

UNIVERSIDAD NACIONAL DE TRUJILLO
FACULTAD DE CIENCIAS FÍSICAS Y MATEMÁTICAS
ESCUELA PROFESIONAL DE INFORMÁTICA

**IDENTIFICACIÓN DE XANTHOMONAS
ORYZAE PV. ORYZICOLA (TIZÓN
BACTERIANO DE LA HOJA DEL ARROZ) EN
LAS HOJAS DE ARROZ MEDIANTE VISIÓN
POR COMPUTADOR**

MENDEZ CRUZ, ANGELY YAHAYRA
MENDEZ CRUZ, CIARA SOLANGE

PERCEPCIÓN Y VISIÓN
POR COMPUTADORA

Trujillo, 2023



Índice

1. Introducción
2. Generalidades
3. Desarrollo del proyecto
4. Análisis de resultados
5. Conclusiones



Introducción

La detección temprana y precisa de enfermedades en las hojas de las plantas de arroz es **de vital importancia para garantizar la salud y el rendimiento de los cultivos** que permitan promover una agricultura de alta calidad.

En particular, la identificación de *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola*, la bacteria responsable de la **enfermedad del tizón bacteriano de la hoja del arroz**, es fundamental para implementar medidas de manejo efectivas frente a ella.

En este contexto, la **visión por computadora** ha surgido como una herramienta prometedora para el diagnóstico rápido y no destructivo de enfermedades en las plantas.

De acuerdo a **Tian et al. (2019)**, visión por computadora es un campo que consiste en hacer que una máquina “vea” para un **mejor procesamiento de imágenes y soluciones de problemáticas**.



Generalidades



REALIDAD PROBLEMÁTICA

A nivel internacional, según **USDA-Departamento de Agricultura de los Estados Unidos (2022)**, la producción mundial de arroz pilado alcanzó las **513.7 millones de toneladas en la campaña 2021/2022**. Esto se debe por sufrir el **impacto climático en continentes como Asia**, también por **especies o plagas que degeneran o dañan la producción de arroz**.



Una de estas plagas es la **Xanthomonas oryzae pv. oryzicola**, la bacteria causante de la enfermedad conocida como **tizón bacteriano de la hoja del arroz**.



A nivel nacional, de acuerdo al informe emitido por el **Ministerio de Desarrollo Agrario y Riego - MINAGRI (2019)**, se estima que el arroz, contribuye cerca del **6% al Producto Bruto Interno(PBI) del sector agropecuario**. Representa la **principal actividad económica en el Departamento La Libertad, con 12.62% de la producción de arroz a escala nacional**.

Sin embargo, este sector siempre tiene que enfrentar desafíos, debido **el clima y patógenos en el año 2017**, según **RPP**, los **agricultores del distrito de Guadalupe (provincia de Pacasmayo)** expresaron su preocupación por el descenso de la producción de arroz, debido a las **plagas que dejó el Niño costero durante ese**

Generalidades



NIVEL INTERNACIONAL

La investigación titulada **"Rice Disease Identification and Classification by Integrating Support Vector Machine With Deep Convolutional Neural Network"**, de Hasan, M. J., et al. (2019).

Hasan presentó un enfoque para detectar enfermedades del arroz mediante la aplicación de una Inteligencia Artificial (IA) y técnicas efectivas de visión por computadora y adoptó el **clasificador SVM para combinarlo con un modelo de IA llamado CNN profundo**. El modelo identificó y clasificó de manera competente las enfermedades del arroz de nueve tipos diferentes y logró una precisión del 97,5 %.

ANTECEDENTES



NIVEL NACIONAL

La tesis titulada: **"Sistema Inteligente de reconocimiento de imágenes para apoyar el Diagnóstico de Plagas y Enfermedades en el cultivo de arroz en el departamento de Lambayeque en el año 2019"** de Galan Zapata, J. L. (2021).

Galan desarrolló un sistema inteligente de aplicación móvil apoyado en un modelo de reconocimiento de imágenes basado en **redes neuronales**, con la intención de apoyar a un diagnóstico más específico de plagas y enfermedades mediante gráficos con porcentajes del campo evaluado. Para el desarrollo del software se hizo uso de las metodologías CommonKads y RUP.



OBJETIVO GENERAL



Desarrollar un sistema de identificación de *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola* o tizón bacteriano de la hoja del arroz en las hojas del cultivo de arroz utilizando visión por computador, con el fin de proporcionar una herramienta precisa y eficiente para el diagnóstico temprano de la enfermedad.

OBJETIVOS ESPECIFICOS



1. Recopilar un **conjunto de datos de imágenes (datasets)** en Kaggle
2. Aplicar **técnicas de preprocessamiento de imágenes**.
3. **Extraer características visuales y patrones específicos** de las imágenes de las hojas afectadas.
4. **Desarrollar e implementar un modelo de aprendizaje automático capaz de clasificar las imágenes** de las hojas sanas o afectadas
5. Diseñar una **interfaz de usuario intuitiva usando la librería Tkinter de Python**.
6. **Documentar y presentar los resultados del proyecto**, destacando la viabilidad y efectividad del sistema de identificación desarrollado.



ALCANCE



Este proyecto se delimita a **recopilar** un conjunto de datos de imágenes de hojas de arroz afectadas por tizón bacteriano y hojas sanas. A través de técnicas avanzadas de **preprocesamiento de imágenes** con las librerías Numpy y OpenCV, se mejorará la calidad visual de las imágenes. Posteriormente, se **extraerán características** específicas de las hojas afectadas. Con base en esta información, se desarrollará e implementará un **modelo de aprendizaje automático** utilizando Scikit-learn, permitiendo clasificar las imágenes entre hojas sanas e infectadas con precisión. Además, se **diseñará una interfaz de usuario intuitiva** con la librería Tkinter, que permitirá a los usuarios cargar sus propias imágenes y recibir una identificación instantánea, con un mensaje: sanas o enfermas.



