

基于多任务卷积神经网络的浮游藻类群落识别方法

程钊^{1,2,3}, 赵南京^{1,3*}, 殷高方^{1,3}, 张小玲⁴, 王翔^{1,2,3}¹中国科学院合肥物质科学研究院安徽光学精密机械研究所环境光学与技术重点实验室, 安徽 合肥 230031;²中国科学技术大学, 安徽 合肥 230026;³安徽省环境光学监测技术重点实验室, 安徽 合肥 230031;⁴安徽大学, 安徽 合肥 230601

摘要 针对混合浮游藻类群落离散三维荧光光谱特征识别, 对比分析了简单卷积神经网络(PlainCNN)和文本卷积神经网络(TextCNN)模型对 5 种常见门类藻(铜绿微囊藻、斜生栅藻、菱形藻、椭圆形多甲藻和隐藻)混合数据的种类识别准确率及浓度测量精度。结果表明, 在藻类独立识别及浓度回归分析中, PlainCNN 模型对测试集的平均识别准确率和浓度输出结果的平均均方误差分别为 90% 和 0.052, 均优于 TextCNN 模型。为了同时实现混合藻类种类识别和浓度分析, 基于 PlainCNN 模型提出了多任务卷积神经网络 PlainCNN-MT 模型。该模型对混合藻类种类识别的平均准确率提高至 95%, 浓度输出结果的平均均方误差降低至 0.039, 表明多任务卷积神经网络在浮游藻类群落识别与定量分析中更具优势。

关键词 光谱学; 浮游藻类; 离散三维荧光光谱; 卷积神经网络; 种类识别; 定量分析

中图分类号 O433.4

文献标志码 A

doi: 10.3788/AOS202242.0530002

Identification Method of Planktonic Algae Community Based on Multi-Task Convolutional Neural Network

Cheng Zhao^{1,2,3}, Zhao Nanjing^{1,3*}, Yin Gaofang^{1,3}, Zhang Xiaoling⁴, Wang Xiang^{1,2,3}¹Key Laboratory of Environmental Optics and Technology, Anhui Institute of Optics and Fine Mechanics, Hefei Institutes of Physical Science, Chinese Academy of Sciences, Hefei, Anhui 230031, China;²University of Science and Technology of China, Hefei, Anhui 230026, China;³Key Laboratory of Environmental Optical Monitoring Technology of Anhui Province, Hefei, Anhui 230031, China;⁴Anhui University, Hefei, Anhui 230601, China

Abstract Aiming at the identification of the characteristics of the discrete three-dimensional fluorescence spectra for the planktonic mixed algae community, the species identification accuracy and concentration measurement accuracy of mixed data of five common phylum species of algae (*Microcystis aeruginosa*, *Scenedesmus obliquus*, *Nitzschia sp.*, *Peridinium umbonatum var. inaequale* and *Cryptomonas obovata*.) are compared and analyzed by the plain convolutional neural network (PlainCNN) model and the text convolutional neural network (TextCNN) model. The results show that in the algae independent identification and concentration regression analysis, the average identification accuracy of the test set and the average mean square error of the results of the concentration output of the PlainCNN model are 90% and 0.052 respectively, which are better than that of TextCNN model. In order to realize species identification and concentration analysis of mixed algae at the same time, a multi-task convolutional neural network, i.e., PlainCNN-MT model, is proposed based on the PlainCNN model. The average accuracy of the model for the species identification of mixed algae is increased to 95%, and the average mean square error of the results of the concentration output is reduced to 0.039, indicating that the multi-task convolutional neural network

收稿日期: 2021-07-21; 修回日期: 2021-09-09; 录用日期: 2021-09-23

基金项目: 国家重点研发计划(2016YFC1400600)、安徽省重点研发计划(1804a0802192)、安徽省自然科学基金(2008085QF316)

通信作者: *njzhao@aiofm.ac.cn

has more advantages in the identification and quantitative analysis of planktonic algae community.

