DOI: 10.7671/j.issn.1001-411X.202004027

史红栩, 李修华, 李民赞, 等. 基于深度学习的香蕉病害远程诊断系统 [J]. 华南农业大学学报, 2020, 41(6): 92-99. SHI Hongxu, LI Xiuhua, LI Minzan, et al. Remote diagnosis system of banana diseases based on deep learning[J]. Journal of South China Agricultural University, 2020, 41(6): 92-99.

基于深度学习的香蕉病害远程诊断系统

史红栩1,李修华1,2,李民赞3,王 伟1,温标堂4

(1 广西大学 电气工程学院,广西 南宁 530004; 2 广西甘蔗生物学重点实验室,广西 南宁 530004; 3 中国农业大学 现代 精细农业系统集成研究教育部重点实验室,北京 100083; 4 广西捷佳润科技有限公司,广西 南宁 530001)

摘要:【目的】实现香蕉病害的远程诊断。【方法】基于深度学习方法对香蕉作物的7种常见病害进行诊断。收集了5944幅健康及染病香蕉植株图像,按7:1:2分为训练集、验证集和测试集。利用迁移学习对GoogLeNet深度卷积神经网络训练获取诊断模型。进一步开发了包含手机移动应用程序(APP)和远程服务器的软件系统。【结果】通过对比不同迭代次数及不同优化器,最终采用了MomentumOptimizer迭代10000次的模型,平均测试精度达到了98%。设计的APP能够就地获取香蕉图像,并通过网络与集成了诊断模型的远程服务器通信,实时获取诊断结果。【结论】该病害诊断模型识别主要病害的精度高,在线诊断系统简单易操作,可快速有效地在线诊断香蕉常见病害,具有良好的应用前景。

关键词: 香蕉病害; 深度学习; GoogLeNet; 图像识别; 移动应用; 迁移学习

中图分类号: S126 文献标志码: A 文章编号: 1001-411X(2020)06-0092-08

Remote diagnosis system of banana diseases based on deep learning

SHI Hongxu¹, LI Xiuhua^{1,2}, LI Minzan³, WANG Wei¹, WEN Biaotang⁴

(1 School of Electrical Engineering, Guangxi University, Nanning 530004, China; 2 Guangxi Key Laboratory for Sugarcane Biology, Nanning 530004, China; 3 Key Laboratory of Modern Precision Agriculture System Integration Research, Ministry of Education, China Agricultural University, Beijing 100083, China; 4 Guangxi Jie Jia Run Technology Co., Ltd., Nanning 530001, China)

Abstract: 【Objective】 To realize remote diagnosis of banana diseases. 【Method】 Deep learning method was used to diagnose seven common diseases of banana plant. A total of 5 944 images of diseased and healthy banana plants were collected and divided into training set, validation set and testing set according to the ratio of 7:1:2. Transfer learning was used to train GoogLeNet which is a deep convolutional neural network for obtaining the diagnosis model. A software system including a mobile application (APP) and a remote server was further developed. 【Result】 By comparing different iteration times and optimizers, the model of MomentumOptimizer with 10000 iteration times was finally selected, and the average test accuracy was 98%. The designed mobile APP could acquire banana images in situ, and communicate with the remote server which was integrated with a diagnosis model via the network to obtain diagnosis results in real time. 【Conclusion】 The disease diagnosis model can identify the main diseases with high accuracy. The online diagnosis system is simple and easy to operate, it can diagnose common banana diseases online quickly and effectively, and therefore it has a wide application prospect.

