



**МАТЕМАТИЧЕСКОЕ МОДЕЛИРОВАНИЕ, ЧИСЛЕННЫЕ МЕТОДЫ И КОМПЛЕКСЫ
ПРОГРАММ/MATHEMATICAL MODELING, NUMERICAL METHODS AND PROGRAM COMPLEXES**

DOI: <https://doi.org/10.60797/IRJ.2026.167.12> EDN: USGANH**МНОГОЗАДАЧНОЕ РЕГРЕССИОННОЕ ОБУЧЕНИЕ ДЛЯ ЦИФРОВОГО ФЕНОТИПИРОВАНИЯ
РАСТЕНИЙ НА ОСНОВЕ БАЙЕСОВСКОГО ВЗВЕШИВАНИЯ НЕОПРЕДЕЛЁННОСТЕЙ И
БИОЛОГИЧЕСКИХ АПРИОРНЫХ ЗНАНИЙ**

Научная статья

Брыкин В.В.^{1,*}¹ ORCID : 0000-0002-6143-8992;¹ Сургутский государственный университет, Сургут, Российская Федерация

* Корреспондирующий автор (valentin.brykin[at]mail.ru)

Предложена: 08.03.2026; Принята: 06.05.2026; Опубликовано: 18.05.2026

Аннотация

Работа посвящена решению задачи одновременного количественного анализа комплекса морфологических признаков сельскохозяйственных культур на основе изображений с использованием методов глубокого обучения. Основной проблемой многозадачного регрессионного обучения в биологических приложениях является гетероскедастичность данных и конфликт градиентов задач разной природы, что затрудняет ручную настройку весовых коэффициентов функции потерь.

В статье исследуется применение и адаптация механизмов байесовской аппроксимации гомоскедастической неопределенности для автоматического взвешивания задач в рамках единой нейросетевой архитектуры. В качестве целевого функционала использована модифицированная функция отрицательного логарифма правдоподобия (Gaussian Negative Log-Likelihood), в которой параметры неопределенности σ (sigma) для каждой задачи являются обучаемыми. Экспериментальная проверка адаптируемого подхода проведена на выборке изображений растений риса (93 культивара, 9700 объектов) с использованием архитектуры EfficientNet-B0.

Результаты численных экспериментов подтвердили эффективность реализованной архитектуры и её превосходство над моделью с фиксированными весовыми коэффициентами функции потерь. Полученные значения общего коэффициента детерминации ($R^2 > 0.65$) подтверждают высокую обобщающую способность модели. Установлено, что динамическая адаптация параметров σ позволяет эффективно балансировать вклад задач с различным уровнем информационной неопределенности. Это особенно важно для таких параметров, как высота растения (CulmH) и количество зёрен (GN), где наблюдается высокая статистическая вариативность и возможны проекционные искажения при двумерной визуализации трёхмерных структур. Разработанная модель может быть интегрирована в автоматизированные системы цифрового мониторинга агроэкосистем.

Ключевые слова: многозадачное обучение, цифровое фенотипирование, байесовский подход, адаптивное взвешивание задач, биологическая регуляризация, свёрточные нейронные сети, EfficientNet.

**MULTI-TASK REGRESSION LEARNING FOR DIGITAL PLANT PHENOTYPING BASED ON BAYESIAN
UNCERTAINTY WEIGHTING AND BIOLOGICAL A PRIORI KNOWLEDGE**

Research article

Brykin V.V.^{1,*}¹ ORCID : 0000-0002-6143-8992;¹ Surgut State University, Surgut, Russian Federation

* Corresponding author (valentin.brykin[at]mail.ru)

Suggested: 08.03.2026; Accepted: 06.05.2026; Published: 18.05.2026

Abstract

The work is devoted to the problem of simultaneously performing a quantitative analysis of a set of morphological traits of agricultural crops based on images, using deep learning methods. The main problem with multi-task regression learning in biological applications is the heteroscedasticity of the data and the conflict between the gradients of tasks of different nature, which makes it difficult to manually tune the weight coefficients of the loss function.

The paper examines the application and adaptation of Bayesian approximation mechanisms for homoscedastic uncertainty to the automatic weighting of tasks within a unified neural network architecture. A modified Gaussian Negative Log-Likelihood function is used as the objective function, in which the uncertainty parameters σ (sigma) for each task are trainable. Experimental validation of the adaptive approach was conducted on a dataset of rice plant images (93 cultivars, 9,700 objects) using the EfficientNet-B0 architecture.

