Análise de Imagens de Mancha Bacteriana do Tomateiro

Maiara Oliveira Gustavo Rodrigues



Mancha Bacteriana do Tomateiro

- Espécies pertencentes ao gênero Xanthomonas;
- Relatada em praticamente todas as regiões produtoras de tomate no mundo
- Uma das doenças mais severas da cultura.
- Atinge toda a parte aérea da planta
 - Reduz a produtividade
 - Queda de flores em formação
 - Perda do valor comercial dos frutos.

Mancha Bacteriana do Tomateiro

- Pequenas áreas encharcadas con formato irregular (Figura 1A);
- Posteriormente, formam-se lesõe necróticas maiores com halos amarelados (Figuras 1C);
 - Sintomas são primeiramente observanas folhas baixeiras
- Em frutos, aparecem manchas levemente elevadas (Figura 1B),
- Posteriormente de coloração marrom escura com centro deprimido (Figura 1D),

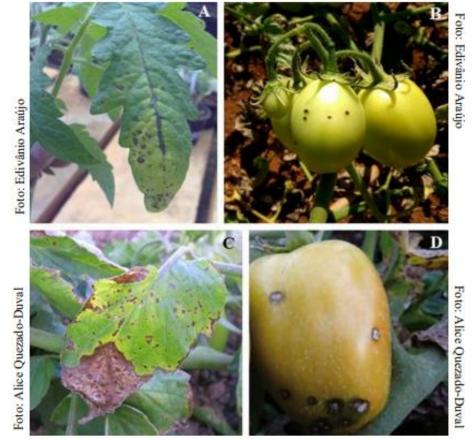


Figura 1. Sintomas de mancha-bacteriana, causada por *Xanthomonas* spp., em folhas e frutos de tomateiro. A – sintomas iniciais caracterizados por lesões encharcadas e pequenas; B – lesões levemente elevadas em frutos; C – lesões com aspecto mais seco e queima das folhas; D – lesões circulares com centro deprimido, nos frutos.

• Problemática:

A partir desse método, algumas informações podem ser

perdidas, pois a planta inteira não é avaliada e sim apenas

amostras de algumas folhas da parcela.

• Alternativa:

- Avaliações realizadas mais de uma vez por ciclo, por exemplo, 7, 14 e 21 dias após a inoculação;
- Retirar foto da planta inteira e estabelecer uma área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD).

$$AACPD = \sum \left[\frac{(y1 + y2)}{2} * (t2 - t1) \right]$$

• Em que: y1 e y2 são duas avaliações consecutivas realizadas nos tempos t1 e t2, respectivamente.



• Alternativa:

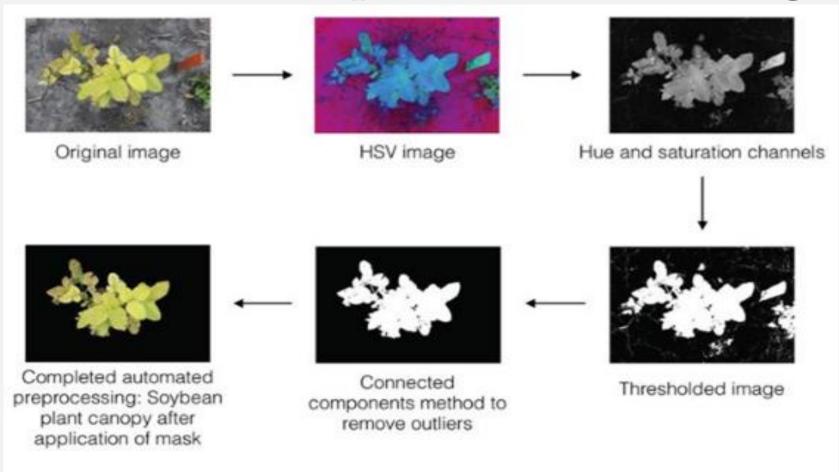
- A AACPD é um resumo quantitativo útil da intensidade da doença ao longo do tempo, esses modelos mostraram maior eficiência na determinação de danos causados por doenças foliares, quando comparados a outros modelo;
- Técnicas de fenotipagem de alto rendimento, ajudam no estudo de doenças de plantas, por viabilizarem o uso de variáveis da área foliar sadia na quantificação de danos.

