doi:10.6041/j. issn. 1000-1298. 2022. 11.029

基于时序高光谱和多任务学习的水稻病害早期预测研究

曹 益 飞 ¹ 徐 焕 良 ¹ 吴 玉 强 ² 范 加 勤 ³ 冯 佳 睿 ² 翟 肇 裕 ¹ (1. 南京农业大学人工智能学院, 南京 210095; 2. 南京农业大学工学院, 南京 210031; 3. 南京农业大学植物保护学院, 南京 210095)

摘要:水稻病害是影响水稻产量的重要因素之一,水稻病害的早期预测对水稻病害防治至关重要。为了实现水稻白叶枯病害的预测,连续采集了从接种病菌到早期发病共7d的白叶枯病害胁迫下的叶片高光谱图像。利用Savitzky-Golay算法对高光谱图像进行预处理,并利用主成分分析(Principal component analysis, PCA)和随机森林(Random forest, RF)算法提取光谱特征,构建多任务学习(Multi-task learning, MTL)与长短期记忆(Long short-term memory, LSTM)网络融合的预测模型,对水稻病害发病率和潜伏期进行预测,并利用鲸鱼优化算法(Whale optimization algorithm, WOA)对 MTL-LSTM模型进行优化。实验结果表明:PCA和RF可以有效地从高光谱图像中提取光谱特征,降低高光谱数据维度,且基于光谱特征构建的预测模型性能优于全波段光谱构建的预测模型性能,建模时间降低约98%。基于时序高光谱构建的预测模型对发病率和潜伏期的预测取得了预期效果,基于前10个特征波长构建的WOA-MTL-LSTM模型取得了最优的预测性能,对发病率和潜伏期预测测试集的 R²分别为0.93和0.85,RMSE分别为0.34和2.12,RE分别为0.33%和1.21%。通过WOA算法可以提升MTL-LSTM的预测性能,对发病率和潜伏期预测的 R²均提升0.05。研究结果表明 RF 提取高光谱特征能有效表征全波段光谱,基于时序高光谱的WOA-MTL-LSTM模型可以准确预测白叶枯病害发病率和潜伏期,为水稻白叶枯病害的预防提供了技术支持。

关键词:水稻;病害早期预测;时序高光谱;多任务学习;白叶枯

中图分类号: TP391 文献标识码: A 文章编号: 1000-1298(2022)11-0288-11



Early Forecasting of Rice Disease Based on Time Series Hyperspectral Imaging and Multi-task Learning

CAO Yifei¹ XU Huanliang¹ WU Yuqiang² FAN Jiaqin³ FENG Jiarui² ZHAI Zhaoyu¹

- (1. College of Artificial Intelligence, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China
 - 2. College of Engineering, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210031, China
 - 3. College of Plant Protection, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China)

Abstract: Rice disease is one of the important factors affecting rice yield. Early prediction of rice disease is very important for rice disease prevention. In order to realize the prediction of rice bacterial leaf blight disease, hyperspectral images of leaves under the stress of bacterial leaf blight disease were collected continuously for seven days from inoculation to early onset. The Savitzky – Golay algorithm was used to preprocess hyperspectral images, and the principal component analysis (PCA) and random forest (RF) algorithms were used to extract spectral features. The prediction model of multi-task learning (MTL) and long-short term memory (LSTM) network fusion was constructed to predict the incidence rate and incubation period of rice diseases. The MTL – LSTM model was optimized by using the whale optimization algorithm (WOA). The experimental results showed that PCA and RF can effectively extract spectral features from hyperspectral and reduce the dimension of hyperspectral images, and the performance of the prediction model based on spectral features was better than that of the prediction model based on full

收稿日期: 2022-07-26 修回日期: 2022-09-19

基金项目: 国家自然科学基金项目(31601545)、南京农业大学高层次人才引进科研启动项目(106-804005)和中央高校基本科研业务费 专项资金项目(ZJ22195007)

作者简介:曹益飞(1991—),男,博士生,主要从事农业信息化与大数据技术研究,E-mail: yifei_c@ njau. edu. cn

通信作者: 翟肇裕(1992—), 男, 副教授, 博士, 主要从事智慧农业、计算机视觉及深度学习研究, E-mail: zhaoyu. zhai@ njau. edu. cn

spectra. The modeling time of the former was about 98% lower than that of the latter. The prediction model constructed based on time series hyperspectral achieved the expected results in the prediction of the incidence probability and latency. The WOA – MTL – LSTM model, constructed based on the first ten characteristic wavelengths, achieved the best prediction performance. The R^2 of the test set for the prediction of the incidence probability and latency was 0.93 and 0.85, the RMSE was 0.34 and 2.12, and the RE was 0.33% and 1.21%, respectively. The prediction performance of MTL – LSTM can be improved by WOA algorithm, and the R^2 of disease probability and incubation period was increased by 0.05. The results indicated that RF extracted characteristic wavelengths can effectively characterize the full spectrum. The WOA – MTL – LSTM model based on time-series hyperspectral can accurately predict the incidence rate and incubation period of bacterial leaf blight disease, which provided technical support for the prevention of rice bacterial leaf blight disease.

Key words: rice; early forecasting of disease; time series hyperspectral; multi-task learning; bacterial leaf blight

0 引言

水稻是人类重要的粮食作物之一,目前,约有 56亿人(占世界人口的80%)以水稻为主食[1-2]。 水稻白叶枯是水稻三大病害之一,严重影响了水稻 的产量,在稻田中分布不均匀、病菌来源广、传播途 径多、侵染时间长,发展传播情况复杂[3]。近年来, 白叶枯病的暴发面积约占总种植面积的 1/3,平均 病株率约为10%,给我国粮食安全带来巨大威 胁[4]。水稻白叶枯病由病原体引起,是一种在整个 水稻生长期存在的细菌病害,主要浸染叶片,也可侵 染叶鞘[5]。一般在 26~30℃、相对湿度 85% 以上、 多雨、光照不足、风速大的气候条件下发生流行[6], 且在发病初期,不易观察到明显病症,但根据植物病 理学理论[7],在白叶枯发病期,水稻叶片内部化学 成分发生了变化,使得患病叶片对不同光谱波段的 吸收率和反射率发生改变。随着光学技术的发展, 高光谱成像技术为获取植物内部变化信息提供了可 能[8-9]。在白叶枯病害胁迫下,水稻叶片将经历两 个阶段,包括无症状阶段和有症状阶段[5,10]。为了 实现水稻白叶枯病害发病率和潜伏期的预测,则需 要采集适宜条件下水稻叶片由无症状到有症状变化 的整个阶段的时序高光谱图像。

