doi:10.6041/j.issn.1000-1298.2025.01.003

基于电子病历多模态数据的作物病害多元场景处方推荐方法研究

张领先[1]　丁俊琦[1]　陈菲菲[1]　李宜滨[1]　张一丁[2]

(1. 中国农业大学信息与电气工程学院, 北京 100083; 2. 中国农业大学工学院, 北京 100083)

摘要: 针对作物品种及病害种类繁杂、样本数据严重不平衡、处方类别多样及数据多模态等特点和难点,本文基于电子病历多模态数据整合,开展面向多样化、可拓展和多模态 3 种应用场景需求的作物病害处方推荐方法研究。针对常见病害多样化处方推荐应用场景,基于 CdsBERT-RCNN 和诊断推理构建了作物病害多样化处方推荐模型,提升了面向 32 种常见病害的诊断准确度及处方推荐的多样化水平;针对未训练少见病害和新添处方应用场景,基于 MC-SEM 和语义检索构建了作物病害可拓展处方推荐模型,提升了语义匹配准确性和案例库检索速度,实现对未训练病害的处方推荐功能;针对多种模态信息采集和输入应用场景,基于 BATNet 多层特征融合构建了多模态作物病害处方推荐模型,提升了多模态数据输入的处方推荐性能。实验结果表明,CdsBERT-RCNN 模型对 32 种常见病害的诊断准确率达到 85.65%,F1 值达到 85.63%;不同完整性输入测试中,仅输入症状信息即可达到 81.19% 的准确率,而添加环境信息和作物信息分别使准确率进一步提高 1.65、3.61 个百分点;MC-SEM 模型对电子病历语义匹配任务达到皮尔森相关系数 86.34% 和斯皮尔曼相关系数 77.67%;封闭集和开放集上处方推荐准确率分别达到 88.20% 和 82.04%,验证了模型对未训练病害的推荐能力;BATNet 对于多模态输入处方推荐任务的准确率和 F1 值达到 98.88% 和 98.83%;应用场景分析和测试验证了模型在不完整模态(纯文本或纯图像)和不完整信息输入(作物、环境、症状)情况下泛化能力。该研究为数字化赋能作物病害防治决策提供了新的思路。

关键词: 作物病害处方推荐; 自然语言处理; 语义检索; 多模态融合; 电子病历

中图分类号: TP391　　**文献标识码**: A　　**文章编号**: 1000-1298(2025)01-0025-12　　**OSID**:

Multi-scenario Prescription Recommendations for Crop Diseases Based on Multi-modal Data of Electronic Medical Records

ZHANG Lingxian[1]　DING Junqi[1]　CHEN Feifei[1]　LI Yibin[1]　ZHANG Yiding[2]

(1. *College of Information and Electrical Engineering*, *China Agricultural University*, *Beijing* 100083, *China*
2. *College of Engineering*, *China Agricultural University*, *Beijing* 100083, *China*)

Abstract: Considering challenges such as diverse crop varieties, complex disease types, significant sample data imbalance, varied prescription categories, and multi-modal data, prescription recommendation methods tailored to diverse, extensible, and multi-modal application scenarios were explored by using multi-modal EMR data. To accommodate the varying prescription preferences of agricultural producers, a diversified crop disease prescription recommendation model based on CdsBERT-RCNN and diagnostic reasoning was developed, improving diagnostic accuracy and prescription diversity for 32 common diseases. For untrained rare diseases and newly added prescriptions, an extensible crop disease prescription recommendation model based on MC-SEM and semantic retrieval was developed, enhancing semantic matching accuracy and case library retrieval speed, and providing prescription recommendations for untrained diseases. For multimodal information collection and input, a multi-modal crop disease prescription recommendation model based on BATNet multi-layer feature fusion was developed, enhancing prescription recommendation performance for multimodal data inputs. Results

收稿日期: 2024-07-04　修回日期: 2024-08-20

基金项目: 国家自然科学基金项目(62376272)和全国农业专业学位研究生教育指导委员会研究生教育研究重点课题(2021-NYZD-07)

作者简介: 张领先(1970—),男,教授,博士生导师,主要从事农业信息化研究,E-mail: zhanglx@cau.edu.cn

通信作者: 张一丁(1995—),女,博士后,主要从事农业信息技术研究,E-mail: zhangyiding117@163.com

demonstrated that CdsBERT – RCNN achieved an 85.65% diagnostic accuracy and an F1 score of 85.63% across the 32 common diseases. In tests with varying input completeness levels, the model achieved 81.19% accuracy with symptom information alone, and the inclusion of environmental and crop information improved accuracy by 1.65 percentage points and 3.61 percentage points, respectively. MC – SEM achieved a Pearson correlation coefficient of 86.34% and a Spearman correlation coefficient of 77.67% for EMR semantic matching tasks; and achieved accuracy of 88.20% and 82.04% in the closed-set and open-set prescription recommendation tests, respectively, demonstrating its capability to expand to untrained diseases. BATNet achieved an accuracy and F1 score of 98.88% and 98.83%, respectively, for multi-modal input prescription recommendation tasks. Application scenario analysis and testing validated the model's generalization capability for incomplete modalities (pure text or pure image) and incomplete information input (crop, environment, symptoms). The research result would provide an idea for digitally enabled crop disease control decision-making.

Key words: prescription recommendation for crop diseases; natural language processing; semantic retrieval; multi-modal fusion; electronic medical records

0 引言

精准识别作物病害并实现科学、绿色、准确的病害防治决策对于农业绿色生产提质增效具有重要意义。近年来快速发展的计算机视觉技术能够基于植株叶片或果实的可见光图像、显微图像或高光谱图像提取病害表征,实现作物病害检测[1-2]及严重度估算[3-5]。而受我国农业生产存在的区域生产、小农户分散种植、农技专家缺乏等实际情况的影响,病害防治研究面临着田间数据难采集、农技知识难整合、绿色防控措施难推广等诸多挑战。北京植物诊所社会化服务网络[6]的建立及其积累的电子病历为作物病害处方推荐提供了新的思路和重要的数据支持[7]。根据植物病理学中的病三角原理[8],通过深入挖掘电子病历中的作物、环境、病害与处方信息及其关联关系,可以揭示作物病害发生机理及防控要点,从而更准确地制定防治策略。

目前电子病历数据挖掘研究主要集中在生物医学领域,包括聚类、关联分析、规则推理和深度学习在内的多种方法已在智能分诊[9]、健康评估[10]、症状评级[11]、知识提取[12]等任务上取得进展,充分证明电子病历的回溯性和信息抽取价值。目前该技术主要应用于辅助已知疾病的常用药物选择[13-15]或中医药领域[16-18],但对多种未知疾病的诊疗问题缺乏泛化能力和实践推广能力。农业领域已有研究表明,支持向量机[19]、随机森林[20]等机器学习方法能够提取作物电子病历的结构化数据特征并实现单一作物品种的病害分类[21],但是作物电子病历非结构化数据,包含更多的信息需要挖掘;还有研究通过 Cosine、BM25、Jaccard 等方法计算作物处方文本的语义相似度进而实现处方语义匹配[22],但其难以解决大规模处方案例库的检索速度问题。农业生产实践中作物病害处方推荐面临不同应用场景的多重挑战,要实现多元应用场景作物病害智能处方推荐,在技术层面还存在样本不平衡、覆盖处方种类少、数据结构与语言规范性差、处方检索速度难提升、多源多模态信息整合难等问题。

对此,本研究面向多元应用场景拟开展基于电子病历多模态数据的作物病害处方推荐研究(图 1),推动作物病害防控信息服务的数字化、自动化、精准化。

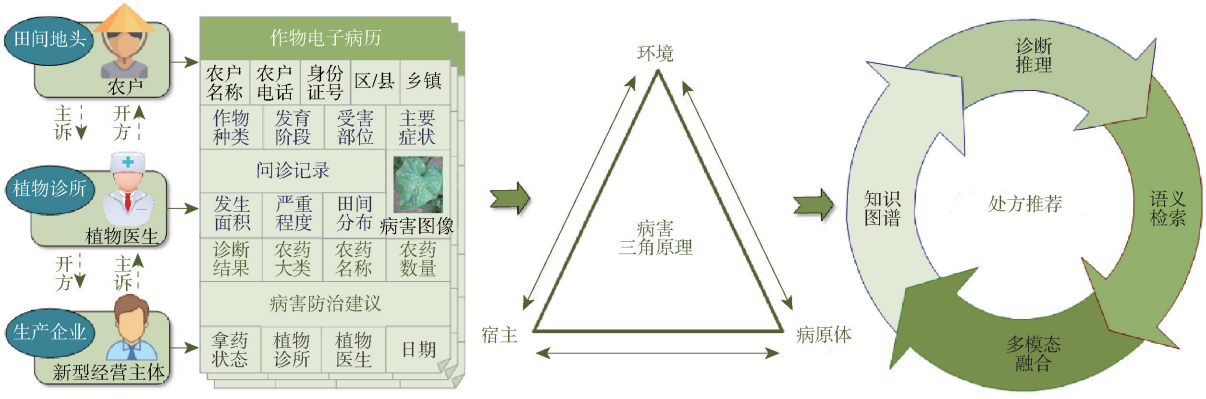

图 1 基于电子病历多模态数据的作物病害处方推荐研究路线图

Fig. 1 Research ideas for crop disease prescription recommendation based on multi-modal data from electronic medical records

