doi:10.6041/j.issn.1000-1298.2026.18.002

基于“点-面-时空”多源数据融合的作物病虫害多目标决策方法

徐　畅[1]　赵　磊[2]　温皓杰[3]　张一丁[3]　张领先[1]

（1.中国农业大学信息与电气工程学院，北京 100083；2.北京市植物保护站，北京 100029；
3.中国农业大学工学院，北京 100083）

摘要：针对作物病虫害智能防控中多源数据融合不足、多模型协同困难及工程化应用能力有限等问题，提出一种基于植物电子病历（PEMRs）的多源数据融合多目标决策方法。以电子病历为核心数据载体，融合结构化数据、文本数据与图像数据，构建“点-面-时空”多层次分析框架，实现从离散“点”诊断到区域“面”分析再到“时空”预测的连续决策支持。从“点”角度，针对结构化数据，构建 Shared-MMoE 多任务模型实现诊断与处方推荐协同优化；针对文本数据，基于 BERT-CNN 模型实现文本语义诊断；针对图像数据，结合 EfficientNet-B3 与 ECA 注意力机制构建轻量化病害识别模型；并结合知识图谱与大模型实现知识表达与解释推理。从“面”角度，基于电子病历数据进行时段筛选与区域聚合，通过热力图等方式展示病害空间分布。从“时空”角度，构建 KAST-Graph 时空预测模型，实现多区域作物病虫害发生趋势预测。在此基础上，开发面向实际应用的作物病虫害多目标决策平台，以微信小程序形式实现作物病虫害智能决策。试验结果表明：结构化诊断 AUC 达到 96.33%，文本诊断准确率为 93.13%，验证集病虫害识别准确率为 85.95%；时空预测模型在 MAE、RMSE 和 MAPE 指标上均为最优；高频业务平均响应时间小于 0.5 s，多模态诊断一致性达到 94.0%。研究结果表明，本文方法能够在轻量化部署条件下稳定运行，并有效支撑作物病虫害防控中的多目标决策需求。

关键词：作物病虫害；电子病历；智能诊断；数据融合；多目标决策

中图分类号：TP391　　**文献标识码**：A　　**文章编号**：1000-1298(2026)18-0016-12　　**OSID**：

Multi-objective Decision-making Method for Crop Diseases and Pests Based on Multi-source Data Fusion of “Point-Surface-Spatiotemporal” Framework

Xu Chang[1]　Zhao Lei[2]　Wen Haojie[3]　Zhang Yiding[3]　Zhang Lingxian[1]

(1. *College of Information and Electrical Engineering*, *China Agricultural University*, *Beijing* 100083, *China*
2. *Beijing Plant Protection Station*, *Beijing* 100029, *China*
3. *College of Engineering*, *China Agricultural University*, *Beijing* 100083, *China*)

Abstract: Aiming to address the limitations of insufficient multi-source data fusion, weak multi-model collaboration, and limited engineering applicability in intelligent crop disease and pest management, a multi-objective decision-making method based on plant electronic medical records (PEMRs) was proposed. Taking PEMRs as the core data carrier, structured, textual, and image data were integrated to construct a “point-surface-spatiotemporal” framework, enabling continuous decision support from individual diagnosis to regional analysis and spatiotemporal prediction. At the “point” level, a Shared-MMoE model was developed for structured data to jointly optimize diagnosis and prescription recommendation; a BERT-CNN model was employed for semantic diagnosis of textual data; and a lightweight image recognition model based on EfficientNet-B3 with ECA attention was constructed. In addition, a knowledge graph combined with large language models was introduced for knowledge representation and interpretable reasoning. At the “surface” level, temporal filtering and regional aggregation of PEMR data were conducted to visualize spatial disease distribution. At the

收稿日期：2026-05-21　修回日期：2026-06-01

基金项目：国家自然科学基金项目（62376272）和教育部学位与研究生教育发展中心 2025 年度主题案例项目（ZT-2510019001）

作者简介：徐畅（1998—），女，博士生，主要从事农业信息化研究，E-mail：xc199873@126.com

通信作者：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

“spatiotemporal” level, a KAST－Graph model was developed to predict disease trends across multiple regions. Based on these, a practical multi-objective decision-making platform for crop pest and disease management was developed as a WeChat mini-program. Experimental results showed that the structured diagnosis achieved an AUC of 96.33%, text-based diagnosis accuracy reached 93.13%, and in the validation set pest and disease recognition accuracy of 85.95%. The proposed model outperformed baseline methods in MAE, RMSE, and MAPE. The system achieved an average response time of less than 0.5 s, with a multi-modal diagnostic consistency of 94.0%. These results demonstrated that the proposed method operated stably under lightweight deployment conditions and effectively supported multi-objective decision-making in crop disease and pest management.

Key words: crop diseases and pests; electronic medical records; intelligent diagnosis; data fusion; multi-objective decision making

0　引言

粮食安全是关系国计民生的重大战略问题，而作物病虫害作为影响粮食产量与品质的关键生物胁迫因素，其精准识别与高效防控已成为智慧农业的重要研究方向[1-2]。随着人工智能技术的发展，相关研究逐步由以外部表型感知为主的病虫害识别[3]，向病虫害发生机理解析与多源信息融合方向演进[4-6]，病虫害发生过程多尺度特征之间的关联关系及时空演化规律日益受到关注[7]。然而，在我国以小农户为主体的农业生产模式下[8-9]，由于数据获取困难、物联网部署成本高、病虫害传播机制复杂等因素制约，现有方法多停留在单点识别或局部分析层面，难以实现由个体“点”向区域“面”及大范围“时空”尺度的推广应用，亟需构建适应多应用场景、具备跨尺度迁移能力的多目标决策方法体系。

北京市“植物诊所”构建植物电子病历（Plant electronic medical records，PEMRs）为作物病虫害数字化治理提供了新的数据基础[10-12]。PEMRs 通过记录农户与植物医生问诊过程，将作物类型、病虫害类别、症状表现、发生部位以及环境与时空信息等进行系统化整合，使每条诊疗记录对应 1 个真实病虫害发生“点”，并完整反映“病原物-寄主-环境”之间的相互作用关系。基于 PEMRs 数据特征，可从个体诊断、区域分布及时空演化等多个层面挖掘病虫害发生规律，为突破农业病虫害防控中数据匮乏、机理不清及决策依据不足等问题提供重要支撑。

近年来，围绕作物病虫害智能诊断[13-14]、区域趋势预测[15]及时空传播建模[16]的研究不断深入，相关方法在模型构建与预测性能方面取得了一定进展，并逐步向实际应用延伸。例如，基于图像识别或知识查询的小程序应用能够实现病虫害识别与防治信息获取，在提升信息服务效率方面发挥了积极作用[17]。然而，现有应用多以单一模型或单一功能为核心，缺乏对多模态数据、多模型方法及多层次决策需求的系统集成，难以支撑“诊断-防治-监测-预警”一体化的农业生产决策流程。相比单一模型性能，农业应用更关注系统的稳定性、可操作性及对完整防控链路的支撑能力，因此，从工程角度构建多模型融合的决策方法具有重要意义。

针对上述问题，本文基于“点-面-时空”多尺度框架，对多源数据驱动的病虫害分析方法进行系统整合。在“点”层面，融合结构化数据、文本数据及图像数据构建诊断与处方推荐模型，并结合知识图谱与大语言模型实现知识服务；在“面”层面，基于电子病历数据开展时间序列建模，以实现区域病虫害发展趋势分析；在“时空”层面，引入空间信息刻画病虫害跨区域传播与动态演化特征。在此基础上，以 PEMRs 为核心数据载体，将多层次模型进行统一组织与协同融合，构建面向病虫害防控的多目标决策方法体系，以实现从个体诊断到区域分析再到时空预测的连续决策支持。在工程实现方面，构建基于微信小程序的轻量化应用平台，以期实现多模型方法的在线部署与集成应用。