• Alternativa:

- Desvantagem :
 - Mais avaliações seriam realizadas,
 - Mais mão de obra,
 - Capacidade computacional maior, pois o número de imagens obtidas seria alto.
- Porém com as técnicas de ML essa desvantagem pode ser minimizada.

- Primeiro Passo: Pré-processamento de imagens
- Conversão para RGB: segmentar eficientemente o primeiro plano (planta) do segundo plano (solo);
- Método dos componentes conectados para remover os outliers e o ruído da imagem.
 - Identificação de grupos de pixels conectados, rotulando-os e identificando o maior componente conectado (a planta) e removendo outros componentes conectados que contivessem menos pixels que o principal.

• Primeiro Passo: Pré-processamento de imagens



- Segundo Passo: Extração de recursos
- A mancha bacteriana do tomateiro é caracterizada pela necrose amarronzada na folha portanto, as mudanças de cor seriam usadas como a medida de severidade.

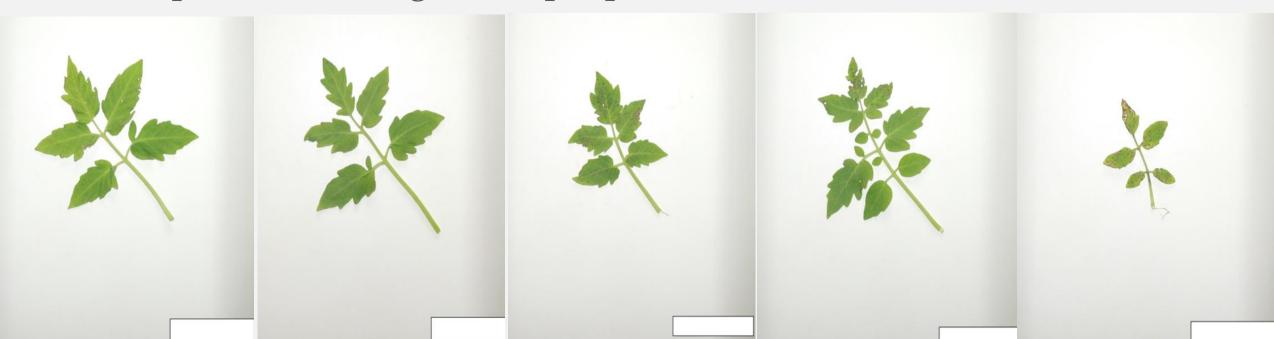
$$Severidade = \frac{\acute{A}rea\ Marrom}{\acute{A}rea\ Total}*100$$

• Problemática:

Como as diferenças na morfologia das folhas de cada genótipo podem ser levadas em conta na construção do modelo.

• Problemática:

• Se esse fator não for levado em conta, folhas pequenas que possuem poucos sintomas, teriam maior severidade do que uma folha grande que possui muitos sintomas.



• Alternativa:

• Uso de técnicas de aprendizagem de maquina para separar os genótipos em grupos de acordo com a morfologia foliar e depois disso, estabelecer a metodologia para delimitar a área infectada pela doença e a área sadia.

Get rights and content

• Alternativa:

Original papers

Deep learning for plant identification using vein morphological patterns

Guillermo L. Grinblat, Lucas C. Uzal A Monica G. Larese, Pablo M. Granitto

https://doi.org/10.1016/j.compag.2016.07.003

Using Deep Learning for Image-Based Plant Disease Detection

Sharada P. Mohanty^{1,2,3}, Marcel Salathé^{1,2,3*}

¹Digital Epidemiology Lab, EPFL, Geneva, Switzerland

An efficient leaf recognition algorithm for plant classification using support vector machine