1　基于电子病历多模态数据的作物病害处方推荐多元应用场景及其解决方案

1.1　电子病历探索性数据统计分析

(1)作物品种：从北京市植物保护站所建立的 115 家植物诊所陆续获取了 2017 年 10 月 30 日至 2021 年 7 月 13 日的病害问诊记录数据，共计 35 859 条。电子病历全部样本涉及作物品种共 102 种，其中番茄和黄瓜两种作物品种占比最大，分别为 46% 和 37%；其次是草莓、西瓜、茄子、生菜、芹菜、辣椒和大白菜 7 种，占比为 1% ~4%；其它如水稻、桃、大豆、玉米、梨、蓝莓、蒜、花生、核桃、西葫芦等 93 类作物品种，共占比为 2%。样本数据呈现作物品种繁杂、作物种类分布严重不平衡的状态。

(2)病害种类：电子病历样本中涉及的作物病害种类全部样本包含 156 种病害，其中番茄晚疫病、黄瓜霜霉病和番茄病毒病 3 种病害占比较高，分别为 16%、16% 和 13%；其次是黄瓜白粉病、黄瓜角斑病、番茄灰霉病、番茄早疫病、草莓白粉病、番茄线虫等 16 种病害，占比在 1% ~9% 之间；137 种其它病害占比均低于 1%，共占比 13%。

(3)电子病历处方数据种类：根据电子病历及病害防治明白纸、农业网站数据爬虫、北京市农作物病虫害绿色防控产品推荐名录、北京市农作物病虫害绿色防控产品推荐名录、北京市推广应用绿色防控产品绿色补贴记录、CABI plantwise 在线知识库、蔬菜病虫害安全防治技术规范、《农业植物病理学(第三版)》、农药安全使用标准等作物病害处方相关资料，归纳常见作物病害的多样化处方，每种病害防治方法包括农业防治、生物防治和化学防治，所用到的农药包括无机农药与有机农药(天然有机农药、微生物农药和人工合成农药)。

1.2　基于电子病历多模态数据的作物病害处方推荐应用场景

根据北京市植物诊所现行处方推荐方法及电子病历数据统计分析，作物病害处方推荐面临着作物品种及病害种类繁杂、样本数据严重不平衡、处方类别多样及电子病历数据多模态等特点和难点，导致单一作物病害处方推荐方案难以精准挖掘不同类别电子病历数据或适用于不同应用场景。为此，需要面向不同应用场景提出作物病害处方推荐解决方案。

基于北京市植物诊所现行处方推荐方法，分析人工智能技术赋能作物病害处方推荐方法的应用场景，分别针对常见病害多样化处方、小样本病害和新添加处方、多模态数据输入 3 种不同场景进行处方推荐应用场景分析(图 2)。

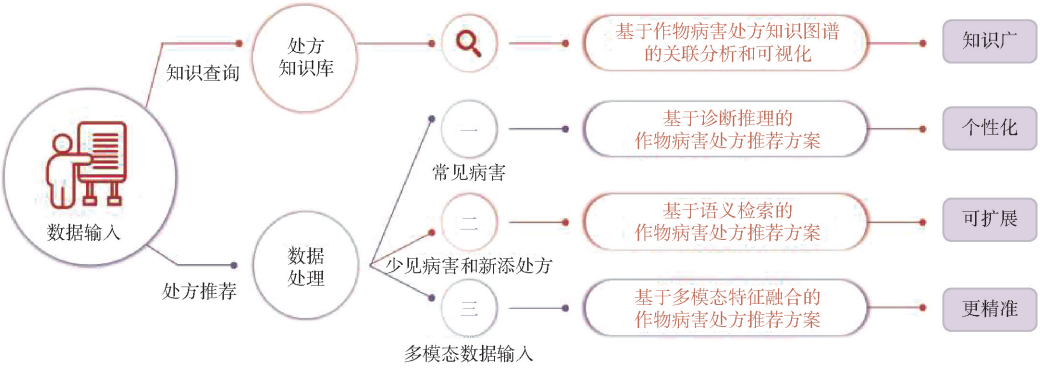

图 2　作物病害处方推荐应用场景分析

Fig. 2　Crop disease prescription recommendation application scenario analysis

1.3　面向多元应用场景的作物病害处方推荐方案

针对常见病害处方推荐、少见病害和新添处方、多模态数据输入等 3 种不同作物病害处方推荐应用场景，提出相应的 3 种处方推荐方案：基于诊断推理的作物病害处方推荐方案、基于语义检索的作物病害处方推荐方案和基于多模态特征融合的作物病害处方推荐方案(图 3)。

(1)基于诊断推理的作物病害处方推荐是通过挖掘电子病历非结构化数据得到作物病害诊断的分类结果，然后基于规则推理方法和知识库处理结构化信息，实现有效的作物病害处方推荐，其关键环节在于病害准确诊断。

(2)基于语义检索的作物病害处方推荐是通过对案例库的语义检索生成推荐列表。语义检索在信息检索、推荐系统和问答系统等下游任务已有广泛应用，其核心在于参考库的构建和高效文本匹配的实现。文本匹配是在原始数据中识别和定位特定文本的过程。

(3)基于多模态特征融合的作物病害处方推荐是在提取多模态特征后再对特征融合，需要结合实际处方推荐场景进一步优化多模态特征提取方法，提高特征融合的有效性和效率，减少多模态输入的信息损失。视觉和自然语言模态融合的特征表示是该任务的核心问题(表 1)。

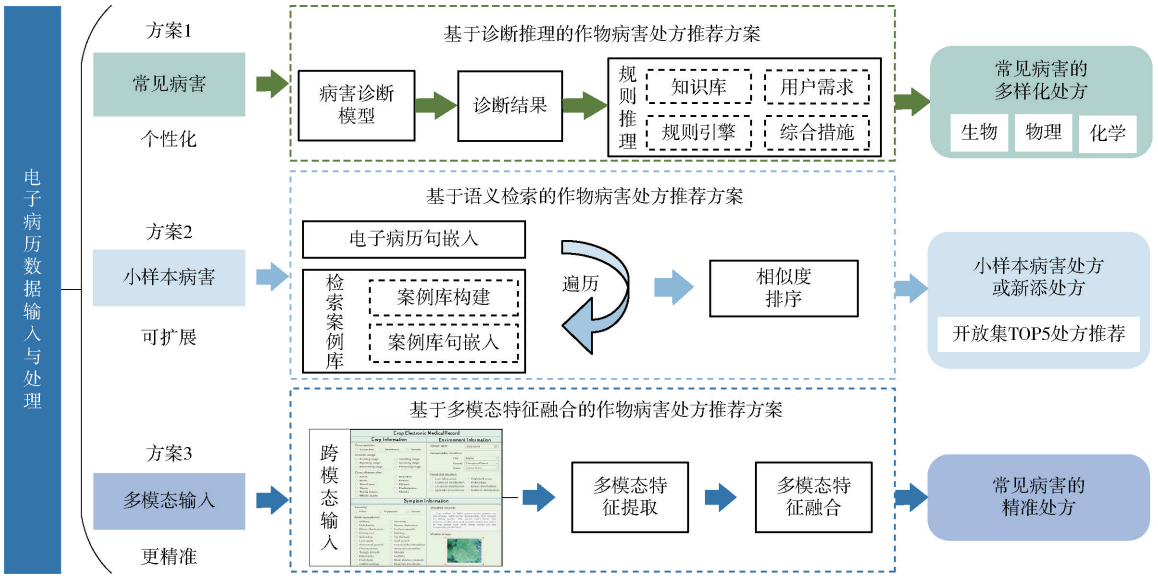

图 3 面向不同应用场景的作物病害处方推荐方案

Fig. 3 Crop disease prescription recommendation program for different application scenarios

表 1 面向不同应用场景的作物病害处方推荐方案对比

Tab. 1 Comparison of crop disease prescription recommendation programs for different applications scenarios