The results of numerical experiments confirmed the effectiveness of the implemented architecture and its superiority over a model with fixed weight coefficients for the loss function. The obtained values of the overall coefficient of determination ($R^2 > 0.65$) confirm the model's high generalisation ability. It has been established that the dynamic adaptation of the σ parameters allows for the effective balancing of the contributions from tasks with varying levels of information uncertainty. This is particularly important for parameters such as culm height (CulmH) and grain number (GN), where high statistical variability is

observed and projection distortions are possible during the two-dimensional visualisation of three-dimensional structures. The developed model can be integrated into automated digital monitoring systems for agroecosystems.

Keywords: multi-task learning, digital phenotyping, Bayesian approach, adaptive task weighting, biological regularisation, convolutional neural networks, EfficientNet.

Введение

В условиях современных вызовов глобальной продовольственной безопасности и необходимости устойчивого развития сельского хозяйства, ускорение селекционных программ и оптимизация агротехнологий приобретают первостепенное значение. Одним из факторов в достижении этих целей является эффективное и масштабное фенотипирование — количественная оценка морфологических, физиологических и продуктивных признаков растений [1, С. 166]. Традиционные методы, основанные на ручных измерениях, являются трудоёмкими, медленными и субъективными, что существенно ограничивает исследования в области селекции. Переход к цифровому фенотипированию с использованием методов компьютерного зрения и глубокого обучения расширяет возможности высокопроизводительного анализа растений, позволяя повысить точность измерений. Раннее прогнозирование потенциала сортов имеет значение для идентификации перспективных генотипов задолго до стадии полного созревания [2].

В частности, для культуры риса (*Oryza sativa* L.) одновременная и точная оценка комплекса интегральных признаков, таких как площадь вегетативной массы, потенциальное число зёрен, сортовой эталон высоты стебля и др., важна в программах селекции, направленных на повышение урожайности [3]. Однако получение точных количественных данных из 2D-изображений 3D-структур растений сопряжено с рядом сложностей. К ним относятся вариативность внешних условий съемки (даже в лабораторных условиях), проекционные искажения, окклюзии, а также различная степень «визуальной определённости» самих признаков в зависимости от стадии развития растения. Эти факторы обуславливают актуальность разработки математических моделей, способных эффективно решать задачу предиктивной регрессии набора разнородных признаков.

Традиционные методы машинного обучения, а также базовые подходы к многозадачному обучению (Multi-Task Learning, MTL), часто сталкиваются с проблемами конфликта градиентов и гетероскедастичности целевых признаков [4], [5]. В случае биологических данных, дисперсия ошибок для разных параметров может отличаться на порядки (например, площадь листа в квадратных метрах и количество зёрен в штуках). Простое суммирование ошибок приводит к доминированию задач с большим масштабом ошибки или высокой вариативностью, что снижает общую точность модели. Ручная настройка весовых коэффициентов для каждой задачи в MTL требует экспертных знаний и является трудоёмкой, не гарантируя при этом оптимального баланса.

Таким образом, целью настоящего исследования является разработка и тестирование нейросетевой модели, способной эффективно решать задачу многозадачной регрессии для прогнозирования сортового потенциала морфологических признаков риса по изображениям.

Научная новизна:

1. Исследован адаптивный байесовский подход к многозадачному обучению в контексте предиктивного фенотипирования растений, позволяющий динамически взвешивать задачи на основе обучаемой оценки их гомоскедастической неопределённости.

2. Предложен байесовский функционал потерь, включающий штраф за нарушение априорно заданных корреляционных зависимостей между морфологическими признаками. Интеграция биологических знаний о корреляционной структуре растительных характеристик позволяет формировать более физиологически согласованные прогнозы и снижать вероятность некорректных комбинаций признаков

Постановка задачи и методы исследования

2.1. Концепция MAP-оценки и вероятностный вывод

Традиционные методы автоматизированного фенотипирования направлены на измерение текущего состояния растения. Однако для селекции важное значение имеет стабильный генетический потенциал сорта [6]. Пусть X — изображение растения риса на промежуточном этапе развития (например, 8 недель после посадки). Основной задачей является определение отображения $F: X \rightarrow Y$, где Y — вектор целевых агрономических признаков (количество зёрен, высота и др.), характеризующих сорт в фазе созревания. Данную задачу можно формализовать как поиск *инвариантов генотипа* в динамическом потоке фенотипических данных. Поскольку визуальный облик растения подвержен влиянию шумов и временных вариаций роста, итоговые признаки сорта рассматриваются как латентные переменные, которые могут быть реконструированы через многозадачную архитектуру нейронной сети.