LIMITACIONES



- Consideraremos como principal limitación, la dataset que solo contiene **236 Imágenes entre sanas y enfermas**, lo que podría afectar la capacidad de entrenar y evaluar el modelo de aprendizaje automático de manera efectiva.
- Otro desafío es que se implementará con **fotografías de cultivos no peruanos** en una interfaz sencilla, esto al no tener acceso a una empresa del sector agrícola del país.
- Como tercera limitación tenemos a la **especificidad de una sola plaga** porque existen otras enfermedades y plagas que también pueden afectar las hojas de arroz.

El sistema de identificación puede tener obstáculos para diferenciar entre diferentes tipos de enfermedades y plagas.





Desarrollo del Proyecto

ANÁLISIS INICIAL



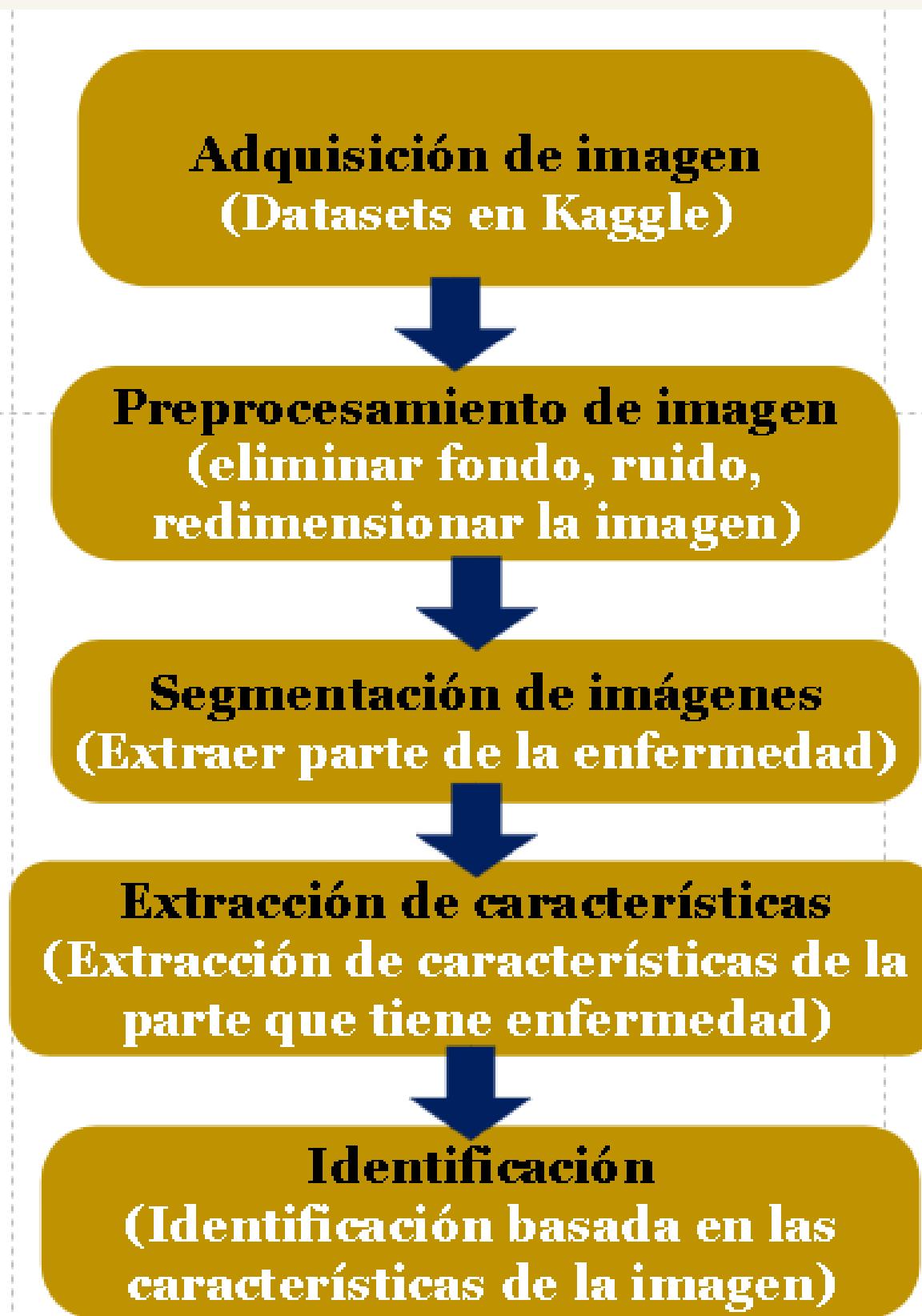
En el diagrama de Cajas Negras, describe **la estructura, implementación o escenario interno, que asume el sistema de visión por computador para la identificación del tizón bacteriano en las hojas del arroz.**



Desarrollo del Proyecto



DISEÑO DE ALTO NIVEL



El proceso de detección del **tizón bacteriano en las hojas del arroz** inicia con el **método de adquisición de imágenes** que sirve para entrenar y evaluar el sistema de visión por computador.