目前,高光谱成像已被用于监测各种作物病害,如大豆炭疽病^[11]、小麦白粉病^[12]、水稻纹枯病^[13]等病害的早期监测,很少有水稻白叶枯病的早期监测预警研究。高光谱成像技术在获取作物叶片海量光谱信息和空间信息的同时也带来了巨大计算量的挑战,深度学习是解决该难题的一个重要研究方向^[9,14]。为了通过水稻叶片时序高光谱图像对适宜条件下白叶枯病水稻叶片的发病率(即接种过白叶枯病菌的水稻叶片病害区域占叶面积的比例)和潜伏期(即从接种操作开始到出现症状的时间)进行预测,将发病率和潜伏期设为两个任务。如果分别

使用两个模型来分别预测病害发病率和潜伏期,就会出现占用过多计算和存储空间的问题。多任务学习(Multi-task learning, MTL)具有共享特征、相互辅助的特点^[15]。

近年来,以长短期记忆网络(Long-short term memory, LSTM) 为代表的深度学习算法对时序数据 的分析得到了广泛的应用。研究表明,对于时间序 列数据, LSTM 的性能优于深度前馈神经网络[16]。 LSTM 可以通过记忆单元和门控机制捕获长期依赖 关系,有效地从包含时间信息的数据中学习顺序模 式[17]。SU 等[18] 基于时序多光谱图像对小麦黄锈 病进行时空监测,为农田尺度黄锈病的早期监测提 供了重要指导。KIM 等[2]结合环境条件和长短期 记忆递归神经网络对水稻稻瘟病进行早期预测,预 测病害发生准确率达到 67.4%。VERMA 等[19] 利 用视频流数据分析和 LSTM 卷积神经网络来预测水 稻病害,结果表明基于模糊特征构建的预测模型取 得了很好的预测效果。以上研究大多关注病害发病 率,而忽视了作物病害潜伏期,因此无法及时指导作 物病害防治策略的制定。

本研究结合时序高光谱图像与深度学习建立水稻白叶枯病早期预测模型。该预测模型基于时序高光谱数据,融合多任务学习与 LSTM 网络,实现白叶枯病发病率和潜伏期的预测。通过连续采集健康和发病初期的叶片高光谱数据,探索利用随机森林(Random forest, RF)和主成分分析(Principal component analysis, PCA)从原始高光谱中提取光谱特征;利用基于全波段光谱数据集(232个波长)以及不同降维方法得到的时序高光谱特征数据集训练MTL-LSTM模型;利用鲸鱼优化算法(Whale optimization algorithm, WOA)优化 MTL-LSTM模型,并评估模型优化前后的性能,以期为科学防治作物病害提供思路,为病害预测提供技术支持。

1 预测模型建立

使用白叶枯病胁迫下的水稻叶片时序高光谱图 像构建早期病害发病率和潜伏期的预测模型。

1.1 水稻种植及实验地情况

为了确保水稻叶片在感染白叶枯病之后到出现 明显病斑之前,有足够时间来观测无明显症状的水 稻叶片高光谱的变化,本实验选择高抗白叶枯水稻 品种作为实验对象。温室实验于2020年在南京农 业大学温室实验基地进行。种植前挑选饱满种粒, 浸种、催芽,水稻种植在填充有水稻粘土的塑料杯 (直径 35 cm×高 32 cm)中。首先,在温室内培育幼 苗(图1a),然后分别移栽到塑料杯中,每杯3株水 稻(图 1b),共计50杯。为了模拟水稻在自然生长 环境中的管理实践,在移栽之前施用基础营养肥料 (包括 CO(NH₂)₂,150 kg/hm²; P₂O₅,135 kg/hm²; K₂O₂,18.3 kg/hm²),并在分蘖开始阶段第2次追肥 (N,150 kg/hm²)。为了监测水稻白叶枯病在条件 适宜情况下的发病天数,将幼苗移栽后,放在自然环 境下生长,根据需要进行灌溉,以确保每个塑料杯中 的土壤始终被浅层水覆盖,直到接种病菌前一周转 移到温室。温室由两层透明材料组成,配备了空调 和加湿设施,为白叶枯病菌的人工接种提供合适的 环境条件。





(b) 移栽后水稻

图 1 不同生育期水稻苗栽培示意图

Fig. 1 Schematics of rice seedling cultivation at different growth stages

1.2 实验材料制备及数据采集

1.2.1 实验材料制备

本实验所接种的白叶枯病菌由南京农业大学植物保护学院提供,为稻黄单胞菌稻致病变种(Xanthomonas oryzae pv, oryzae, Xoo),病菌通常由水稻的伤口或水孔侵入水稻叶片,进入木质部进行繁殖,并由叶片向叶鞘侵染^[20]。实验材料制备具体操作过程如下:首先,取出于-70℃保存的菌株,在超净工作台上使用灭菌枪头吸取菌液,随后转移至平板培养基(牛肉提取物0.3%、肉蛋白胨1%、蔗糖1%和琼脂2%)上,用灭菌接种环涂布均匀,置于28℃培养箱中培养48h,此时细菌呈现亮黄色。然

后,用磷酸盐缓冲液稀释,采用比浊法将细菌培养液 稀释至每毫升约9×10°个细菌。最后,将所有水稻 样本按照比例 1:4分配,其中 40 杯采用常见的剪叶 法使病菌侵染叶片,用已消毒的手术剪刀蘸取菌液, 剪掉分蘖期每株水稻剑叶和倒二叶尖端 1 cm 长的 部分,完成病菌接种,所有病菌接种操作均在病菌悬 浮液制备后 3 h 内完成;同时,另外 10 杯作为参照 组,即用已消毒的手术剪刀蘸取纯净水进行相同的 剪叶操作。在适宜条件下,病菌侵入至症状表现只 需3~5d。同一品种苗期到分蘖期抗病能力较强、 分蘖末期抗病力下降、孕穗期和抽穗期最易感病。 最后,将接种病菌的所有水稻植株放回温室继续培 育。为了确保病菌成功侵染叶片,且环境条件适宜 病害发展,需要严格控制环境变量,控制温室内温度 为 26~30°C、相对湿度超过 90%、光照周期为 14 h, 为采集病害胁迫下水稻叶片的时序高光谱图像做 准备。

1.2.2 数据采集

本实验采用上海五铃光电科技有限公司的推扫型高光谱成像系统的内部组件,主要包括成像镜头、卤素灯光源、电控步进载物台等,如图2所示。

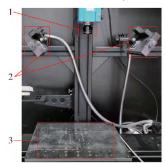


图 2 高光谱成像系统内部构成图

Fig. 2 Inner diagram of hyperspectral imaging system 1. 光谱相机 2. 卤素灯光源 3. 电控步进载物台

高光谱成像系统主要部件参数如表 1 所示。采集软件由 Spectral - image 成像软件和 HSI Analyzer 分析软件组成。

表 1 高光谱成像系统主要部件参数

Tab. 1 Main components parameters of hyperspectral imaging system

参数	数值/型号	参数	数值/型号
光谱照机	EM285	光斑直径/μm	<9
光谱波段/nm	378 ~ 1 033 97. 5	光源强度	21 V/200 W
色散度/(nm·mm ⁻¹)	97. 5	相对孔径	F/2.4
分辨率/nm	2. 8	图像尺寸/(mm×mm)	6. 15 × 14. 2