收稿日期:2020-04-21 网络首发时间:2020-10-12 10:30:56

网络首发地址: https://kns.cnki.net/kcms/detail/44.1110.S.20201011.0924.002.html

作者简介: 史红栩 (1994—), 男, 硕士研究生, E-mail: 523256095@qq.com; 通信作者: 李修华(1983—), 女, 副教授, 博士, E-mail: lixh@gxu.edu.cn

Key words: banana disease; deep learning; GoogLeNet; image recognition; mobile application; transfer learning

作为重要的经济作物,香蕉非常容易受病害影响,病虫害是限制香蕉种植业的主要因素之一。香蕉病害的早期发现和诊断有助于农户及时采取防控措施,减少经济损失。因此,病害的诊断是香蕉生产中的重要环节。传统的疾病监测和识别,主要依靠经验丰富的农户或专家,这种方法耗时费力,且结论存在主观性,导致生产效率较低。研究者探索了许多其他的方法来提高疾病诊断的准确性[1-21,例如化学分析法^[3]、高光谱分析法^[4-6]等。但是这些方法步骤较为复杂,且设备成本较高。

随着计算机技术的飞速发展,利用图像处理技 术自动识别病虫害受到越来越多的关注。尤其是进 入 21 世纪后, 基于计算机视觉和机器学习的方法[7-9] 来实现病虫害诊断的研究越来越多。这些方法主要 通过获取作物染病部位的图像来提取不同的疾病 特征,然后建立分类器以识别疾病。最常见的方法 是通过定向梯度直方图法 (Histogram of gradient, HOG)[10-11] 和尺度不变特征变换法 (Scale invariant feature transform, SIFT)[12] 来提取特征, 然后再结合 SVM 分类器进行分类识别。近十年来,深度学习方 法又逐渐替代传统机器学习方法,成为病虫害识别 的主流方法。与手动提取特征的传统机器学习方法 不同,深度学习网络会自动从数据集中学习更深层 次的特征。国内外学者在利用深度学习诊断病虫害 方面展开了大量研究与实践,并取得一定成果,尤 其是卷积神经网络 (Convolutional neural networks, CNN), 已应用于不同作物的病害鉴定, 并取得了良 好的效果[13-16]。但是,深度网络的训练耗时较长,为

了改善这一问题,不少研究者采用迁移学习的方式来对网络进行训练^[17-18]。现有网络的模型参数稳定,使用迁移学习的方式进行训练,时间花费较少,但是部分场景识别精度受到限制。国内外学者通过改变网络的一部分卷积层数、卷积核大小、激活函数等方法来提高识别精度,已取得初步成效^[19-21]。

深度学习在植物病虫害诊断方面取得了很大的进展,但在香蕉作物中却鲜有报道。香蕉在热带、亚热带地区被广泛种植,是我国重要的经济作物之一,且香蕉极易受到枯萎病、束顶病、叶斑病等病虫害的侵袭。本文基于现有的 GoogLeNet 网络模型,利用迁移学习的方式对 7 种常见的香蕉病害数据集进行训练,构建诊断模型。将该模型进一步集成到软件系统中,该软件系统包括一个移动应用程序(APP)和一个远程服务器,用户可以通过移动终端将染病部位的图像上传至远程服务器进行在线诊断,以期实现实时、便捷的香蕉常见病害的诊断。

1 香蕉病害诊断系统和模型训练

1.1 系统总览

本文是基于 GoogLeNet 深度模型架构进行香蕉病害模型的训练。训练得到的诊断模型被集成到远程服务器中,终端 APP 将采集的染病部位图像发送至服务器进行在线诊断,实时获取诊断结果。系统的总体结构如图 1 所示。