1　材料与方法

1.1　基于电子病历多源数据的作物病虫害“点-面-时空”解析框架

针对现有研究多聚焦单一数据类型或单一尺度建模、缺乏统一分析流程的问题，构建基于电子病历多源数据的“点-面-时空”解析方案，实现从多源数据获取到多尺度建模与决策输出的全流程支撑。围绕数据采集、数据处理、关联建模、决策应用 4 个环节展开解析，并以“点-面-时空”为主线贯穿各环节。通过多源数据采集构建统一的数据基础，再通过数据预处理与增强实现多模态数据的标准化表达；在此基础上，按照“点-面-时空”不同尺度开展分析与建模，最终支撑多目标决策任务。如图 1 所示，从逻辑上解析多尺度演化关系，构建“点-面-时空”3 层递进式分析体系，体现从作物表征到群体分

布,再到时空动态演化的逐级抽象过程。

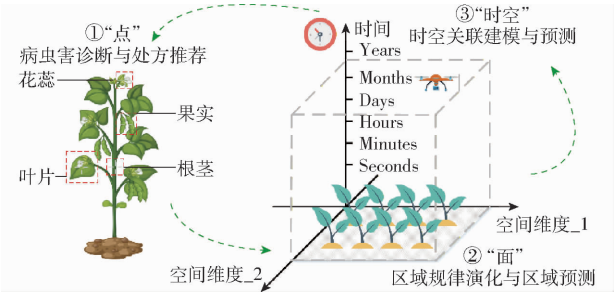

图 1 作物病虫害“点-面-时空”逻辑框架

Fig. 1 “Point-surface-spatiotemporal” logical framework of crop diseases and pests

1.2 作物病虫害多目标决策数据

(1)植物电子病历 PEMRs

依托北京市三级植物健康农技服务体系及 115 家植物诊所,获取 2018 年 9 月 14 日—2021 年 7 月 13 日连续病害问诊数据 175 655 条,并依据病害三角原理“病原物-寄主-环境”进行信息组织。数据涵盖番茄、辣椒、黄瓜等 14 种果类蔬菜,快菜、生菜等 15 种叶类蔬菜,玉米、大豆等 5 种粮食作物及草莓、葡萄等 4 种水果(图 2);涉及真菌、细菌、病毒及根结线虫等 32 种病害类型,其中真菌性病害 22 种、细菌性病害 6 种、病毒性病害 1 种及线虫病害 3 种(图 3);同时包含病虫害发生的时间、地理位置及田间分布等信息。

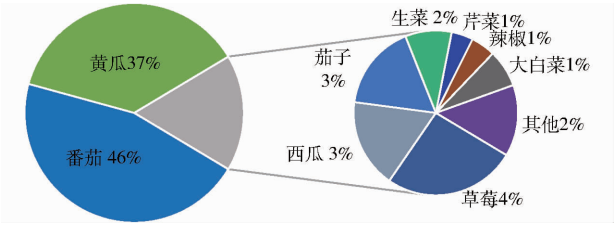

图 2 电子病历样本涉及作物品种比例

Fig. 2 PEMRs involved proportion of crop varieties

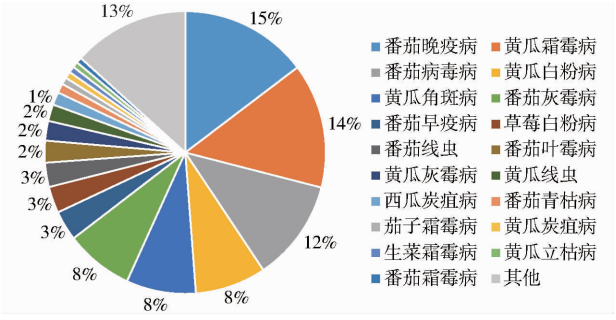

图 3 电子病历样本涉及病虫害种类统计分布

Fig. 3 PEMRs involved statistical distribution of pest and disease

(2)图像数据

采用 AI Challenger 2018 农作物病害检测数据集作为基础数据,并结合数据增强与清洗后形成约 5 万幅标注图像。数据涵盖苹果、番茄、玉米等 10 种主要作物 27 种常见病害,并按照病害严重程度划分为“作物-病害-程度”细分类别,各种作物病害类型统计结果如表 1 所示。数据由农业专家完成标注,每种作物每种病害按健康、一般和严重 3 个等级进行细粒度划分,有助于刻画不同病害发展阶段特征,从而提升模型诊断精度与实用性。

表 1 试验数据统计结果

Tab. 1 Experimental data statistical results

作物	病害类型
苹果	苹果黑星病、苹果灰斑病、苹果雪松锈病
樱桃	樱桃白粉病
玉米	玉米灰斑病、玉米锈病、玉米叶斑病、玉米花叶病毒病
葡萄	葡萄黑腐病、葡萄轮纹病、葡萄褐斑病
柑	柑橘黄龙病
桃	桃疮痂病
辣椒	辣椒疮痂病
马铃薯	马铃薯早疫病、马铃薯晚疫病
草莓	草莓叶枯病
番茄	番茄白粉病、番茄疮痂病、番茄早疫病、番茄晚疫病、番茄叶霉病、番茄斑点病、番茄斑枯病、番茄红蜘蛛损伤、番茄黄化曲叶病毒病

(3)其他数据

进一步整合作物病害防治知识库、绿色防控产品推广与补贴数据及相关权威农业信息资源,构建多维度决策支撑体系。其中,防治知识库涵盖 14 类作物 127 种绿色防控技术,并包含领域词典与标准处方库;补贴数据记录产品应用、价格及防治面积等信息,量化防控效果;产品推荐名录提供农药及生物防控等多类型产品规范信息;同时结合 CABI Plantwise 及国内农业数据库,对病害机理与防治方法进行补充,以增强模型在知识推理与决策优化中的支撑能力。

1.3 数据预处理与数据集构建

1.3.1 数据预处理

针对电子病历多模态数据存在噪声多、结构不统一及分布不均等问题,从结构化数据、文本数据和图像数据 3 个方面开展预处理与增强,实现面向时序与时空建模的数据转化。对原始数据进行清洗、标准化及一致性校验,包括缺失值处理、异常样本剔除及字段统一编码,同时构建命名规范与映射规则以消除语义歧义,通过逻辑校验提升数据可靠性。

针对结构化数据,采用 One-hot 编码与 Embedding 表示离散变量,对数值特征进行归一化处理,并结合特征筛选与过采样及类别加权策略缓解冗余特征与类别不平衡问题,同时对时间与空间字段进行标准化处理以支撑后续建模;针对文本数据,在分词、去噪及词典扩展基础上,分别采用词频

统计方法构建结构化特征表示，并利用 BERT（Bidirectional encoder representations from Transformers）模型获取深层语义特征，同时引入同义词替换等增强策略以提升模型泛化能力；针对图像数据，统一尺寸与归一化处理，并通过旋转、翻转及光照调整等方式进行数据增强，同时引入噪声干扰模拟实际场景，提升模型鲁棒性。

在此基础上，将电子病历数据由离散“点”转换为具有时间连续性与空间关联性的时序及图结构数据，通过区域聚合构建时间序列，并结合空间邻接关系形成图结构表示，实现“时间序列 + 空间图”的时空数据表达，为预测模型提供统一输入。