时序高光谱图像采集过程:以病原菌接种当天 为初始点,每隔 24 h 对样本进行高光谱成像实验, 直至所有感染叶片出现明显病斑结束实验(本实验 7 d 全部出现明显病斑)。实验中,固定每天采集时间(12:00—14:00)和仪器光照强度(150 lx)、相机垂直角度(90°)、物距(27 cm)等因素,确保采集数据的时序—致性。最终,按照上述流程,共采集连续7 d 的高光谱数据,包括 60×7个对照叶片和 240×7个病害叶片的时序高光谱数据。

1.3 光谱校正与预处理

使用 1. 2. 2 节中所述的高光谱成像系统采集水稻病害叶片在波段 378. 28~1 033. 05 nm 范围内的高光谱图像。由于成像系统本身及其他因素的影响,获取的高光谱图像具有不稳定性。因此,需要对高光谱图像进行黑白校正,具体技术细节参照文献[21]。利用 ENVI 5. 1x(Research System Inc, boulder, Co.,美国)提取校正后水稻叶片高光谱图像中的感兴趣区域(Region of interest, ROI),图 3 为ROI 选取示意图,其中红框区域为选定的待分析ROI。

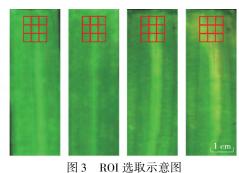


Fig. 3 Schematic of ROI selection

如图 3 所示,为了更好地表征无症状区域的光 谱,每个 ROI 包含 9 个小红框,计算每一个小红框 中所有光谱的平均光谱,共计9条平均光谱作为 该 ROI 的光谱样本对多任务进行预测,包括水稻 叶片白叶枯病害的发病率。由于白叶枯病菌可以 通过叶脉传播,越靠近接种点病害的胁迫症状越 明显,因此选择靠近接种点处的 ROI 作为待分析 的对象。在水稻高光谱数据采集完成后,通过分 析高光谱图像,对水稻叶片发病率和潜伏期进行 统计。一方面,通过计算水稻叶片病害面积占整 个水稻叶面积的比例来计算水稻叶片发病率。由 于采用人工剪叶的方式接种病菌,且白叶枯病菌 是沿着维管束侵染叶片,假设侵染速度相同,故可 以用发病区域的长度占叶片长度的比率近似为病 害面积占整片水稻叶面积的比率,图4为白叶枯 病菌侵染的水稻叶片,红色框为发病区域。另一 方面,通过目视检测的方法,统计水稻潜伏期(如 从病害接种到出现明显症状的时间为 4 d,则将病 害潜伏期记为 3 d,接种第1天不计)。



图 4 白叶枯病菌侵染的水稻叶片

Fig. 4 Rice leaves infected by bacterial leaf blight

利用 ENVI 5. 1x 提取尺寸为 50 像素×50 像素的 ROI 光谱图像作为该叶片的样本,并提取每个 ROI 的平均光谱,每个 ROI 的 9 条平均光谱如图 5 所示。由图 5 可以看出,高光谱存在噪声,尤其是小于 450 nm 波段和大于 950 nm 波段。常见方法是删除噪声较大的波段^[22],本研究为了消除光谱信号中的随机噪声,提高采样信号的信噪比,截取 450~950 nm 之间的波段进行分析,使用 Savitzky – Golay (SG)平滑滤波器减少随机噪声(核大小为 5×5×5,多项式阶数为 3)。

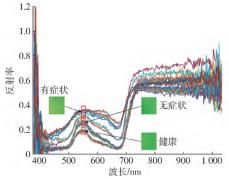


图 5 不同状态下水稻叶片 ROI 的 9 条平均光谱

Fig. 5 Average spectral of rice leaf ROI in different states

1.4 高光谱数据降维

考虑到待分析的高光谱图像涵盖 450~950 nm 之间的所有光谱信息,共计 232 个波长,其特点是相邻波长之间存在高维冗余,给计算速度带来了巨大挑战。为解决这个问题,在对采集到的高光谱原始数据的处理过程中,对数据进行降维操作是有效的方法,在不丢失有效光谱信息的基础上降低后续计算的成本。常见的高光谱数据降维方法有特征提取和波段选择。选用常见的主成分分析法^[23]对高光谱进行特征提取,同时利用随机森林算法^[24]提取对病害敏感的特征波长对高光谱图像进行波段选择。

1.4.1 基于 PCA 的光谱特征提取

PCA 算法是一种常用的数据压缩方法,常用于高维数据降维 $[^{25}]$ 。PCA 可以提取原始高光谱数据的主成分(Principal components, PCs)。本文中主成分分析的主要思想是将 232 维光谱特征映射到 k 维 (k < 232)。与简单地从原始空间中移除不太重要的维度特征相反,通过将原始空间中的特征映射到新空间中,这些 k 维特征可以被视为主成分。本研究中,每个 ROI 包含 9 条光谱,预处理后每条光谱

包含 232 个波长,即预处理后的高光谱数据的特征 个数为 232,主成分求解步骤如下:

- (1)将预处理后的高光谱数据按列组成 232 行 9 列的光谱矩阵 **X**。
- (2)将 *X* 的每一行(即每一个波段光谱反射率) 进行零均值化,即减去这一行的均值。
 - (3)求出光谱矩阵 X 的协方差矩阵。
- (4)计算协方差矩阵的特征值及每个特征值对 应的特征向量。
- (5)将特征向量按对应特征值大小从上到下按 行排列成矩阵,取前 k 行组成矩阵 P,即为该 ROI 预 处理后的光谱矩阵降维到 k 维后的数据。

1.4.2 基于 RF 的光谱特征提取

RF 算法随机替换每个特征,对特征替换后生成的新袋外数据进行随机森林测试,预测误差率会发生变化^[26]。特征波长对病害敏感性越高,被替换后的预测误差率就越大。本文中,每条光谱有 232 个波长,即 232 个特征。通过这种方式,根据每个特征波长替换前后的错误率进行评分,从而获得具有高重要性评分的特征波长^[27]。为了降低原始高光谱数据的维数,本文根据重要分数选择了不同数量的特征波长。随机森林中决策树数为 N_{tree} ,设为 200,原始光谱特征数为 d,设为 232。每个特征 X^{i} (j = 1, 2, …, d)的重要性得分计算步骤如下:

- (1)计算第 *i* 个决策树对应的袋外数据(Out-of-bag, OOB) *OOB*_i 的袋外误差样本(Out-of-bag-error, ErrOOB) *ErrOOB*_i的数量。
- (2)保持其他特征不变,随机改变 OOB 中的特征 X^{i} ,获得第i 个决策树中第j 个特征的袋外数据 OOB_{i}^{i} 。
- (3)重新计算袋外数据 OOBⁱ 的袋外误差样本 ErrOOBⁱ 的数量。
- (4)重复步骤 $(1) \sim (3)$ 得到 $\{ErrOOB_i^j | i = 1, 2, \dots, N_{tree}\}$ 。
- (5)特征波长 X^{j} 的重要性得分 $S_{im}(X^{j})$ 计算公式为

$$S_{im}(X^{j}) = \frac{1}{N_{rec}} \sum_{i=1}^{N_{tree}} (ErrOOB_{i}^{j} - ErrOOB_{i}) \quad (1)$$

利用 PCA 和 RF 对预处理后的高光谱进行降维处理,分别构建了全光谱波长数据集(232 个波长)、RF 特征波长数据集(10 个波长)和 PCA 光谱特征数据集(10 个主成分)共 3 个数据集,将其作为模型的输入。

1.5 WOA-MTL-LSTM 模型建立

本文旨在利用水稻病害叶片的时序高光谱数据预测在适宜条件下水稻叶片白叶枯病发病率和

潜伏期。LSTM 网络是目前最常见的时序数据分析算法,本文拟利用 MTL-LSTM 对水稻病害时序高光谱进行建模,实现对水稻叶片白叶枯病发病率以及潜伏期的多任务预测。运用鲸鱼优化算法对 MTL-LSTM 网络进行优化,以获得最优的病害预测模型来预测水稻叶片白叶枯病发病率和病害潜伏期。

1.5.1 多任务学习

MTL 是一种归纳迁移方法,能充分利用隐含在多个相关任务训练信号中的特定领域信息。MTL 通常可分为硬共享和软共享两种方式^[28]。硬共享是通过共享不同任务间共用底部的隐层参数来实现特征提取与输出,软共享的形式则较为多样,每个任务都具有单独的参数,如两个任务不进行参数共享,但对不同任务的参数增加 L2 范数的限制。硬共享网络不容易陷入过拟合,但如果任务差异较大,模型结果较差。软共享网络通常参数较多,结构比较复杂,线上部署困难^[29]。本文基于时序高光谱对适宜条件下感染白叶枯病害的水稻叶片的发病率(任务1)和潜伏期(任务2)进行预测,均属于回归任务,有较大相关性,故本文构建了参数硬共享网络对水稻病害发病率和潜伏期进行预测。

在 MTL 中,每个任务的数据分布和重要性往往 是不同的。MTL 损失函数可以通过不同任务的平 方损失函数的加权求和得到。损失值计算公式为

$$L_{MTL} = \alpha l_1 + \beta l_2 \tag{2}$$

其中
$$l_1 = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n} (\hat{y}_{1i} - y_{1i})^2$$
 (3)

$$l_{2} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n} (\hat{y}_{2i} - y_{2i})^{2}$$

$$\alpha + \beta = 1$$
(4)

式中 L_{MTL} ——多任务学习模型损失值

l,、l,----发病率和潜伏期预测损失值

 \hat{y}_{1} ——发病率预测值

y1i----发病率实际值

 \hat{y}_{2i} ——潜伏期预测值

y2;——潜伏期实际值

n——样本数 $\alpha \beta$ ——权重

1.5.2 MTL - LSTM 神经网络

LSTM 是一种改进的循环神经网络(Recurrent neural networks, RNN),主要用于解决长序列训练过程中梯度消失和梯度爆炸问题^[30]。与普通的 RNN 相比,LSTM 在时间序列预测方面有更好的表现,LSTM 网络善于利用数据中的时间特征来学习历史数据的相关性,从而提高预测精度。LSTM 模型的核心思想,分别为记忆元组和非线性的门单元.

其中记忆元组用于保持系统的状态,非线性的门单 元用于在每一个时间点调节流入和流出记忆元组的 信息。

在 LSTM 网络中, LSTM 单元的输入变量有:前

一个单元的状态 c_{t-1} 、前一个单元的输出 h_{t-1} 、当前单元的输入 x_t ,输出变量有:当前输出 h_t 及当前状态 c_t 。LSTM 网络通过输入门、遗忘门和输出门来维持和更新神经网络中细胞的状态^[31],如图 6 所示。

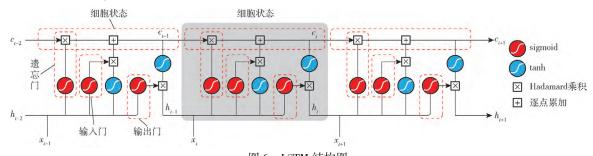


图 6 LSTM 结构图

Fig. 6 LSTM structure diagram

由于 LSTM 神经网络包含时间记忆单元,适用 于处理和预测时间序列数据中的间隔和延迟事件, 有利于捕捉时序高光谱的长期和短期依赖关系[32]。 在本研究的病害预测任务中选择 LSTM 网络单元组 成子任务层,并基于此构建 MTL - LSTM 网络。 LSTM 网络最大训练次数为 100, 学习率设为 0.01, 最小性能梯度为 0.000 1, MTL - LSTM 网络的结构 如图7所示,构建由 Embedding 层、LSTM 网络层和 Pooling 层组成的多任务学习结构。将时序高光谱 数据按病菌接种天数表示为 $x = \{x_1, x_2, \dots, x_7\}$ 作 为输入, x_i 的大小为 9n,n 为处理后的光谱特征数 (对于全光谱n记为232,对于光谱特征n记为10)。 将相同位置 ROI 中的每一条光谱的反射率序列线 性映射到一个向量中,然后应用 LSTM 对时序高光 谱进行建模,获取每一天光谱的表示向量 $h = \{h_1,$ h_2, \cdots, h_7 。通过共享 LSTM 层参数,得到不同病害 接种天数时的 LSTM 网络输出特征,通过池化得到 新的特征 $a = \{a_1, a_2, \dots, a_7\}$,输入到不同的全连接 层,进而实现水稻白叶枯病害发病率和潜伏期的预 测任务。

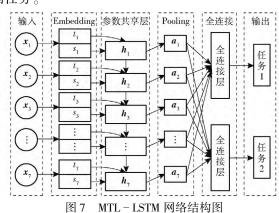


Fig. 7 MTL - LSTM network structure diagram

1.5.3 鲸鱼优化算法

鲸鱼优化算法是一种新型的群智能算法,其基

本思想来源于座头鲸气泡网狩猎策略,该策略融合了座头鲸收缩包围猎物和螺旋狩猎方式的局部开发能力,具有搜索能力强、收敛速度快以及能够跳出局部最优等特点^[33]。本实验鲸鱼优化算法被用于优化 MTL - LSTM 网络模型的参数,每条鲸鱼被看作是一种优化策略,其位置的维数对应 MTL - LSTM 网络待优化参数的个数,鲸鱼在不断更新自身位置的过程中能够获得 MTL - LSTM 网络的最优参数组合。

