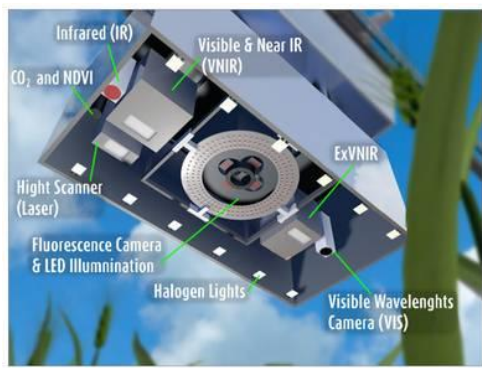




Опережающая диагностика стрессовых состояний сельскохозяйственных растений

Turlapov Vadim Evgenievich, Professor,
Department of Software and Supercomputing
vadim.turlapov@itmm.unn.ru, +7 903 040 8401

Актуальность тематики

Болезни растений ежегодно приводят к потере 10–16% мирового урожая сельскохозяйственных культур. По данным европейских исследователей в 2016 году потери составили 420 млрд. евро.

Возбудители:

- бактерии
- грибы
- вирусы



внешние
проявления
болезни



Изменение
статистических
и текстурных
признаков
изображений

Существуют также абиотические стрессоры развития растений (переполив/ засуха; недостаточность питания).

Решение: Фенотипирование и ранняя диагностика нормального развития и стресса растений; автоматизация мониторинга сельхозугодий.

Современное цифровое фенотипирование

Phenomics Platforms/ Techniques:

Fluorescent microscopy,
Spectroscopy, Lidars,
Magnetic Resonance Imaging,
Positron emission tomography
(PET),
Canopy spectral reflectance (SR),
Infrared thermography (IRT),
Nuclear magnetic resonance (NMR)
Digital Imaging (Vis, RGB)

Image classification methods:

- Deep Learning
- Machine Learning
- Interactive Segmentation
- SVM, PCA
- K-means clustering,
- K-NN