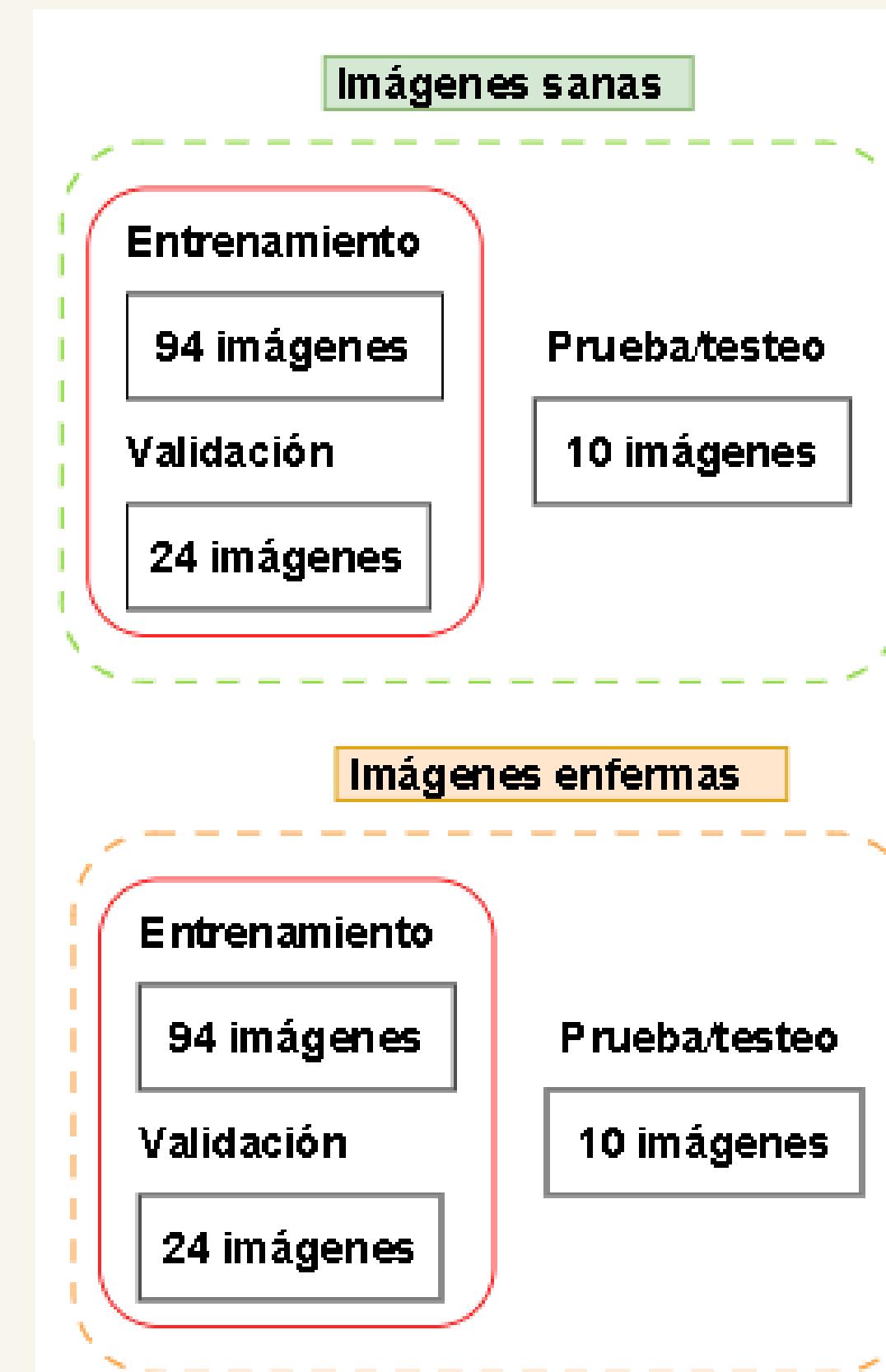
Continua con el **preprocesamiento de las imágenes** que requiere un análisis exhaustivo de las imágenes recolectadas.

Una vez que las imágenes han sido **preprocesadas y segmentadas**, se deben **extraer características relevantes** que ayuden a distinguir las hojas sanas de las que no lo están.

Finalmente, se **identifica las hojas de arroz** infectadas y que imágenes tienen hojas de arroz sanas.

Diseño Detallado

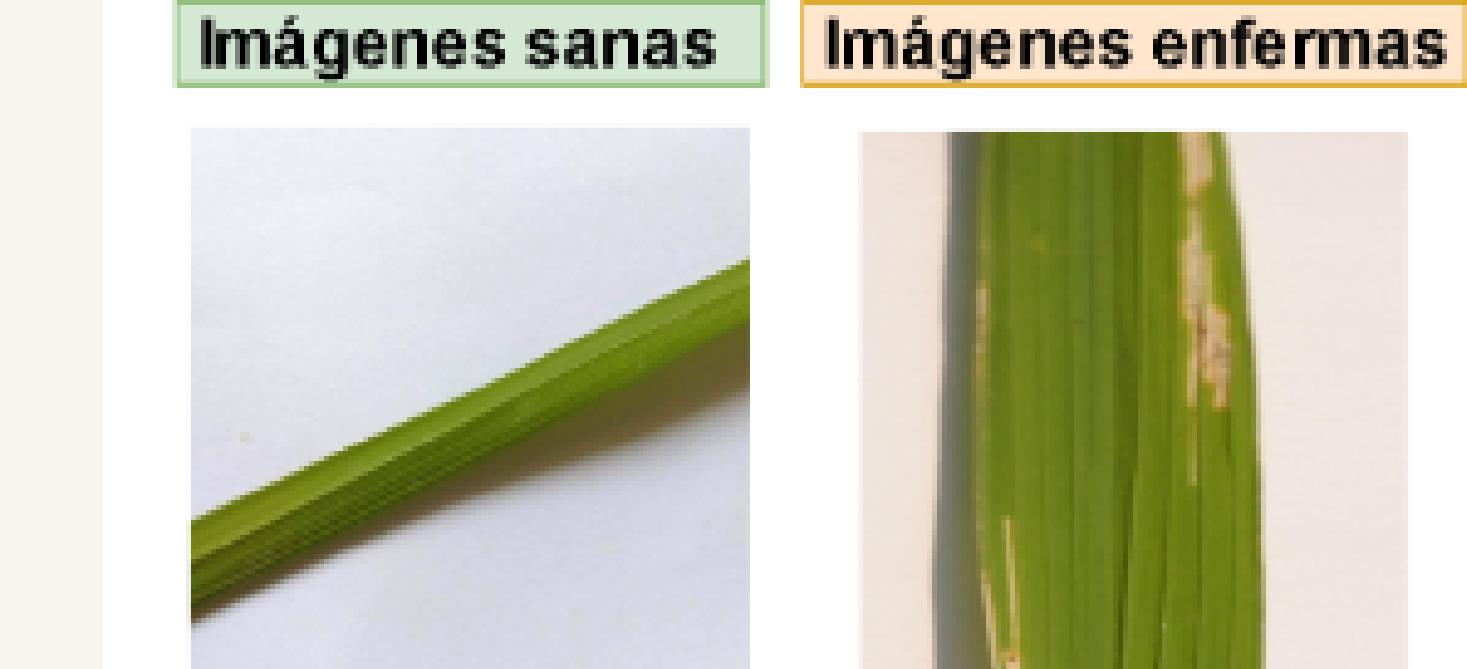
ADQUISICIÓN DE IMAGEN



Las imágenes son obtenidas desde la dataset: **Kaggle**.

