

작물의 질병 분류 및 검출을 위한 어텐션 딥 러닝 모델 개발

군산대학교 소프트웨어융합공학과 최태민

목차

- ❖ 연구 필요성, 연구목적 및 기대 효과
- ❖ 기존의 객체 검출 딥러닝 모델
 - ✓ RCNN
 - ✓ YOLO
- ❖ 제안한 어텐션 네트워크 기반 작물 질병 검출
 - ✓ 제안한 접근 방안
 - ✓ 사과나무 잎사귀 영역 분할 네트워크
 - ✓ 작물 질병 검출을 위한 어텐션 모델
- ❖ 실험 및 평가
- ❖ 결론 및 향후 연구



연구의 필요성

❖ 스마트팜이란 전통적인 농사법에 정보통신기술을 접목한 방식

- ✓ 작물의 생육 상태와 환경을 실시간으로 모니터링 가능
- ✓ 작물 생육 상태 및 질병 조기 진단을 통해 노동력과 자원을 최소화하고 작물의 생산량과 품질 최대화 증가





출처 : 삼성 KPMG 경제연구원

현 작물 진단의 단점 및 한계

- ❖ 농작물 생산성을 향상을 위해 작물 질병 조기 진단 및 예방이 중요함
- ❖ 종래의 작물의 질병은 농부나 전문가의 육안으로 판단되므로, 인력 비용과 많은 시간이 소요되는 단점이 발생
- ❖ 질병 추세의 다양화로 인한 육안 판별의 편차 증가 및 오인식률 증가



연구 목적

- ❖ 이상기온, 기후재해, 대기오염, 바이러스 등으로 인한 농작물 질병은 생산량과 품질 저하를 수반
- ❖ 카메라 센싱 기반으로 영상의 패턴을 분석하여 농작물의 질병을 자동으로 진단하고 작물의 질병 상태를 실시간으로 모니터링



연구개발 결과의 기대효과

기술적 측면

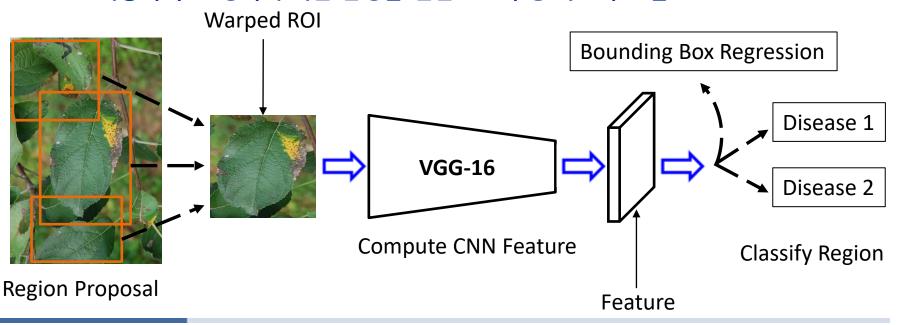
- 인공지능 기반의 작물 질병 기술 경쟁력 선점
- 작물 질병에 대한 대규모·다종의 데이터베이스 구축
- 다양한 작물 및 유해 곤충 자동 검출과 인식에 적용 가능
- 무인 작물 진단 자동 모니터링 구축 및 예찰 시스템 확보

경제적·산업 적 측면

- 농가의 고령화로 인해 전문 예찰 인력 및 방제 인력 해소
- 밭작물 품질 향상, 농가 소득 증대 및 안정적 생산량 확보
- K-질병관리의 우수성에 의한 농작물 수출 증가