推荐方案	针对问题	适用范围	优势	技术要点
基于诊断推理的作物病害处方推荐方案	用户多样化需求难匹配	常见病害	可解释强、满足用户多样化需求	病害准确诊断与规则推理算法
基于语义检索的作物病害处方推荐方案	少见病害和新处方难添加	少见病害	可拓展能力:可进行未训练病害或处方类型的处方推荐	语义匹配与快速检索
基于多模态特征融合的作物病害处方推荐方案	图像-病历多模态数据难融合	多模态输入	更精准客观,关注更全面病害信息	多模态特征提取与融合

2 基于电子病历多模态数据的作物病害多元场景处方推荐模型

2.1 基于 CdsBERT-RCNN 和诊断推理的作物病害多样化处方推荐

2.1.1 面向常见作物病害的多样化处方推荐流程

对于常见作物病害多样化处方推荐场景,采用基于诊断推理的作物病害处方推荐方案。利用深度学习方法提取电子病历语义信息实现病害智能诊断,进而将诊断结果作为规则推理的输入部分,基于个性化选择设计规则匹配算法,最终从作物病害处方知识图谱中匹配该病害的多样化处方(图 4)。实验数据集与领域语料库构建;构建 CdsBERT-RCNN 病害诊断模型;模型训练及领域自适应预训

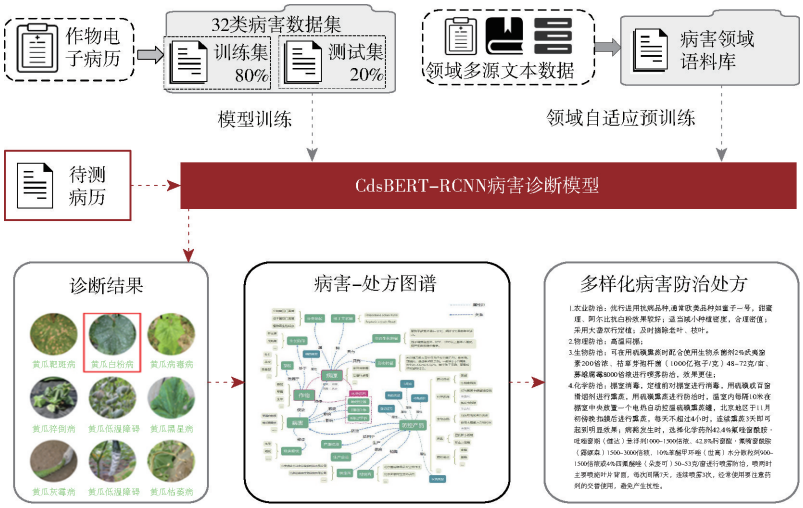

图 4 基于诊断推理的病害处方推荐流程图

Fig. 4 Flowchart of disease prescription recommendation based on diagnostic reasoning

练；通过训练好的模型实现病害诊断；结合作物病害处方知识图谱进行关联推理，以实现最终的多样化处方推荐。

2.1.2　基于 CdsBERT－RCNN 和诊断推理的作物病害多样化处方推荐模型

针对农业从业者对病害处方的多样化需求，构建基于 CdsBERT－RCNN 和诊断推理的作物病害多样化处方推荐模型（图 5）。

（1）基于自建语料库的领域自适应预训练：为提取电子病历文本的语义特征，基于自建领域语料库和 BERT 执行领域自适应预训练，即 DAPT，以获得特定于作物病害领域的双向编码器表示，即

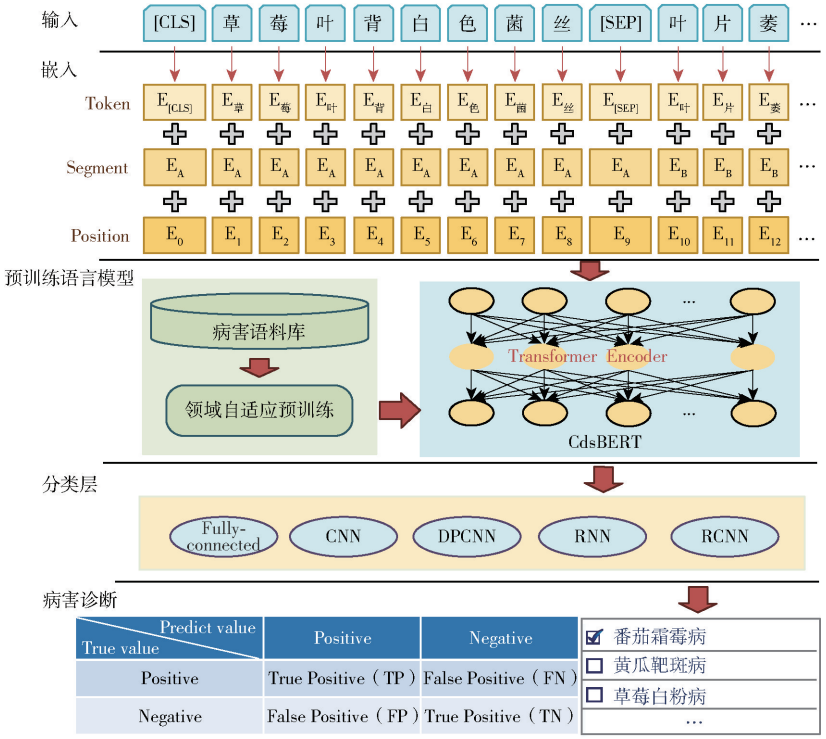

图 5　CdsBERT－RCNN 模型结构图

Fig. 5　Structure diagram of CdsBERT－RCNN model

CdsBERT。以谷歌发布的 BERT－Base－Chinese 作为基础模型，在自建语料库上对 CdsBERT 进行训练。使用掩码语言模型（Masked language model，MLM）作为目标来执行领域自适应预训练。成功训练得到与作物病害领域分布相匹配的 BERT 变种 CdsBERT，继承了 BERT－Base－Chinese 的网络架构和算法。

（2）电子病历文本嵌入模块：BERT 语言模型使用 MLM 和下一句预测（Next sentence prediction，NSP）两个无监督任务进行文本表示训练。MLM 任务通过随机遮蔽输入序列的 15% 单词，并利用上下文的词汇预测被遮蔽的单词，训练模型的双向 Transformer 编码器。而 NSP 任务则旨在学习判断两个句子之间是否存在上下文关系。该任务将数据随机分为上下文连续的正例和上下文不连续的负例两部分，训练 Transformer 模型判断句子间的相关性。CdsBERT 保留了 BERT 原有的结构，如图 6 所示。E_N 是输入序列的第 N 个标记，Trm 是 Transformer 块，T_N 是相应的输出嵌入[23]。

（3）病害诊断与分类模块：在文本表示后，增加

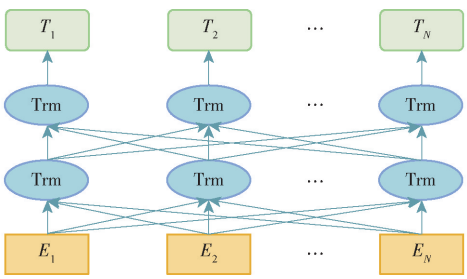

图 6　BERT 结构图

Fig. 6　Structure diagram of BERT

RCNN 分类模型对预先训练好的 CdsBERT 模型进行微调，以适应下游任务的需要。将 CdsBERT 的输出 $\boldsymbol{T}_i$ 输入到 RCNN 中，通过双向循环神经网络获取上下文特征 $c_l(\boldsymbol{T}_i)$ 和 $c_r(\boldsymbol{T}_i)$，其计算公式为

$$c_l(\boldsymbol{T}_i)=f(\boldsymbol{W}^{(l)}c_l(\boldsymbol{T}_{i-1})+\boldsymbol{W}^{(sl)}\boldsymbol{T}_{i-1}) \quad (1)$$

$$c_r(\boldsymbol{T}_i)=f(\boldsymbol{W}^{(r)}c_r(\boldsymbol{T}_{i+1})+\boldsymbol{W}^{(sr)}\boldsymbol{T}_{i+1}) \quad (2)$$

式中　f——双曲正切激活函数

$\boldsymbol{W}^{(l)}$、$\boldsymbol{W}^{(r)}$——转换矩阵

$\boldsymbol{W}^{(sl)}$、$\boldsymbol{W}^{(sr)}$——合并矩阵

然后将 $c_l(\boldsymbol{T}_i)$、$c_r(\boldsymbol{T}_i)$ 和 $\boldsymbol{T}_i$ 组合形成 $\boldsymbol{x}_i^{(1)}$，并输入激活函数和最大池化层以提取最显著的文本特征