3 Author(s)

C. Arun Priya ; T. Balasaravanan ; Antony Selvadoss Thanamani View All Authors

15 Paper Citations 964 Full Text Views













²School of Life Sciences, EPFL, Lausanne, Switzerland

³School of Computer and Communication Sciences, EPFL, Lausanne, Switzerland

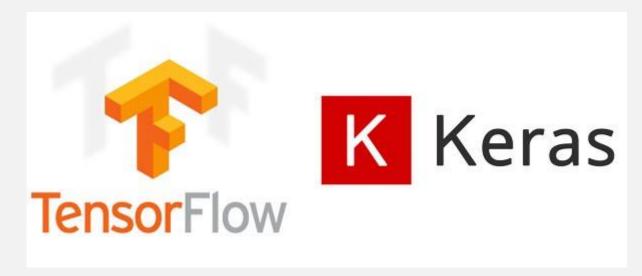
⁴Department of Entomology, College of Agricultural Sciences, Penn State University, State College, PA, USA

Department of Biology, Eberly College of Sciences, Penn State University, State College, PA, USA

⁶Center for Infectious Disease Dynamics, Huck Institutes of Life Sciences, Penn State University, State College, PA, USA

AM utilizando o Keras com Tensorflow

- O API (application program interface) Keras utilizando as libraries de AM do Tersorflow é tem potencial de construir CNNs (redes neurais convolucionais) a partir de dados de imagem
- Bases
 - Configurar as camadas da CNN
 - Separar dados de imagem em treino, validação e teste
 - Compilar o modelo, treinar a rede (treino e validação)
 - Testar o modelo treinado
- Processo extremamente tecnicista
 - Porém, existem redes pré-configuradas disponíveis na internet



Keras-Tensorflow: Pré-requisitos

- Keras 2.0 e Tensorflow
- Python
 - Recomendado console Jupyter-notebook para testar blocos de código
- Recomendado: GPU Nvidia com CUDA® Compute Capability 3.5 ou superior (NVIDIA GeForce GTX 1050)
 - o Driver Nvida 410 (ou superior), CUDA Toolkit 10.0, cudNN 7 (ou superior)
- Uma série de pacotes, a maioria pode ser obtido no repositório público de python (pip)

Utilizando o Keras Tensorflow

- CNN pré-configurada para distinguir vestuário e cor das peças (https://www.pyimagesearch.com/2018/05/07/multi-label-classification-with-keras/)
 - Serviu de base para este trabalho. Possui códigos generalistas
 - Como o código é generalista, necessita de pouca intervenção do usuário e pode ser aplicado a diversos conjuntos de dados
 - Basicamente, basta seguir a estrutura das pastas ao colocar o conjunto de imagens
- CNN com três camadas: width, height e depth
 - smallerVGGNet, versão simplificada de VGGNet (Simonyan e Zisserman, 2014, https://arxiv.org/pdf/1409.1556/)

smallerVGGNet no Keras Tensorflow

Treinar o modelo

- o python train.py --dataset dataset --model xxxx.model --label mlb.pickle
- dataset = pasta contendo subpastas com os arquivos de imagens a serem treinados
 - Neste caso, separamos o conjunto de treino pelo nível de infecção: severe, moderate e light
- Único parâmetro a ser controlado: batch_size, não pode ser maior do que a amostra
- A rede por default re-escala as imagens para 96x96. É possível alterar este parâmetro sem comprometer a rede, mas o consumo de memória aumenta
- o 75 epochs

Resultado do modelo gerado pela smallerVGGNet no Keras Tensorflow

- O esperado era que enquanto a train_loss diminuísse a cada epoch, a val_loss aumentasse
 - A val_loss possívelmente é aberrante pois o conjunto de dados é muito pequeno
 - Em tutoriais disponíveis na internet,
 2000 imagens é considerado um
 conjunto pequeno
- Porém, é possível rodar múltiplas vezes e amostrar um modelo com val_loss proxíma de train_loss e menor do que train_acc e val_acc



Utilizando o modelo para predizer imagens sem label

python classify.py --model xxxx.model --label mlb.pickle --image local_da_imagen/imagen.jpg