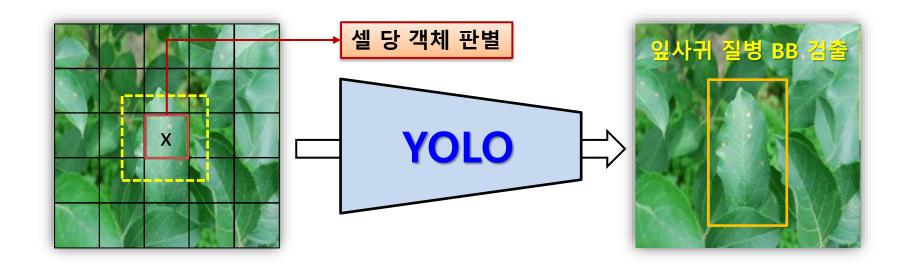
RCNN(Region-Based Convolution Neural Networks)

- ✓ 입력 이미지 당 2,000개의 후보영역 제안(Region Proposal)
- ✓ 후보 영역을 리사이징을 통해 고정 크기로 만들고 VGG16 모델을 거쳐 특징 추출
- ✓ 추출된 특징을 통해 객체 분류 및 바운딩 박스 오차 보완
- ✓ 대량의 후보 영역에 대한 합성곱 연산으로 수행 속도가 느림



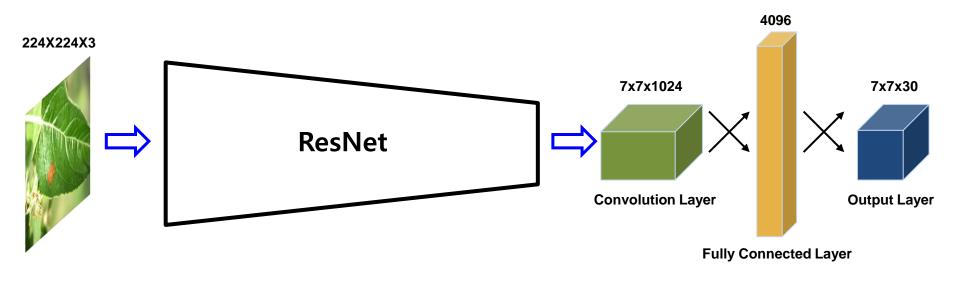
❖ YOLO(You Only Look Once)

- ✓ 이미지를 SxS 셀로 분할 후, 셀 당 바운딩 박스 (BB: Boundind Box) 추정
- ✓ RCNN과 달리, 영역 제안과 분류를 동시에 수행
- ✓ 실시간 객체 검출에 탁월한 성능을 보임



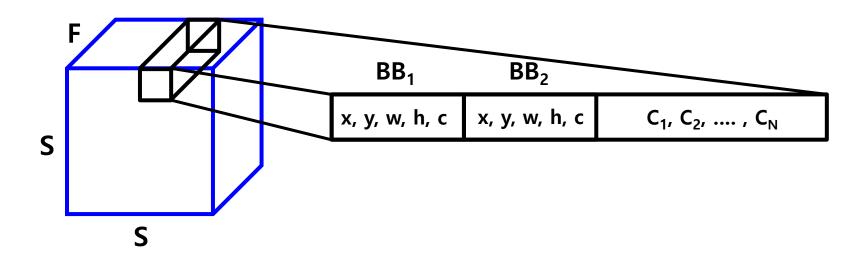
❖ YOLO 네트워크 구조

- ✓ 특징 추출 서브네트워크와 검출 서브네트워크로 구성
- ✓ 특징 추출 서브네트워크로는 사전 학습된 ResNet, Inception, VGG 사용 가능
- ✓ 검출 서브네트워크는 컨볼루션 및 완전연결계층으로 구성



❖ YOLO 출력 텐서 포맷

- ✓ S: 이미지를 나는 셀의 가로 및 세로 개수
- ✓ F: 바운딩 박스 개수 x 5 + 객체 종류
- ✓ (x, y, w, h, c) : 바운딩 박스의 좌표 및 가로/세로 크기, 바운딩 박스 신뢰도
- ✓ C₁, C₂, ..., C_N: 객체 부류 당 추정된 확률 값