$\boldsymbol{x}^{(2)}$。通过全连接层将$\boldsymbol{x}^{(2)}$转换为$\boldsymbol{x}^{(3)}$,利用 Softmax 函数计算概率以实现分类,计算公式为

$$\boldsymbol{x}_i^{(1)} = [c_l(\boldsymbol{T}_i);\boldsymbol{T}_{i-1};c_r(\boldsymbol{T}_i)] \tag{3}$$

$$\boldsymbol{x}^{(2)} = \max_{1\leqslant i\leqslant n}(\tanh(\boldsymbol{W}^{(l)}\boldsymbol{x}_i^{(1)} + \boldsymbol{b}^{(1)})) \tag{4}$$

$$\boldsymbol{x}^{(3)} = \boldsymbol{W}^{(2)}\boldsymbol{x}^{(2)} + \boldsymbol{b}^{(2)} \tag{5}$$

$$\mathrm{Softmax}(\boldsymbol{x}_j) = \frac{\exp(\boldsymbol{x}_j^{(3)})}{\sum_{k=1}^{n}\exp(\boldsymbol{x}_k^{(3)})} \tag{6}$$

最后使用交叉熵损失函数计算更新后的损失值,以评估预测值与真实值的相似度,其计算公式为

$$L(\boldsymbol{y},\boldsymbol{x}) = -\sum_{j=0}^{m}\boldsymbol{y}_j\log(\mathrm{Softmax}(\boldsymbol{x}_j)) \tag{7}$$

2.2 基于 MC-SEM 和语义检索的作物病害可拓展处方推荐

2.2.1 面向小样本作物病害的可拓展处方推荐流程

对于小样本处方推荐场景,采用基于语义检索的作物病害可扩展处方推荐方案。训练电子病历句嵌入方法;构建标准案例库,使用训练后的句嵌入方案对案例库所有样本向量化;使用经过训练的句嵌入方案对待诊断的电子病历向量化,计算其与所有案例库向量的余弦相似度,推荐相似度最高的处方(图 7)。

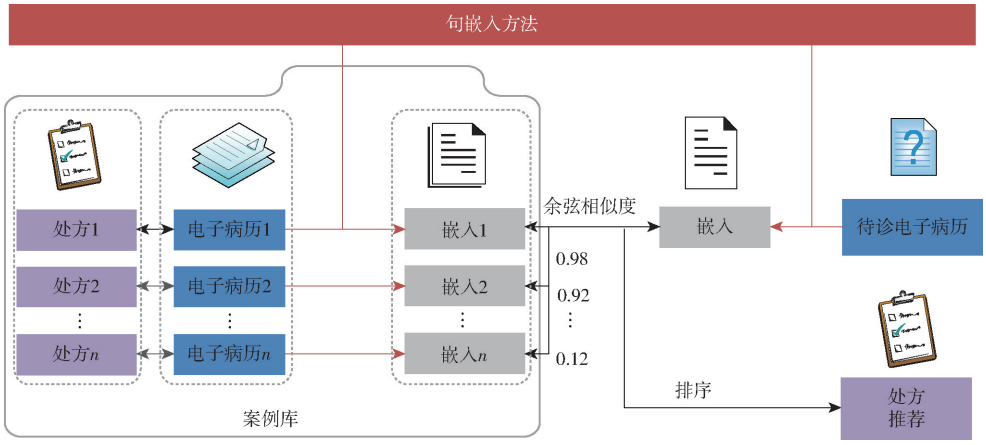

图 7 面向小样本作物病害的可拓展处方推荐流程图

Fig. 7 Expandable prescription recommendation process for small-sample crop diseases

2.2.2 基于 MC-SEM 和语义检索的作物病害可拓展处方推荐模型

针对未训练少见病害和新添处方适应性的问题,提出基于 MC-SEM 和语义检索的处方推荐模型(图 8)。

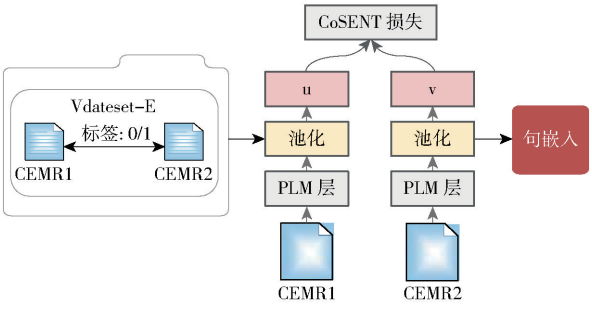

图 8 基于 MC-SEM 的电子病历句嵌入模型

Fig. 8 Electronic medical record sentence embedding model based on MC-SEM

(1)预训练语言模型层

MacBERT(MLM as correction BERT)保留了 BERT 的模型架构,但对 BERT 的两项预训练任务——MLM 和 NSP 进行了改良。MC-SEM 使用 MacBERT 将电子病历文本转换为向量表示,通过段嵌入、位置嵌入和词嵌入 3 个嵌入层提取文本信息,将获得的向量表示输入双向 Transformer,其核心机制是多头注意力,公式为

$$\mathrm{Attention}(\boldsymbol{Q},\boldsymbol{K},\boldsymbol{V}) = \mathrm{Softmax}\left(\frac{\boldsymbol{Q}\boldsymbol{K}^{\mathrm{T}}}{\sqrt{d_k}}\right)\boldsymbol{V} \tag{8}$$

式中 $\boldsymbol{Q}$、$\boldsymbol{K}$、$\boldsymbol{V}$——输入向量矩阵

d_k——输入向量维数

引入多组参数矩阵进行线性变换和串联,得到增强语义向量作为输出,其计算公式为

$$\mathrm{MultiHead}(\boldsymbol{Q},\boldsymbol{K},\boldsymbol{V}) = \mathrm{Linear}(\mathrm{Concat}(head_1,head_2,\cdots,head_h)) \tag{9}$$

其中

$$head_i = \mathrm{Attention}(\boldsymbol{Q}\boldsymbol{W}_i^q,\boldsymbol{K}\boldsymbol{W}_i^k,\boldsymbol{V}\boldsymbol{W}_i^v)\quad(i=1,2,\cdots,h) \tag{10}$$

(2)池化操作

采用池化操作将电子病历文本可变长度转换为固定长度表示,以捕获文本整体语义。选择比较 NLP 任务中常用 4 种池化策略(CLS、Mean、First-last Avg 和 Pooler)。

(3)对比学习

利用划分的 Vdateset-E 电子病历数据集,通过两两匹配并标注方法构建病害正负对数据集,用作对比学习模型训练样本。每条样本格式为“(电子

病历1，电子病历2，标签)”，标签为1和0，以标记正对和负对样本。如何设定适合于电子病历正负对数据集的对比学习目标函数是训练句嵌入模型的重要问题。无监督 SimCSE 将同一批次中句子及其不同扰动(如不同的 Dropout 应用 h_i 和 h_i^*)视为正样本对，而批次中其他句子 h_j 和 h_j^+ 作为负样本对(图9a)。有监督 SimCSE 通过 NLI 数据标签进一步提高性能。NLI 数据集由数据三元组组成，包含蕴含、中立、矛盾3种关系类型句子对，h_i 和 h_i^+ 标签为正对，h_i 和 h_j 标签为负对，而 h_i 和 h_j^- 标签为强负对(图9b)。

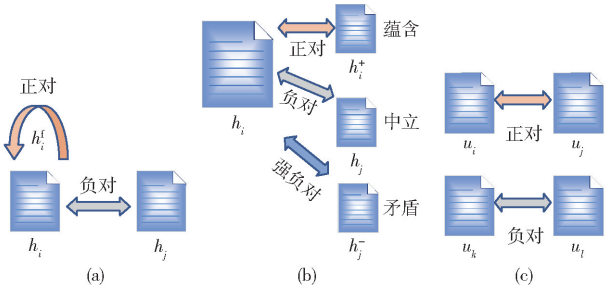

图9　适合不同模型的样品差异

Fig. 9　Sample differences suitable for different models

训练公式使用对比损失函数。

与 NLI 数据集的“正对-负对-强负对”的数据三元组不同，电子病历通过两两匹配后，标签为“同一处方”或“不同处方”，即数据格式是二元的有监督正负句子对(图9c)。为了目标训练数据实现对比学习的优化策略，有监督版本 SimCSE 需要改进对比损失函数，为此引入 CoSENT 损失[24]作为目标函数。模型训练过程使损失值 s 尽可能小，则正样本对余弦值 $\cos(u_i,u_j)$ 尽可能大于负样本对余弦值 $\cos(u_k,u_l)$，即标签为“同一处方”的电子病历间句子相似性大于标签为“不同处方”的电子病历间句子相似性。

