

Diagnóstico de Doenças em Plantas Baseado em Imagens com Detecção Não Supervisionada de Anomalias Baseada na Reconstruibilidade de Cores

Rafael Cutrim de Almeida Cabral

242039621

Projeto 2 - IA Generativa

2 de dezembro de 2025

Resumo

Este projeto implementa um método de detecção não supervisionada de anomalias para diagnóstico de doenças em plantas baseado na reconstruibilidade de cores, seguindo a abordagem proposta por Katafuchi e Tokunaga (2020). Um autoencoder convolucional profundo é treinado exclusivamente com imagens de folhas saudáveis, e as doenças são detectadas através de erros de reconstrução de cores no espaço Lab. O método alcança 84,0% de acurácia em um conjunto de teste de 150 imagens (50 saudáveis, 100 doentes), demonstrando a eficácia da detecção de anomalias baseada em cores para diagnóstico de doenças em plantas.

Palavras-chave: Diagnóstico de doenças em plantas, Detecção de anomalias, IA Generativa, Autoencoder, Espaço de cores Lab, Grad-CAM.

1 Introdução

O diagnóstico de doenças em plantas é crucial para a produtividade agrícola e segurança alimentar. Métodos tradicionais exigem conhecimento especializado e são demorados. Este projeto implementa o método de detecção não supervisionada de anomalias proposto por Katafuchi e Tokunaga [1], que detecta doenças em plantas sem exigir amostras rotuladas de folhas doentes durante o treinamento. A ideia principal é que um modelo treinado apenas com folhas saudáveis as reconstruirá com precisão, mas falhará na reconstrução de regiões doentes, criando anomalias de cores detectáveis.

2 Metodologia

2.1 Conjunto de Dados

O conjunto de dados Ramularia consiste em:

- **Treinamento:** 50 imagens de folhas saudáveis
- **Teste:** 150 imagens (50 saudáveis, 100 do-

entes)

Todas as imagens foram redimensionadas para 256×256 pixels e normalizadas.

2.2 Arquitetura do Modelo

Foi implementado um autoencoder convolucional profundo com aproximadamente 7,1 milhões de parâmetros:

Encoder:

- Conv2D(3→64) → BatchNorm → ReLU
- Conv2D(64→64) → BatchNorm → ReLU
- Conv2D(64→128) → BatchNorm → ReLU
- Conv2D(128→128) → BatchNorm → ReLU
- Conv2D(128→256) → BatchNorm → ReLU
- Conv2D(256→256) → BatchNorm → ReLU
- Conv2D(256→512) → BatchNorm → ReLU

Decoder: Arquitetura simétrica com convoluções transpostas.

2.3 Treinamento

- Função de perda: $\mathcal{L} = 0,7 \cdot \text{MSE} + 0,3 \cdot \text{L1}$
- Otimizador: Adam ($\text{lr}=0,001$, $\beta_1=0,5$, $\beta_2=0,999$)
- Tamanho do batch: 8, Épocas: 28 (early stopping)

2.4 Detecção de Anomalias

Seguindo [1], o índice de anomalia de cores é calculado no espaço Lab:

$$\Delta E = \sqrt{(L_I - L_R)^2 + (a_I - a_R)^2 + (b_I - b_R)^2} \quad (1)$$

$$S = \frac{1}{HW} \sum_{i=1}^H \sum_{j=1}^W \frac{\Delta E_{ij}}{\max(\Delta E)} \quad (2)$$

onde S é o score global de anomalia.

2.5 Visualização Grad-CAM

O Grad-CAM [2] foi implementado para visualizações explicativas:

$$G = \text{ReLU} \left(\sum_k \alpha_k A^k \right) \quad (3)$$

onde α_k são os pesos de importância dos neurônios e A^k são os mapas de ativação.

2.6 Análise Grad-CAM

Tabela 1: Correlação Grad-CAM vs Índice de Cores

	Saudáveis	Doentes
Correlação	-0,4785	0,3370
Ativação Média	0,2969	0,2880
Ativação Máxima	0,9936	0,9712

3 Discussão

3.1 Análise de Desempenho

O sistema alcançou 84,0% de acurácia com um AUC de 0,8958, demonstrando boa capacidade discriminativa. O índice de separabilidade de 1,43 indica uma separação clara entre folhas saudáveis e doentes no espaço de scores de anomalia.

3.2 Eficácia do Espaço de Cores Lab

O espaço de cores Lab mostrou-se eficaz para detecção de anomalias, por ser mais uniforme perceptualmente que o RGB. O score médio de anomalia para folhas doentes (0,0589) foi aproximadamente o dobro do valor para folhas saudáveis (0,0292).

3.3 Insights do Grad-CAM

A correlação negativa (-0,48) entre ativações Grad-CAM e índices de anomalia de cores para folhas saudáveis sugere que o modelo foca em características diferentes para reconstrução versus detecção de anomalias. A correlação positiva (0,34) para folhas doentes indica que ambos os métodos identificam regiões anômalas semelhantes.

3.4 Comparação com o Artigo Original

Nossa implementação segue a metodologia de Katafuchi e Tokunaga enquanto adiciona:

- Grad-CAM para visualizações explicativas
- Análise estatística abrangente
- Determinação automática de threshold via análise ROC
- Análise de correlação entre métodos de detecção

3.5 Limitações

- Limitado a 50 imagens de treinamento
- Específico para espécie Ramularia

- Desempenho dependente da qualidade das imagens
- Pode não generalizar para outras espécies de plantas

4 Conclusão

Este projeto implementou com sucesso um sistema de detecção não supervisionada de anomalias para diagnóstico de doenças em plantas baseado na reconstrutibilidade de cores. O método alcança 84,0% de acurácia sem exigir amostras rotuladas de folhas doentes durante o treinamento. A integração do Grad-CAM fornece insights valiosos sobre as decisões do modelo. Trabalhos futuros devem expandir o conjunto de dados e testar a generalização para diferentes espécies de plantas.

Agradecimentos

Baseado no trabalho de Katafuchi e Tokunaga [1] com visualizações Grad-CAM de Selvaraju et al. [2].

Referências

- [1] Katafuchi, R., & Tokunaga, T. (2020). *Image-based plant disease diagnosis with unsupervised anomaly detection based on reconstructability of colors*. arXiv preprint arXiv:2011.14306.
- [2] Selvaraju, R. R., Cogswell, M., Das, A., Vedantam, R., Parikh, D., & Batra, D. (2017). *Grad-cam: Visual explanations from deep networks via gradient-based localization*. In Proceedings of the IEEE in-

ternational conference on computer vision
(pp. 618-626).

Apêndice: Detalhes da Implementação

Especificações Técnicas

- Framework: PyTorch 2.0+
- Hardware: GPU NVIDIA Tesla T4 (Google Colab)
- Tempo de treinamento: Aproximadamente 45 minutos
- Tamanho do modelo: 7.097.027 parâmetros

Funções Principais

- `compute_color_anomaly_index()`: Implementa a detecção de anomalias no espaço Lab
- `compute_grad_cam_manual()`: Implementação personalizada do Grad-CAM
- `evaluate_dataset_with_color_index()`: Função de avaliação em batch
- `diagnosticar_folha()`: Interface para diagnóstico de imagem individual

Reprodutibilidade

Todas as seeds aleatórias foram fixadas para reprodutibilidade. O código completo e os modelos treinados estão disponíveis para verificação.