1.2 数据集获取

研究共搜集了香蕉常见的7种病害图像及健康植株的图像,共741张,图像来自蕉园现场拍摄

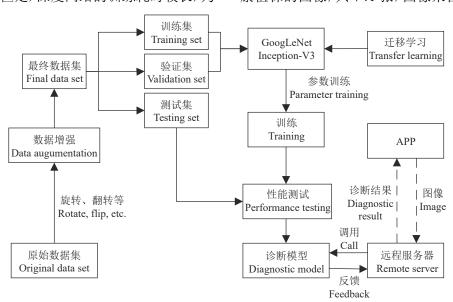


图 1 香蕉病害诊断系统总体结构

Fig. 1 Overall structure of the banana disease diagnosis system

及网络。其中枯萎病危害整株香蕉,最终呈现出整株发病的特征,数据样本多为整体或接近整体的图像,但也包含约1/5的局部样本,主要采集病害特征明

显的叶片。健康类别的样本为局部和整体样本各占一半。其余病害均为局部病害,采集的样本也以局部图像为主。图2显示了香蕉常见病害及其典型症状。



图 2 健康及染病的香蕉植株

Fig. 2 Healthy and diseased banana plants

1.3 数据增强

本研究的原始数据集样本数量较少、相似度较高,对模型性能会造成不利影响,尤其是深度学习框架 (例如复杂的卷积神经网络)。增加图像的数量及多样性对模型的识别精度、鲁棒性和稳定性都具有积极的影响。当原始样本数量难以满足精度需求时,通常采用数据增强的方式来扩展数据集[14,19,22]。考虑到用户上传图像时,不同拍摄手法、角度、光线等会对诊断结果产生影响,本文采用了图像旋转、水平翻转、缩放、对比度增强等数据增强方法[23],增加数据集的复杂性,使其更符合实际情况,最终将数据集扩展到5944幅图像,详情见表1。

表 1 各类别样本图像数量

Table 1 Number of sample images in each category

•	0	Par S
植株类别	原始图像	数据增强
Category	Original	Data
Category	image	augmentation
健康 Healthy	130	1 048
香蕉枯萎病 Fusarium wilt	217	1736
香蕉叶斑病 Banana leaf spot	170	1 3 6 0
香蕉束顶病 Banana bunchy top	44	352
香蕉黑星病 Macrophoma musae	86	696
香蕉炭疽病 Banana anthracnose	38	304
香蕉黑疫病 Banana black blight	32	256
香蕉鞘腐病 Banana sheath rot	24	192
总计 Total	741	5 944

1.4 模型训练

GoogLeNet 架构是具有 22 层深度的卷积神经 网络,最初的输入数据是图像的一个小区域,然后通过多层次的卷积运算得到每一层的代表性特征。

GoogLeNet 架构在卷积神经网络的基础上通过增大 网络的深度 (层数) 在图像识别方面取得了更好的 效果。GoogLeNet 的核心模块 Inception 模块 (本研 究采用的是 Inception-V3 模块) 的结构如图 3 所示。

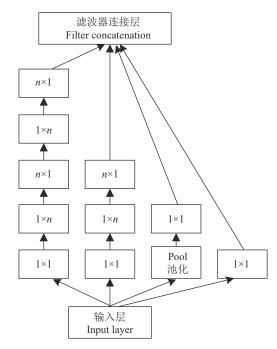


图 3 Inception-V3 结构 Fig. 3 Inception-V3 structure

每个 Inception 模块从输入层获取前一级的卷积特征图像,然后使用并行的卷积以及一个最大池化,并行捕获输入图像的多种特征。每个 Inception模块都将原来的 $n \times n$ 卷积,优化为 2 个卷积 $1 \times n$ 和 $n \times 1$,可以提升计算速度、减少计算成本,同时网络深度也进一步增加。为了改变每个并行卷积层输出

特征图的数量,在各层之间方便进行计算,每个模块起始添加 1×1 卷积,最后经过滤波器连接层 (Filter concatenation),将并行卷积获得的所有特征图像按照深度链接起来。GoogLeNet 总共使用了9个 Inception 模块,并在所有卷积层采用 ReLU 激活函数。该网络在中间层还具有 2 个辅助分类器,以有效地对所有层进行反向传播^[3,24],帮助更新网络参数。

由于 GoogLeNet 架构的复杂性,从头开始进行培训需要大量数据集,且用时过长,因此本文选择迁移学习的方式。迁移学习的主要思想是将一个训练好的模型参数直接迁移到另一个场景或数据集,以帮助训练新需求下的分类模型[15]。本文固定GoogLeNet 网络中一定层数的权重,并对分类层进行调整以适用于新的数据集分类,重新训练后几层的现有权重,实现快速模型训练。