(4)模型训练过程

①将文本长度统一设定为80。超出此长度文本将进行截断处理；长度不足部分，则通过零填充至规定长度。②初始化 PLM 层，加载 MacBERT 模型权重，以此作为训练起点。③在训练过程中采用对比学习。通过训练模型正确区分正负配对，鼓励模型捕捉有意义的语义表征。④使用 AdamW 优化器更新模型参数。学习率设置为 2×10^{-5}，批量大小为32。反向传播用于计算梯度，优化器相应调整模型参数，重复15个周期。

2.3　基于 BATNet 多层特征融合的多模态作物病害处方推荐

2.3.1　基于多模态融合的作物病害处方推荐流程

该处方推荐策略通过训练好的多模态融合处方推荐模型进行处方推荐：训练数据清洗与数据集构建、任务语料库构建与自适应训练、多模态融合的处方推荐模型训练、针对单模态数据或多模态数据的处方推荐实现(图10)。

2.3.2　基于 BATNet 多层特征融合的多模态作物病害处方推荐模型

为了交互模态间的关联特征并最大限度保留原始图像和文本模态特征，构建基于多模态多层数据融合的作物病害处方推荐模型(图11)。

(1)电子病历文本特征提取

为适应任务特征分布，增强任务文本特征编码性能，在中文语言模型 BERT 的参数基础上进行任务自适应预训练(Task-adaptive pre-training，TA-BERT)。将训练集文本构建无标记的任务语料库，以谷歌发布的 BERT-Base-Chinese 为基本模型，训练 TA-BERT(图12)。

(2)电子病历图像特征提取

选择 ConvNeXt-Small 对作物病害图像进行特征提取。输入病害图像分辨率为224像素×224像素，先由卷积层进行下采样将图像尺寸减小到56像素×56像素。依次经过4个阶段进行特征提取，每阶段由一系列 ConvNeXt Block 块组成。4个阶段输入通道数分别为96、192、384、768，每阶段重复堆叠 Block 块的次数分别为3、3、27、3。为了有效地初始

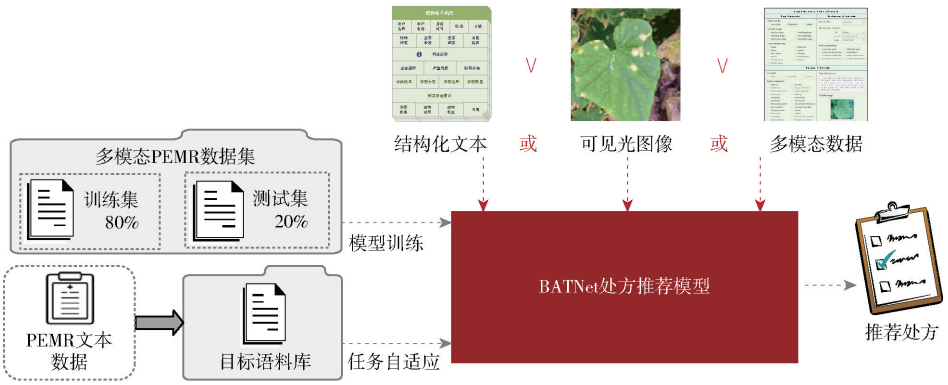

图10　基于多模态融合的作物病害处方推荐流程图

Fig. 10　Crop disease prescription recommendation process based on multi-modal fusion

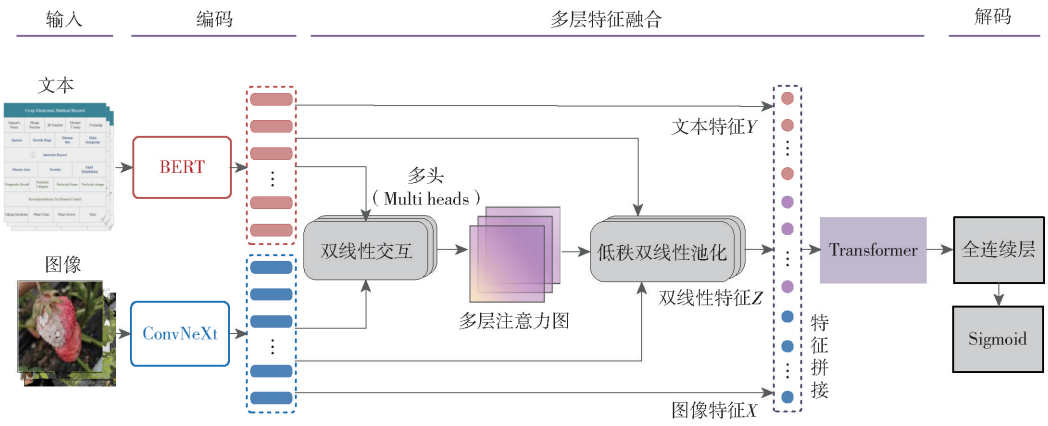

图 11 基于多模态多层数据融合的作物病害处方推荐模型架构

Fig. 11 Crop disease prescription recommendation model architecture based on multi-modal and multi-layer data fusion

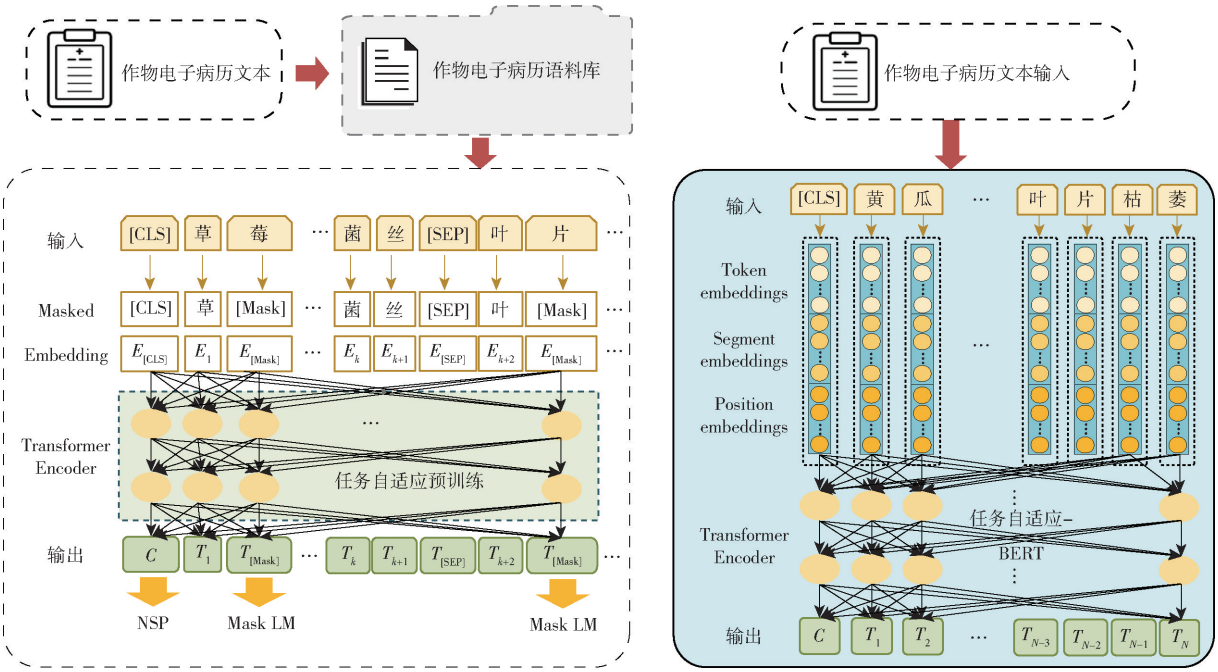

图 12 任务自适应过程和文本特征提取过程

Fig. 12 Task adaptive process and text feature extraction process

化 ConvNeXt－Small 网络，采用来自 ImageNet－22K 数据集的预训练参数(图 13)。

(3)双线性注意力层

为了融合病害文本特征和病害图像特征，引入双线性注意力网络(Bilinear attention networks，BAN)。BAN 通过多模态低秩双线性池化(Multimodal low-rank bilinear pooling，MLB)来获得交互多模态信息，并通过多模态残差网络绘制特征图，利用低秩双线性池化技术提取各通道对的联合表示，进而得到最终的双线性注意力特征。