1.5.4 WOA-MTL-LSTM 模型设计

LSTM 网络在挖掘时序数据方面具有明显的优势,本文利用 MTL – LSTM 网络预测水稻发病率和病害潜伏期。实践证明,MTL – LSTM 网络隐含层神经元个数m以及时间步长s的选择对预测精度有不可忽略的影响 $[^{34}]$ 。

目前,MTL-LSTM 网络的隐含层神经元个数 m 只能由经验公式确定大致范围,无法获得准确最优神经元个数 m。时间步长 s 就是循环单元结构的个数,若时间步长 s 过小则会失去不同时刻间信息的关联性,若时间步长 s 过大则会减弱神经网络的学习能力。因此,本文通过鲸鱼优化算法对 MTL-LSTM 网络的神经元个数 m 及时间步长 s 进行寻优。基于 鲸 鱼 优 化 算 法 的 MTL-LSTM 模型(WOA-MTL-LSTM 模型)预测白叶枯病发病率和潜伏期的流程图如图 8 所示。

具体步骤如下:

- (1)基于水稻病害叶片时序高光谱构建 MTL LSTM 网络,随机初始化 MTL LSTM 网络隐含层神经元个数 m 和时间步长 s。
- (2)设置鲸鱼种群位置的上下界,确定生成鲸 鱼种群数量 *X*、最大迭代次数和鲸鱼个体空间维度, 将变量(*m*, *s*)组合作为鲸鱼算法待优化参数。
 - (3)计算每个个体的适应度,以MTL-LSTM训

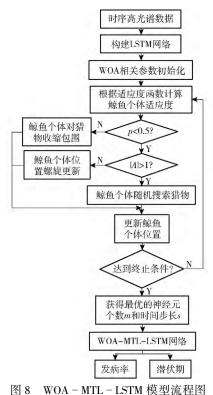


图 8 WOA - MTL - LSTM 模型流程图 Fig. 8 WOA - MTL - LSTM model flow chart

练得到的平均损失函数 L_{Avg} 作为模型的适应度函数,平均损失函数 L_{Avg} 定义为

$$L_{\text{Avg}} = \frac{1}{2} (l_1 + l_2) \tag{10}$$

通过公式(10)计算每一个个体的适应度,标记为最优个体位置。

- (4)随机生成[0,1]之间的捕食行为概率p,若p < 0.5,则直接进行下一步判断,反之,则收缩包围猎物。
- (5)若感知距离控制参数 | A | > 1, 鲸鱼根据彼此位置随机搜索猎物, 反之, 鲸鱼个体位置进行螺旋更新。
- (6)判断经过鲸鱼优化算法得到的模型损失值是否小于 MTL LSTM 训练得到的平均损失函数 L_{Avg} ,若满足,则得到最优的神经元个数 m 和时间步长 s;若不满足,则更新参数并重新进行训练。
- (7)利用最优参数的 WOA MTL LSTM 模型 对水稻叶片白叶枯病发病率和潜伏期进行预测。

1.6 模型验证和精度评价

为了评估基于时序高光谱的 WOA - MTL - LSTM 多任务学习模型的预测性能,将数据集按照比例 8:2 划分为训练集和测试集,并进行 5次 10 折交叉验证。将决定系数 R^2 、均方根误差(Root mean square error, RMSE)和相对误差(Relative error, RE)作为评价指标,评估不同模型的预测性能,从而选择最佳预测模型。

2 结果与讨论

实验基于 Tensorflow 和 Keras 开源深度学习框架实现。操作平台硬件配置包括 NVIDIA GeForce RTX 2080Ti GPU,搭载 AMD Ryzen 5 - 1600 @ 3.20 GHz 六核处理器,内存为 64 GB。软件环境为 Windows 10 操作系统,选用 Matlab 2016b 及 Python 3.7 编程环境。构建基于时序高光谱和 MTL - LSTM 及WOA -MTL - LSTM 预测模型,对水稻叶片白叶枯病发病率以及潜伏期进行预测,并比较不同模型的预测性能。

2.1 病害胁迫下水稻病害叶片光谱分析

本研究截取波段 450~950 nm 范围内,共计 232 个波长。经过 SG 平滑后,不同 ROI 光谱中的噪声大大降低,消除了大小差异和不同信息结构的干扰, SG 平滑后的光谱如图 9 所示。

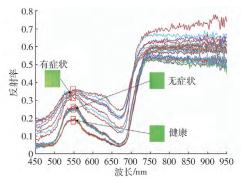


图 9 SG 平滑后的 9条平均光谱

Fig. 9 SG smoothed average spectra

由图 9 可以看出,无症状 ROI 的 RGB 图像和 健康 ROI 的 RGB 图像与有症状 ROI 的 RGB 图像 在颜色上有较大差异,可以通过目视检测进行分 类。而无症状 ROI 的 RGB 图像与健康 ROI 的 RGB 图像则无法通过目视检测进行区分。对于不 同状态的 ROI 对应的光谱差异较大,尤其无症状 ROI 与健康 ROI 在波段 500~650 nm 之间的光谱 反射率差异最为明显,健康 ROI 的反射率明显低 于病害 ROI 的反射率,这说明具有完整组织结构 的健康叶片 ROI 包含更多的光合色素,如叶黄素、 叶绿素和类胡萝卜素,导致在波段500~650 nm 之 间的吸收率更高[35]。病害胁迫下,叶片的内部结 构随着潜伏期增加而逐渐被破坏,对可见光的吸 收逐渐降低,在波段450~720 nm 间的反射率呈逐 渐上升趋势。绿峰波段光谱反射率随叶片内部结 构被破坏而逐渐升高,而红谷波段反射率逐渐下 降。在波段 750~950 nm 范围内光谱曲线变得平 坦且重叠较多,这与 ZHANG 等[36]的研究结果一 致。根据前人的研究,细菌引起的叶片内部结构

损伤首先会降低近红外范围内的光谱反射率,且水分等生物质的损失可能最终导致反射率上升^[37]。

2.2 光谱降维结果分析

为了分析水稻病害样本的时序高光谱的时序性特点,需要对时序高光谱数据进行降维处理。本文首先对数据进行主成分分析,主成分分析不仅可以降低数据维度,而且能够通过样本在各因子空间的得分确定所属的类别,新变量可以更加直观地表征原样本的差异。

图 10a 为经过预处理的光谱的前 3 个主成分得分示意图。可以看出,将光谱的 232 个波长映射到全新的正交平面,可以很好地区分样本所属类别,且前 3 个主成分得分累加为 98.63%,但是映射到新的正交平面则失去了光谱的波长属性。为了尽可能多的保留原光谱的信息,本文选择累计得分超过99%的前 10 个主成分作为高光谱降维后的待分析样本。为了克服主成分分析将特征映射到新的正交平面而失去光谱波长属性的缺陷,从高光谱所有波长中提取对病害敏感的波长子集。本文利用随机森林算法提取高光谱中对水稻白叶枯病敏感性高的前10 个光谱波长,如图 10b 所示,从左到右,波长重要性得分逐渐降低,排序为 1 的波长(667.02 nm)重要性得 分最高,为 0.118 6,排序为 2 的波长(651.89 nm)重要性得分为 0.117 9,依次递减。在

