

わずかな診断ドメインの情報を有効活用した 環境差に頑健な植物病害診断

野上郁文[†] 彌富仁[†]

[†]法政大学 理工学部 応用情報工学科

概要

これまで深層学習を用いた植物病害診断システムが数多く提案され高い精度が報告されてきたが、学習時と異なる環境で撮影された画像に対して大きく精度が低下する、つまり本質的な診断能が得られていないことが報告されている。これは病害特徴がかすかで多様であるのに対し、構図や病徴など環境による差(ドメイン差)が大きいことが原因として挙げられる。このドメイン差が大きい場合、本質的に未知の環境への高精度な診断は困難である。本報告では実践的な診断モデル構築のため、診断を行う圃場の少量のデータを入手できる条件に問題を緩和し、これらの情報を効率的に扱う手法を検討した。学習データと入手可能な少数のテスト環境画像の特徴空間における分布を近づける手法を提案し、実験により性能を評価した。

1 はじめに

畳み込みニューラルネットワークを用いた植物病害診断システムは学習が容易でありながら非常に高い識別能が報告されている [1]。しかし、多くの研究では学習画像と評価画像が適切に分割されておらず、実データに基づいた多作物の解析から、不適切なデータ分割は実質的な data leak を引き起こし、モデルの識別能は本当の能力よりも大幅に低くなることが明らかになった [2]。そのためモデルの評価には、学習画像と評価画像を入手した圃場が独立していることが重要である。しかし、学習したデータと分布が大きく異なる未知の圃場の画像に対して、高精度な診断を行うことは極めて困難であり、未知のデータを網羅するような多様性のある学習データを揃えることは容易ではない。そのため、診断先の圃場で撮影されたデータが少量で

あれば入手可能であるという仮定の下、圃場に対してチューニングした診断システムを構築することが現実的な次善策として考えられる。

一方、深層距離学習は特徴空間において各データの特徴量を比較し、同一ラベルの特徴量間の距離を小さくして異なるラベルの特徴量間の距離を大きくする制約を設け、様々なタスクで優れた成果をあげている [3]。本報告では、わずかなテスト環境画像を最大限に活用するため、テスト環境画像を比較対象として学習に適用する確率を指定可能にした距離学習に基づく実践的な植物病害診断法を提案する。実験により、テスト環境画像を距離学習に適用する確率と診断精度の関係を検証し、従来の手法との比較により有用性を評価した。

2 提案手法

本研究では、少量のテスト環境画像を効率的に扱うため、テスト環境画像を距離学習に組み込むかを定める診断圃場選択確率 $p \in [0, 1]$ をハイパーパラメータとして設定する。(1)式に従って、 c クラスの各種病害の比較画像 $z_i (i \in \{1, \dots, c\})$ をわずかな診断圃場の画像群 X_t または学習圃場の画像群 X_s から抽出する。

$$z_i = \begin{cases} x_t & \text{with probability } p, \text{ where } x_t \in X_t \\ x_s & \text{with probability } 1 - p, \text{ where } x_s \in X_s \end{cases} \quad (1)$$

Hoffer らの手法 [3] を応用し、任意のクラス k に属する入力画像 $x \in (X_s \cup X_t)$ とサンプルされた画像 z_1, z_2, \dots, z_c から獲得された特徴量間のユークリッド距離を小さくする制約を従来の損失関数 L_{org} に追加する。

$$L(x, z_1, \dots, z_c) = -\log \frac{\exp[-\|f(x) - f(z_k)\|^2]}{\sum_{i=1}^c \exp[-\|f(x) - f(z_i)\|^2]} + L_{org} \quad (2)$$

ここで、 f は学習モデルのエンコーダー部分を示す。診断圃場選択確率 p に高い値を設定することで、診断圃場の画像が学習圃場に比べて少なくとも比較対象に選ばれる確率が顕著に向上するため、学習画像と診断画像で近い特徴空間を得られることが期待できる。

Robust plant disease diagnosis for different environments by effectively using information from a few diagnostic domains

Takafumi NOGAMI[†] and Hitoshi IYATOMI[†]

[†]Department of Applied Informatics, Faculty of Science and Engineering, Hosei University, Tokyo, Japan
{takafumi.nogami.7n@stu., iyatomi@}hosei.ac.jp

表 1: データセット詳細 [枚]

ID_Name	学習用	評価用
00_Healthy (HE)	16,023	5,576
01_Powdery Mildew (PM)	7,764	1,898
02_Gray Mold (GM)	643	167
03_Anthracoze (ANT)	3,038	77
08_Downy Mildew (DM)	6,953	2,579
09_Corynespora Leaf Spot (CLS)	7,565	1,813
17_Gummy Stem Blight (GSB)	1,483	374
20_Bacterial Spot (BS)	4,362	2,648
22_Cucurbit Chlorotic Yellows Virus (CCYV)	5,969	179
23_Mosaic Diseases (MD)	26,861	1,676
24_Melon Yellow Spot Virus (MYSV)	17,239	1,004
Total	97,900	17,991

3 実験

3.1 データセットと前処理

使用したデータセットを表 1 に示す. 10 種の病害と健全の計 11 種のきゅうりの葉表面像を用いた. 学習データと評価データは圃場が異なるように分割し, テスト環境画像を用いた学習時は, 各クラス 10 枚ずつランダムに評価データから選び, 学習のみに使用した.