Для работы с несколькими различными агрономическими задачами, имеющими разные масштабы и уровни шума, используется концепция *максимума апостериорной вероятности (MAP)*. Предполагая, что предсказание модели для каждой задачи i следует нормальному распределению с гомоскедастической неопределённостью, логарифм функции правдоподобия для m задач можно представить в виде (1):

$$L_{\text{Bayes}} = \sum_{j=1}^m \left(\frac{1}{2\sigma_j^2} (y_j - \hat{y}_j)^2 + \ln \sigma_j \right) \quad (1)$$

где σ_i — обучаемый параметр шума для каждой задачи, что позволяет модели динамически изменять веса задач в зависимости от их сложности и вклада в общую ошибку [4].

Хотя Байесовский подход балансирует веса задач, он рассматривает признаки как статистически независимые. Для обеспечения биологической нормальности вводятся *аллометрические ограничения* как априорное знание. В физиологии риса морфологические признаки демонстрируют выраженные линейные корреляции в силу законов пропорционального роста, в связи с чем была определена система из биологических инвариантов вида (2):

$$\xi_{i,j} = \hat{y}_i - (k_{ij}\hat{y}_j + b_{ij}) \quad (2)$$

где \hat{y}_i и \hat{y}_j — предсказанные признаки (например, площадь метёлки и количество зёрен); k_{ij} и b_{ij} — аллометрические коэффициенты связи на основе априорных знаний. Для соблюдения этих связей вводится штрафная функция биологической инконсистентности (3):

$$L_{phys} = \lambda_{phys} \sum_{(i,j) \in S} \xi_{i,j}^2 \quad (3)$$

где:

λ_{phys} — весовой множитель функции;

S — множество пар индексов признаков, для которых заданы ограничения.

2.2. Набор данных

Исходный набор данных OPIA (Open Plant Image Archive) [7] содержит изображения растений риса 93 культиваров на разных стадиях развития, сделанные с трёх ракурсов (рисунок 1) и сопровождающиеся множеством из 41 морфометрического параметра.



Рисунок 1 - Изображения экземпляра риса подвида «Japonica» из набора данных
DOI: <https://doi.org/10.60797/IRJ.2026.167.12.1>

Примечание: вид спереди, сбоку и сверху

Для формирования устойчивой целевой функции и минимизации шума, связанного с временной динамикой, был проведён двухэтапный процесс отбора признаков.

2.2.1. Этап 1: отбор изображений по стадиям вегетации

Из рассмотрения были исключены изображения, соответствующие ранним вегетативным стадиям ($< T_{min}$ дней от посева). Это позволило сконцентрироваться на периоде максимальной выраженности сортовых морфологических характеристик. $T_{min} = 56$ дням, что обусловлено необходимостью стабилизации морфологического облика: к этой стадии вегетации модель может надёжно дифференцировать генетический потенциал сорта, не отвлекаясь на стохастические колебания раннего роста.

2.2.2. Этап 2: снижение размерности целевого пространства

Исходное множество из 41 признака было сокращено до 6 (таблица 1).

Таблица 1 - Отобранные целевые признаки

DOI: <https://doi.org/10.60797/IRJ.2026.167.12.2>

Признак	Описание
PlantTPA	Финальная проекционная площадь растения, мм ²
CulmTPA	Финальная проекционная площадь стебля растения, мм ²
PanicleYPA	Жёлтая проекционная площадь метёлки, мм ² (потенциал продуктивности)
CulmH	Сортовой эталон высоты стебля, мм
TFN	Ожидаемое число колосков, шт.
GN	Потенциальное число зёрен сорта, шт.

Процесс отбора включал:

- Анализ главных компонент (PCA): определение внутренней размерности данных, показывающее, что 6 компонент объясняют более 85% общей дисперсии (рисунок 2). Определение признаков, вносящих наибольший вклад в главные компоненты.