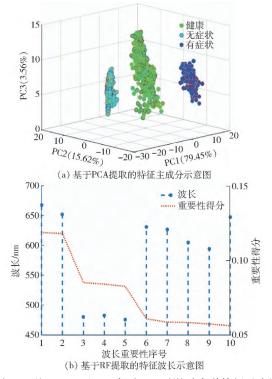


图 10 基于 PCA 和 RF 提取 SG 平滑后光谱特征示意图 Fig. 10 Schematics of spectral features extracted after SG smoothing based on PCA and RF

保留所需要信息的同时还降低了数据维度,从而减少了计算量。由图 10b 可以看出,敏感性较高的光谱波段主要集中于 530 ~ 700 nm 之间,这和健康ROI 的光谱曲线与病害 ROI 光谱曲线之间的差异存在较强相关性,这与 ZHANG 等[36] 发现的水稻白叶枯病害敏感波段范围重合。

2.3 基于 WOA 的模型参数优化

将水稻病害叶片按照比例 8: 2划分为训练集和测试集,采用 WOA 算法对多任务学习 LSTM 网络的隐含层神经元个数 m 和时间步长 s 进行寻优,可以得到最优的 MTL – LSTM 网络参数。图 11 为 WOA 参数寻优过程中平均损失值 L_{Avg} 收敛曲线。由图 11 可知,WOA 在迭代周期为 76 时收敛到 L_{Avg} 最小值。此时,隐含层神经元个数 m 为 10,时间步长 s 为 4, WOA 获取到 MTL – LSTM 网络的最优参数。

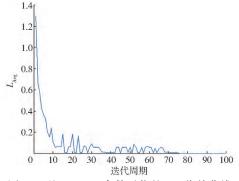


图 11 基于 WOA 参数寻优的 L_{Avg} 收敛曲线

Fig. 11 $L_{\mbox{\scriptsize Avg}}$ convergence curve for parameter optimization based on WOA

2.4 基于时序光谱特征的模型预测性能分析

为了验证 WOA 优化 MTL - LSTM 多任务学习模型的性能,将典型的 MTL - LSTM 多任务学习模型与 WOA 优化的 MTL - LSTM 多任务学习模型进行性能比较。为了避免偶然性且客观地进行评价,采取 5 次 10 折交叉验证法,将 5 次独立重复训练仿真结果平均值作为最终参考依据。同时,为了验证通过 PCA 和 RF 提取光谱特征的有效性,比较了基于全光谱波长数据集和 PCA 及 RF 提取光谱特征数据集构建的模型的预测性能。

基于全光谱波长数据集(232个波长)构建的模型对水稻白叶枯病害发病率及潜伏期预测的性能如表 2 所示。由表 2 可以看出,对发病率和潜伏期的预测性能,基于全光谱波长数据集的 WOA - MTL - LSTM 模型的测试集决定系数 R^2 分别为 0.90 和 0.84,RMSE 分别为 0.38 和 2.50,RE 分别为 0.47% 和 1.34%;比 MTL - LSTM 模型决定系数 R^2 均上升 0.05,RMSE 分别下降 0.06 和 0.05,RE 分别下降 0.36 个百分点和 0.34 个百分点。

表 2 基于全光谱构建的不同模型的预测性能

Tab. 2 Prediction performance of different models based on full spectra

任务模型	# #I	训练时间/s -	训练集			测试集		
	快型		R^2	RMSE	RE/%	R^2	RMSE	RE/%
发病率	MTL - LSTM	54. 31	0.87 ± 0.03	0. 51 ± 0. 02	0.84 ± 0.02	0.85 ± 0.03	0. 44 ± 0. 02	0. 83 ± 0. 02
	WOA-MTL-LSTM	50. 19	0.90 ± 0.01	0.30 ± 0.01	0.21 ± 0.01	0.90 ± 0.05	0.38 ± 0.03	0.47 ± 0.02
潜伏期	MTL - LSTM	54. 31	0.81 ± 0.02	2. 76 ± 0. 06	1. 29 ± 0. 03	0.79 ± 0.03	2. 55 ± 0. 04	1. 68 ± 0. 03
	WOA-MTL-LSTM	50. 19	0.85 ± 0.02	2.71 ± 0.04	1. 19 ± 0.02	0.84 ± 0.04	2.50 ± 0.04	1.34 ± 0.02

基于随机森林提取的前 10 个特征波长构建的 MTL - LSTM 和 WOA - MTL - LSTM 网络对水稻叶片白叶枯病发病率以及潜伏期的预测性能如表 3 所示。由表 3 可以看出, WOA - MTL - LSTM 网络对两个任务的预测性能优于 MTL - LSTM 网络对两个任务的预测性能。WOA - MTL - LSTM 网络对发病率和潜伏期的测试集决定系数 R^2 分别为 0.93 和 0.85, RMSE 分别为 0.34 和 2.12, RE 分别为 0.33% 和 1.21%。

对比表 2 和表 3 可以发现,基于 RF 提取的特征波长构建的模型的预测性能优于全光谱波长构建的模型的预测性能,前者的建模时间比后者减少约 98%,决定系数最大提升 0.04,验证了特征波长的有效性,表明随机森林算法可以有效地从高光谱数据中提取特征波长,降低高光谱数据维度,这与 SPEISER 等^[26]的研究结果相符。发病率和潜伏期预测的 R^2 为 0.89 和 0.80, RMSE 为 0.35 和 2.35, RE 为 0.76% 和 1.53%,满足水稻病害预测的要求。

表 3 基于前 10 个特征波长构建的不同模型的预测性能

Tab. 3 Prediction performance of different models based on top 10 characteristic wavelengths

任务模型	塔 刑	训练时间/s -	训练集			测试集		
	医望		R^2	RMSE	RE/%	R^2	RMSE	RE/%
发病率	MTL - LSTM	1. 37	0.90 ± 0.02	0.46 ± 0.06	0.70 ± 0.07	0.88 ± 0.07	0.35 ± 0.05	0.76 ± 0.03
	WOA - MTL - LSTM	1. 12	0.94 ± 0.01	0.25 ± 0.01	0.15 ± 0.04	0.93 ± 0.02	0.34 ± 0.07	0.33 ± 0.01
潜伏期	MTL - LSTM	1. 37	0.82 ± 0.02	2. 56 ± 0. 07	1. 26 ± 0. 08	0.80 ± 0.03	2.35 ± 0.08	1. 53 ± 0. 06
	WOA - MTL - LSTM	1. 12	0.86 ± 0.01	2.52 ± 0.06	1. 14 ± 0.06	0.85 ± 0.03	2.12 ± 0.07	1.21 ± 0.04