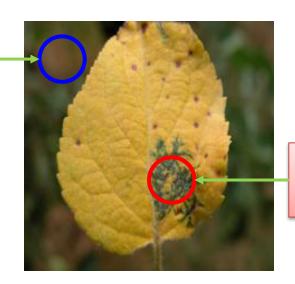


제안한 어텐션 네트워크 기반 작물 질병 검출

❖ 제안한 접근 방안

- ✓ 작물의 질병은 잎사귀 영역내에 존재, 배경 영역은 잡음으로 간주
- ✓ 잎사귀 내의 반점, 패턴, 색상 정보가 질병 분류의 핵심적인 단서임
- ✓ 이미지를 잎/배경/질병 영역으로 분할하여 객체 검출 성능을 향상시키고자 함

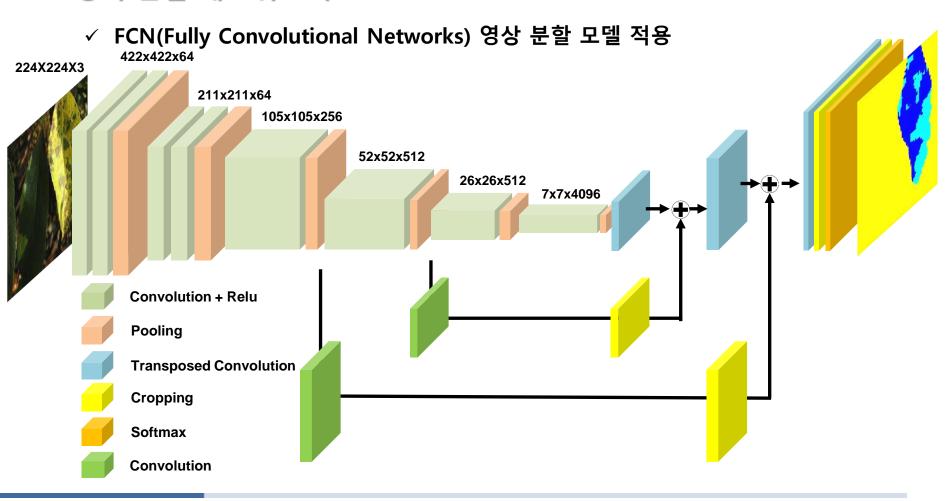
배경 영역 질병 정보 없음



잎사귀 영역 질병 존재

제안한 어텐션 네트워크 기반 작물 질병 검출

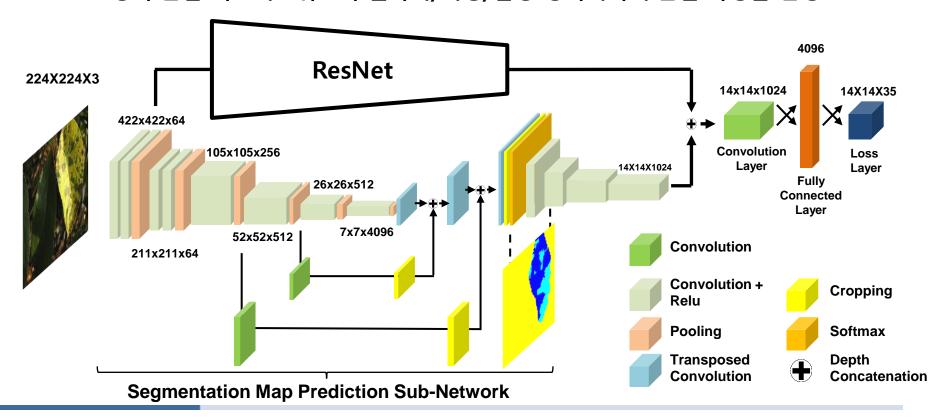
❖ 영역 분할 네트워크 구조



제안한 어텐션 네트워크 기반 작물 질병 검출

❖ 제안한 어텐션 네트워크 구조

- ✓ YOLO의 특징 추출 서브네트워크와 영역 분할 서브네트워크를 퓨전
- ✓ 영역 분할 서브네트워크의 잎사귀/배경/질병 영역에서 추출된 특징을 반영