利用 TensorFlow 框架、Jupyter Notebook 开发

环境和 Python 语言在计算机上训练和测试该模型。该计算机的处理器为 Intel Core i5-4590, 内存为 16 G, 显卡为 NVIDIA GeForce GT 1030。模型训练时, 学习率设置为 0.01, 训练批量大小为 100, 采用 Top-1 作为模型性能评价指标。整个数据集按7:1:2 的比例分为训练集、验证集和测试数据集。模型的训练选取了 GradientDescentOptimizer (GDO)、AdamOptimizer(AO)、MomentumOptimizer(MO) 这 3 个不同的优化器, 以及 5 000、10 000、50 000 这 3 个不同的迭代次数来对比不同参数对模型性能的影响。

2 结果与分析

用 Top-1 准确性和模型损失评估模型的性能,模型的训练结果、验证结果以及最终的测试结果如图 4 和表 2 所示。

从表 2 可以看出, 5 个模型的测试精度均高于

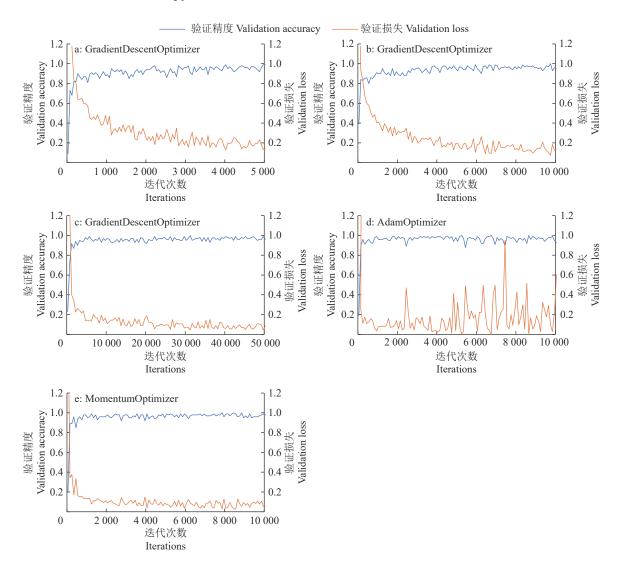


图 4 不同优化器不同迭代次数下的模型训练结果

Fig. 4 Model training results using different optimizers with different iteration times

т.ы. 2		模型的训练时间和平均测试精度
i abie 2	MO	lel training time and average test accuracy

迭代次数	优化器	训练时间/min	平均测试精度/%	
Iteration	Optimizer	Training time	Average test accuracy	
5 000	GradientDescentOptimizer	11	94.5	
10000	GradientDescentOptimizer	22	96.0	
50 000	GradientDescentOptimizer	110	98.0	
10000	MomentumOptimizer	23	98.0	
10000	AdamOptimizer	21	97.8	

94%; 其中, 采用 MO 优化器迭代 10000 次和采用 GDO 优化器迭代 50000 次的模型分类精度最高, 达到了 98.0%。从图 4 可以看出, 随着迭代次数的增加, GDO 优化器的验证精度越来越高, 损失越来越小, 但模型的训练时间几乎是线性增加的。从收敛速度来看, GDO 优化器在迭代 3000 次左右时收敛, 而 AO 和 MO 优化器在迭代 300 次左右时收敛, 说明 GDO 优化器的收敛速度明显慢于 AO 和 MO 优化器。从损失函数趋势特点来看, 在相同迭代次数 (10000 次)下, GDO 优化器的损失函数较大, AO 优化器的损失函数波动较大, 而 MO 优化器的损失函数较大, 和O 优化器的损失函数波动较大, 而 MO 优化器的损失较小且最平稳。所以, 综合考虑训练时间、分类精度及收敛速度等要素, MO 优化器迭代 10000