(4)Transformer 层

Transformer 层负责将文本特征、图像特征及双线性注意力特征进行综合高效融合。将 TA－BERT 从文本中提取的特征 X、从图像中提取的特征 Y 以及通过双线性注意机制融合的特征 Z 进行串联，构建一个增维向量 $\boldsymbol{f}_{ij}$。在向量 $\boldsymbol{f}_{ij}$ 的基础上，计算每一个元素的权重 a_{ij}，即 $\boldsymbol{u}_{ij}$ 和 $\boldsymbol{f}_{ij}$ 之间的映射，其计算公式为

$$\boldsymbol{u}_{ij} = \tanh(\boldsymbol{W}\boldsymbol{f}_{ij}) \tag{11}$$

$$a_{ij} = \frac{\exp(\boldsymbol{u}_{ij}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{u}_{\omega})}{\sum_{j}\exp(\boldsymbol{u}_{ij}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{u}_{\omega})} \tag{12}$$

$$\boldsymbol{c} = \sum^{j} a_{ij}\boldsymbol{f}_{ij} \tag{13}$$

式中 $\boldsymbol{W}$——参数矩阵，从数据中训练学习得到

$\boldsymbol{c}$——最终融合后的特征向量，由权重和相应的键值进行加权求和得到

$\boldsymbol{u}_{ij}$——隐藏表示

$\boldsymbol{u}_{\omega}$——上下文向量，从训练数据里学习

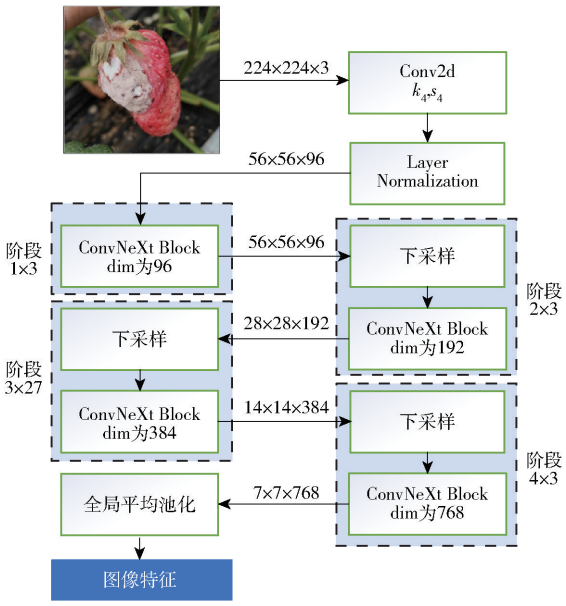

图 13　基于 ConvNeXt 网络的图像特征方法

Fig. 13　Image feature method based on ConvNeXt network

3　多元场景下作物病害处方推荐试验结果

3.1　面向常见作物病害的多样化处方推荐

3.1.1　基于 CdsBERT－RCNN 和诊断推理的作物病害多样化处方推荐结果分析

基于 CdsBERT－RCNN 和诊断推理的作物病害多样化处方推荐方法实现对 32 种常见病害的准确诊断和多样化处方推荐。

(1)构建 32 种常见病害的电子病历数据集,用于训练和测试基于 CdsBERT－RCNN 的作物病害诊断模型。确定模型最优参数配置为:学习率 3×10^{-5} 和随机失活 0.5,此时模型精确率、召回率、F1 值和准确率分别达 86.54%、86.98%、85.63% 和 85.65%(表 2)。

表 2　不同学习率下模型性能

Tab. 2　Model performance at different learning rates

学习率	精确率/%	召回率/%	F1 值/%	准确率/%	单轮次时间/s
5×10^{-5}	84.30	82.87	81.82	84.36	758
4×10^{-5}	83.71	82.62	81.35	84.03	740
3×10^{-5}	86.54	86.98	85.63	85.65	723
2×10^{-5}	85.03	85.32	84.03	84.91	757
1×10^{-5}	84.29	84.26	82.83	84.74	746

(2)消融实验评估。首先将领域自适应预训练(DAPT)和 RCNN 依次添加到 BERT 模型中,测试其对模型有效性的影响;其次将分类层替换为其他模型(即 CNN、RNN 和 DPCNN)的效果。领域自适应预训练提高了模型性能,F1 值和准确率分别提高 3.05、1.37 个百分点;与单纯使用 CdsBERT 相比,引入 RCNN 后模型的 F1 值和准确率分别提高 4.64、1.56 个百分点;添加 CNN 微调策略可以对模型产生正面影响,而 DPCNN 或 LSTM 添加则有负面影响(表 3)。

表 3　消融实验结果

Tab. 3　Results of ablation experiments

模型	精确率/%	召回率/%	F1 值/%	准确率/%	单轮次时间/s
BERT	81.24	83.11	80.70	83.62	698
CdsBERT	83.08	81.61	80.99	84.09	693
BERT－RCNN	83.60	84.89	82.58	84.28	758
CdsBERT－RCNN	86.54	86.98	85.63	85.65	723
CdsBERT－RNN	74.71	76.59	74.31	82.22	859
CdsBERT－CNN	83.68	83.90	81.97	84.85	845
CdsBERT－DPCNN	74.04	73.28	71.54	81.90	753

(3)比较广泛使用的神经网络模型以及通用领域预训练语言模型,CdsBERT－RCNN 展现了更优性能,精确率、召回率、F1 值和准确率分别达 86.54%、86.98%、85.63% 和 85.65%;预训练模型普遍取得较优结果,但训练周期较长(表 4)。

表 4　不同模型结果比较

Tab. 4　Comparison of results for different models

模型	精确率/%	召回率/%	F1 值/%	准确率/%	单轮次时间/s
TextCNN	86.13	80.72	81.49	84.44	17
DPCNN	80.11	79.17	77.64	81.92	33
RCNN	82.51	80.71	80.57	84.25	30
LSTM	45.60	37.02	35.54	68.15	40
LSTM_Att	79.91	75.43	75.13	81.68	41
FastText	77.68	69.25	72.06	79.46	148
Transformer	63.99	58.69	59.58	71.30	35
ERNIE	84.08	84.01	82.61	84.14	922
XlNet	83.02	83.69	81.04	84.00	808
RoBERTa	83.84	85.17	82.34	84.33	714
CdsBERT－RCNN	86.54	86.98	85.63	85.65	723

3.1.2　基于诊断推理的作物病害多样化处方推荐应用场景功能分析

(1)多样化处方推荐功能分析。结合智能病害诊断和作物病害处方知识图谱,利用基于规则的匹配算法,可以实现防控类型选择、绿色补贴过滤、相关信息查询等多种处方筛选功能。

(2)不同输入条件下处方推荐测试。随着输入信息的完整性提高,模型准确率也相应提升。仅输入症状信息准确率也可达到 81.19%,而环境和作物信息的添加准确率能够分别提高 1.65、3.61 个百分点。表明症状信息起着关键作用,是作物病害最直观、最具特征性的表现,也是模型进行准确诊断和

处方推荐的重要依据(表 5)。

表 5 不完整输入条件下泛化能力测试结果

Tab. 5 Generalization ability test results under incomplete input conditions

输入条件	准确率/%
仅症状信息	81.19
环境信息 + 症状信息	82.84
作物信息 + 症状信息	84.80
环境信息 + 作物信息 + 症状信息	85.65

3.2 面向小样本作物病害的可拓展处方推荐

3.2.1 面向小样本作物病害的可拓展处方推荐结果分析

基于 MC - SEM 和语义检索构建了作物病害可拓展处方推荐模型,提升了语义匹配准确性和案例库检索速度,实现对未训练病害的处方推荐功能。

(1)语义匹配实验结果表明,通过 MacBERT、CLS 池化和 CoSENT 函数等优化组合,MC - SEM 模型实现了最佳的语义匹配性能,达到 86.34% 的皮尔森相关系数和 77.67% 的斯皮尔曼相关系数(表 6)。

表 6 不同 PLM 和池化层组合比较

Tab. 6 Comparison of different PLM and pooling layer combinations %

PLM 层	池化操作	皮尔森相关系数	斯皮尔曼相关系数
BERT	First-last Avg	84.84	77.22
RoBERTa	First-last Avg	84.60	77.07
MacBERT	First-last Avg	85.66	77.10
BERT	Mean	86.11	77.53
RoBERTa	Mean	85.80	77.29
MacBERT	Mean	85.89	77.33
BERT	Pooler	84.40	77.02
RoBERTa	Pooler	84.29	77.11
MacBERT	Pooler	83.83	77.41
BERT	CLS	85.95	77.27
RoBERTa	CLS	85.95	77.16
MacBERT	CLS	86.34	77.67

(2)构建多蔬菜病害数据集和多水果病害数据集,验证模型在封闭集和开放集上处方推荐扩展能力。封闭集测试中,MC - SEM 取得优秀表现,Top1、Top3 和 Top5 准确率分别为 88.20%、96.07% 和 97.70%;而开放集测试中 MC - SEM 表现略次于封闭集测试,Top1、Top3 和 Top5 准确率分别为 82.04%、91.50% 和 94.90%(表 7)。