❖ 작물 질병 이미지 데이터 예시











< 갈색무늬병 >







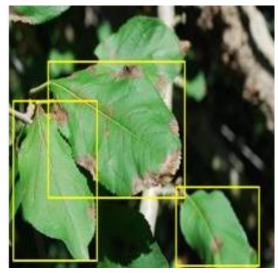




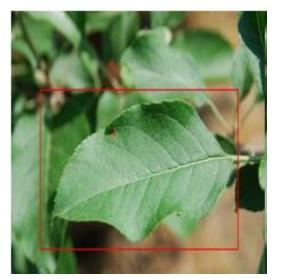
< 점무늬낙엽병 >

❖ 이미지 바운딩 박스 라벨링 작업

- ✓ 사과연구소에서 데이터 제공
- ✓ 두 종류의 질병 잎사귀에 대해 BB 라벨링 작업
- ✓ 총 1,320장의 영상에 총 3,815개의 BB 라벨링
 - ▶ 갈색무늬병 2,641개와 점무늬낙엽병 1,174개



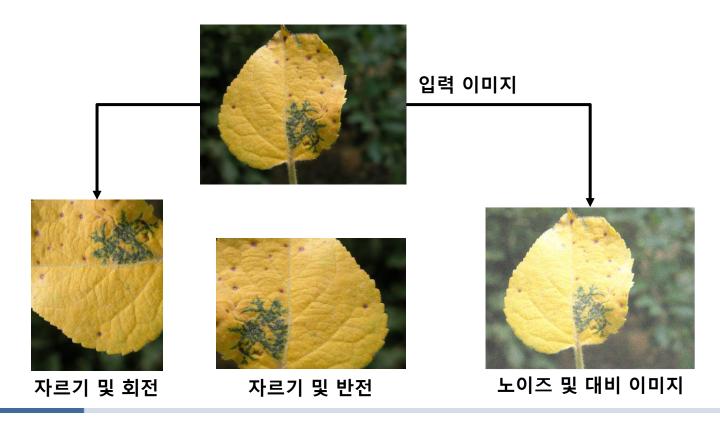
갈색무늬병



점무늬낙엽병

❖ 데이터 강화 (Data Augmentation)

- ✓ 학습 데이터 개수 증가를 위한 기법
- ✓ 입력 이미지에 자르기/회전/반전/노이즈/대비 영상 처리 적용해서 추가 영상 생성



❖ 영역 분할 네트워크를 위한 라벨링 작업

- ✓ 두 종류의 잎사귀 영역 분할 라벨링
 - 픽셀 단위로 배경, 잎사귀, 질병 영역 분류
 - ▶ 697장의 이미지에 대한 라벨링 작업 수행
 - ▶ 정상 잎사귀 211개, 갈색무늬병 266개, 점무늬낙엽병 220개