Key words spectroscopy; planktonic algae; discrete three-dimensional fluorescence spectrum; convolutional neural networks; species identification; quantitative analysis

1 引言

在自然水域中浮游藻类具有适应性强、群落结构稳定和分布范围广等特点,现其作为反映水质与受污染情况的重要指示物,被广泛用于水质环境监测研究中^[1-2]。在遭受外部水体环境变化如水体富营养化、气候变化和人为活动的环境污染时,藻类群落结构与含量会发生明显改变,因此对自然水体中藻类群落实时在线监控具有重要意义^[3-4]。明确藻类群落组成与浓度(质量分数)为水体环境评价提供了重要的指导方向与数据支撑。

在自然水域浮游藻类实时在线检测中,三维荧光光谱法具有灵敏度高、选择性好、指纹信息丰富和不破坏分析样品分子结构等优点。通过对藻类指纹信息提取荧光特征,能有效识别一些藻种门类信息^[5-6]。然而,在实际操作时,大多数藻类是由群落组成的,不同门类间藻种特征会相互覆盖和干扰,这对群落结构中单组分门类识别和浓度定量造成一定困难,进而对藻类数据的处理提出了更高的要求。卷积神经网络(CNN)是计算机深度学习中包含卷积计算的重要算法之一,具有优秀的建模和模拟能力^[7-8]。为了建立浮游藻类监测数据与群落结构组成的联系,很多学者将深度学习方法引入到藻类特征识别与定量研究中。张志栋等^[9]研究了水体实时监测的藻类细胞图像数据,结合深度学习方法,对夜光藻和青岛大扁藻实现了组分识别和浓度定量分析。李显鹏等^[10]基于 CNN 算法研究了藻类的缪勒矩阵偏振特征,对海洋藻类进行了分类。姚俊杨等^[11]通过深度学习建模对叶绿素 a 浓度进行了分析并得到了预测结果,达到了对湖库水华预测的目的。Kim^[12]基于 CNN 发展的文本卷积神经网络(TextCNN)模型能很好地处理基于自然语言的计算机应用,对数据浅层特征的提取效果明显,数据容错性高,具有应用广泛、运算迅捷等优势。

藻类群落的离散三维荧光光谱数据是基于三维荧光光谱选择性地提取出优化特征数据,可实现对藻种门类的快速荧光检测^[13-14]。为探索混合藻类离散三维荧光光谱数据的藻种识别和含量检测性能,根据数据特点采用了几种基于 CNN 不同结构的数据处理方法,分析比较了不同 CNN 模型处理藻类

群落数据的数据结果。第一种是简单的 CNN 模型结构,将离散的三维荧光图像当成输入数据,通过局部连接的 CNN 结构形式进行运算,记为 PlainCNN。第二种是将离散三维荧光数据类比自然语言,通过文本分类方法进行运算,记为 TextCNN。第三种是共享基础参数与数据,同时兼顾组分识别和浓度定量两种任务的多任务卷积神经网络模型计算,记为 PlainCNN-MT。通过比较不同类型的 CNN 模型对藻类离散三维数据的分析结果,探索藻群荧光数据分析方法,为藻种门类的分类识别和浓度定量提供新的研究方法,并为浮游藻类在线检测提供更好的方法与技术手段。

2 实验部分

2.1 藻种样品集

实验数据为实验室培养的 5 种门类藻的纯种与混合样品的离散三维荧光数据,如表 1 所示。图 1(a)~(e)为 5 种门类的纯种藻的离散三维数据荧光光谱图,图 1(f)~(j)为随机 5 种门类混合藻的离散三维数据荧光光谱图。可以看出,部分纯种藻种的荧光特征区别明显,而混合藻的荧光特征由于谱线相互重叠覆盖进而难以区分,这为多组分混合藻样的识别区分带来了困难。CNN 是机器学习中利用样品数据进行特征分析,并对分析目标能有效进行快速识别的一类计算机分析方法。结合离散三维数据的格式特征,选用几种基于 CNN 的模型对藻类离散数据的结果进行评价。

表 1 实验藻种

Table 1 Experimental algae

Phylum	Alga
Cyanophyta	<i>Microcystis aeruginosa</i>
Chlorophyta	<i>Scenedesmus obliquus</i>
Bacillariophyta	<i>Nitzschia sp.</i>
Pyrroptata	<i>Peridinium umbonatum var. inaequale</i>
Cryptophyta	<i>Cryptomonas obovata.</i>