3.2.2 基于语义检索的作物病害可拓展处方推荐应用场景功能分析

(1)可拓展处方推荐功能分析。面对少见病害和新处方的处方推荐场景,基于句嵌入检索的作物病害处方推荐方法通过深度语义理解与嵌入能力、快速语义检索能力以及标准化的处方案例库,能够有效应对传统推荐常见的冷启动问题和数据稀疏性挑战,适应作物品种、流行病害和新型农药处方的不断变化。

表 7 封闭集和开放集的处方推荐测试结果

Tab. 7 Prescription recommendation tests for closed and open sets %

模型	封闭集准确率			开放集准确率		
	Top1	Top3	Top5	Top1	Top3	Top5
BERT - SBERT	79.67	87.87	91.15	75.24	89.81	92.48
RoBERTa - SBERT	79.02	87.21	91.15	76.21	90.53	93.45
MacBERT - SBERT	78.69	86.89	90.82	76.94	90.29	95.39
BERT - CoSENT	86.23	96.07	98.03	81.07	91.26	94.66
RoBERTa - CoSENT	86.56	95.41	97.05	80.34	92.72	93.45
MC - SEM	88.20	96.07	97.70	82.04	91.50	94.90

(2)不同输入条件下处方推荐测试。封闭测试结果,通过提高输入数据的完整性可以提高处方推荐准确性,其中症状信息起着关键作用[25]。只有症状信息情况下仍能提供良好的准确性,封闭集测试 Top5 准确率为 91.99%,开放集测试的 Top5 准确率为 89.84%。表明所提出的模型对不完整的输入数据具有良好的适应性(表 8)。

表 8 封闭集和开放集上不同输入的处方推荐结果

Tab. 8 Prescription recommendation results for different inputs on closed and open sets %

测试集	输入描述	准确率		
		Top 1	Top 3	Top 5
封闭集	仅有病害症状信息,相关病害处方完成训练	75.24	88.35	91.99
	仅有病害症状和环境信息,相关病害处方完成训练	76.94	89.32	93.69
	仅有病害症状和作物信息,相关病害处方完成训练	78.64	89.81	93.93
	有完整信息,且相关病害处方完成训练	82.04	91.50	94.90
开放集	仅有病害症状信息,且相关病害处方未经训练	75.08	87.54	89.84
	仅有病害症状和环境信息,且相关病害处方未经训练	82.95	94.10	95.74
	仅有病害症状和作物信息,且相关病害处方未经训练	77.70	94.75	96.39
	有完整信息,且相关病害处方未经训练	88.20	96.07	97.70

开放测试结果,结合更完整的信息可以显著提高处方推荐的准确性,封闭测试和开放测试中完整信息输入下模型的 Top5 准确率分别达到 94.90%

和 97.70%；否则，可能会影响建议准确提供的能力。例如，仅提供症状信息情况下封闭集测试的 Top5 准确率为 91.99%，开放集测试的 Top5 准确率为 89.84%，均低于全面输入环境 + 植物 + 症状的结果。

3.3　基于多模态融合的作物病害处方推荐

3.3.1　基于多模态融合的作物病害处方推荐结果分析

基于 BATNet 多层特征融合构建了多模态作物病害处方推荐模型，提升了多模态数据输入的处方推荐性能，满足了多模态数据输入和更客观精准的处方推荐需求。

（1）BATNet 在处方分类方面表现出较好的性能，准确率达到 98.88%，精确率、召回率和 F1 值分别为 98.99%、98.69% 和 98.83%（表 9）。

表 9　不同处方推荐效果

Tab.9　Effectiveness of recommendations for different prescriptions　%

处方	精确率	召回率	F1 值
10% 多抗霉素可湿性粉剂	100	100	100
2% 武夷菌素水剂	100	95.83	97.87
43% 氟菌·肟菌酯悬浮剂	100	100	100
72% 霜脲锰锌可湿性粉剂	98.49	100	99.24
吡唑嘧菌酯乳油	100	100	100
啶酰菌胺	97.30	100	98.63
12.5% 四氟醚唑水乳剂	100	100	100
寡雄腐霉	94.92	96.55	95.73
木霉菌	100	100	100
枯草芽孢杆菌可湿性粉剂	96.15	98.68	97.40
肟菌·戊唑醇水分散粒剂	100	95.46	97.67
苯醚甲环唑	100	98.33	99.16
硫磺	100	98.11	99.05
加权平均	98.90	98.88	98.88
宏平均	98.99	98.69	98.83

（2）编码器比较实验中，TA－BERT 文本编码方面表现优于普通 BERT，证明了任务自适应预训练的作用；ConvNeXt－Small 图像编码方面表现出色，超过了 ResNet50、ConvNeXt－Tiny 和 ConvNeXt－Base 等模型。比较模型结构参数，双层 Transformer 配置优于单层和 3 层配置；双线性注意力网络层 64 层配置也表现出最佳性能。

（3）对比 6 种特征融合策略，实验结果显示，通过 BA、多层融合和 Transformer 组合优化的特征融合策略比基线方法的 F1 值和准确率分别高 2.69、2.25 个百分点；而双线性注意力特征与低层特征的多层融合操作在多模态特征融合中发挥关键作用，仅采用 BA、仅采用 Transformer 或两者结合的策略都没有明显提升（表 10）。

表 10　特征融合消融实验结果

Tab.10　Results of feature fusion ablation experiments　%

融合策略	BA	多层融合	Transformer	精确率	召回率	F1 值	准确率
策略 a				96.34	96.05	96.14	96.63
策略 b	√			96.35	95.74	96.00	96.38
策略 c			√	96.89	97.16	96.98	97.25
策略 d	√		√	97.34	96.81	96.88	97.25
策略 e	√	√		97.75	97.62	97.67	98.00
策略 f	√	√	√	98.99	98.69	98.83	98.88

注：√表示采用此方法。

3.3.2　基于多模态多层数据融合的作物病害处方推荐应用场景功能分析

（1）多模态处方推荐功能分析。基于多层多模态特征融合的作物病害处方推荐方法融合不同模态的互补信息以实现更精准、客观的作物病害处方推荐，适用于作物病害处方推荐多元应用场景。

（2）不同输入条件下处方推荐测试。不同输入条件下 BATNet 表现出不同性能水平。使用纯文本或纯图像输入时，模型准确率分别为 96.88% 和 96.13%，低于同时使用 2 种模式时的准确率。当提供信息越多（如症状信息、环境和症状信息、作物和症状信息以及三者的组合），模型性能会逐渐提高（表 11）。

表 11　不同场景中处方推荐测试

Tab.11　Prescription recommendation tests in different scenarios

图像	文本输入	准确率/%
无图像输入	症状信息	95.88
	环境 + 症状信息	96.63
	作物 + 症状信息	96.25
	环境 + 作物 + 症状信息	96.88
有图像输入	无输入	96.13
	症状信息	97.50
	环境 + 症状信息	98.75
	作物 + 症状信息	98.00
	环境 + 作物 + 症状信息	98.88

4　讨论

从“点”的角度，揭示多元特定场景下作物病害处方推荐及其主动防控关联和响应机制。未来可以从“面”的尺度和时空维度两个方面进一步拓展。从“面”的尺度，基于区域依赖性决策揭示区域场景下作物病害演变规律动态评估；从时空维度，基于时间依赖性决策揭示时序和区域场景下作物病害演化

趋势预测。

(1)扩展电子病历多模态数据采集范围,包括病害孢子微观图像、多光谱图像、荧光图像的采集,并将其应用于作物病害处方多模态知识图谱构建及多样化处方推荐。

(2)从“点”的角度开展电子病历挖掘和作物处方推荐研究,未来有待从区域“面”及其时空角度揭示作物病害区域演变规律、时空演化趋势及其主动防控关联和响应机制。

(3)在全国不同地区推广测试,根据不同地区的经纬、气候、海拔、主要种植作物具体情况,进一步优化和调整推荐方法。

5 结论

(1)针对常见病害多样化处方推荐场景下电子病历样本有限、结构与语言规范性弱、领域偏差等问题,提出基于 CdsBERT - RCNN 和诊断推理的作物病害多样化处方推荐方法,实现 32 种常见作物病害的准确诊断和多样化处方推荐。构建针对作物病害领域的语料库并利用 MLM 执行领域自适应预训练,融入领域知识;RCNN 的双向循环结构和最大池化策略通过加强上下文特征提取,提升序列建模能力。

(2)针对小样本病害和新处方推荐场景下大规模处方案例库的检索准确率和效率问题,提出基于 MC - SEM 和语义检索的可拓展处方推荐方法,实现快速准确的可拓展处方推荐。基于正负对数据集训练电子病历句嵌入模型,对作物病害处方案例库进行提前向量化以提升检索速度;利用 MacBERT 和池化操作进行初步向量表示,文本校正任务能够加强对核心语义信息的捕获;引入对比学习机制和 CoSENT 损失函数,通过直接优化正负样本对的余弦相似度,强化模型对正负样本区分的能力。

(3)针对多模态输入和客观精准的处方推荐场景下多模态特征提取与融合挑战,提出基于 BATNet 多层特征融合的多模态作物病害处方推荐方法。利用两种基于预训练的编码器、任务自适应的 TA - BERT 和参数迁移的 ConvNeXt - Small,提取文本和图像特征并减少模型训练消耗;BAN 通过低秩双线性交互和池化提取图像和文本特征的重要交互信息;利用双层 Transformer 处理双线性特征与低层特征的多层融合,以强调关键融合特征。

参 考 文 献

[1] LI S, LI K, QIAO Y, et al. A multi-scale cucumber disease detection method in natural scenes based on YOLOv5[J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2022,202:107363.