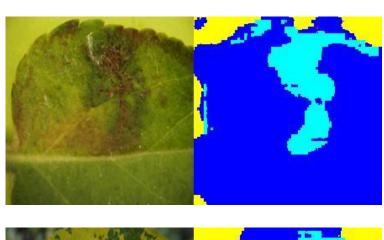






정상잎 갈색무늬병 점무늬낙엽병

❖ 영역 분할 네트워크 결과 영상

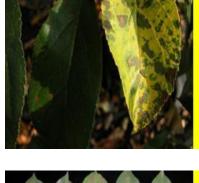


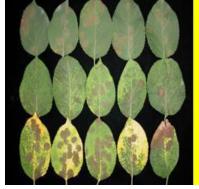




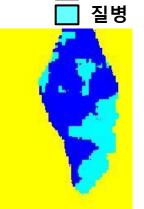
추정된 영상 분할 결과





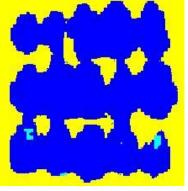






배경

잎사귀



추정된 영상 분할 결과

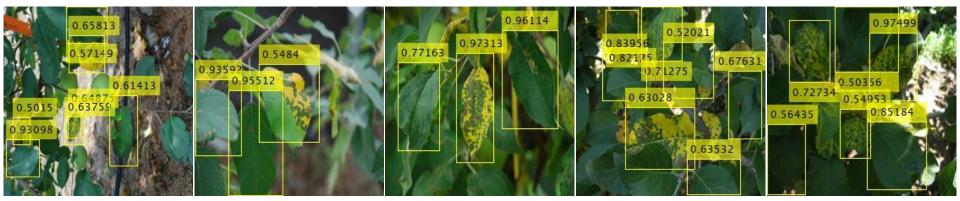
- ❖ 훈련 데이터 구성 비율
 - ✓ 갈색무늬병 923장, 점무늬낙엽병 397장으로 구성
 - ✓ 훈련집합은 1,320장 중 924장을 랜덤하게 선택, 테스트 집합은 나머지 396장 에 해당
- ❖ 영역 분할 네트워크 학습
 - ✓ 훈련집합 : 697장 중 랜덤하게 497장을 선택
 - ✓ 테스트 집합: 200장
- ❖ 정량적 평가척도
 - ✓ 평균 정밀도(mAP : mean Average Precision)