Recolectamos un total de **236 imágenes**: 118 corresponden a imágenes de hojas de arroz sanas y 118 a hojas de arroz con **Xanthomonas oryzae** pv. oryzicola.

Para las **hojas sanas** las 118 imágenes fueron de la **DataSet de Ikhsan, D. (2022)**, mientras que para las enfermas 118 de este mismo autor.



Diseño Detallado

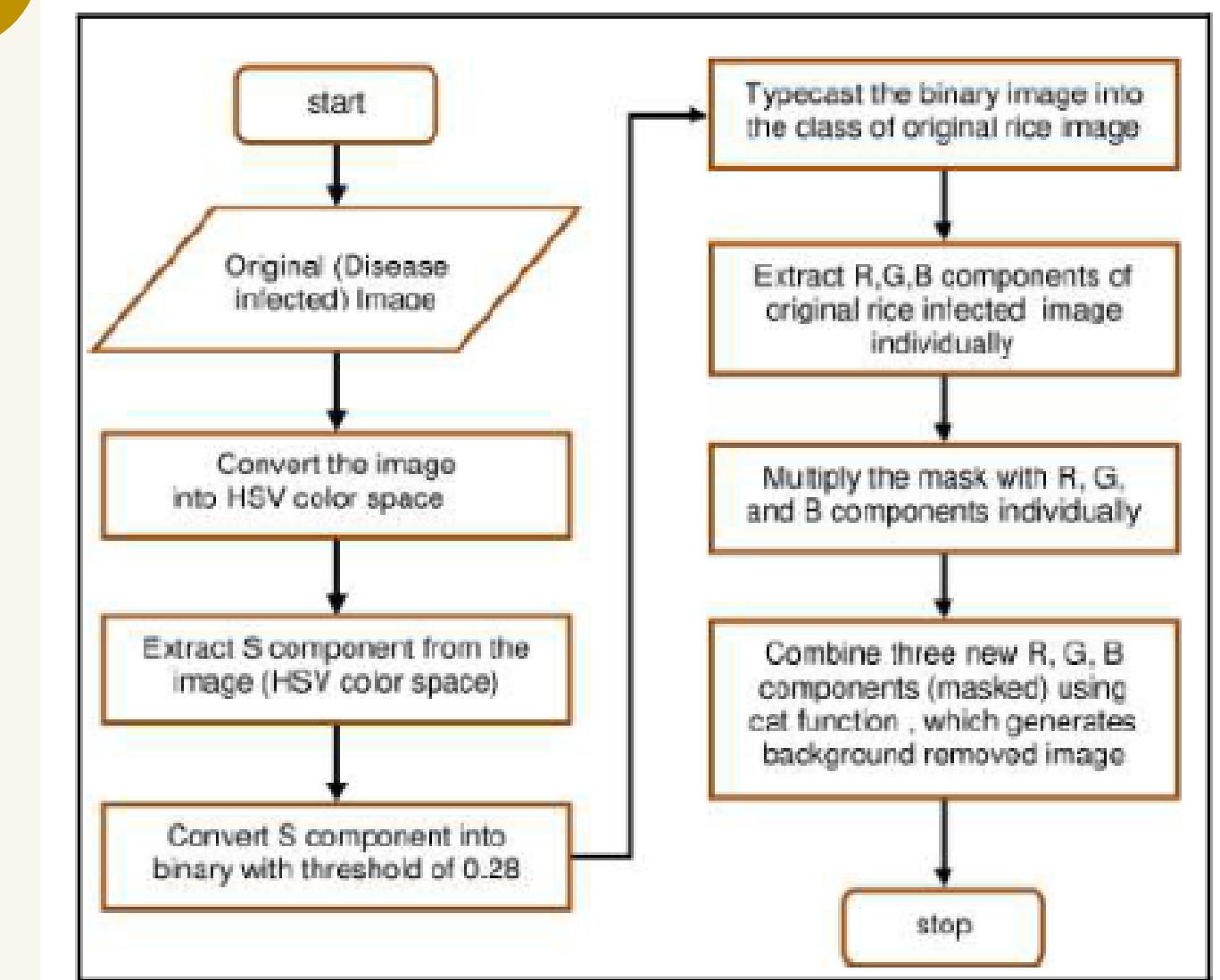


PREPROCESAMIENTO DE IMÁGENES

Inicialmente se obtuvieron imágenes a través de los datasets con tamaño de **2400x1700 píxeles**, lo que generaba un alto consumo de memoria y coste computacional, por lo que se redujo a **512x512 píxeles**.

Para la redimensión de las imágenes se utiliza la función **cv2.resize()** para cambiar el tamaño de la imagen según la escala específica.

Para la eliminación de fondo se empleó el diagrama de flujos que propone en su investigación Prajapati, H. B. et al (2017), en el cual aplicamos funciones predeterminadas.



Diseño Detallado

PREPROCESAMIENTO DE IMÁGENES

El proceso del diagrama de flujo junto a las funciones empleadas:

1. Convertir la imagen a **espacio de color HSV**, **`cv2.COLOR_BGR2HSV()`**.
2. Extracción del **componente S** (saturación) de la imagen.
3. Aplicación de un umbral y convertir el componente S en binario. **`cv2.threshold()`**.
4. Creación de una **máscara con el fondo negro** **`cv2.merge()`**.
5. Extracción de los **componentes R, G, B** de la imagen original **`cv2.split()`**.
6. Aplicación de la máscara a cada componente individualmente con **`cv2.bitwise_and()`**
7. Se combinan los componentes enmascarados en una nueva imagen **`cv2.merge()`** y con ello se logra eliminar el fondo de las imágenes.