基于 PCA 提取的前 10 个主成分对水稻叶片白叶枯病发病率以及潜伏期预测的性能如表 4 所示。由表 4 可知,基于时序高光谱前 10 个主成分构建的WOA-MTL-LSTM 网络对白叶枯病发病率和潜伏

期的预测性能最优,测试集决定系数 R^2 分别为 0. 91 和 0. 83, RMSE 分别为 0. 37 和 2. 61, RE 分别为 0. 46% 和 1. 33%, 性能优于 MTL – LSTM 网络的预测性能。

表 4 基于前 10 个主成分构建的不同模型的预测性能

Tab. 4 Prediction performance of different models based on top 10 PCs

任务	模型	训练时间/s -	训练集			测试集		
	侠空		R^2	RMSE	RE/%	R^2	RMSE	RE/%
发病率	MTL - LSTM	1. 45	0.86 ± 0.02	0.53 ± 0.04	0. 83 ± 0. 05	0.85 ± 0.08	0. 43 ± 0. 02	0.84 ± 0.03
	WOA-MTL-LSTM	1. 23	0.91 ± 0.02	0.31 ± 0.04	0.21 ± 0.04	0.91 ± 0.05	0.37 ± 0.05	0.46 ± 0.03
潜伏期	MTL - LSTM	1. 45	0.80 ± 0.03	2. 87 ± 0. 09	1. 33 ± 0. 04	0.79 ± 0.09	2. 67 ± 0. 07	1. 68 ± 0. 07
	WOA-MTL-LSTM	1. 23	0.84 ± 0.01	2.74 ± 0.07	1.21 ± 0.03	0.83 ± 0.06	2.61 ± 0.07	1.33 ± 0.04

比较表 3 和表 4 可以发现,基于随机森林提取的前 10 个特征波长构建的 WOA - MTL - LSTM 对两个任务的预测性能优于基于 PCA 提取的前 10 个主成分构建的 WOA - MTL - LSTM 对两个任务的预测性能,且前者建模时间少于后者的建模时间。对发病率的预测性能,测试集的决定系数 R^2 上升 0. 02, RMSE下降 0. 03, RE下降 0. 13 个百分点。对潜伏期的预测性能,测试集的决定系数 R^2 上升 0. 02, RMSE下降

0.49,RE下降 0.12 个百分点。说明基于随机森林提取的前 10 个特征波长不仅保留了高光谱的光谱特性,而且可以完整地表征时序高光谱的信息。此外,WOA-MTL-LSTM 网络比 MTL-LSTM 网络在预测水稻病害发病率和潜伏期时表现出更高的预测精度,说明 WOA 可以有效确定 MTL-LSTM 网络神经元个数和时间步长,更有效地提取时序高光谱的信息,这与 YANG 等[32]的研究相符合。

3 结论

- (1) RF 能有效降低原始高光谱数据的维度,缩短建模时间。与使用全光谱波长构建的模型相比,利用 RF 提取的特征波长构建的模型可以缩短 98%的训练时间;与 PCA 提取的主成分相比,基于 RF 提取的特征波长构建的模型具有更优的预测性能和可解释性。实验结果表明,对水稻白叶枯病害敏感的波长主要集中在波段 530~700 nm 之间。
- (2)基于时序特征波长构建的 MTL LSTM 模型对发病率和潜伏期的预测均取得了良好结果,对发病率和潜伏期预测的 R²为 0.89 和 0.80, RMSE

为 0. 35 和 2. 35, RE 为 0. 76% 和 1. 53%, 满足水稻病害预测的要求。

(3)利用 WOA 算法对 MTL - LSTM 模型进行优化,提升了 MTL - LSTM 的预测性能,并缩短了建模 时间。基于前 10 个特征 波长构建的 WOA - MTL - LSTM模型对发病率和潜伏期预测测试集的 R^2 分别为 0. 93 和 0. 85, RMSE 分别为 0. 34和 2. 12, RE 分别为 0. 33%和 1. 21%。相较于优化前, WOA - MTL - LSTM 网络对发病率和潜伏期预测的 R^2 均提升 0. 05。实验表明 WOA 可以有效确定 MTL - LSTM 网络的最佳神经元个数以及最佳时间步长,进而提升模型的预测性能。

参考文献

- [1] WANG Guoliang, VALENT B. Durable resistance to rice blast[J]. Science, 2022,6328(355):906 907.
- [2] KIM Y, ROH J H, KIM H. Early forecasting of rice blast disease using long short-term memory recurrent neural networks [J]. Sustainability, 2018,34(10):1-20.
- [3] SATHE A P, SU Xiaona, CHEN Zheng, et al. Identification and characterization of a spotted-leaf mutant spl40 with enhanced bacterial blight resistance in rice[J]. Rice, 2019,68(12):1-15.
- [4] ZHANG Jinnuo, YANG Yong, FENG Xuping, et al. Identification of bacterial blight resistant rice seeds using terahertz imaging and hyperspectral imaging combined with convolutional neural network[J]. Frontiers in Plant Science, 2020,821(11):1-15.
- [5] KAMPIRE M G, SANGLOU R K, WANG Huimei, et al. A novel allele encoding 7-hydroxymethyl chlorophyll a reductase confers bacterial blight resistance in rice[J]. International Journal of Molecular Sciences, 2021,85(22):1-14.
- [6] ŠEBELA D, QUIÏ O C, CRUZ C V, et al. Chlorophyll fluorescence and reflectance-based non-invasive quantification of blast, bacterial blight and drought stresses in rice[J]. Plant and Cell Physiology, 2018,59(1):30-43.
- [7] YU L, YANG C, JI Z, et al. First report of new bacterial leaf blight of rice caused by pantoea ananatis in southeast China[J]. Plant Disease, 2022,106(1):310.
- [8] CALAMITA F, IMRAN H A, VESCOVO L, et al. Early identification of root rot disease by using hyperspectral reflectance: the case of pathosystem grapevine/armillaria[J]. Remote Sensing, 2021,2436(13):1-22.
- [9] FRANCESCHINI M H D, BARTHOLOMEUS H, VAN APELDOORN D F, et al. Feasibility of unmanned aerial vehicle optical imagery for early detection and severity assessment of late blight in potato[J]. Remote Sensing, 2019,11(3):21 34.
- [10] TIAN Long, XUE Bowen, WANG Ziyi, et al. Spectroscopic detection of rice leaf blast infection from asymptomatic to mild stages with integrated machine learning and feature selection [J]. Remote Sensing of Environment, 2021, 257(112):1-16.
- [11] KOUSHIK N, SARAH J, ASHEESH K S, et al. Plant disease identification using explainable 3D deep learning on hyperspectral images [J]. Plant Methods, 2019,15(13):263-275.
- [12] ZHAO Jinling, FANG Yan, CHU Guomin, et al. Identification of leaf-scale wheat powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *tritici*) combining hyperspectral imaging and an SVM classifier[J]. Plants, 2020,936(9):1-13.
- [13] ZHANG Jingcheng, TIAN Yangyang, YAN Lijie, et al. Diagnosing the symptoms of sheath blight disease on rice stalk with an in-situ hyperspectral imaging technique [J]. Biosystems Engineering, 2021,209(24):94 105.
- [14] 翟肇裕,曹益飞,徐焕良,等. 农作物病虫害识别关键技术研究综述[J]. 农业机械学报,2021,52(7):1-18. ZHAI Zhaoyu, CAO Yifei, XU Huanliang, et al. Review of key techniques for crop disease and pest detection [J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2021,52(7):1-18. (in Chinese)
- [15] XU Yongli, LI Xiaoxing, CHEN Dirong, et al. Learning rates of regularized regression with multiple Gaussian kernels for multi-task learning [J]. IEEE Transactions on Neural Networks and Learning Systems, 2018,29(11):5408-5418.
- [16] PATLE K S, SAINI R, KUMAR A, et al. Field evaluation of smart sensor system for plant disease prediction using LSTM network[J]. IEEE Sensors Journal, 2022,22(4):3715 3725.
- [17] SUN Qian, TANG Zhong, GAO Jingpeng, et al. Short-term ship motion attitude prediction based on LSTM and GPR[J]. Applied Ocean Research, 2022,118(127):1-12.
- [18] SU Jinya, LIU Cunjia, HU Xiaoping, et al. Spatio-temporal monitoring of wheat yellow rust using UAV multispectral imagery [J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2019,135(167):1-10.
- [19] VERMA T, DUBEY S. Prediction of diseased rice plant using video processing and LSTM-simple recurrent neural network with comparative study[J]. Multimedia Tools and Applications, 2021,80(19):29267 29298.
- [20] CAO Yifei, XU Huanliang, SONG Jin, et al. Applying spectral fractal dimension index to predict the SPAD value of rice leaves under bacterial blight disease stress [J]. Plant Methods, 2022,67(18):1-15.
- [21] 曹益飞,袁培森,王浩云,等. 基于光谱分形维数的水稻白叶枯病害监测指数研究[J]. 农业机械学报,2021,52(9):