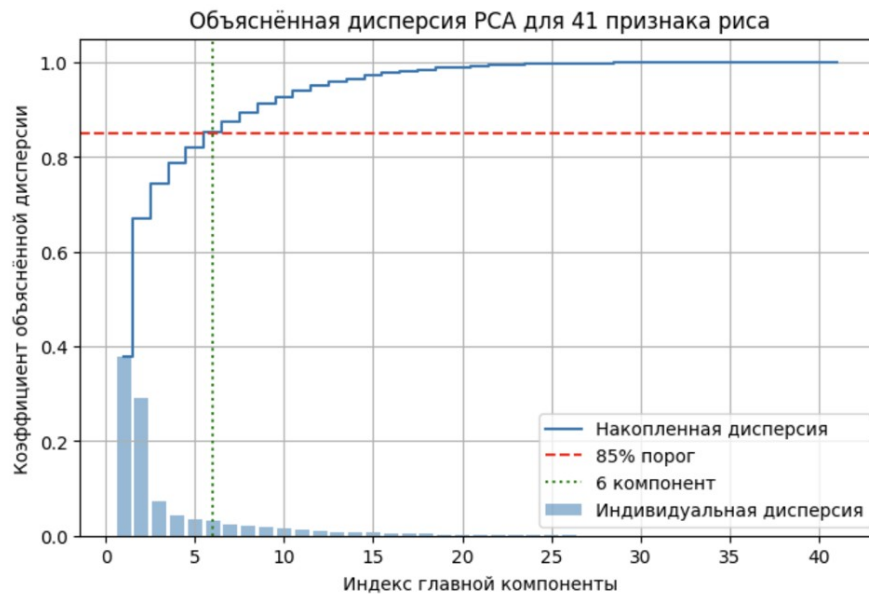


Рисунок 2 - График накопленной доли объяснённой дисперсии
DOI: <https://doi.org/10.60797/IRJ.2026.167.12.3>

- Корреляционный анализ: отсев признаков с высокой межпризнаковой корреляцией $|\rho_{jk}| > \tau$ (где ρ_{jk} — коэффициент корреляции Пирсона для признаков j и k ($j \neq k$); $\tau = 0,9$ — порог отсева) для устранения мультиколлинеарности (избыточности).

- Анализ биологической репрезентативности: выбор признаков, охватывающих как вегетативные, так и репродуктивные аспекты.

Для каждого сорта v , представленного множеством изображений $X_v = \{x_{v,1}, x_{v,2}, \dots, x_{v,N_v}\}$, где $x_{v,i}$ — i -е изображение сорта v ; N_v — общее количество изображений данного сорта, был сформирован единый вектор целевых признаков $Y_v \in \mathbb{R}^m$ (m — число целевых признаков, $m = 6$). Это позволяет модели предсказывать потенциальные сортовые характеристики, а не мгновенные параметры каждого отдельного растения.

2.3. Структура многозадачной модели

В качестве базового экстрактора признаков (backbone) была использована предобученная свёрточная сеть EfficientNet-B0 [8], позволяющая эффективно извлекать визуальные дескрипторы из изображений (рисунок 3).

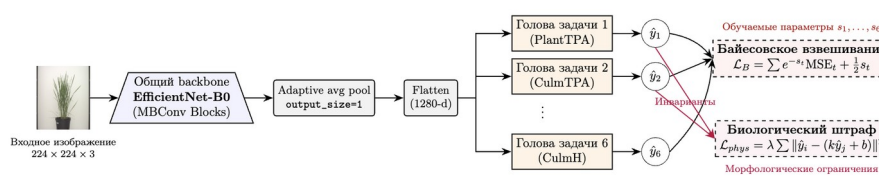


Рисунок 3 - Структурная схема многозадачной модели на основе EfficientNetB0
DOI: <https://doi.org/10.60797/IRJ.2026.167.12.4>

Как видно из схемы модели на рис., вместо стандартного классификатора применяется адаптивный средний пулинг и flatten-слой для получения вектора признаков размерности 1280. Затем этот вектор разветвляется на 6 независимых «голов», каждая из которых отвечает за предсказание одного из целевых признаков. Каждая голова представляет собой многослойный перцептрон (MLP) с ReLU-активациями и слоями батч-нормализации для стабилизации обучения [9].

Обучение модели осуществлялось посредством минимизации полной функции потерь L_{total} , которая включает три основных компонента, выведенных из MAP-оценки апостериорной вероятности $P(\theta, s | D)$:

1. Функция правдоподобия (Likelihood) с динамическим взвешиванием. Помимо классической минимизации среднеквадратичной ошибки (MSE), которая предполагает равный вклад всех задач в итоговый градиент, в данной работе, как уже упоминалось ранее, применяется Байесовский подход. Если в формуле (1) принять $\ln \sigma_j^2 = s_j$, а также учесть, что $m = 6$, то она будет выглядеть следующим образом:

$$L_{Bayes} = -\ln P(D | \theta, s) = \frac{1}{2} \sum_{j=1}^6 \left(e^{-s_j} \|y_j - \hat{y}_j\|^2 + s_j \right) \quad (4)$$

где $P(D | \theta, s)$ - правдоподобие набора весовых коэффициентов θ и параметров s на наборе данных D .