❖ 갈색무늬병 검출 예시



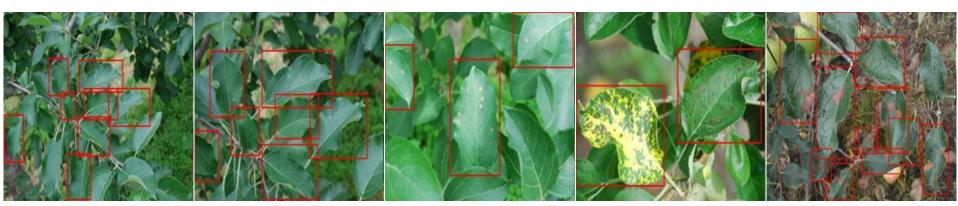
< 입력 영상 및 Ground Truth 바운딩 박스 >



< 제안한 네트워크가 검출한 바운딩 박스 >



❖ 점무늬낙엽병 검출 예시



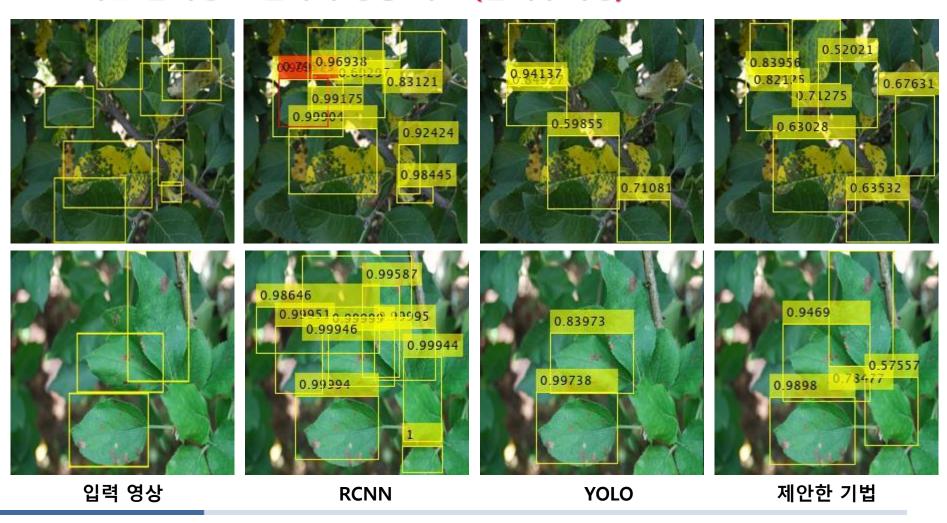
< 입력 영상 및 Ground Truth 바운딩 박스 >



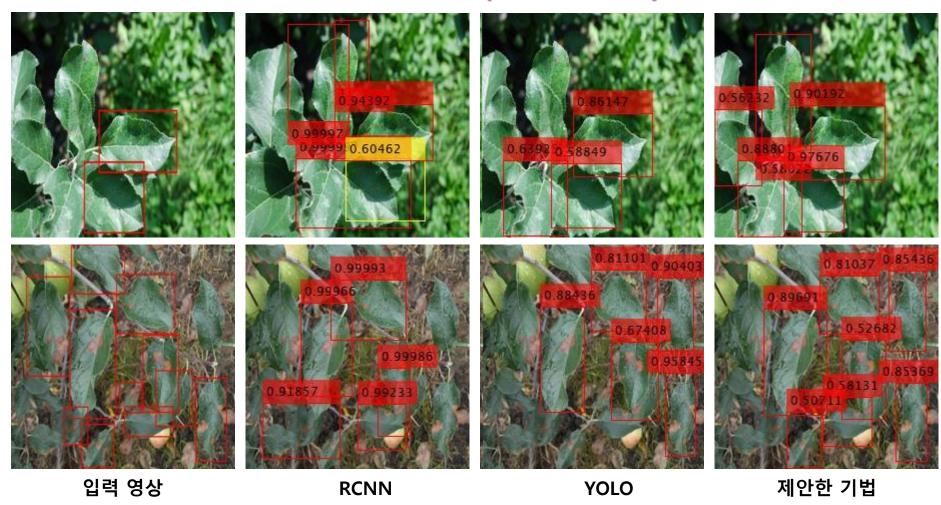
< 제안한 네트워크가 검출한 바운딩 박스 >



❖ 기존 딥러닝 모델과의 성능 비교 (갈색무늬병)

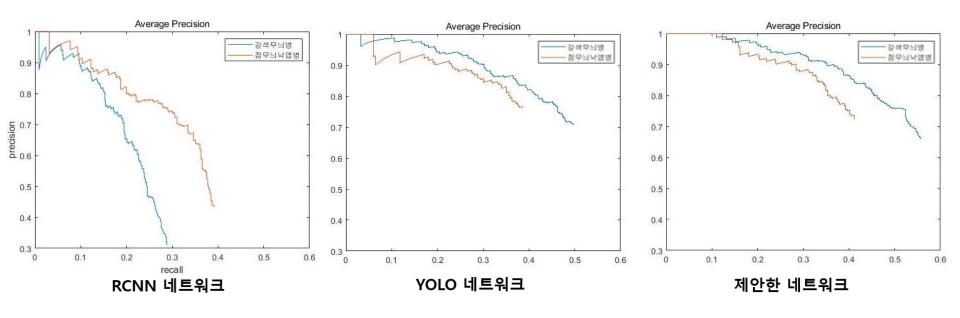


❖ 기존 딥 러닝 모델과의 성능 비교 (점무늬낙엽병)



❖ 질병 검출 mAP 정량적 평가

- ✓ 재현율(x축): 정답 BB 개수에서 정확히 맞춘 BB 개수 비율
- ✓ 정확도(y축): 추정된 BB 개수에서 정확히 맞춘 BB 개수 비율
- ✓ 평균 정밀도(AP) : 질병 당 재현율에 따른 정확도의 평균치
- ✓ 평균 평균 정밀도(mAP) : 모든 질병에 대한 평균 정밀도의 평균



❖ 질병 검출 실험의 정량적 평가

분류 기법	갈색무늬병	점무늬낙엽병	mAP
RCNN	0.21	0.31	0.26
YOLO	0.45	0.35	0.4
제안한 어텐션 네트워크	<u>0.51</u>	0.38	<u>0.46</u>

결론 및 향후연구

- ❖ 영역 분할 네트워크의 성능 개선
- ❖ 각 질병 종류에 대한 학습 데이터 수집 및 보완
- ❖ ROI 기법 기반의 어텐션 모델링 개발
- ❖ 기존의 Fast RCNN, Faster RCNN 등의 기법과 정량적 평가 및 실험

Q&A