Finalmente, a ese proceso le adicionamos para la **eliminación de ruido**, el filtro de media de la función **`cv2.boxFilter()`** para reducir el ruido en la imagen.



Diseño Detallado

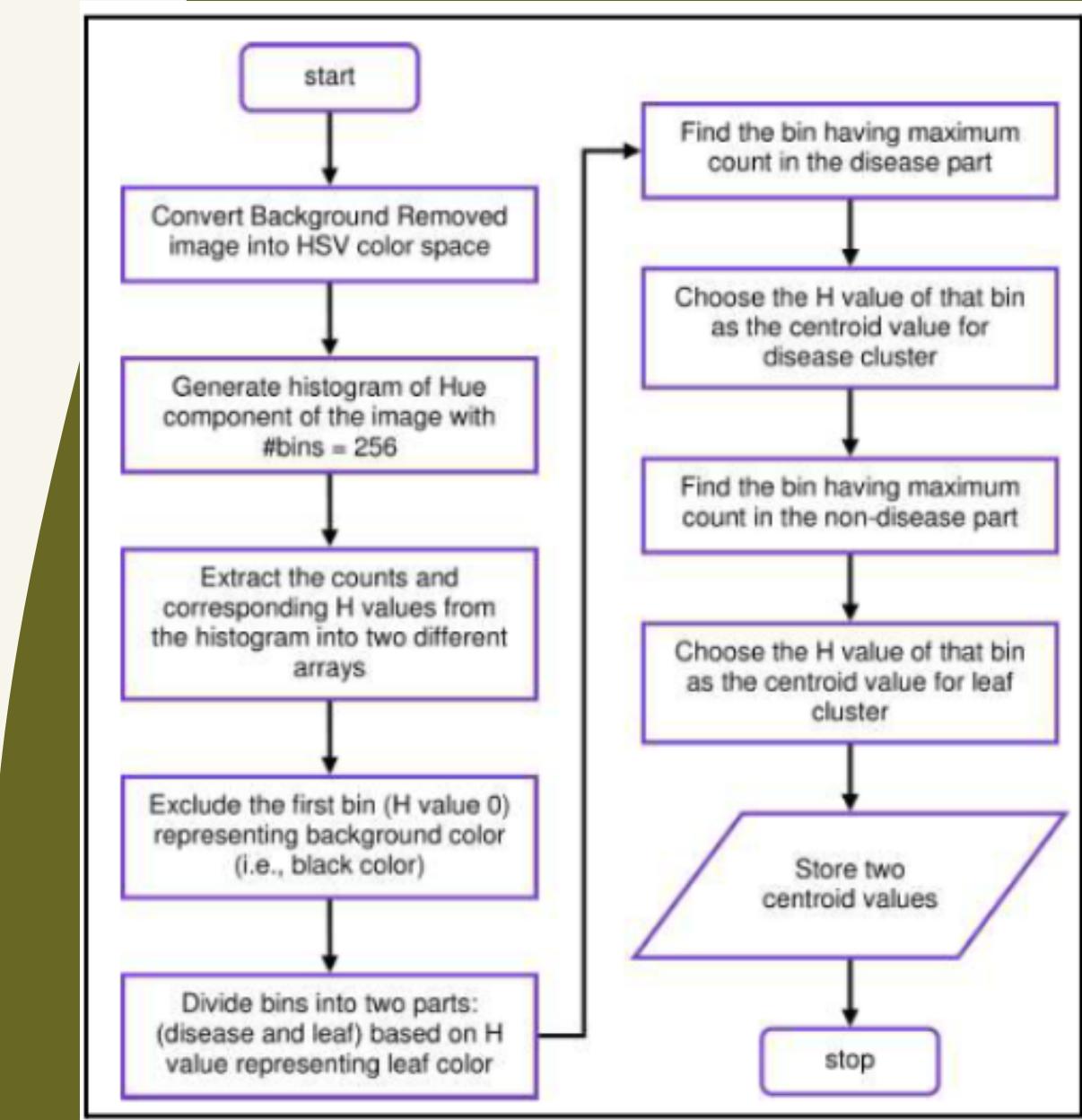


SEGMENTACIÓN DE IMÁGENES

De las imágenes con preprocessamiento se esperan **tres grupos** de una imagen de hoja de arroz: **fondo, parte enferma y parte verde de la hoja.**

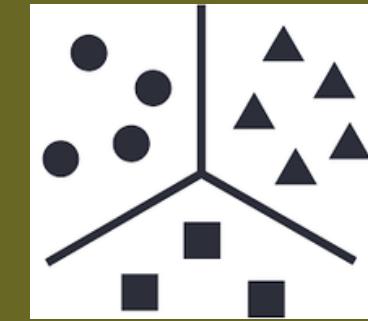
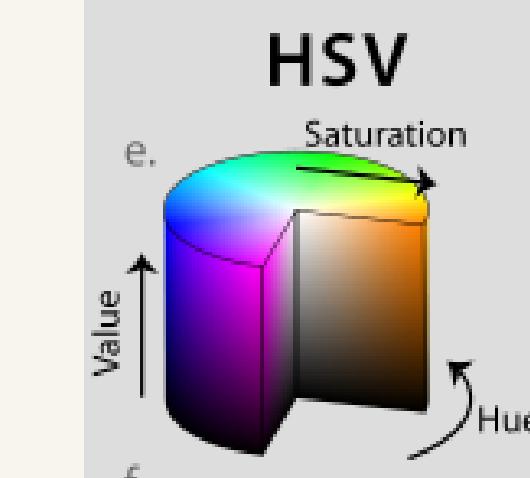
Se aplica la técnica de segmentación, **agrupación de k-medias basada en el espacio de color HSV**, de acuerdo con Prajapati, H. B. et al (2017), para obtener una porción enferma precisa de una imagen de hoja, un mejor resultado es aplicar K-means alimentando los *valores centroides de los clusters*.

El Diagrama de flujo de la estimación del valor del centroide del conglomerado donde seguimos algunos pasos del proceso y añadimos a ello funciones.