2. Априорное распределение биологических инвариантов (bio-loss). Для повышения биологической достоверности прогнозов введён дополнительный регуляризатор (формула (3)), основанный на линейных зависимостях между целевыми признаками (формула (2)). Выбор конкретных пар признаков был обусловлен, во-первых, статистической значимостью — все выбранные пары демонстрируют сильную линейную корреляцию ($\rho > 0.77$) на исследуемом наборе данных; во-вторых, биологической детерминированностью — каждая пара отражает фундаментальный физиологический закон распределения биомассы или структурную зависимость между органами растения. Все выбранные пары признаков приведены в таблице 2:

Таблица 2 - Характеристики биологических инвариантов

DOI: <https://doi.org/10.60797/IRJ.2026.167.12.5>

Пара признаков (независимый — зависимый)	Обоснование связи	Коэффициент корреляции
PanicleYPA — GN Связь «репродуктивная площадь — потенциальная продуктивность»	Физический размер метёлки жёстко лимитирует потенциальное количество зёрен	0,779
PlantTPA — CulmTPA Связь «общая площадь — площадь стебля»	Отражает общую архитектуру куста	0,857
GN — TFN Связь «число зёрен — число колосков»	Биологическая характеристика фертильности и эффективности налива зерна	0,848
CulmTPA — CulmH Связь «площадь стебля — высота стебля»	Отражает механическую устойчивость растения	0,84
PlantTPA — TFN Связь «общая площадь — число колосков»	Баланс между вегетативной мощностью и общим репродуктивным потенциалом сорта	0,814

Аллометрические коэффициенты k_{ij} , b_{ij} для штрафной функции «bio-loss» были определены на основе эмпирического анализа обучающей выборки. Поскольку все целевые признаки были предварительно стандартизированы (Z -нормализация), коэффициенты наклона k_{ij} линейной регрессии для стандартизированных переменных тождественны соответствующим коэффициентам корреляции Пирсона, а свободный член b_{ij} равен нулю. Для подтверждения этого принципа и получения точных значений коэффициентов для каждой пары аллометрически связанных признаков, был применён метод линейной регрессии к соответствующим стандартизированным данным. Этот подход позволил получить коэффициенты, отражающие фундаментальные закономерности роста и развития риса в масштабе всей популяции культиваров.

3. L2-регуляризация (Weight Decay). Стандартный механизм для предотвращения переобучения [10].

$$L_{wd} = \frac{\lambda_{wd}}{2} \|\theta\|^2 \quad (5)$$

где λ_{wd} — весовой множитель функции.

Таким образом, полная функция потерь будет иметь вид:

$$L_{total}(\theta, s) = L_{Bayes} + L_{phys} + L_{wd} \quad (6)$$

2.4. Протокол обучения и гиперпараметры

Эксперименты проводились для трёх вариаций многозадачной модели.

1. Стандартная (Base-MTL) с минимизацией функционала (7):

$$L_{baseline}(\theta) = \sum_{j=1}^6 MSE_j = \sum_{j=1}^6 \left(\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (y_{ij} - \hat{y}_{ij})^2 \right) + L_{wd} \quad (7)$$

2. Улучшенная (Bayesian-MTL) с динамическим взвешиванием с минимизацией функционала (8):

$$L_{tuning}(\theta, s) = \frac{1}{2} \sum_{j=1}^6 \left(e^{-s_j} \|y_j - \hat{y}_j\|^2 + s_j \right) + \frac{\lambda_{wd}}{2} \|\theta\|^2 \quad (8)$$

3. Итоговая (Bio-Bayesian-MTL) с динамическим взвешиванием и учётом биологической морфологии (2), (3) с функционалом потерь (6).

Обучение всех моделей проводилось с использованием оптимизатора Adam и начальной скоростью обучения $lr = 10^{-4}$ для полносвязных слоёв (heads). Для предотвращения переобучения применялась регуляризация weight decay (10^{-5}) и dropout ($p = 0.3$) в решающих ветвях. Размер пакета (batch size) составлял 16 изображений.