2.2 参数设置

使用 MATLAB 对数据分析,结合 Adam 优化器优化模型参数,设置优化初始学习率为 0.001,回归任务总训练批次(epoch)为150,分类任务总训练

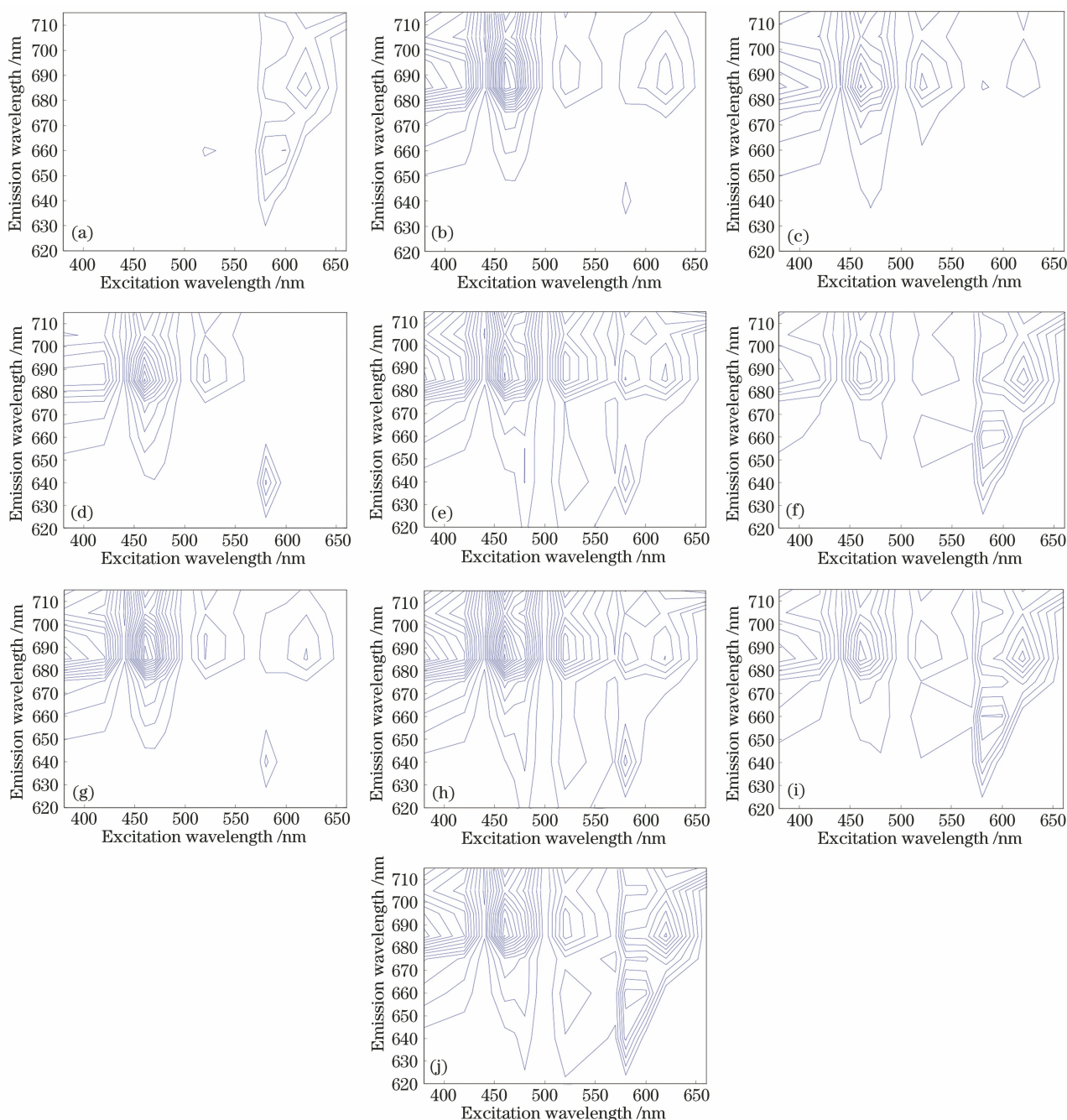


图 1 不同藻类的离散三维荧光光谱。(a)铜绿微囊藻;(b)斜生栅藻;(c)菱形藻;(d)椭圆形多甲藻;(e)隐藻;(f)铜绿微囊藻+斜生栅藻;(g)斜生栅藻+椭圆形多甲藻;(h)菱形藻+椭圆形多甲藻+隐藻;(i)铜绿微囊藻+斜生栅藻+菱形藻+椭圆形多甲藻;(j)铜绿微囊藻+斜生栅藻+菱形藻+椭圆形多甲藻+隐藻

Fig. 1 Discrete three-dimensional fluorescence spectra of different algae. (a) *Microcystis aeruginosa*; (b) *Scenedesmus obliquus*; (c) *Nitzschia sp.*; (d) *Peridinium umbonatum var. inaequale*; (e) *Cryptomonas obovata.*; (f) *Microcystis aeruginosa* + *Scenedesmus obliquus*; (g) *Scenedesmus obliquus* + *Peridinium umbonatum var. inaequale*; (h) *Nitzschia sp.* + *Peridinium umbonatum var. inaequale* + *Cryptomonas obovata.*; (i) *Microcystis aeruginosa* + *Scenedesmus obliquus* + *Nitzschia sp.* + *Peridinium umbonatum var. inaequale*; (j) *Microcystis aeruginosa* + *Scenedesmus obliquus* + *Nitzschia sp.* + *Peridinium umbonatum var. inaequale* + *Cryptomonas obovata.*