Diseño Detallado

SEGMENTACIÓN DE IMÁGENES

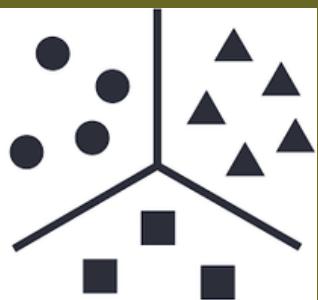


Algunos pasos del proceso del diagrama de flujo junto a las funciones empleadas:

1. Convertir la imagen sin fondo al espacio de color HSV con **`cv2.COLOR_BGR2HSV()`**.
2. Extracción del componente Hue (matiz) en el espacio de color HSV y sus dimensiones.
3. Aplicación de K-means en el componente Hue con número de clusters igual a 3, **`KMeans()`**.
4. Etiquetar cada píxel en la imagen de fondo eliminada usando el resultado de K-means con **`kmeans.labels_.reshape()`**.
5. Creación de **tres imágenes vacías de la misma dimensión** para almacenar el resultado.
6. Asignar cada píxel a la imagen respectiva en función de la detección de etiqueta/índice y obtener los colores originales de la imagen de entrada.
7. Convertir la imagen de la parte enferma al espacio de color HSV con **`cv2.COLOR_BGR2HSV()`**.
8. Definir los valores mínimo y máximo para el rango de color verde, según el diagrama de flujo es **0.048 y 0.125**.
9. Crear una máscara binaria basada en el rango de color verde para parte enferma con **`cv2.inRange()`**.
10. Aplicar la máscara a la imagen de la parte enferma para eliminar la porción verde **`cv2.bitwise_and()`**.

Diseño Detallado

EXTRACCIÓN DE CARACTERÍSTICAS



Después de obtener solo la parte enferma de la hoja, analizar sus características es fundamental en la distinción entre una enfermedad y una hoja sana.

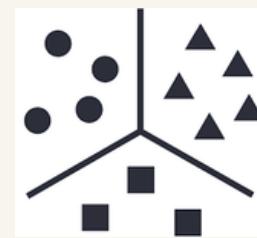
Por lo que hemos extraído diversas características que se agrupan en **tres** categorías: **color, textura y forma**. En conjunto, **12 características** de la región enferma en las imágenes de las hojas. El proceso que se sigue es:

1. Extraer características de color: **r_mean, g_mean, b_mean** y **r_std, g_std, b_std** con promedios y desviaciones estándar, **np.mean()** y **np.std** respectivamente.
2. Convertir la imagen a escala de grises con **cv2.COLOR_BGR2GRAY()**.
3. Extraer características de forma: **total_area, num_spots** con **np.sum()** y **np.unique()**.
4. Extraer características de textura utilizando matriz de co-ocurrencia de nivel de gris (GLCM) de mahotas: **contrast, correlation, energy, homogeneity** con mahotas con **glcm.mean()**.
5. Crear vector para almacenar características.



Diseño Detallado

CLASIFICACIÓN DE IMÁGENES



Para la identificación de hojas sanas y enfermas se usa **SVM**, el cual es un algoritmo de aprendizaje supervisado que puede manejar tanto problemas de clasificación **lineal** como **no lineal**.

Esto es beneficioso para la relación entre las **clases y características** de las imágenes.

Luego de la extracción de características se emplea el siguiente proceso:

1. Se determina según los datos que, cada *fila* representa un **conjunto de características** de un punto de datos, y cada *columna* representa una **característica específica**. 12 características determinadas en la etapa anterior y 2 *clases*: enfermas y sanas.
2. Dividir los datos en conjuntos de entrenamiento y prueba con **`train_test_split()`**.
3. Crea un clasificador **SVM** para clasificación binaria con **`SVC() con kernel lineal`**.
4. **Entrena** el clasificador SVM utilizando los datos de entrenamiento **`fit()`**.
5. Realiza predicciones en los datos de prueba **`predict()`**.
6. Evalúa el desempeño del clasificador **`score()`**.
7. Obtener las probabilidades de clasificación para cada clase con **`predict_proba()`**.



Análisis de Resultados

RESULTADOS OBTENIDOS



El **preprocesamiento de imágenes** es fundamental para preparar adecuadamente las imágenes antes de realizar análisis y clasificación de la enfermedad en hojas.

La **conversión de la imagen original al espacio de color HSV** permitió trabajar con información de color más significativa y discriminante. Luego, al aplicar un **umbral al componente de saturación (S)**, se crea una máscara binaria que aísla la región de interés, **eliminando el fondo y resaltando la parte de la hoja**. Posteriormente, al **enmascarar los componentes individuales (R, G, B) de la imagen original con la máscara**, se obtiene una nueva imagen sin el fondo no deseado.

Por último, la **aplicación del filtro de media permitió reducir el ruido**.



Análisis de Resultados

RESULTADOS OBTENIDOS



La **segmentación de imágenes** destaca su importancia para identificar y clasificar diferentes regiones en la imagen preprocesada.

En primer lugar, al aplicar **K-means al componente de matiz (Hue) en el espacio de color HSV**, se logra agrupar píxeles similares en **tres clusters**. Esto permite asignar a **cada píxel una etiqueta que representa el grupo al que pertenece: fondo, parte sana o parte enferma**.

La **detección precisa de la parte enferma se consigue al definir un rango de color verde en el espacio de color HSV** y utilizarlo para **eliminar la porción verde** presente en la imagen segmentada.