1.3.2　数据集构建

在“点”层面，结构化数据和文本数据的病虫害诊断与处方推荐任务均采用 PEMRs 数据集。考虑数据涉及多区域、多作物和多来源病例，采用分层随机抽样方式，以病例记录为独立样本单位进行划分，并保持各病虫害类别在训练集、验证集和测试集中分布一致。数据按照比例 6∶2∶2 划分为训练集、验证集和测试集，其中训练集和验证集用于模型训练与参数优化，测试集用于模型性能评估。图像诊断任务采用 AI Challenger 2018 数据集，按照比例 7∶1∶2 划分为训练集、验证集和测试集，并保持各类别样本比例基本一致。训练集和验证集用于模型训练与参数调优，测试集用于病虫害识别系统及微信小程序部署后功能验证与实际应用评估。

在“面”层面和“时空”层面的病虫害预测任务中，为避免时间信息泄露，采用按时间顺序划分的数据集构建方式。其中前 60% 时间序列作为训练集，中间 20% 作为验证集，后 20% 作为测试集。模型采用长度为 10 滑动时间窗口构建样本，即利用连续 10 个时间步的历史观测数据预测未来病虫害发生趋势，确保测试阶段数据未参与模型训练，从而提高评估结果的可信度与可重复性。

1.4　作物病虫害多目标决策模型构建

1.4.1　“点”层面—作物病虫害智能诊断与处方推荐

针对电子病历结构化数据及“诊断-用药”任务耦合需求，构建 Shared - MMoE 级联多任务模型（图 4）。在 Shared-Bottom[18] 结构基础上引入 MMoE（Multi-gate mixture-of-experts）[19] 模块，实现多任务间专家共享与自适应选择，同时通过共享底层网络降低特征维度并提取通用表示。

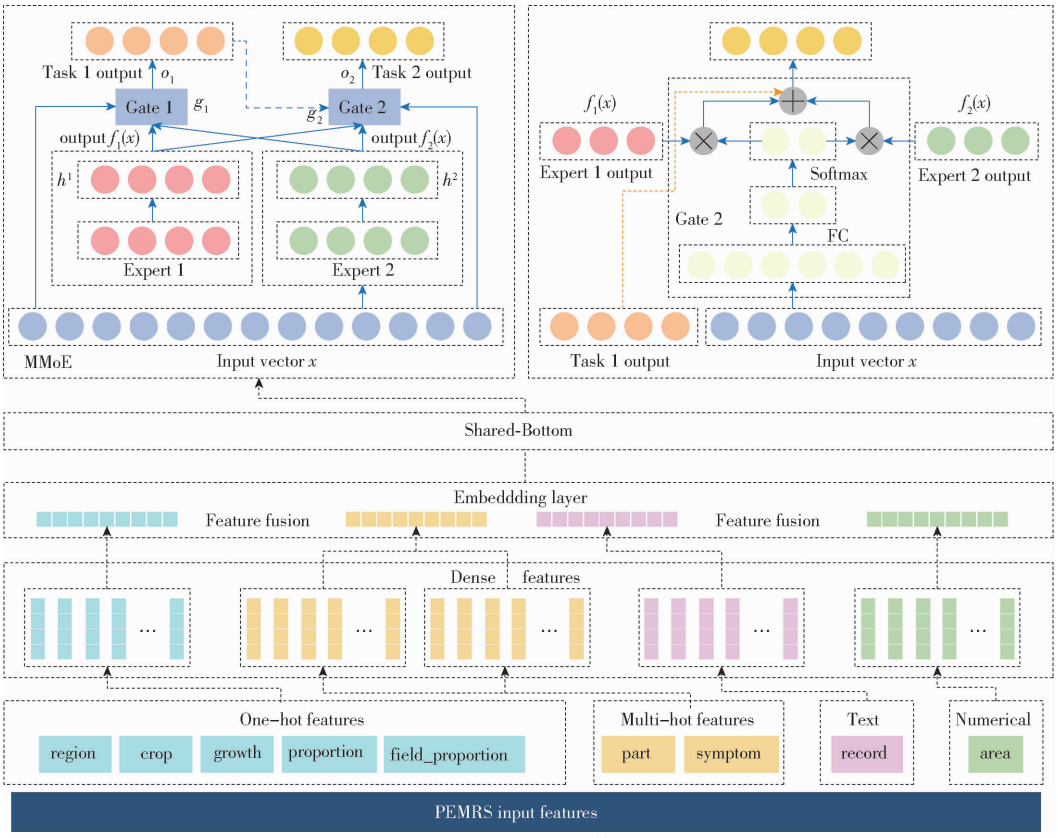

图 4　Shared - MMoE 算法框架

Fig. 4　Shared - MMoE algorithm framework

在 MMoE 结构中，第 k 个任务输出表达式为

$$o_k = \sum_{i=1}^{n} g_k(i) f_i(x) \tag{1}$$

式中　o_k——第 k 个任务输出

x——输入特征

$f_i(x)$——第 i 个专家网络输出

$g_k(i)$——任务 k 对专家 i 门控权重

门控权重计算式为

$$g_k = \mathrm{Softmax}(W_k x) \tag{2}$$

式中 W_k——任务 k 可学习参数

为刻画任务间依赖关系，引入级联机制，将诊断任务输出 o_k 融入用药推荐任务输入，形成任务耦合，如任务 1、2 耦合，任务 2 输出表达式为

$$o_2 = \sum_{i=1}^{n} g_2(i) f_i(x, o_1) \tag{3}$$

式中 $f_i(\cdot)$——专家网络，输入包含共享特征 x 和任务 1 输出 o_1

该设计实现由“任务并行”向“任务耦合”的转变，使模型能够显式表达“诊断-用药”的因果关系，从而提升处方推荐的准确性与一致性。

1.4.2 “点”层面—作物病虫害文本语义诊断

在知识图谱结构化信息基础上，构建 BERT-CNN[20] 文本诊断模型，实现文本语义对病虫害识别的支撑（图 5）。利用 BERT 获取上下文相关的动态词向量 $\boldsymbol{T} = (T_1, T_2, \cdots, T_n)$，再通过卷积神经网络（Convolutional neural network，CNN）提取局部语义特征，并完成分类预测。

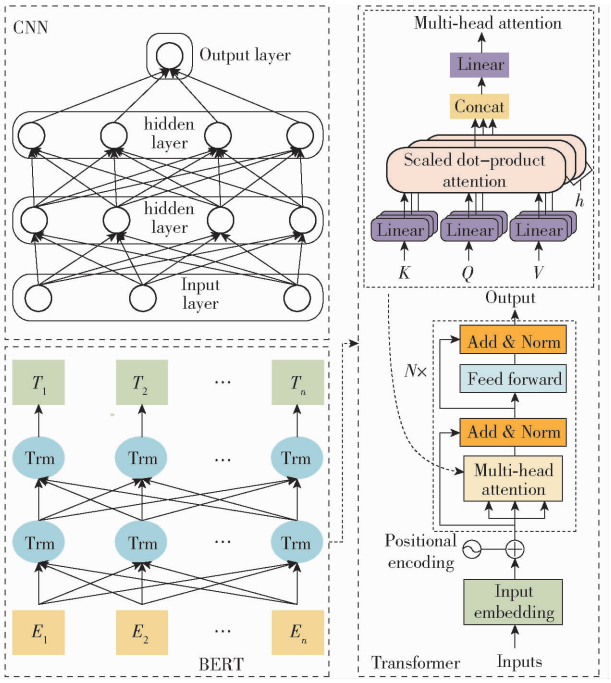

图 5 BERT-CNN 算法框架

Fig. 5 BERT-CNN algorithm framework

对于输入文本 $\boldsymbol{X} = (X_1, X_2, \cdots, X_n)$，经 BERT 编码得到向量 $\boldsymbol{T}_i$。卷积操作输出特征图 c_i 表达式为

$$c_i = f(WT_{i:i+d-1} + b) \tag{4}$$

式中 W——卷积核参数

b——偏置项

$f(\cdot)$——激活函数

在卷积输出特征图中通过最大池化操作提取关键特征 M，并经全连接层与 Dropout 后，利用 Softmax 完成分类。BERT-CNN 模型结合了 BERT 全局语义建模能力与 CNN 的局部特征提取能力，实现对病害症状文本高效表示，提升文本诊断准确性与鲁棒性。