批次为 100。严格遵守机器学习模型的测试准则，选用在验证集表现最好的模型在测试集上进行测试。共选用 3220 条数据，选择其中 3000 条数据源

作为训练集，20 条数据作为验证集，200 条数据作为测试集。验证集中藻样的结构组成与真实浓度如表 2 所示。

表 2 验证集中的藻样浓度
Table 2 Concentrations of algal samples in verification set

unit: $\mu\text{g} \cdot \text{L}^{-1}$

No.	<i>Microcystis aeruginosa</i>	<i>Scenedesmus obliquus</i>	<i>Nitzschia sp.</i>	<i>Peridinium umbonatum</i> <i>var. inaequale</i>	<i>Cryptomonas</i> <i>obovata.</i>
1	25.98	0	0	0	0
2	0	32.16	0	0	0
3	46.93	0	0	0	10.68
4	0	27.36	10.42	0	0
5	0	0	0	8.77	55.26
6	0	50.91	0	6.58	0
7	17.29	0	0	40.25	0
8	34.17	99.05	0	28.3	0
9	0	46.93	0	54.06	47.92
10	47.52	0	74.18	34.69	0
11	38.25	0	63.73	0	33.97
12	34.15	62.43	0	0	22.66
13	26.19	71.32	87.64	69.27	0
14	0	96.58	84.06	59.11	38.64
15	42.94	126.13	83.85	60.71	0
16	35.64	0	89.37	50.74	46.37
17	64.78	96.53	43.08	0	40.27
18	48.41	76.53	53.19	79.64	21.05
19	33.95	80.26	74.83	46.19	65.72
20	36.05	97.24	46.52	20.47	0

3 训练模型结构原理

藻类群落的离散三维荧光数据包含多组分藻的组合荧光信息,结合 CNN 方法对组分信息进行提取分析,旨在快速有效地识别分类藻类群落结构组成的组分信息,提高混合藻种三维荧光识别分类精度。CNN 结构包含输入层、卷积层、池化层、全连接层和输出层。其中,卷积层是重要的运算部分,将藻类三维光谱数据导入卷积层中进行运算可提炼出特征光谱数据。通常卷积运算会引入激活函数以实现线性与非线性数据同时运算,增强卷积运算对数据的分析能力。卷积运算模型的表达式为

$$y = f\left(\sum_{n=1}^m \omega_n x_n + b_n\right), n = 1, 2, \dots, m, \quad (1)$$

式中: y 为该层特征数据; n 为样本数据输入个数; m 为样本数据总个数; ω 为卷积核参数; x 为引入数据; b 为该神经元的偏置,也是深度神经网络中的

一个参数,它能够在必要的情况下对整个神经网络进行调整,让神经网络变得更加灵活; $f(\cdot)$ 为激活函数,其作用是增加深度神经网络的非线性、可微性和单调性处理能力。

卷积核运算得到的藻类特征数据通常存在数据量大、维度高的特点,进而会导致后续运算繁琐。因此,需要经池化层压缩以缩减运算的复杂程度。通过在池化层选用数据最大值代表数据集的显著特征的方式来减少数据量。全连接层将卷积层与池化层转换运算的数据结果转化为原样本数据的维度以进行藻类门类识别。

3.1 PlainCNN 模型

PlainCNN 由 3 个普通卷积神经网络组合而成,3 层卷积核的个数分别是 64、128、256,每层卷积核的大小为 3×3 ,每个卷积层的激活函数为 Relu 函数。前两个全连接层后面各跟一个 Relu 层。最后一层全连接层后面不跟 Relu 层,但为了减轻过拟

合,在其前面增加一个 Dropout 层,全连接层输出的神经元个数分别为 256、128、5,最后一层中 5 个神经元代表 5 种门类的藻类特征。当分类时,通过 sigmoid 函数对特征值数据进行归类处理,并将结果参数映射到每个神经元中,输出为 1 表示藻样中包含该门类藻种成分,0 代表不包含该成分。当回归分析时,通过神经元回归分析得到各藻种预测浓度。