Модель Bio-Bayesian-MTL проходила процедуру дообучения, её веса инициализировались весами предобученной Bayesian-MTL архитектуры. Кроме того, проводилась разморозка глубоких свёрточных блоков (с 6 по 8) базовой сети EfficientNet-B0 с пониженным коэффициентом обучения (10^{-6}) для тонкой настройки под специфические морфологические признаки риса. Весовой коэффициент биологического штрафа (λ_{phys}) был эмпирически

установлен на уровне 0,5, что обеспечило баланс между минимизацией ошибки аппроксимации данных и соблюдением аллометрических ограничений.

Основные результаты

3.1. Анализ точности прогнозирования

Для оценки обобщающей способности моделей исходная совокупность данных была разделена на обучающую, валидационную и тестовую выборки в соотношении 73/10/10 (по 73, 10 и 10 культиваров соответственно). Разделение проводилось на уровне сортов, что исключает попадание изображений одного и того же генотипа в разные выборки и позволяет оценить точность прогнозирования признаков для ранее не изученных селекционных линий.

Результаты сравнительного тестирования трёх конфигураций многозадачных моделей представлены в таблице 3.

Таблица 3 - Сравнительный анализ результатов многозадачных моделей

DOI: <https://doi.org/10.60797/IRJ.2026.167.12.6>

Признак	Base-MTL MAE / MAPE (%) / R ²	Bayesian-MTL MAE / MAPE (%) / R ²	Bio-Bayesian-MTL MAE / MAPE (%) / R ²
PlantTPA	68492 / 20,68 / 0,765	70928 / 21,1 / 0,766	67129 / 20,75 / 0,768
CulmTPA	14547 / 17,96 / 0,661	14262 / 17,18 / 0,699	13114 / 16,14 / 0,707
PanicleYPA	9342 / 41,49 / 0,665	11700 / 47,45 / 0,545	9729 / 44,34 / 0,659
GN	338 / 31,23 / 0,384	328 / 30,89 / 0,473	300 / 28,29 / 0,527
TFN	245 / 19,55 / 0,708	249 / 19,67 / 0,689	240 / 20,51 / 0,715
CulmH	122 / 12,89 / 0,477	121 / 12,54 / 0,548	115 / 12,11 / 0,557
Общий (MAPE / R ²)	23,97 / 0,61	23,91 / 0,62	23,69 / 0,655

Модель Baseline, обученная с использованием стандартной MSE-функции потерь, показала средний коэффициент детерминации R² = 0,61. Применение адаптивного Байесовского взвешивания задач (Bayesian-MTL) привело к повышению средней точности до R² = 0,626. Наилучшие показатели были достигнуты гибридной моделью Bio-Bayesian-MTL со средним R² = 0,655. Наибольший относительный прирост R² зафиксирован для признака GN: с 0,384 (Baseline) до 0,527 (Bio-Bayesian-MTL).

3.2. Оценка морфологической консистентности

Для количественной оценки морфологического соответствия предсказаний моделей была введена метрика биологической инконсистентности, измеряющая отклонение предсказанных значений от пяти установленных аллометрических зависимостей (формула 9).

$$\mathcal{E}_{\text{bio}} = \frac{1}{M} \sum_{(i,j) \in S} \left(\frac{1}{N} \sum_{s=1}^N \left| \hat{y}_j^{(s)} - (k_{ij} \hat{y}_i^{(s)} + b_{ij}) \right| \right) \quad (9)$$

где:

N — количество образцов в тестовой выборке;

M — число используемых пар биологических ограничений (в данной работе M = 5, см. таблицу 2).

Среднее значение \mathcal{E}_{bio} для модели Baseline составило 0,3157. Продвинутое модели Bayesian-MTL и Bio-Bayesian-MTL продемонстрировали существенное снижение этого показателя до 0,2537 и 0,2305, что соответствует улучшению биологической консистентности на 20% и 27% соответственно. Визуально эффект от структурной регуляризации показан на рисунке 4, где сравнивается распределение плотности остатков для всех пяти пар признаков среди всех трёх MTL-моделей.