1.4.3 “点”层面—作物病虫害图像诊断

基于 EfficientNet-B3 构建作物病虫害图像识别模型，并在关键位置引入高效通道注意力（Efficient channel attention，ECA）模块以增强特征表达能力。模型以 300 像素×300 像素×3 图像为输入，通过 MBConv 模块逐层提取特征，采用复合缩放策略在深度、宽度及分辨率上进行协调优化，在保证识别精度的同时控制计算复杂度。

为提升通道特征表达能力，在每个 MBConv 模块中嵌入 ECA 注意力模块，对中间特征进行自适应加权。卷积核尺寸由通道数自适应确定，计算式为

$$s = \left| \frac{\mathrm{lb}C}{\gamma} + \frac{\beta}{\gamma} \right|_{\mathrm{odd}} \tag{5}$$

式中 s——卷积核尺寸

C——通道数

γ、β——超参数

模块根据通道数 C 自适应选择卷积核尺寸，并对每个通道 F_c 进行加权，生成特征重标定后输出 $\hat{F}_c$，计算式为

$$\hat{F}_c = \sigma(\mathrm{Conv1D}(\mathrm{GAP}(X_c)))F_c \tag{6}$$

式中 Conv1D——一维卷积运算

GAP——全局平均池化

$\sigma(\cdot)$——Sigmoid 函数

X_c——第 c 通道输入特征图

针对类别不平衡问题，采用加权交叉熵损失函数，计算式为

$$L = -\sum_{i=1}^{N} \omega_i y_i \log \hat{y}_i \tag{7}$$

式中 L——交叉熵损失函数

N——样本总数

ω_i——类别权重

y_i——真实标签

$\hat{y}_i$——预测概率

模型在保持 EfficientNet 高效结构的基础上，通过 ECA 模块增强关键特征表达能力，从而提升作物病虫害识别的准确性与鲁棒性。

1.4.4 “点”层面—智能问答

针对诊断结果缺乏解释性的问题，构建基于知识图谱与大语言模型融合的知识服务方法。基于农业知识图谱对病害、症状及防治措施进行结构化检

索与推理，当图谱无法覆盖时，引入大语言模型进行语义补充，形成“图谱优先、生成补充”的问答机制。此外，结合处方库与农业技术资料构建防治百科模块，实现标准化知识输出，从而提升诊断结果的可解释性与规范性。

1.4.5　“面”层面—作物病虫害空间分布统计

为实现由“点”向区域“面”的扩展，提出基于电子病历数据的空间分析方法。将诊断结果与时间、地理位置等信息持续回写数据库，并在指定时间窗口内对病例进行区域聚合统计，得到病害空间分布特征，表达式为

$$S(r,t)=\sum_{j\in(r,t)} y_j \tag{8}$$

式中　$S(r,t)$——区域 r 在时间 t 内病害发生强度

y_j——单条病例记录

基于聚合结果，采用热力图等方式进行可视化表达，实现病虫害高发区域识别与空间分布显示，从而将离散病例数据转化为区域态势信息，为管理决策提供支撑。

1.4.6　“时空”层面—作物病虫害时空预测

为提升模型对病虫害时空演化规律的表达能力，在建模前引入领域先验知识作为补充约束。通过查阅植保防控指南、中国农业信息网、国家农业科学数据中心等材料，提取病虫害高发时间区间，并进行结构化表达。该先验信息从“发生频率-时间分布-环境条件”层面刻画病害演变规律，有助于识别周期性特征并弥补数据驱动模型的不足，从而提升病虫害预测稳定性与可靠性。

针对区域病虫害时空演化特征建模问题，构建时空预测模型 KAST－Graph，结构如图 6 所示。基于 DCRNN（Diffusion convolutional recurrent neural network）编码-解码框架，引入自适应邻接矩阵更新模块（Adjacency matrix update module）、图对比学习模块（Graph contrastive learning module）及先验知识融合模块（MoE based prior knowledge fusion module），实现空间依赖、时间动态与先验知识的协同建模。

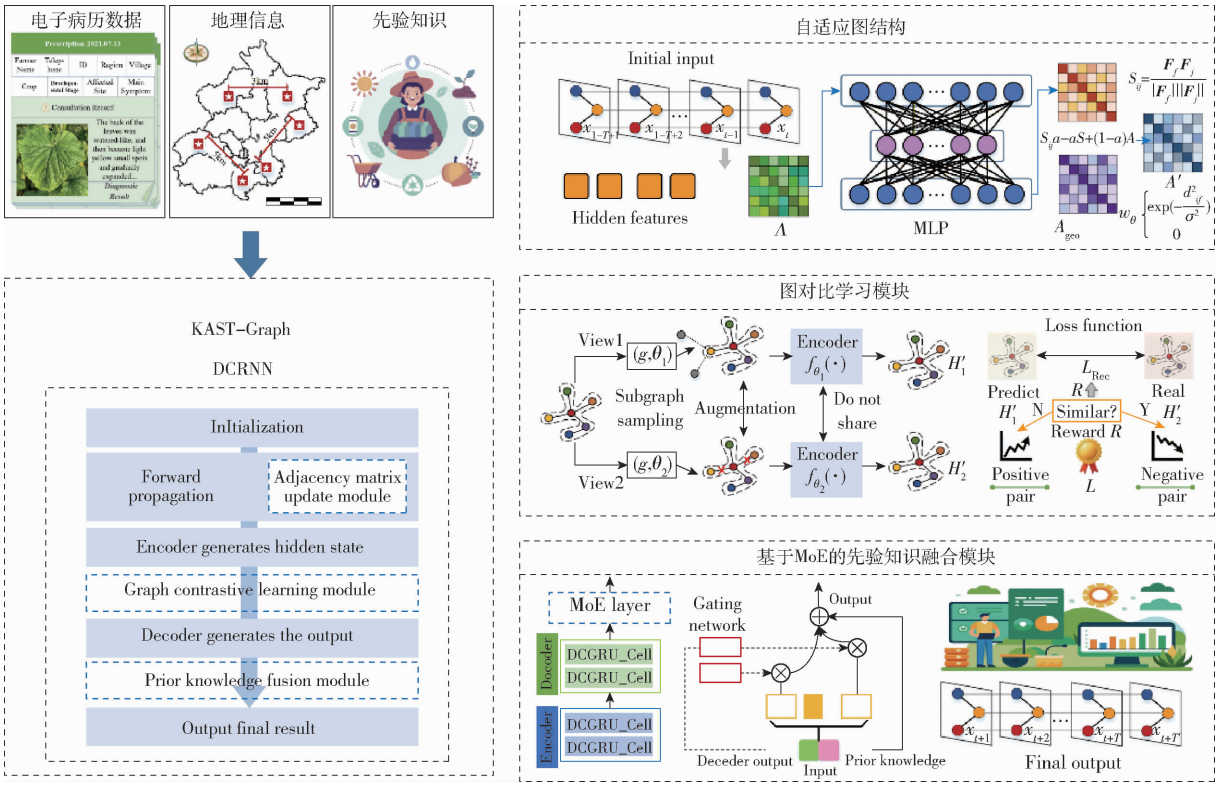

图 6　KAST－Graph 模型结构

Fig. 6　KAST－Graph model framework

将区域病虫害数据表示为图信号 $X_t\in\mathbf{R}^{N\times P\times T}$，并学习映射函数，未来 h 个时间步预测结果 $\hat{X}_{t+1:t+H}$ 表达式为