3.2 TextCNN 模型

TextCNN 模型是由一个卷积层、一个池化层和一个全连接层组合而成,其结构简单,采取多个结构

大小不同的卷积核对离散三维数据进行运算,能够快速有效地对局部特征进行提取。根据分析数据格式设定参数进行相应运算,将数据类比自然语言数据的输入形式,其大小为 9×15 ,可理解为 9 句话中每句均通过 15 维的特征向量进行表达。卷积层的卷积核大小设置为 2×1 、 3×1 、 4×1 三种形式,每种 100 个,非线性数据处理激活函数为 Relu 函数。池化层选用卷积运算得到的最大值作为特征值代入后续运算。文本卷积神经网络模型的结构图如图 2 所示。

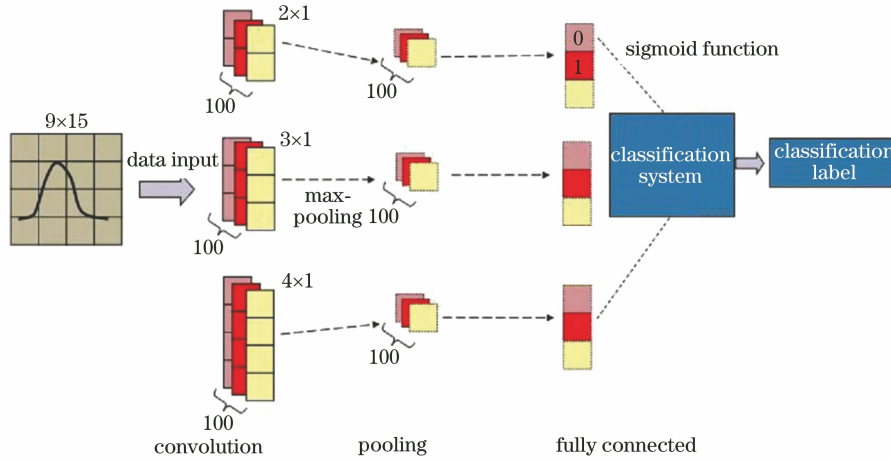


图 2 TextCNN 结构图

Fig. 2 Structural diagram of TextCNN

在藻类组分分类识别任务中,选用交叉熵作为损失函数来评估模型输出值与真实值之间的差距,相应表达式为

$$R_{\text{loss}} = -\frac{1}{m} \sum_{n=1}^m x_n \ln y_n, \quad (2)$$

式中: x_n 为原样本真实值; y_n 为模型输出值。模型输出的 R_{loss} 值越小代表预测值与真实值越接近。准确率可表示预测值与样本真实值间的契合程度,其表达式为

$$R_{\text{accuracy}} = \frac{A_{\text{TP}} + A_{\text{TN}}}{A_{\text{total}}}, \quad (3)$$

式中: A_{TP} 表示在 sigmoid 函数判定条件下,每种门类藻判定为 1 的样本个数; A_{TN} 表示判定为 0 时的样本个数; A_{total} 表示藻类样本总数量。在藻类浓度回归分析中,以均方误差为损失函数表达真实样本浓度与被估计值的差异程度,其表达式为

$$R_{\text{MSE}} = \frac{1}{m} \sum_{n=1}^m (y_n - x_n)^2. \quad (4)$$

4 结果分析

图 3 为 PlainCNN 和 TextCNN 模型训练藻类

离散三维数据执行分类任务时得到的损失曲线。可以发现,两种方法输出的结果的损失值均在下降并逐步趋于动态稳定,说明两种模型结构是适用于藻类离散三维数据任务的。与 TextCNN 的输出结果相比,PlainCNN 损失曲线下落的斜率更大,数值更接近 0,说明其预测值与真实值更接近。因此,从两种模型输出结果可知,在藻类离散三维荧光数据分类任务训练中,PlainCNN 模型更有优势。纯种藻与多组分混合藻验证集样本的分类结果如表 3 所示。

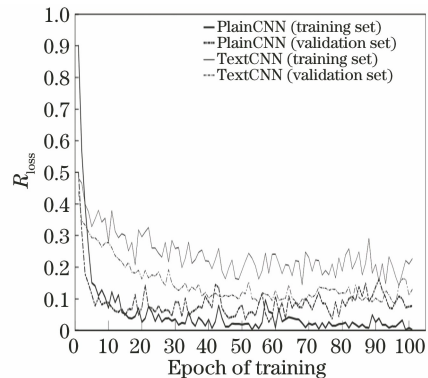


图 3 藻类分类训练结果的 R_{loss}

Fig. 3 R_{loss} of training results of algal classification

表 3 分类模型结果

Table 3 Results of classification models

Sample	Sample number	Accuracy of TextCNN / %	Accuracy of PlainCNN / %
Pure	2	100.00	100.00
Two mixed	5	100.00	100.00
Three mixed	5	100.00	100.00
Four mixed	6	66.66	83.33
Five mixed	2	50.00	50.00
Average		85.00	90.00

