301.10051>.
- [21] ABD ELAZIZ M, OLIVA D, EWEES A A, et al. Multi-level thresholding-based grey scale image segmentation using multi-objective multi-verse optimizer[J]. Expert Systems with Application, 2019, 125:112–129.
- [22] ZHANG T Y, SUEN C Y. A fast parallel algorithm for thinning digital patterns[J]. Communication of the ACM, 1984, 27(3):236–239.
- [23] SUZUKI S, BE K. Topological structural analysis of digitized binary images by border following[J]. Computer Vision Graphics & Image Processing, 1985, 30(1):32–46.
- [24] SHOKOUFANDEH A, DICKINSON S. Graph-theoretical methods in computer vision [M] // KHOSROVSHAHI G B, SHOKOUFANDEH A, SHOKROLLAHI A. Theoretical aspects of computer science: advanced lectures. Springer: Berlin, Heidelberg, 2002: 148–174.
- [25] ZHANG Z. A flexible new technique for camera calibration[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2000, 22(11): 1330–1334.
- [26] 秦筱械,蔡超,周成平. 一种有效的骨架毛刺去除算法[J]. 华中科技大学学报,2004,32(12): 28–31.
QIN Xiaowei, CAI Chao, ZHOU Chengping. An algorithm for removing burr of skeleton[J]. Journal of Huazhong University of Science and Technology, 2004, 32(12): 28–31. (in Chinese)
- [27] 许娜,徐铨,徐正进,等. 水稻株型生理生态与遗传基础研究进展[J]. 作物学报,2023,49(7):1735–1746.
XU Na, XU Quan, XU Zhengjin, et al. Research progress on physiological ecology and genetic basis of rice plant architecture [J]. Acta Agronomica Sinica, 2023, 49(7): 1735–1746. (in Chinese)
- [28] REN S, HE K, GIRSHICK R, et al. Faster R-CNN: towards real-time object detection with region proposal networks[C] // Advances in Neural Information Processing Systems, 2015: 91–99.