次获得的模型具有最全面与稳定的性能,被选为最终的诊断模型。

混淆矩阵可用来比较实际类别与预测结果的关系,是表达分类准确性的有效方式。本模型测试结果的混淆矩阵如表 3 所示。计算了各类别的生产者精度 (Producer's accuracy, PA) 和用户精度 (User's accuracy, UA),结果如表 4 所示。PA 是某类别被正确识别的图像数量和该类别实际包括的图像数量的比率;UA 则是被正确识别的某类别的图像数量和被识别为该类别的图像总数的比率。从表 3 和表 4 可以看出,大部分类别的 PA 和 UA 都高于95%。进一步分析引起误差的类别可以看出,黑星病和炭疽病的 UA 相对较低,分别为 94.5% 和

表 3 模型测试的混淆矩阵

Table 3 Confusion matrix of model testing result

 类别	健康	香蕉枯萎病	香蕉叶斑病	香蕉東顶病	香蕉黑星病	香蕉炭疽病	香蕉黑疫病	香蕉鞘腐病	总计
Category	Healthy	Fusarium	Banana	Banana	Macrophoma	Banana	Banana	Banana	Total
Category		wilt	leaf spot	bunchy top	musae	anthracnose	black blight	sheath rot	Total
健康	210	0	0	1	0	0	0	0	211
Healthy									
香蕉枯萎病	0	345	0	1	0	0	0	2	348
Fusarium wilt									
香蕉叶斑病	0	0	263	0	3	1	0	0	267
Banana leaf spot									
香蕉束顶病	0	1	0	73	0	0	0	0	74
Banana bunchy top									
香蕉黑星病	0	0	7	0	134	1	0	0	142
Macrophoma musae									
香蕉炭疽病	0	0	2	0	0	59	2	0	63
Banana anthracnose									
香蕉黑疫病	0	0	0	0	2	0	49	0	51
Banana black blight									
香蕉鞘腐病	0	1	0	0	0	0	0	37	38
Banana sheath rot									
总计Total	210	347	272	75	139	61	51	39	1194

表 4 模型测试精度 Table 4 Model testing accuracy

类别	生产者精度/%	用户精度/%
Category	Producer's accuracy	User's accuracy
健康	100	99.5
Healthy		
香蕉枯萎病	99.4	99.1
Fusarium wilt		
香蕉叶斑病	96.7	98.5
Banana leaf spot		
香蕉束顶病	97.3	98.6
Banana bunchy top		
香蕉黑星病	96.4	94.5
Macrophoma musae		
香蕉炭疽病	96.7	93.7
Banana anthracnose		
香蕉黑疫病	96.1	96.1
Banana black blight		
香蕉鞘腐病	94.9	97.4
Banana sheath rot		
总体分类精度/%	98.0)
Overall accuracy		
	-	·

93.7%,模型较容易将叶斑病误识别为黑星病,将叶斑病和黑疫病误识别为炭疽病,原因是叶斑病、黑疫病和炭疽病在发病初期均会产生褐色至黑色的斑点,后期病斑均会扩大至相互交汇,叶片大面积黑死,后期可以通过进一步扩大数据集的样本降低

识别错误率。另外, 鞘腐病的 PA 为 94.9%, 也相对较低, 引起误差的样本主要是模型将 2 例鞘腐病误识别成枯萎病; 同时, 也有 1 例被识别为鞘腐病的样本实际上感染的是枯萎病。鞘腐病类别的样本数量较少可能是造成该类别识别错误率较高的主要原因。

3 香蕉病害诊断系统的开发

根据得到的诊断模型进一步开发了香蕉病害远程诊断系统。整个系统主要由终端 APP 和远程服务器 2 部分组成。终端 APP 用来获取、处理、上传香蕉植株图像,并接收诊断结果。远程服务器主要有 2 个功能:与终端通信,收取图片、下发诊断结果;内嵌诊断模型,实现病害的快速识别。软件系统结构如图 5 所示。

终端 APP 是针对 Android 系统开发的,开发环境为 Android Studio 和 IDE。它的主要功能是拍摄、查看、预处理和上传植物图像,接收和显示诊断结果。另外还包括病虫害科普知识,香蕉病虫害的典型症状及常用防治措施。APP 可使用终端内置相机原位捕获图像或从其相册中进行选择,必要时还可进行一些基本的图像预处理,如裁剪、旋转、灰度化等,然后将图像发送到远程服务器,并实时接收诊断结果。