Imagen Preprocesada



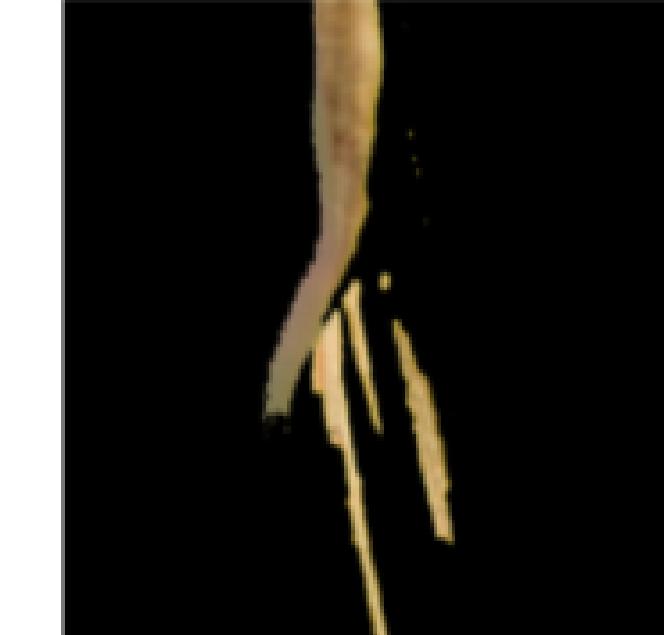
Cluster 1: Fondo



Cluster 2: Parte Sana



Cluster 3: Parte Enferma

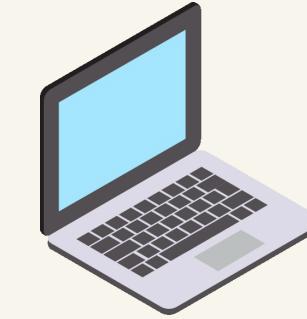


Sin Porción Verde



Análisis de Resultados

RESULTADOS OBTENIDOS



La **extracción de características** es esencial para entender la información cuantitativa relacionada con la imagen enferma.

Al extraer características de color, se obtienen las **medias (r_mean, g_mean, b_mean) y desviaciones estándar (r_std, g_std, b_std)** de los componentes **rojo, verde y azul**, lo que proporciona información sobre la distribución y variabilidad del color en la región enferma.

La **conversión de la imagen a escala de grises y la posterior extracción de características de forma, como el área total y el número de manchas o lesiones (total_area y num_spots)**, permiten cuantificar el tamaño y la cantidad de regiones afectadas en la imagen.

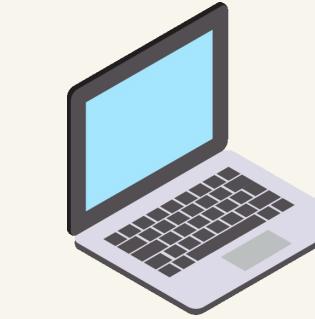
Además, al **extraer características de textura se obtienen valores de contraste, correlación, energía y homogeneidad (mahotas_contrast, mahotas_correlation, mahotas_energy, mahotas_homogeneity)** que reflejan la estructura y la uniformidad de la imagen en escala de grises.

```
r_mean: 13.15783  
g_mean: 10.9323  
b_mean: 6.73991  
r_std: 46.51824  
g_std: 38.82789  
b_std: 24.48364  
total_area: 198365  
num_spots: 224  
contrast: 0.98786  
correlation: 0.96258  
energy: 1.16602  
homogeneity: 37.75372
```