$$\hat{X}_{t+1:t+H}=f_{\text{graph}}(G,X_{t-L:t}) \tag{9}$$

式中　$f_{\text{graph}}(\cdot)$——模型学习时空映射函数

G——区域图结构

$X_{t-L:t}$——历史观测序列

在空间建模方面，采用扩散卷积表达节点间传播关系，即

$$\boldsymbol{X}*_G\boldsymbol{\Theta}=\sum_{k=0}^{K}\left(\boldsymbol{\Theta}_k(\boldsymbol{D}^{-1}\boldsymbol{W})^k+\boldsymbol{\Theta}'_k(\boldsymbol{D}^{-1}\boldsymbol{W}^{\mathrm{T}})^k\right)\boldsymbol{X} \tag{10}$$

式中 $*_G$——图扩散卷积操作

$\boldsymbol{\Theta}$——与正向扩散$(\boldsymbol{D}^{-1}\boldsymbol{W})^k$对应的可学习参数

$\boldsymbol{\Theta}'$——与逆向/自循环扩散$(\boldsymbol{D}^{-1}\boldsymbol{W}^{\mathrm{T}})^k$对应的可学习参数

K——扩散阶数

$\boldsymbol{D}$——节点度矩阵

$\boldsymbol{W}$——邻接矩阵

$\boldsymbol{X}$——节点特征矩阵

结合 GRU 构建 DCGRU 单元,实现时空依赖建模。为提升图结构表达能力,引入自适应邻接矩阵,即

$$\widetilde{\boldsymbol{A}} = \alpha\boldsymbol{A} + (1-\alpha)\boldsymbol{S} \tag{11}$$

式中 $\widetilde{\boldsymbol{A}}$——融合后自适应邻接矩阵

$\boldsymbol{A}$——原始邻接矩阵

$\boldsymbol{S}$——基于特征相似度构建的关系矩阵

α——平衡 2 类邻接关系的权重系数

为增强模型鲁棒性,引入图对比学习,通过 InfoNCE 损失优化表示,表达式为

$$L_{cl} = -\log\frac{\exp(\mathrm{sim}(z_i, z_i^+)/\tau)}{\sum_j \exp(\mathrm{sim}(z_i, z_j)/\tau)} \tag{12}$$

式中 L_{cl}——图对比学习损失函数

$\mathrm{sim}(\cdot)$——相似度函数

z_i、z_i^+、z_j——节点 i 原始表示、正样本、负样本

τ——温度系数

在解码阶段,引入 MoE 模块融合先验知识,最终输出表达式为

$$y_{\mathrm{graph}} = g \odot y_{\mathrm{model}} + (1-g) \odot y_{\mathrm{prior}} \tag{13}$$

式中 y_{graph}——时空预测最终结果

y_{model}——时空预测模型输出

y_{prior}——先验知识分支输出

g——门控权重

$\odot$——逐元素乘法

KAST-Graph 模型通过“扩散卷积+对比学习+知识融合”的协同机制,有效提升作物病虫害时空预测的准确性与鲁棒性。

1.5 试验平台

所有试验在 NVIDIA GeForce RTX 4070Ti(8 GB 显存)GPU 和 Intel(R) Core(TM) i9-13900KF 3.00 GHz 处理器上完成,深度学习框架使用 PyTorch。

1.6 评价指标

病虫害诊断与处方推荐以 ROC 曲线下面积(Area under the receiver operating characteristic curve,AUC)作为核心评价指标,衡量模型在处方推荐任务中排序与区分能力。由于 AUC 不依赖具体分类阈值,因此在类别不均衡场景下具有较好的稳定性与鲁棒性。同时以验证集 Loss 的收敛稳定性作为训练终止与超参数调整的辅助判据,使模型在推荐排序能力与泛化性能之间取得平衡。对于基于文本与图像的分类任务,采用准确率(Accuracy)、精确率(Precision)、召回率(Recall)和 F1 值(F1-score)评估分类性能,并引入 Macro avg 与 Weighted avg 指标,分别衡量类别均衡和样本不均衡情况下的整体性能。病虫害预测采用平均绝对误差(MAE)、均方根误差(RMSE)及平均绝对百分比误差(MAPE)作为评价指标。

2 结果与分析

2.1 作物病虫害智能诊断与处方推荐

Shared-MMoE 与多种基线模型性能试验结果如表 2 所示。由表 2 可知,针对结构化数据,多任务模型在诊断任务上优于单任务模型,其中 Shared-MMoE 表现最优,在诊断和用药推荐 2 个任务上 AUC 达 96.33% 和 95.36%,多任务模型相比于单任务模型在诊断任务 AUC 与 Loss 指标上分别提升 0.31 个百分点与降低 3.75%。在用药推荐任务中,部分多任务模型出现负迁移现象,而 Shared-MMoE 通过结构优化有效缓解了该问题,表现更好的稳定性与泛化能力。Shared-MMoE 模型的性能主要得益于共享底层特征表示及任务级级联机制对“诊断-用药”关系的建模。

表 2 Shared-MMoE 与其他多任务模型试验结果

Tab.2 Experimental results between Shared-MMoE and other multi-task models

方法	总损失	Task 1:诊断任务		Task 2:用药任务	
		AUC/%	Loss	AUC/%	Loss
Single-Task	0.160 9	96.02	0.093 2	95.25	0.067 7
Shared-Bottom	0.160 0	96.13	0.091 2	95.16	0.068 8
OMoE	0.160 8	96.05	0.091 9	95.02	0.068 9
MMoE	0.160 0	96.06	0.091 7	95.16	0.068 3
PLE[21]	0.160 8	95.96	0.092 1	95.06	0.068 7
AITM[22]	0.161 2	96.00	0.091 4	94.87	0.069 8
Shared-MMoE	0.156 9	96.33	0.089 7	95.36	0.067 2

2.2 作物病虫害图像诊断

对基于 EfficientNet-B3+ECA 的作物病虫害识别方法,在 AI Challenger 2018 数据集上进行试验验证。模型在训练集上病虫害识别准确率达到 97.51%,在验证集上病虫害识别准确率达到 85.95%,表现出较好的病虫害识别性能与泛化能力。训练集与验证集之间存在一定性能差异,主要

原因在于农业病害图像具有类别分布不均衡、田间背景复杂以及部分病害症状高度相似等特点，使模型在训练过程更易学习到高频类别特征，而对少样本类别和相似病害类别的泛化能力相对有限。此外，实际田间环境中光照变化、遮挡及叶片形态差异也会增加模型识别难度。

由图 7 可知，大部分样本均集中于主对角线，表明模型能够准确识别绝大多数病害类别。少量误分类主要发生在症状表现相近的病害类别之间，例如同一作物不同病害或不同严重程度等级之间易出现混淆。与此同时，部分类别对角线颜色较深，反映样本数量较多且识别效果较好；而样本量较少的类别存在一定误判现象。总体来看，EfficientNet－B3 高效的特征提取能力和 ECA 注意力机制对关键病斑特征的增强作用，提升了模型对复杂农业场景下病虫害图像的识别能力。