学習時のデータ拡張として, 面積の 80%~100%の正方形領域をランダムにクロップして 512×512 にリサイズした後, ランダムな角度での回転, 水平反転を行った.

3.2 評価実験

本報告では EfficientNetV2-S [4] を ImageNet-1K [5] で事前学習したモデルを使用した. テスト環境画像を学習に用いる場合, 使用する画像を変更し, 3 回の実験の平均値で評価した. 提案手法に対する比較として, 学習データのみを用いて学習した識別器 (baseline), 学習データにテスト環境画像を追加して学習した識別器 (all-train), テスト環境画像を用いて baseline の全結合層のみを fine-tuning した識別器 (fine-tuned) の 3 つの学習戦略を評価した.

4 結果と考察

診断圃場選択確率 p に対する識別能の変化を図 1 に示す. また, 各手法と提案手法の診断能の比較を表 2 に示す. 確率 p を増加させると識別能は向上し, $p=0.7$ のとき F1-score は最大となり, 77.2% であった. 提案手法は多岐にわたる病害で診断性能が向上し, 診断先の情報を使わない baseline に対して 29.5%, 単にそれらを学習した all-train より 12.3%, fine-tuned より 8.8% 向上した. 確率 p を高く設定することで, 学習される診断圃場と学習圃場の画像の組み合わせが増加し, これが診断精度向上の要因になったと推察される.

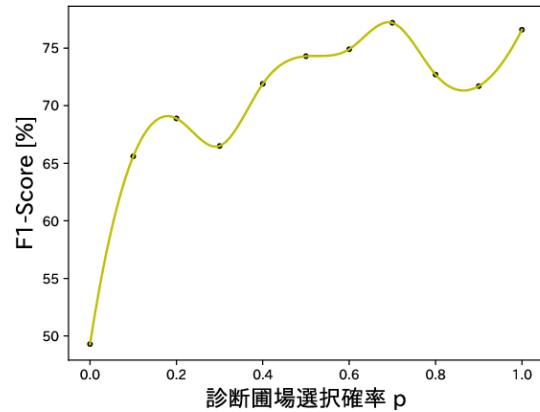
図 1: 診断圃場選択確率 p による識別能の変化

表 2: 各手法の識別結果 (F1-score [%])

ID_Name	baseline	all-train	fine-tuned	提案手法 ($p = 0.7$)
00_HE	77.7	76.0	78.3	79.5
01_PM	69.1	81.2	78.0	80.0
02_GM	3.8	62.5	67.6	85.4
03_ANT	34.6	44.6	35.0	65.0
08_DM	67.9	82.8	84.4	86.8
09_CLS	60.6	69.8	81.1	78.7
17_GSB	30.5	60.6	64.0	79.2
20_BS	1.7	56.7	77.0	78.9
22_CCYV	61.6	68.5	59.7	79.3
23_MD	58.9	52.1	58.0	65.9
24_MYSV	58.1	58.7	69.5	70.0
macro-avg.	47.7	64.9	68.4	77.2
		(+17.2)	(+20.7)	(+29.5)

5 おわりに

わずかな診断圃場のデータを距離学習に適用する確率を調整することで, 診断性能の向上が確認された.

謝辞

本研究は, 農林水産省委託プロジェクト研究 JP17935051 ならびに, 内閣府官民研究開発投資拡大プログラム PRISM の補助を受けた.

参考文献

- [1] Y. Toda and F. Okura, "How convolutional neural networks diagnose plant disease," *Plant Phenomics*, 2019.
- [2] S. Shibuya, Q. H. Cap, S. Nagasawa, S. Kagiwada, H. Uga, and H. Iyatomi, "Validation of prerequisites for correct performance evaluation of image-based plant disease diagnosis using reliable 221k images collected from actual fields," in *AI for Agriculture and Food Systems*, 2022.
- [3] E. Hoffer and N. Ailon, "Semi-supervised deep learning by metric embedding," *arXiv preprint arXiv:1611.01449*, 2016.
- [4] M. Tan and Q. Le, "Efficientnetv2: Smaller models and faster training," in *International conference on machine learning*. PMLR, 2021, pp. 10 096–10 106.
- [5] J. Deng, W. Dong, R. Socher, L.-J. Li, K. Li, and L. Fei-Fei, "Imagenet: A large-scale hierarchical image database," in *2009 IEEE conference on computer vision and pattern recognition*. Ieee, 2009, pp. 248–255.