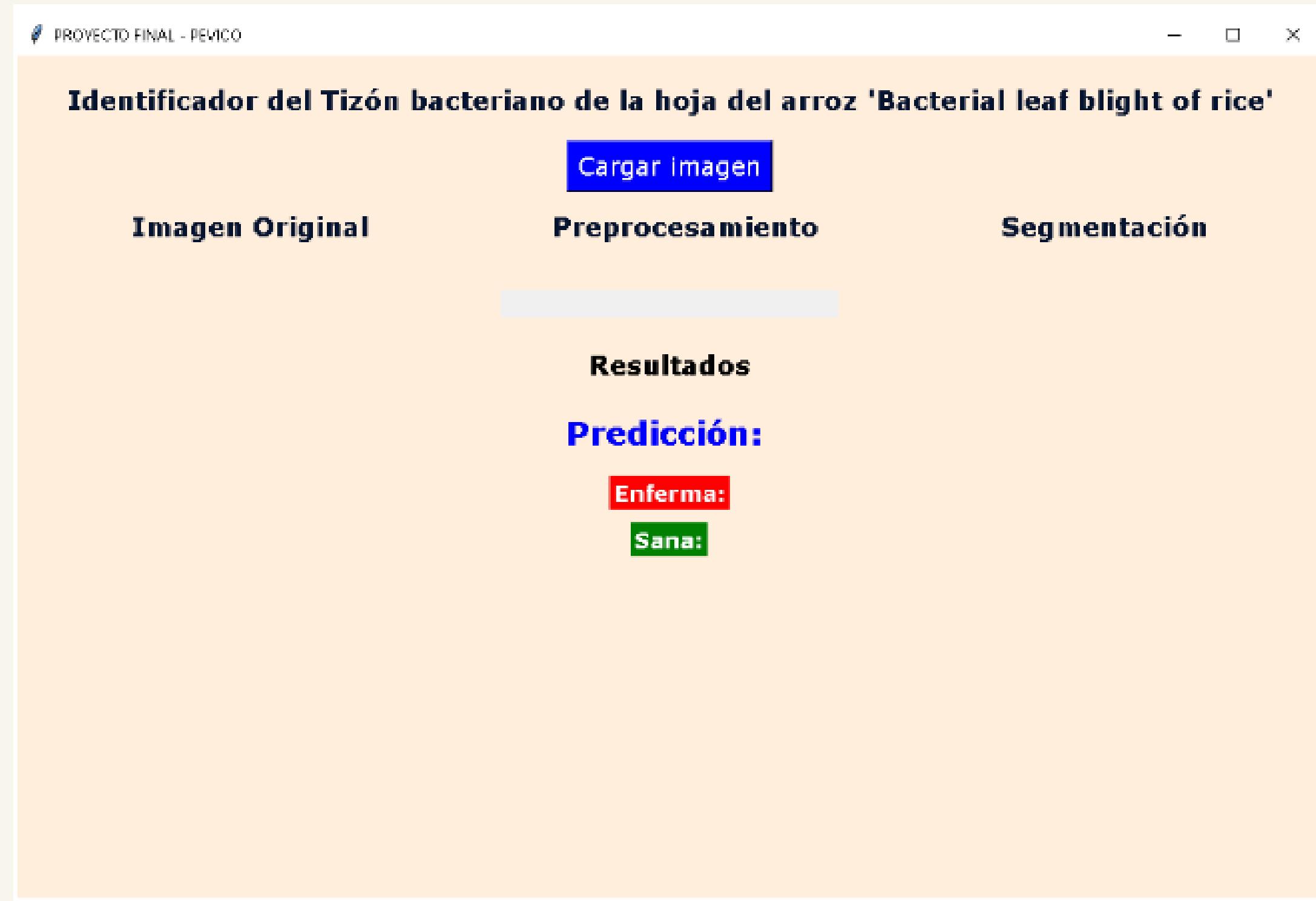


Análisis de Resultados

RESULTADOS OBTENIDOS



Para una mejor **interacción entre el usuario y el sistema de identificación de *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola* en las hojas de arroz**, se implementó una interfaz intuitiva en TKinter.



Análisis de Resultados

RESULTADOS OBTENIDOS

Para una mejor **interacción entre el usuario y el sistema de identificación de Xanthomonas oryzae pv. oryzicola en las hojas de arroz**, se implementó una interfaz intuitiva en TKinter.



PROYECTO FINAL - PEVICO

Identificador del Tizón bacteriano de la hoja del arroz 'Bacterial leaf blight of rice'

Cargar imagen

Imagen Original	Preprocesamiento	Segmentación

Resultados

Predicción: ENFERMA

Enferma: 0.938265
Sana: 0.061735

PROYECTO FINAL - PEVICO

Identificador del Tizón bacteriano de la hoja del arroz 'Bacterial leaf blight of rice'

Cargar imagen

Imagen Original	Preprocesamiento	Segmentación

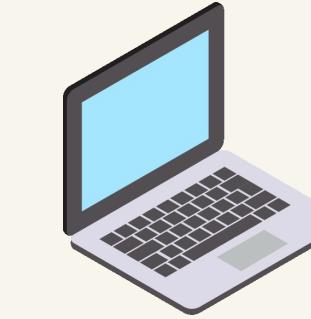
Resultados

Predicción: SANA

Enferma: 0.013270
Sana: 0.986730

Análisis de Resultados

DISCUSIÓN DE RESULTADOS



El sistema de visión por computación para la **identificación de Xanthomonas oryzae pv. oryzicola en las hojas de arroz** muestra resultados prometedores con una precisión global del **96.28% del clasificador SVM**. Esto significa que el modelo es capaz de distinguir con **alta precisión entre las hojas de arroz infectadas y no infectadas con la bacteria Xanthomonas**.

```
Mejores hiperparámetros: {'C': 0.1, 'gamma': 'scale', 'kernel': 'linear'}  
Mejor precisión: 0.9627705627705628
```

Se empleó la **técnica de Búsqueda de rejilla con validación cruzada con "GridSearchCV"** que busca automáticamente la **mejor combinación de hiperparámetros para un modelo de aprendizaje automático**, mediante una búsqueda sistemática en una "rejilla" de posibles valores para cada hiperparámetro, lo que permite una evaluación más robusta y confiable del modelo.

Los **hiperparámetros óptimos obtenidos para el modelo de clasificación fueron los siguientes: {"C": 0.1, 'gamma': 'scale', 'kernel': 'linear'}**. La precisión alcanzada fue de **0.9627705627705628**, lo que indica que el modelo pudo clasificar correctamente el **96.28% de las muestras**.



Análisis de Resultados

DISCUSIÓN DE RESULTADOS



Matriz de confusión:

```
[[ 8  1]
 [ 0 19]]
```

Reporte de clasificación:

	precision	recall	f1-score	support
0	1.00	0.89	0.94	9
1	0.95	1.00	0.97	19
accuracy			0.96	28
macro avg	0.97	0.94	0.96	28
weighted avg	0.97	0.96	0.96	28

Este reporte de clasificación proporciona varias métricas para cada clase (0 y 1), incluyendo precisión, recall y f1-score.

Para la Clase 0 (Enferma) se obtuvo:

- Precision: 1.00
- Recall: 0.89
- F1-score: 0.94

Y para la Clase 1 (Sana) se obtuvo:

- Precisión: 0.95
- Recall: 1.00
- F1-score: 0.97



		ACTUAL	
		True Positive (TP)	False Positive (FP)
PREDICTED	True Positive (TP)		
	False Negative (FN)		True Negative (TN)

Un recall de 1.00 para la clase 1 indica que el modelo pudo identificar correctamente todas las muestras que pertenecen a la clase positiva. Sin embargo, en la clase 0, el recall es de 0.89, lo que indica que el modelo podría mejorar en la identificación de las muestras de hojas de arroz enferma.

Un f1-score de 0.94 para la clase 0 y 0.97 para la clase 1 indica que el modelo tiene un buen equilibrio entre precisión y recall en ambas clases.



Conclusiones



Se logró desarrollar un sistema de identificación basado en visión por computador que puede detectar la presencia del tizón bacteriano en hojas de arroz. Al proporcionar una herramienta precisa y eficiente para el **diagnóstico temprano de la enfermedad**, el sistema puede ayudar a los agricultores a tomar medidas preventivas a tiempo, lo que puede reducir las pérdidas de cultivos y aumentar la producción agrícola.



La aplicación de **técnicas de preprocesamiento de imágenes** ha mejorado la **calidad** y **uniformidad** de las imágenes, lo que resulta en una **mejor detección** de características relevantes para la clasificación. El uso de librerías como Numpy y OpenCV ha permitido realizar operaciones de procesamiento de imágenes de manera **eficiente y efectiva**.

La implementación de un **modelo de aprendizaje automático** utilizando librerías como Numpy, OpenCV y Scikit-learn ha demostrado ser **eficaz en la clasificación de hojas de arroz sanas o afectadas** por la enfermedad. La precisión alcanzada en la clasificación (**96.28%**) muestra la capacidad del modelo para realizar una identificación precisa.

¡Gracias !