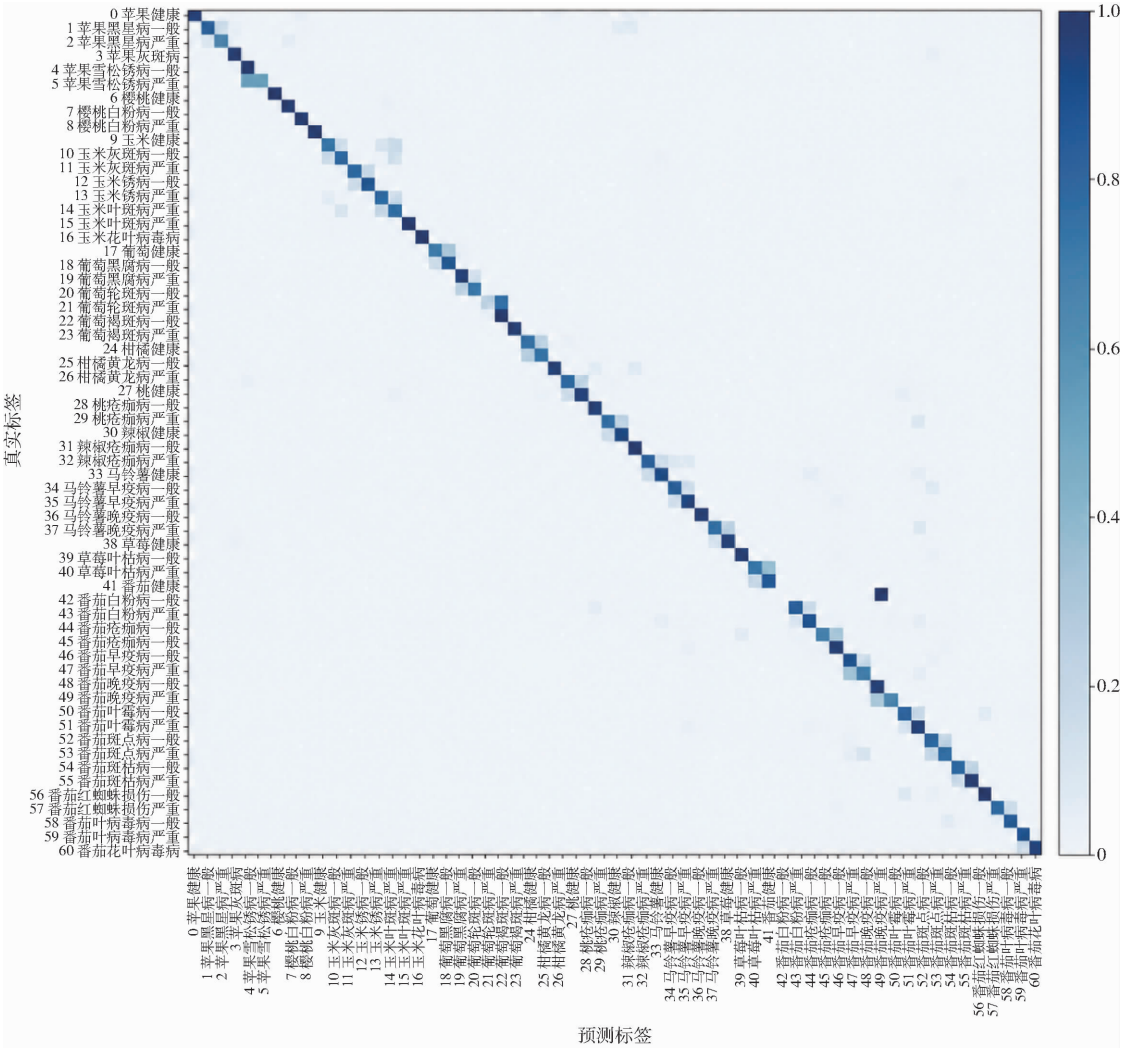

图 7　混淆矩阵

Fig. 7　Confusion matrix

2.3　作物病虫害文本语义诊断

对基于 BERT 提取文本特征，构建的 BERT－CNN 与 BERT－RNN 进行多分类模型病虫害诊断试验，结果如表 3 所示。由表 3 可知，BERT－CNN 表现最优，诊断准确率达 93.13%，Macro－F1 值与 Weighted－F1 值分别为 87.65% 和 93.14%，较原始 BERT 模型分别提升 0.49%、3.76% 和 1.10%。在涉及的 20 类病虫害中，主要病虫害类别识别精度较高（如番茄根结线虫 F1 值为 98.42%），对相似病害亦具有良好区分能力。总体来看，BERT－CNN 在多类别文本诊断任务中表现较强准确性与稳定性。

表 3　不同模型语义诊断试验结果

Tab. 3　Semantic diagnosis test results for different models　%

模型	准确率	F1 值	
		Macro avg	Weighted avg
BERT	92.68	84.47	92.61
BERT－CNN	93.13	87.65	93.14
BERT－RNN	92.44	82.09	92.40

2.4　作物病虫害时空预测

表 4 为 KAST－Graph 与多种模型在区域病虫害预测任务中性能。结果表明，KAST－Graph 在

MAE、RMSE 和 MAPE 指标上取得最优(分别为 5.71、9.50 和 4.56%)。相比之下,MLP、GRU 等时序模型表现较弱,表明仅依赖时间信息难以刻画空间关联,时空建模方法整体性能更优,验证了空间建模重要性。

表 4 不同时间/时空模型预测性能

Tab.4 Prediction performance of different time-space models

建模方式	模型	MAE	RMSE	MAPE/%
时序建模	MLP	13.85	23.31	10.49
	GRU	13.86	23.38	10.51
	STID	13.16	13.51	10.06
时空建模	STGCN	12.38	19.97	9.64
	GraphWaveNet	12.43	19.77	9.72
	TGCN	9.08	15.85	7.06
	AGCRN	9.29	16.59	7.15
	DCRNN	16.77	29.16	12.25
	STTN	15.73	27.52	10.06
	ST-SSL	13.13	19.18	10.76
	STWave	22.78	26.68	9.46
	KAST-Graph	5.71	9.50	4.56

为比较不同构图方式对模型性能的影响,设计了对比试验,结果如表 5 所示。由表 5 可知,不同构图策略均能提升模型对区域病虫害时空依赖关系的建模能力,但效果存在明显差异。仅采用地理信息构图时,模型主要刻画区域间的空间邻近关系,难以反映病虫害传播过程隐含关联,因此预测性能相对有限。基于相关性构图的方法能够挖掘区域间病虫害发生趋势的统计关联,其中相关性阈值为 0.2 时效果优于 0.1,说明适当筛除弱关联边有助于提高图结构质量。自适应邻接矩阵则通过训练动态学习区域间潜在联系,表现出更强的适应性。当地理信息与自适应邻接矩阵联合构图时,模型取得最优性能 MAPE 降至 4.56%,表明区域病虫害传播既受地理邻近性的影响,也存在由环境条件、种植结构等因素形成的隐式关联。KAST-Graph 通过融合自适应图结构、图对比学习及先验知识(MoE),验证了合理构图策略对提升时空预测性能的重要作用。

表 5 不同构图方法对 KAST-Graph 模型的影响

Tab.5 Influence of different layout methods on KAST-Graph model

构图方式				MAE	RMSE	MAPE/%
①	②	③	④			
√				7.23	10.04	5.84
	√			6.99	9.85	5.67
		√		6.85	9.52	5.66
			√	6.62	10.02	5.70
√			√	5.71	9.50	4.56
	√		√	6.51	9.28	5.49
		√	√	6.24	9.44	5.06