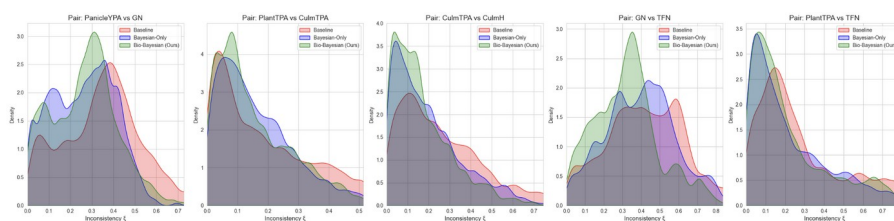


Рисунок 4 - Плотность распределения ошибок биологической консистентности

DOI: <https://doi.org/10.60797/IRJ.2026.167.12.7>

Анализ вычислительной сложности системы проводился в двух плоскостях:

1. Оптимизация архитектуры: переход от ансамбля из 6 независимых моделей (STL) к единой многозадачной модели (MTL) позволил сократить количество вычислительных операций в 5,8 раз. Это значение было получено через



отношение числа операций MFLOPs, затрачиваемых на получение результата: $(390 + 0,72) \times 6 \approx 2344$ для ансамбля STL к $(390 + 0,72) \times 6 \approx 394,3$ для MTL. Здесь 390 — число MFLOPs для экстрактора признаков на базе EfficientNetB0, 0,72 — MFLOPs для одной «головы» из 3 полносвязных слоёв (512, 128, 1). Учитывались также накладные расходы на параллельную диспетчеризацию задач в GPU.

2. Алгоритмическая эффективность: внедрение биологических инвариантов (bio-loss) и механизмов динамического взвешивания задач не несёт накладных расходов на этапе инференса, так как вся сложность биологических правил интегрирована непосредственно в веса сети в процессе обучения.

Обсуждение

Результаты экспериментальных исследований подтверждают гипотезу о том, что интеграция биологических априорных знаний в архитектуру многозадачной нейронной сети позволяет преодолеть ограничение стандартных моделей глубокого обучения — биологическую противоречивость предсказаний.

Анализ графиков плотности распределения ошибок демонстрирует качественное различие между моделями. В базовой модели (Base-MTL) распределение остатков характеризуется высокой дисперсией и значительным удалением моды от нулевого значения. Это свидетельствует о том, что без явных структурных ограничений сеть обучается аппроксимировать каждый признак изолированно, игнорируя физиологические взаимосвязи. Применение байесовского взвешивания задач (Bayesian-MTL) позволило снизить ошибку согласованности (с 0,31 до 0,25), что объясняется балансировкой градиентов и устранением доминирования «лёгких» задач над «сложными». Однако наиболее выраженный эффект достигнут в модели Bio-Bayesian-MTL (0,23), где распределение максимально смещено к нулю и имеет (в большинстве случаев) наименьшую дисперсию. Это доказывает, что bio-loss выступает в роли эффективного регуляризатора, удерживающего предсказания в рамках биологически допустимого многообразия.

Особого внимания заслуживает улучшение точности по признаку числа зёрен (GN), где показатель MAPE снизился на 2,94%. Учитывая сложность прямой детекции зёрен на 2D-изображениях, данный прогресс достигнут за счёт переноса знаний от более стабильного признака — жёлтой площади метёлки (PanicleYPA) — через аллометрическое уравнение связи. Наблюдаемый при этом рост ошибки по площади метёлки в Bio-Bayesian-MTL модели можно интерпретировать как необходимый компромисс между «пиксельной» точностью и структурной согласованностью системы.

Таким образом, предложенный метод не только минимизирует математическую ошибку, но и соблюдает внутреннюю логику объекта исследования. Это делает модель устойчивой к ошибкам разметки и шуму, что важно для задач фенотипирования в полевых условиях.

Заключение

В данной работе представлена методика цифрового фенотипирования риса на основе многозадачного глубокого обучения, объединяющая байесовскую оценку неопределённости и биологические априорные знания.

Основные выводы исследования:

1. Повышение точности и объяснимости: улучшенная модель Bio-Bayesian-MTL обеспечила рост коэффициента детерминации R^2 до 0,66, что превосходит показатели стандартных подходов. Модель показала лучшую робастность при прогнозировании компонентов урожайности (GN, CulmH).

2. Биологическая согласованность: внедрение аллометрического регуляризатора (bio-loss) позволило на 27% снизить уровень системных противоречий в предсказаниях. Визуализация в пространстве признаков подтвердила, что архитектура сети успешно выучила физиологические инварианты развития растения.

3. Эффективность байесовского подхода: динамическое взвешивание задач на основе гомоскедастической неопределённости является важным этапом подготовки модели к восприятию жёстких биологических ограничений.