服务器采用 Java socket 模块开发。通过设置监

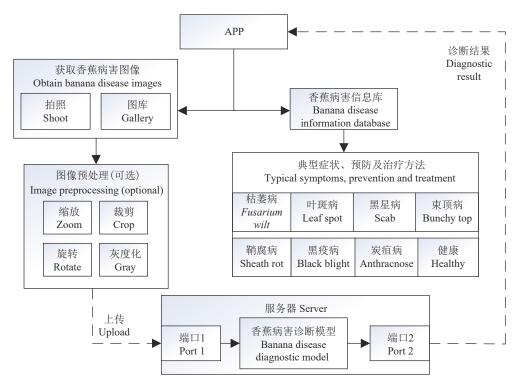


图 5 软件系统总体结构图

Fig. 5 General structure of the software system

听程序对相应端口进行监听,一旦检测到图像,就调用诊断模型对图像进行识别,并快速地将诊断结果反馈给移动终端。本文共设计了2个端口,一个用于接收图像信息,另一个用于反馈诊断信息。

系统通过整体调试,在 4G 网络下,从图像上传到获得诊断结果,平均用时 3.1 s, APP 可实现快速原位诊断香蕉病害类别,测试结果如图 6 所示。



图 6 APP 测试结果 Fig. 6 APP test result

随着 5G 技术的快速发展和推广,数据传输的带宽、速度、稳定性等都将得到跨越式地发展。未来在 5G 网络下,该应用能获取的图像质量将更有保障,测量时间还将明显缩短,甚至可实现视频流的诊断,进一步提高诊断精度及可靠性。

4 结论

研究通过收集并扩展 7 种主要的香蕉病害数据集,利用深度卷积网络之一的 GoogLeNet Inception-V3 模型,通过迁移学习训练获得了香蕉病害诊断模型。通过对比不同网络优化器和迭代次数对模型性能的影响,最终选择了 MO 优化器迭代10 000 次的模型,平均测试准确率达到了 98%,大部分类别的用户精度及生产者精度均达到了 95%以上。误差产生的主要原因有:一是部分病害在不同的发病阶段会出现相似的特征,如叶斑病、黑星病和炭疽病在发病初期均会产生褐色至黑色的斑点,后期病斑均会扩大至相互交汇,叶片大面积黑死,这 2 个阶段三者的特征相似度高;二是数据集样本数量偏少,如鞘腐病的测试集仅包含 39 个样本。后期可通过扩大数据集进一步提高模型的精

度。为了使用户能够快速、准确地判断香蕉的病害,进一步开发了基于该诊断模型的在线诊断软件系统。该系统有效地提高了香蕉病害诊断的精度与速度,并解除了传统的高度依赖有经验的人工识别的局限性,可以作为香蕉种植者监测病害的高效诊断工具。

参考文献:

- [1] MARTINELLI F, SCALENGHE R, DAVINO S, et al. Advanced methods of plant disease detection: A review[J]. Agron Sustain Dev, 2015, 35(1): 1-25.
- [2] 黄文江, 师越, 董莹莹, 等. 作物病虫害遥感监测研究进展与展望[J]. 智慧农业, 2019, 1(4): 1-11.
- [3] ALVAREZ A M. Integrated approaches for detection of plant pathogenic bacteria and diagnosis of bacterial diseases[J]. Annu Rev Phytopathol, 2004, 42(8): 339-366.
- [4] 李翠玲, 姜凯, 马伟, 等. 基于高光谱的番茄叶片斑潜蝇 虫害检测[J]. 光谱学与光谱分析, 2018, 38(1): 253-257.
- [5] POLDER G, BLOK P M, VILLIERS H A C, et al. Potato virus Y detection in seed potatoes using deep learning on hyperspectral images[J]. Front Plant Sci, 2019, 10(1): 1-13.
- [6] 杨晨, 董丽芳, 赵海士, 等. 基于模糊判别成分分析法的 高光谱作物信息提取与分类[J]. 农业工程学报, 2019, 35(21): 158-165.
- [7] AKHTAR A, KHANUM A, KHAN S A, et al. Automated plant disease analysis (APDA): Performance comparison of machine learning techniques[C]//IEEE. International Conference on Frontiers of Information Technology. New York: IEEE, 2013: 60-65.
- [8] SANNAKKI S S, RAJPUROHIT V S, NARGUND V B, et al. Diagnosis and classification of grape leaf diseases using neural networks[C]//IEEE. Fourth International Conference on Computing, Communications and Networking Technologies. New York: IEEE, 2014: 13-18.
- [9] MOKHTAR U, EL-BENDARY N, HASSANEIN A E, et al. SVM-based detection of tomato leaves diseases[C]// Springer, Cham. Intelligent Systems 2014. Berlin: Springer-Verlag, 2015: 641-652.
- [10] MIZUNO K, TERACHI Y. Architectural study of HOG feature extraction processor for real-time object detection[C]//IEEE. IEEE Workshop on Signal Processing, New York: IEEE, 2012: 197-202.
- [11] KOBAYASHI T. BoF meets HOG: Feature extraction based on histograms of oriented p. d. f. gradients for image classification[C]//IEEE. IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition. New York: IEEE, 2013: 747-754.
- [12] PUN C M, LEE M C. Extraction of shift invariant wavelet features for classification of images with different sizes[J]. IEEE T Pattern Anal, 2004, 26(9): 1228-1233.
- [13] ANDREAS K, PRENAFETA-BOLDÚ F X. Deep learning in agriculture: A survey[J]. Comput Electron Agr, 2018, 147(1): 70-90.
- [14] ALVARO F, SOOK Y, KIM S C, et al. A robust deep-

- learning-based detector for real-time tomato plant diseases and pests recognition[J]. Sensors, 2017, 17(9): 2022-2043.
- [15] ZHANG X H, QIAO Y, MENG F F, et al. Identification of maize leaf diseases using improved deep convolutional neural networks[J]. IEEE Access, 2018, 6: 370-377.
- [16] 陈桂芬, 赵姗, 曹丽英, 等. 基于迁移学习与卷积神经网络的玉米植株病害识别[J]. 智慧农业, 2019, 1(2): 34-44.
- [17] RONNEL R, PARK D. A multiclass deep convolutional neural network classifier for detection of common rice plant anomalies[J]. J Netw Comput Appl, 2018, 9: 67-70.
- [18] RAMCHARAN A, BARANOWSKI K, MCCLOSKEY P, et al. Deep learning for image-based cassava disease detection[J]. Front Plant Sci, 2017, 8: 1852-1859.
- [19] MWEBAZE E, OWOMUGISHA G. Machine learning for plant disease incidence and severity measurements from leaf images[C]//IEEE. International Conference on Machine Learning and Applications. New York: IEEE,

- 2017: 158-163.
- [20] FERENTINOS K P. Deep learning models for plant disease detection and diagnosis[J]. Comput Electron Agr, 2018, 145: 311-318.
- [21] 吴华瑞. 基于深度残差网络的番茄叶片病害识别方法[J]. 智慧农业, 2019, 1(4): 42-49.
- [22] SRDJAN S, MARKO A, ANDERLA A, et al. Deep neural networks based recognition of plant diseases by leaf image classification[J]. Comput Intel Neurosc, 2016, 2016: 1-11.
- [23] SI M M, DENG M H, HAN Y. Using deep learning for soybean pest and disease classification in farmland[J]. Journal of Northeast Agricultural University (English Edition), 2019, 26(1): 64-72.
- [24] SZEGEDY C, LIU W, JIA Y Q, et al. Going deeper with convolutions[C]//IEEE. Conference on Computer Vision and Pattern Recognition. New York: IEEE, 2015: 1-9.

【责任编辑 霍 欢】