注:①地理信息,②0.2≥相关性>0.1,③相关性>0.2,④自适应邻接矩阵。√表示采用此构图方式或自适应邻接矩阵。

3 面向实际应用场景的作物病虫害多目标决策

3.1 作物病虫害多目标决策平台架构

面向作物病虫害智能防控实际需求,在平台构建过程并未将前述模型方法直接拼接为若干独立功能,而是从工程落地角度出发,围绕需求分析、数据组织、模型部署、服务集成、终端实现的整体流程,对多模态数据、多类模型与多目标决策任务进行统一设计(图 8)。平台构建目标不仅实现算法功能,而在真实农业场景下形成一套能够支撑个体诊断、知识服务、区域分析与趋势预警的连续决策体系。

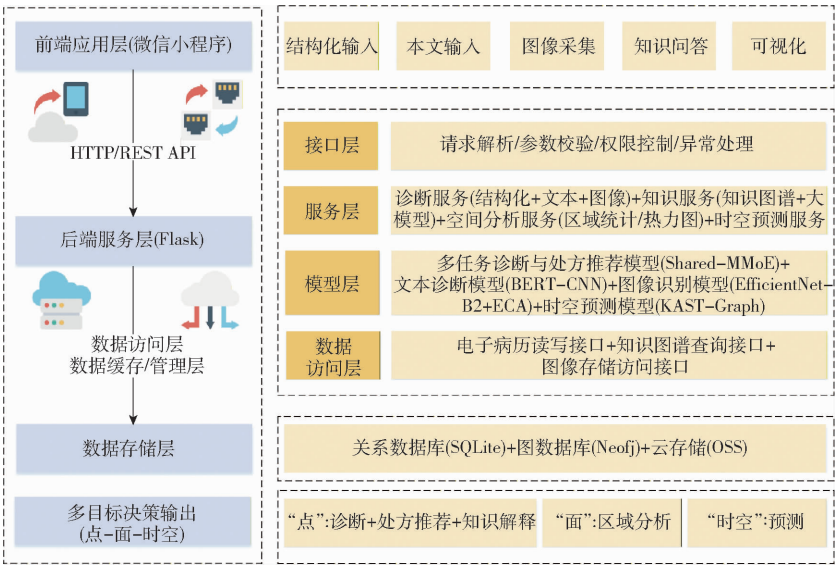

图 8 作物病虫害多目标决策平台架构

Fig.8 Crop disease and pest multi-objective decision-making platform architecture

3.2　平台功能实现

（1）极速诊断功能模块。面向田间快速决策需求，前端采集作物类型、生长阶段及症状等结构化信息，后端调用多任务学习模型 Shared - MMoE 实现病虫害诊断与处方推荐的联合推理，并输出主要候选结果与防治建议，实现“一次输入、同步决策”（图 9）。



图 9　系统首页与极速诊断功能页面

Fig. 9　System home page and rapid diagnostic function page

（2）文本诊断功能模块。针对自然语言描述场景，基于 BERT 模型对症状文本进行语义建模并输出病虫害类别概率，作为结构化诊断的重要补充，并与其他结果交叉验证以提升可靠性（图 10）。



图 10　文本诊断功能页面

Fig. 10　Text diagnosis function page

（3）图像识别功能模块。支持拍照或上传图像，后端基于 EfficientNet - B3 + ECA 轻量化模型进行病害识别，并结合置信度筛选结果；高质量样本写入电子病历并存储于阿里云 OSS（Object Storage Service），用于分析与数据积累（图 11）。

（4）知识服务功能。基于知识图谱与大语言模型构建解释机制，优先通过图谱提供结构化知识推理结果，对复杂问题由大模型补充生成，实现诊断结果的可解释与规范化输出（图 12）。

（5）空间分析功能模块。基于电子病历数据进行时段筛选与区域聚合，通过热力图等方式展示病害空间分布，实现由离散电子病历记录向区域态势的转化（图 13）。

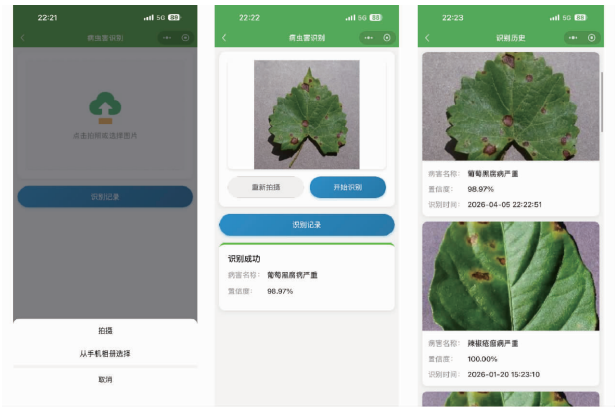

图 11　图像识别功能页面

Fig. 11　Image recognition function page



图 12　知识服务功能页面

Fig. 12　Knowledge service function page

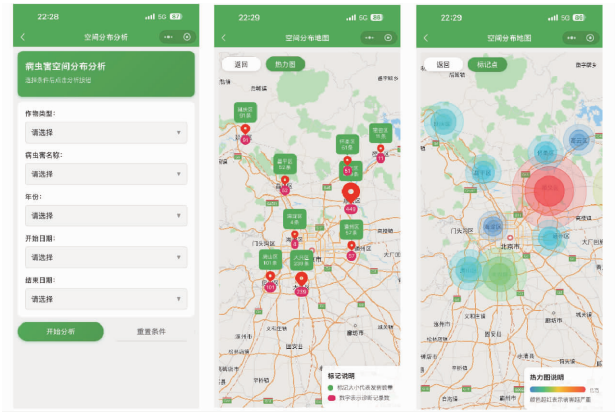

图 13　空间分析功能页面

Fig. 13　Spatial analysis function page

（6）时空预测功能模块。利用历史数据与时空预测模型进行滚动推理，生成未来趋势曲线及风险信息，实现由风险识别向未来预警的扩展（图 14）。

（7）防治百科功能模块。整合处方库与技术资料构建标准化知识库，通过 OSS 存储与按需加载机制提供规范化防治信息，提升系统稳定性与服务能力（图 15）。



图 14 时空预测功能页面

Fig. 14 Spatial-temporal prediction function



图 15 防治百科功能页面

Fig. 15 Disease prevention and control encyclopedia function page

3.3 平台评价

为验证平台的工程可行性与运行性能,从系统实现、响应效率及结果有效性 3 个方面进行评估。系统采用前后端分离架构,后端基于 Flask 实现多模型统一调度,在 4 核 CPU、8 GB 内存环境下初始化时间为 8 ~ 15 s。测试结果表明,各模块响应时间分别为:结构化诊断 80 ~ 150 ms、文本诊断 150 ~ 300 ms、图像识别 600 ~ 1 200 ms、知识查询 50 ~ 120 ms 及时空预测 300 ~ 800 ms。其中,整体平均响应时间为实际业务场景下各类请求的加权平均响应时间,由于高频请求主要集中于结构化诊断、文本诊断和知识查询等轻量级功能,因此系统整体平均响应时间控制在 0.5 s 内,系统吞吐量约为 80 ~ 120 次/s。

在 72 h 连续运行测试中,请求成功率达 99.2%,表明系统具备良好的稳定性。前端基于微信小程序实现,在不同网络环境下均满足田间应用需求。在结果有效性方面,多模态诊断一致性达到 94.0%,其中完全一致比例为 83.5%。