- 134 140.
- CAO Yifei, YUAN Peisen, WANG Haoyun, et al. Monitoring index of rice bacterial blight based on hyperspectral fractal dimension [J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2021,52(9):134-140. (in Chinese)
- [22] 刘媛媛, 张凡, 师琪, 等. 基于高光谱和集成学习的库尔勒香梨黑斑病潜育期诊断[J]. 农业机械学报, 2022,53(6): 295-303.
 - LIU Yuanyuan, ZHANG Fan, SHI Qi, et al. Diagnosis of Korla pear black spot in incubation period based on hyperspectral imaging and ensemble learning algorithm [J]. Transaction of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2022,53(6):295 –303. (in Chinese)
- [23] DAS B, MANOHARA K K, MAHAJAN G R, et al. Spectroscopy based novel spectral indices, PCA- and PLSR-coupled machine learning models for salinity stress phenotyping of rice [J]. Spectrochimica Acta Part Amolecular and Biomolecular Spectroscopy, 2020,229(117983):1-13.
- [24] WANG Aili, WANG Ying, CHEN Yushi. Hyperspectral image classification based on convolutional neural network and random forest[J]. Remote Sensing Letters, 2019,10(11):1086 1094.
- [25] HSIEH T H, KIANG J F. Comparison of CNN algorithms on hyperspectral image classification in agricultural lands [J]. Sensors, 2020, 20(6):1734-1751.
- [26] SPEISER J L, MILLER M E, TOOZE J, et al. A comparison of random forest variable selection methods for classification prediction modeling [J]. Expert Systems with Applications, 2019,134(87):93 101.
- [27] TAN Kun, WANG Huimin, CHEN Lihan, et al. Estimation of the spatial distribution of heavy metal in agricultural soils using airborne hyperspectral imaging and random forest[J]. Journal of Hazardous Materials, 2020,382(245):120987 121000.
- [28] WU Shiling, PENG Dunlu. Pre-SMATS: a multi-task learning based prediction model for small multi-stage seasonal time series [J]. Expert Systems with Applications, 2022,201(33):117 129.
- [29] XIAO Yanshan, WEN Jing, LIU Bo. A new multi-task learning method with universum data[J]. Applied Intelligence, 2020, 87(26):12-34.
- [30] TURKOGLU M, HANBAY D, SENGUR A. Multi-model LSTM-based convolutional neural networks for detection of apple diseases and pests[J]. Journal of Ambient Intelligence and Humanized Computing, 2019,34(21):123-134.
- [31] 孙龙清, 吴雨寒, 孙希蓓, 等. 基于 IBAS 和 LSTM 网络的池塘水溶解氧含量预测[J]. 农业机械学报, 2021,52(增刊):252-260.

 SUN Longqing, WU Yuhan, SUN Xibei, et al. Dissolved oxygen prediction model in ponds based on improved beetle antennae search and LSTM network[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2021,52(Supp.):252-260.
- [32] YANG Shaomei, CHEN Dongjiu, LI Shengli, et al. Carbon price forecasting based on modified ensemble empirical mode decomposition and long short-term memory optimized by improved whale optimization algorithm [J]. Science of the Total Environment, 2020,716(117):1-13.
- [33] ZHANG Qiang, GAO Tianze, LIU Xueyan, et al. Public environment emotion prediction model using LSTM network [J]. Sustainability, 2020,12(4):1665-1681.
- [34] 于永进,姜雅男,李长云. 基于 WOA LSTM 模型的机-热老化绝缘纸剩余寿命预测方法[J]. 电工技术学报,2021,10(8):1-10.
 YU Yongjin, JIANG Ya'nan, LI Zhangyun. Prediction method of insulation paper remaining life with mechanical-thermal
- synergy based on WOA LSTM model[J]. Transactions of China Electrotechnical Society, 2021,10(8):1-10. (in Chinese)

 [35] MARÍN-ORTIZ J C, GUTIEREZ-TORO N, BOTERO-FERNÁNDEZ V, et al. Linking physiological parameters with visible/
 near-infrared leaf reflectance in the incubation period of vascular wilt disease[J]. Saudi Journal of Biological Sciences, 2020,
 27(1):88-99.
- [36] ZHANG Jinnuo, FENG Xuping, WU Qingguan, et al. Rice bacterial blight resistant cultivar selection based on visible/near-infrared spectrum and deep learning [J]. Plant Methods, 2022,18(1):11 27.
- [37] FENG Lei, WU Baohua, ZHU Susu, et al. Investigation on data fusion of multisource spectral data for rice leaf diseases identification using machine learning methods [J]. Frontiers in Plant Science, 2020,11(2):1-18.