可以发现, PlainCNN 得到的平均准确率为 90%, 高于 TextCNN 的平均准确率 (85%), 说明 PlainCNN 模型对分类训练样本的识别程度更高。此外, 随着样品混合组分数的增加, 准确率存在不断降低的趋势, 即分类的难度越来越大。

通过模型训练的结果可以看出, PlainCNN 能很好地识别藻类群落多组分混合样品。然而, 在实际水体监测中, 藻群在线检测的目标还包括对藻种含量进行预估。为满足基于离散三维荧光数据对藻群多组分定量分析的需求, 对不同 CNN 模型输出的预测浓度进行回归训练。图 4 为离散三维数据进行回归训练的损失曲线。可以发现, PlainCNN 与

TextCNN 皆适用于藻类样本的数据分析, PlainCNN 模型训练结果得到的损失曲线位置更趋近于坐标轴说明训练结果更接近真实值。表 4、5 为两种模型预测的浓度及均方误差结果。可以发现, PlainCNN 模型输出的均方误差随着分析藻样组分数的增多而变大, 平均均方误差为 0.052, 优于 TextCNN 模型的平均均方误差 (0.062), 表明 PlainCNN 更适用于藻类离散三维荧光数据的浓度定量分析。

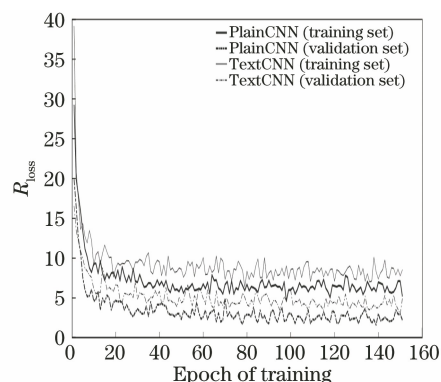


图 4 TextCNN 模型回归训练的 R_{loss}

Fig. 4 R_{loss} of regression training by TextCNN model

表 4 TextCNN 模型回归分析结果

Table 4 Regression analysis results by TextCNN model

No.	Concentration of <i>Microcystis aeruginosa</i> / ($\mu\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$)	Concentration of <i>Scenedesmus obliquus</i> / ($\mu\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$)	Concentration of <i>Nitzschia sp.</i> / ($\mu\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$)	Concentration of <i>Peridinium umbonatum var. inaequale</i> / ($\mu\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$)	Concentration of <i>Cryptomonas obovata.</i> / ($\mu\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$)	R_{MSE}
1	24.14	0	0	0	0	0.008
2	0	34.24	0	0	0	
3	41.62	0	0	0	11.83	0.027
4	0	25.97	12.53	0	0	
5	0	0	0	9.57	52.49	0.059
6	0	47.18	0	6.14	0	
7	16.29	0	0	37.32	0	0.084
8	37.26	95.35	0	26.53	0	
9	0	42.81	0	59.47	49.27	0.130
10	51.24	0	78.26	33.19	0	
11	40.72	0	66.41	0	30.67	0.062
12	32.38	60.34	0	0	19.55	
13	23.14	72.42	85.49	72.96	0	0.062
14	0	96.05	82.31	55.83	41.28	
15	45.03	122.64	86.27	57.46	0	0.062
16	39.14	0	93.14	48.15	41.96	
17	59.48	91.57	40.74	0	44.35	0.062
18	44.17	73.64	56.39	82.63	18.27	
19	30.76	83.16	71.25	42.17	69.43	0.062
20	39.59	101.76	42.61	23.17	37.24	
Average						0.062

表 5 PlainCNN 模型回归分析结果
Table 5 Regression analysis results by PlainCNN model

No.	Concentration of <i>Microcystis aeruginosa</i> / ($\mu\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$)	Concentration of <i>Scenedesmus obliquus</i> / ($\mu\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$)	Concentration of <i>Nitzschia sp.</i> / ($\mu\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$)	Concentration of <i>Peridinium umbonatum var. inaequale</i> / ($\mu\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$)	Concentration of <i>Cryptomonas obovata.</i> / ($\mu\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$)	R_{MSE}
1	23.69	0	0	0	0	0.007
2	0	30.58	0	0	0	
3	50.37	0	0	0	9.65	0.017
4	0	29.83	9.37	0	0	
5	0	0	0	9.35	57.28	
6	0	53.05	0	6.74	0	
7	18.63	0	0	43.69	0	
8	36.28	94.28	0	30.16	0	
9	0	48.39	0	50.84	45.27	
10	43.16	0	72.51	37.57	0	
11	39.14	0	59.14	0	31.05	
12	32.07	64.12	0	0	24.71	
13	30.19	69.07	84.38	67.18	0	0.077
14	0	93.05	81.54	63.74	40.32	
15	45.23	130.26	80.92	61.25	0	
16	33.94	0	92.65	54.29	50.82	
17	59.82	98.35	43.83	0	37.48	
18	44.87	73.84	56.87	83.46	25.19	
19	37.16	77.31	78.49	43.81	61.15	
20	32.86	101.27	49.15	23.07	32.58	
Average						0.052