总体来看,平台在轻量化部署条件下能够稳定支持多模态数据处理与多模型协同推理,具有良好的响应性能、运行稳定性及实际应用价值。

4 结论

(1)构建了基于植物电子病历(PEMRs)的多源数据融合多目标决策方法,实现了从个体诊断、区域分析到时空预测的统一建模与连续决策支持,为农业病虫害智能防控提供了系统化解决方案。

(2)在“点”层面,结构化数据通过 Shared - MMoE 多任务模型实现诊断与处方推荐协同优化,文本数据基于 BERT - CNN 模型进行语义诊断,图像数据结合 EfficientNet - B3 与 ECA 注意力机制构建轻量化病害识别模型,并融合知识图谱与大语言模型进行解释推理。试验结果显示,结构化诊断 AUC 达 96.33%,文本诊断准确率为 93.13%,验证集病虫害识别准确率为 85.95%,验证了多源异构信息下精准诊断与推荐能力。

(3)在“面”层面,基于电子病历数据进行时间段筛选与区域聚合,通过热力图展示病害空间分布,实现由离散个体诊断向区域态势分析的扩展。

(4)在“时空”层面,KAST - Graph 预测模型通过自适应图结构、图对比学习及先验知识融合,MAPE 低至 4.56%,有效提升区域病虫害趋势预测精度,验证了多源信息融合与合理空间构图对时空建模的重要性。

(5)在工程实现上,构建了面向实际应用的轻量化决策平台,以微信小程序形式实现多模型在线集成与协同推理。平台平均响应时间低于 0.5 s,请求成功率达 99.2%,多模态诊断一致性达到 94.0%,具备良好的落地应用能力。平台可在无需复杂设备的条件下完成多模态数据采集与决策输出,同时支持电子病历数据的持续积累与区域信息获取,形成数据驱动的闭环应用机制。

参 考 文 献

[1] 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)

[2] Singh A, Jones S, Ganapathysubramanian B, et al. Challenges and opportunities in machine-augmented plant stress phenotyping [J]. Trends in Plant Science, 2021, 26(1):53 - 69.

[3] 赵小丹,胡林,刘婷婷. 大田作物主要病虫害图像数据集综述[J]. 农业大数据学报, 2026, 8(1):113 - 127.

Zhao Xiaodan, Hu Lin, Liu Tingting. Review of image datasets for field crop pest and disease management[J]. Journal of Agricultural Big Data, 2026, 8(1):113 - 127. (in Chinese)

[4] 乔琛,韩梦瑶,高苇,等. 基于 Faster - NAM - YOLO 的黄瓜霜霉病菌孢子检测[J]. 农业机械学报, 2023, 54(12): 288 - 299.
Qiao Chen, Han Mengyao, Gao Wei, et al. Quantitative detection of cucumber downy mildew spores at multi-scale based on Faster - NAM - YOLO[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2023, 54(12): 288 - 299. (in Chinese)

[5] 张领先,丁俊琦,陈菲菲,等. 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[J]. 农业机械学报, 2025, 56(1): 25 - 36,46.
Zhang Lingxian, Ding Junqi, Chen Feifei, et al. Multi-scenario prescription recommendations for crop diseases based on multi-modal data of electronic medical records[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2025, 56(1): 25 - 36,46. (in Chinese)

[6] Ma R, Zhang N, Zhang X, et al. Cotton verticillium wilt monitoring based on UAV multispectral-visible multi-source feature fusion[J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2024, 217: 108628.

[7] Xu C, Zhao L, Wen H J, et al. Intelligent management of crop diseases and pests in multiscale and multimodal complex scenarios: technologies, applications, and prospects[J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2026, 244: 111443.

[8] 陈奕山. 小农户在中国农业现代化进程中的作用及处境变化[J]. 中国农业大学学报(社会科学版),2021, 38(4): 19 - 30.
Chen Yishan. The role of small farm household and the change of their situation in agricultural modernization process[J]. Journal of China Agricultural University(Social Sciences), 2021, 38(4):19 - 30. (in Chinese)

[9] 孙瑶, 阮俊虎. 数字时代农业社会化服务体系建设的进路探索:基于“大国小农”国情[J]. 中国农村观察, 2026, 47(2):45 - 68.
Sun Yao, Ruan Junhu. Exploring approaches to building the agricultural socialized service system in the digital era: based on the national conditions of “small-scale peasant economy of the large country”[J]. China Rural Survey, 2026, 47(2):45 - 68. (in Chinese)

[10] Xu C, Ding J, Wang B, et al. Multimodal-information-based optimized agricultural prescription recommendation system of crop electronic medical records[J]. Journal of Industrial Information Integration, 2025, 43: 100748.

[11] Ding J Q, Qiao Y, Zhang L X. Plant disease prescription recommendation based on electronic medical records and sentence embedding retrieval[J]. Plant Methods, 2023, 19(1): 91.

[12] Ding J, Li B, Xu C, et al. Diagnosing crop diseases based on domain-adaptive pre-training BERT of electronic medical records[J]. Applied Intelligence, 2023,53(12): 15979 - 15992.

[13] Xu C, Zhao L, Wen H, et al. A novel cascaded multi-task method for crop prescription recommendation based on electronic medical record[J]. Computers and Electronic in Agriculture, 2024, 219: 108790.

[14] 孙鹏龙,王超俊,李俊香. 图像识别与专家系统融合的小麦病害智能诊断方法研究[J]. 扬州大学学报(农业与生命科学版), 2026, 47(2):122 - 130.
Sun Penglong, Wang Chaojun, Li Junxiang. Intelligent diagnosis method for wheat diseases based on the integration of image recognition and expert system[J]. Journal of Yangzhou University (Agricultural and Life Science Edition), 2026, 47(2): 122 - 130. (in Chinese)

[15] Xu C, Zhao L, Wen H, et al. Spatial-temporal analysis and trend prediction of regional crop disease based on electronic medical records[J]. Applied Soft Computing, 2024, 167: 112423.

[16] Xu C, Zhao L, Wen H, et al. Knowledge-guided adaptive spatial-temporal graph contrastive learning framework: regional crop diseases prediction based on electronic medical records[J]. Neural Networks, 2025, 189: 107597.

[17] 吴霆,郑康希,廖玉珍. 基于 YOLOv10 与微信小程序的水稻病虫害识别系统设计[J]. 粮油与饲料科技, 2025(9): 181 - 183.

[18] Caruana R A. Multitask learning: a knowledge-based source of inductive bias[M]. Sam Mateo: Machine Learning Proceedings, 1993: 41 - 48.

[19] Ma J, Zhao Z, Yi X, et al. Modeling task relationships in multi-task learning with multi-gate mixture-of-experts[C]// Proceedings of the 24th ACM SIGKDD International Conference on Knowledge Discovery & Data Mining, 2018: 1930 - 1939.

[20] 徐畅,张领先,乔岩. 基于电子病历的作物病虫害关联挖掘及智能诊断[J]. 智能化农业装备学报(中英文), 2023, 4(4): 1 - 10.
Xu Chang, Zhang Lingxian, Qiao Yan. Association mining of crop diseases and intelligent diagnosis based on electronic medical records[J]. Journal of Intelligent Agricultural Mechanization, 2023, 4(4): 1 - 10. (in Chinese)

[21] Tang H, Liu J, Zhao M, et al. Progressive layered extraction (PLE): a novel multi-task learning (MTL) model for personalized recommendations[C]// Proceedings of the 14th ACM Conference on Recommender Systems, 2020: 269 - 278.

[22] Xi D, Chen Z, Yan P, et al. Modeling the sequential dependence among audience multi-step conversions with multi-task learning in targeted display advertising[C]// Proceedings of the 27th ACM SIGKDD Conference on Knowledge Discovery & Data Mining, 2021: 3745 - 3755.