[2] ZHAO X, LI K, LI Y, et al. Identification method of vegetable diseases based on transfer learning and attention mechanism[J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2022,193:106703.

[3] LI K Y, ZHANG L X, LI B, et al. Attention-optimized DeepLab V3 + for automatic estimation of cucumber disease severity[J]. Plant Methods, 2022,18(1):1 - 16.

[4] GAO J, WESTERGAARD J C, SUNDMARK E H R, et al. Automatic late blight lesion recognition and severity quantification based on field imagery of diverse potato genotypes by deep learning[J]. Knowledge-Based Systems, 2021, 214:106723.

[5] WANG G, SUN Y, WANG J. Automatic image-based plant disease severity estimation using deep learning[J]. Computational Intelligence and Neuroscience, 2017, 2017: 1 - 8.

[6] TAMBO J A, UZAYISENGA B, MUGAMBI I, et al. Do plant clinics improve household food security? Evidence from Rwanda[J]. Journal of Agricultural Economics, 2021,72(1):97 - 116.

[7] 张领先,韩梦瑶,丁俊琦,等. 作物病害智能诊断与处方推荐技术研究进展[J]. 农业机械学报,2023,54(6):1 - 18.
ZHANG Lingxian, HAN Mengyao, DING Junqi, et al. Research progress in intelligent diagnosis and prescription recommendation of crop diseases[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery,2023,54(6):1 - 18. (in Chinese)

[8] BUSBY P E, RIDOUT M, NEWCOMBE G. Fungal endophytes: modifiers of plant disease[J]. Plant Molecular Biology, 2016, 90(6):645 - 655.

[9] MALAKOUTI S, HAUSKRECHT M. Predicting patient's diagnoses and diagnostic categories from clinical-events in EHR data[C]// Conference on Artificial Intelligence in Medicine in Europe, 2019.

[10] VENKATESH R, BALASUBRAMANIAN C, KALIAPPAN M. Development of big data predictive analytics model for disease prediction using machine learning technique[J]. Journal of Medical Systems, 2019,43(8): 272.

[11] ACOSTA J N, DORR F, GOICOCHEA M T, et al. Acute headache diagnosis in the emergency department accuracy and safety of an artificial intelligence system[J]. Neurology, 2019,92: 5 - 10.

[12] LIANG D, KRISHNAN R, HOFFMAN M, et al. Variational autoencoders for collaborative filtering[C]// International World Wide Web Conferences Steering Committee, 2018.

(下转第 46 页)

Scientia Agricola, 2010,67:497 – 502.
[17] XIONG X, LU M, YANG W, et al. An automatic head surface temperature extraction method for top-view thermal image with individual broiler[J]. Sensors, 2019,19(23):5286.
[18] 沈明霞,陆鹏宇,刘龙申,等. 基于红外热成像的白羽肉鸡体温检测方法[J]. 农业机械学报,2019,50(10):222 – 229.
SHEN Mingxia, LU Pengyu, LIU Longshen, et al. Body temperature detection method of ross broiler based on infrared thermography[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery,2019,50(10):222 – 229. (in Chinese)
[19] 李丽华. 蛋鸡体温与生产性能参数动态监测关键技术研究及应用[D]. 保定:河北农业大学,2014.
LI Lihua. Study and application on dynamic monitoring key technology of layer temperature and production performance parameters[D]. Baoding: Hebei Agricultural University,2014. (in Chinese)
[20] 杨威. 蛋鸡穿戴式无线体温感知设备的开发及体温监测实验研究[D]. 杭州:浙江大学,2017.
YANG Wei. Development of wireless wearable sensor equipment for monitoring layers' body temperature and experiment research[D]. Hangzhou: Zhejiang University,2017. (in Chinese)
[21] YAHAV S, LUGER D, CAHANER A, et al. Thermoregulation in naked neck chickens subjected to different ambient temperatures[J]. Br. Poult. Sci., 1998, 39(1): 133 – 138.
[22] GILOH M, SHINDER D, YAHAV S. Skin surface temperature of broiler chickens is correlated to body core temperature and is indicative of their thermoregulatory status[J]. Poultry Science, 2012, 91(1): 175 – 188.
[23] IYASERE O S, EDWARDS S A, BATESON M, et al. Validation of an intramuscularly-implanted microchip and a surface infrared thermometer to estimate core body temperature in broiler chickens exposed to heat stress[J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2017, 133: 1 – 8.
[24] LUO S, MA Y, JIANG F, et al. Dead laying hens detection using TIR – NIR-depth images and deep learning on a commercial farm[J]. Animals, 2023, 13(11):1861.
[25] BLOCH V, BARCHILON N, HALACHMI I, et al. Automatic broiler temperature measuring by thermal camera[J]. Biosystems Engineering, 2020,199:127 – 134.
[26] 雷家容. 非制冷红外热像仪去温漂标定[J]. 电子技术与软件工程, 2015(9):127.

(上接第 36 页)

[13] ALI F, ISLAM S M R, KWAK D, et al. Type-2 fuzzy ontology-aided recommendation systems for IoT-based healthcare[J]. Computer Communications, 2018,119:138 – 155.
[14] SHI Y, YANG W, THUNG K, et al. Learning-based computer-aided prescription model for Parkinson's disease: a data-driven perspective[J]. IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics, 2020,25(9):3258 – 3269.
[15] HE X, FOLKMAN L, BORGWARDT K. Kernelized rank learning for personalized drug recommendation[J]. Bioinformatics, 2018,34(16):2808 – 2816.
[16] DONG X, ZHENG Y, SHU Z, et al. TCMPR: TCM prescription recommendation based on subnetwork term mapping and deep learning[J]. Biomed Research International, 2022(1): 4845726.
[17] RONG C, LI X, SUN X, et al. Chinese medicine prescription recommendation using generative adversarial network[J]. IEEE Access, 2022,10:12219 – 12228.
[18] ZHAO W, LU W, LI Z, et al. TCM herbal prescription recommendation model based on multi-graph convolutional network [J]. Journal of Ethnopharmacology, 2022,297:115109.
[19] SEGURA-BEDMAR I, COLÓN-RUÍZ C, TEJEDOR-ALONSO M Á, et al. Predicting of anaphylaxis in big data EMR by exploring machine learning approaches[J]. Journal of Biomedical Informatics, 2018,87:50 – 59.
[20] ZHAO J, GU S, MCDERMAID A. Predicting outcomes of chronic kidney disease from EMR data based on random forest regression[J]. Mathematical Biosciences, 2019,310:24 – 30.
[21] XU C, DING J, QIAO Y, et al. Tomato disease and pest diagnosis method based on the stacking of prescription data[J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2022,197:106997.
[22] 张领先, 赵聃桐, 丁俊琦, 等. 基于 CDSSM 的作物病害处方推荐方法[J]. 农业机械学报, 2023, 54(3):308 – 317.
ZHANG Lingxian, ZHAO Dantong, DING Junqi, et al. Recommendation method of crop disease prescription based on CDSSM [J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2023, 54(3):308 – 317. (in Chinese)
[23] DEVLIN J, CHANG M W, LEE K, et al. BERT: pre-training of deep bidirectional transformers for language understanding [J]. NAACL HLT, 2019,1:4171 – 4186.
[24] HUANG X, PENG H, ZOU D, et al. CoSENT: consistent sentence embedding via similarity ranking[J]. IEEE/ACM Transactions on Audio, Speech, and Language Processing, 2024, 32: 2800 – 2813.
[25] LIU J, WANG X. Plant diseases and pests detection based on deep learning: a review[J]. Plant Methods, 2021,17(1):22.