从 PlainCNN 模型和 TextCNN 模型在分类任务和回归任务中独立运行的结果可以看出, PlainCNN 模型更适用于藻类离散三维荧光光谱数据的分析。从检测藻群样本的现实需求出发, 考虑藻类门类识别和浓度测量的目标, 提出在 PlainCNN 模型分类任务的基础上结合回归分析任务构成集组分识别与浓度定量的多任务卷积神经网络模型, 记为 PlainCNN-MT。在执行分析藻类荧光数据任务时, 通过共享基础样本数据及参数, 减少机器负荷量, 提高运行效率, 并兼顾藻类群落样本的多组分识别和浓度定量的研究目标, 损失函数为分类任务与回归任务损失函数之和。PlainCNN-MT 模型训练混合藻类离散三维荧光光谱数据得到的损失曲线如图 5 所示。可以发现, 损失函数曲线趋势符合运行要求。分类任务得到的运行结果如表 6 所示。可以发现, PlainCNN-MT 模型的平均准确率为 92.38%。回归任务得到的藻种预测浓度如表 7 所示。可以发现, PlainCNN-MT 模型的平均均方误差为 0.039。与前面单任务卷积神经网络模型训

练结果比较可以看出, PlainCNN-MT 结果更优, 说明同时进行分类任务和回归任务时, 二者有很好的促进作用。

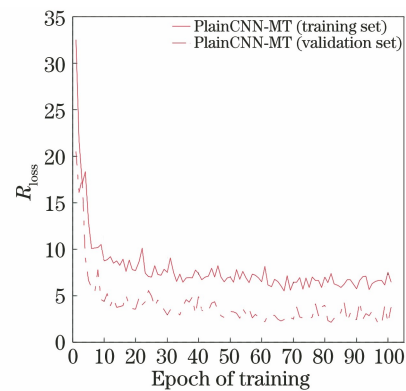


图 5 PlainCNN-MT 模型训练 R_{loss}
Fig. 5 R_{loss} of training by PlainCNN-MT model

5 结 论

在实际水体藻类群落检测操作中, 需要对藻类种群群落组成和浓度含量进行研究。针对藻类群落

表 6 PlainCNN-MT 模型分类训练结果
Table 6 Results of classification training by PlainCNN-MT model

Sample	Sample number	Accuracy /%
Pure	2	100
Two mixed	5	100
Three mixed	5	100
Four mixed	6	100
Five mixed	2	50
Average		95

表 7 PlainCNN-MT 模型回归分析结果
Table 7 Analysis results by PlainCNN-MT model

No.	Concentration of <i>Microcystis aeruginosa</i> / ($\mu\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$)	Concentration of <i>Scenedesmus obliquus</i> / ($\mu\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$)	Concentration of <i>Nitzschia sp.</i> / ($\mu\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$)	Concentration of <i>Peridinium umbonatum var. inaequale</i> / ($\mu\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$)	Concentration of <i>Cryptomonas obovata.</i> / ($\mu\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$)	R_{MSE}
1	27.51	0	0	0	0	0.004
2	0	33.57	0	0	0	
3	49.15	0	0	0	9.84	
4	0	29.16	9.28	0	0	
5	0	0	0	8.41	54.78	0.009
6	0	52.67	0	6.37	0	
7	15.82	0	0	42.69	0	
8	33.64	102.6	0	26.17	0	
9	0	43.59	0	52.39	51.39	
10	51.49	0	76.52	32.15	0	0.036
11	39.57	0	60.67	0	35.02	
12	35.89	64.18	0	0	21.64	
13	28.9	73.22	85.49	72.48	0	
14	0	99.47	79.36	62.53	36.87	
15	40.63	121.53	85.11	59.47	0	0.064
16	37.39	0	92.01	53.9	49.53	
17	60.29	98.13	42.58	0	42.71	
18	45.31	73.85	50.37	82.78	24.69	
19	36.86	77.25	77.41	48.94	63.87	0.080
20	33.25	94.28	43.28	17.94	34.17	
Average						0.039