Научная значимость работы заключается в создании методологического каркаса для разработки «физически информированных» нейронных сетей в биологии. С практической точки зрения, предложенный алгоритм является готовым инструментом для высокопроизводительного скрининга в селекционных программах, обеспечивающим получение объективных и биологически достоверных данных о состоянии растений без необходимости разрушающего контроля.

Разработанный метод является масштабируемым, однако его применение к культурам с иной архитектурой требует адаптации набора биологических инвариантов. Основным ограничением текущей версии является использование 2D-изображений, что при анализе культур с высокой степенью окклюзии может потребовать перехода к 3D-моделированию. Для адаптации метода к новым растениям необходим предварительный расчёт специфических аллометрических констант, отражающих закономерности роста конкретного биологического вида. Включение таких априорных знаний в функцию потерь позволяет переносить предложенную методику на широкий спектр сельскохозяйственных культур.

Дальнейшее развитие исследования может быть связано с расширением набора аллометрических правил для динамических стадий роста и интеграцией временных рядов в структуру многозадачного обучения.

**Конфликт интересов**

Не указан.

Рецензия

Колмогорова С.С., Санкт-Петербургский государственный электротехнический университет «ЛЭТИ» им. В.И. Ульянова (Ленина), Санкт-Петербург
 Российская Федерация, Санкт-Петербургский государственный лесотехнический университет им. С.М. Кирова, Санкт-Петербург
 Российская Федерация
 DOI: <https://doi.org/10.60797/IRJ.2026.167.12.8>

Conflict of Interest

None declared.

Review

Kolmogorova S.S., Saint Petersburg State Electrotechnical University "LETI" named after V.I. Ulyanov (Lenin), Saint-Petersburg Russian Federation, Saint Petersburg State Forestry University named after S.M. Kirov, Saint-Petersburg Russian Federation
 DOI: <https://doi.org/10.60797/IRJ.2026.167.12.8>

Список литературы на английском языке / References in English

1. Kumar N. Plant Functional Traits for Improving Productivity / N. Kumar, H. Singh. — Singapore: Springer, 2024. — 408 p.
2. Araus J.L. Field high-throughput phenotyping: the new crop breeding frontier / J.L. Araus, J.E. Cairns // Trends in Plant Science. — 2014. — № 8. — P. 52–61. — URL: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24139902/> (accessed: 14.01.2026).
3. Geng Z. High-throughput phenotyping and deep learning to analyze dynamic panicle growth and dissect the genetic architecture of yield formation / Z. Geng // Crop and Environment. — 2024. — 1. — P. 1–11. — URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2773126X23000655> (accessed: 27.12.2025).
4. Kendall A. Multi-task learning using uncertainty to weigh losses for scene geometry and semantics / A. Kendall, Y. Gal // Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR). — Los Alamitos: IEEE Computer Society, 2018.
5. Multi-task learning: what is it, how does it work and why does it work? // Medium: Read and write stories. — 2022. — URL: <https://medium.com/gumgum-tech/multi-task-learning-what-is-it-how-does-it-work-and-why-does-it-work-294769c457bb> (accessed: 30.10.2025)
6. Yang W. Crop Phenomics and High-Throughput Phenotyping: Past Decades, Current Challenges, and Future Perspectives / W. Yang // Molecular Plant. — 2020. — № 13 (2). — P. 187–214.
7. WGSN (rice, from multiple rice growth stages) // Open Plant Image Archive. — 2020. — URL: <https://ngdc.cnpc.ac.cn/opia/traits> (accessed: 13.11.2025)
8. NVIDIA Deep Learning Examples efficientnet-b0 pretrained weights (PyTorch, AMP, ImageNet) // NGC Catalog All you need to build AI—GPU-optimized containers, pretrained models, SDKs, and Helm charts—unified in one catalog for cloud, data-center, or edge. — 2023. — URL: https://catalog.ngc.nvidia.com/orgs/nvidia/models/efficientnet_b0_pytorch_amp?version=20.12.0 (accessed: 08.12.2025).
9. BatchNorm1d — PyTorch documentation. — 2025. — URL: <https://docs.pytorch.org/docs/stable/generated/torch.nn.BatchNorm1d.html> (accessed: 22.12.2025)
10. L1/L2 Regularization in PyTorch // GeeksforGeeks | Your All-in-One Learning Portal. — 2025. — URL: <https://www.geeksforgeeks.org/machine-learning/l12-regularization-in-pytorch/> (accessed: 11.01.2026)