此,选用 PlainCNN 作为模型基础同时进行分类和回归的多任务研究。新模型 PlainCNN-MT 得到的平均准确率为 95%、平均均方误差为 0.039,结果比利用 TextCNN 和 PlainCNN 模型独立进行分类任务和回归任务的结果更好,说明模型中多任务间能互相促进。因此,所提的 PlainCNN-MT 分析模型能更好地运用于藻类离散三维荧光光谱特征数据的分析处理中,为混合浮游藻类群落识别分析提供更有效的方法。

离散三维荧光特征光谱分类识别和定量研究,选用 TextCNN 和 PlainCNN 模型对样品数据进行分析,两种模型能很好地适用于藻群多组分藻的分类识别任务和浓度含量的回归分析任务。当分类时,PlainCNN 模型得到的准确率为 90%,高于 TextCNN 的准确率(85%),即 PlainCNN 模型的分析结果更好。当回归分析时,PlainCNN 模型输出的平均均方误差为 0.062,优于 TextCNN 模型的平均均方误差(0.052),结果与分类任务保持一致。因

参 考 文 献

- [1] He X C, Wang H, Fan L L, et al. Quantifying physical transport and local proliferation of phytoplankton downstream of an eutrophicated lake [J]. Journal of Hydrology, 2020, 585: 124796.
- [2] Amorim C A, Moura A D N. Ecological impacts of freshwater algal blooms on water quality, plankton biodiversity, structure, and ecosystem functioning [J]. Science of the Total Environment, 2021, 758: 143605.
- [3] Christensen V G, Maki R P, Stelzer E A, et al.

- Phytoplankton community and algal toxicity at a recurring bloom in Sullivan Bay, Kabetogama Lake, Minnesota, USA [J]. *Scientific Reports*, 2019, 9 (1): 16129.
- [4] Jiang T, Liu L, Li Y, et al. Occurrence of marine algal toxins in oyster and phytoplankton samples in Daya Bay, South China Sea [J]. *Chemosphere*, 2017, 183: 80-88.
- [5] Aihara Y, Maruyama S, Baird A H, et al. Green fluorescence from cnidarian hosts attracts symbiotic algae [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2019, 116 (6): 2118-2123.
- [6] Deng J J, Lo Y H, Gallagher-Jones M, et al. Correlative 3D X-ray fluorescence and ptychographic tomography of frozen-hydrated green algae [J]. *Science Advances*, 2018, 4(11): eaau4548.
- [7] d'Acremont A, Fablet R, Baussard A, et al. CNN-based target recognition and identification for infrared imaging in defense systems [J]. *Sensors*, 2019, 19 (9): E2040.
- [8] Wang P, Bai X Z. Regional parallel structure based CNN for thermal infrared face identification [J]. *Integrated Computer-Aided Engineering*, 2018, 25 (3): 247-260.
- [9] Zhang Z D. Application of deep learning in real-time monitoring of algae in water bodies [D]. Harbin: Harbin Institute of Technology, 2020: 48-53.
- 张志栋. 深度学习在水体藻类实时监测中的应用 [D]. 哈尔滨: 哈尔滨工业大学, 2020: 48-53.
- [10] Li X P. A study on polarimetric feature extraction and classification of marine algae based on deep learning [D]. Beijing: Tsinghua University, 2018: 12-61.
- 李显鹏. 基于深度学习的海洋藻类偏振特征提取与分类研究 [D]. 北京: 清华大学, 2018: 12-61.
- [11] Yao J Y, Xu J P, Wang X Y, et al. Research on algal bloom prediction based on deep learning [J]. *Computers and Applied Chemistry*, 2015, 32(10): 1265-1268.
- 姚俊杨, 许继平, 王小艺, 等. 基于深度学习的湖库藻类水华预测研究 [J]. *计算机与应用化学*, 2015, 32(10): 1265-1268.
- [12] Kim Y. Convolutional neural networks for sentence classification [EB/OL]. (2014-08-25) [2021-05-01]. <https://arxiv.org/abs/1408.5882>.
- [13] Guo B, Zhang C X, Liu J M, et al. Improving text classification with weighted word embeddings via a multi-channel TextCNN model [J]. *Neurocomputing*, 2019, 363: 366-374.
- [14] Sharma S, Mehra R. Conventional machine learning and deep learning approach for multi-classification of breast cancer histopathology images: a comparative insight [J]. *Journal of Digital Imaging*, 2020, 33(3): 632-654.