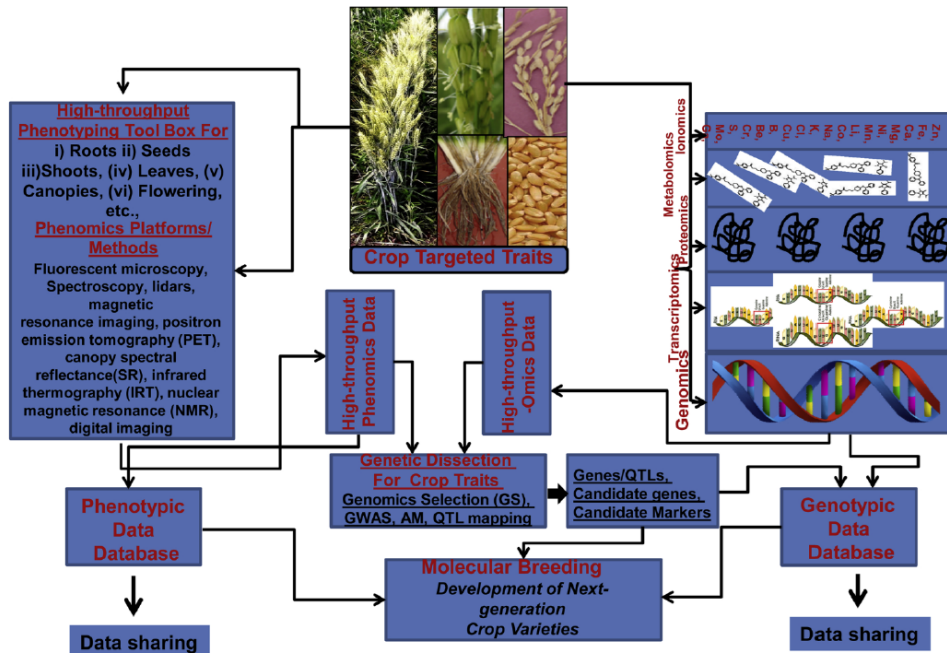
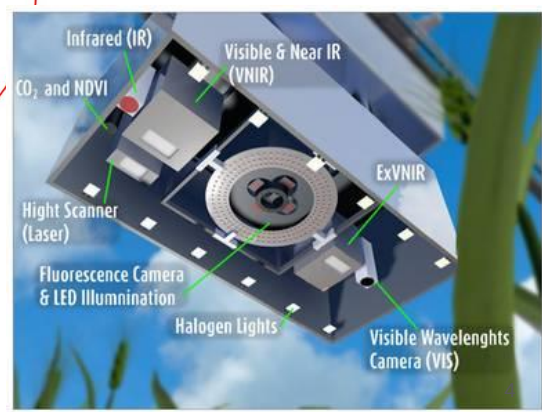
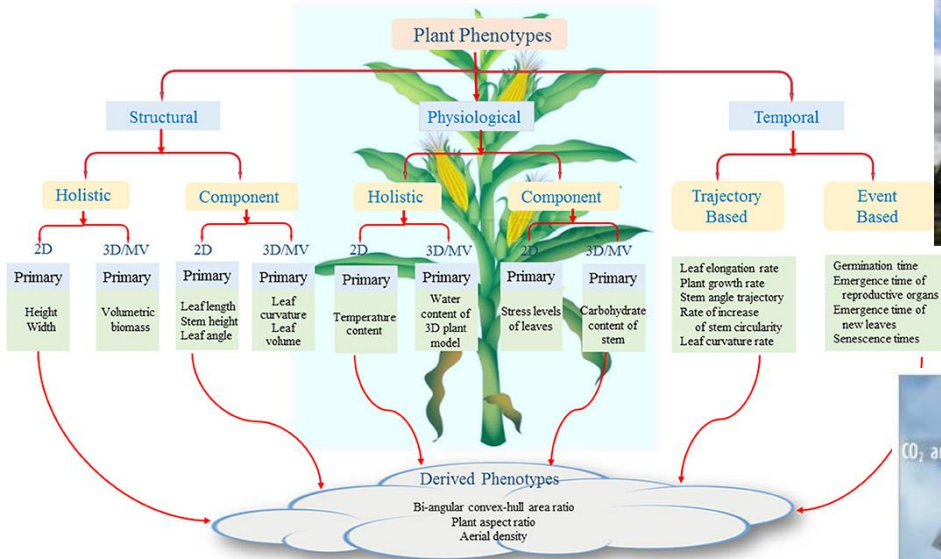


Fig. 1. Holistic view of role of crop phenomics in crop improvement. The figure shows different -omics (genomics, transcriptomics, proteomics, metabolomics and ionomics) platforms can be integrated with phenomics platforms for the generation of datasets for discovery of QTLs/genes through various approaches. The figure also shows how genomics and phenomics can lead to successful crop improvement by the development of next generation improved crop varieties.

Современное цифровое фенотипирование

Система измерений при фенотипировании и технологии



Современное цифровое фенотипирование

<https://www.agriculture-xprt.com/products/lemnatec-conveyor-based-scanalyzer-512969>



LemnaTec GmbH Products

LemnaTec - Conveyor-Based Scanalyzer
Conveyor-based Scanalyzer
Solutions for glasshouses, growth rooms, climate chambers, cultivation halls, or indoor farms.

Современное цифровое фенотипирование

<https://www.agriculture-xprt.com/products/lemnatec-conveyor-based-scanalyzer-512969>

LemnaTec GmbH Products

[HyperAlxpert - Flexible Multi Sensor Laboratory Phenotyping System](#)

The most flexible multi-sensor laboratory phenotyping system for Arabidopsis, seedlings, petri dishes, MTPs, and many more sample types.



Типы и Регистрация изображений. What are the multi-, hyper-spectral (MSI,HSI), and multisensory images?

Problem: comprehensive analysis and monitoring of environmental objects based on MSI data and, especially, hyperspectral images (HSI)

The main field of MSI/HSI application today is the Earth Remote Sensing. Tomorrow the main area will be precision farming and quality detection in a lot of various production areas.

Typical range of satellite and aviation spectrometers on the example of AVIRIS: 360-2500nm (0.36-2.5 μ m), 224 channels

For comparison: The main part of the human skin's own radiation is in the wavelength range from 4 to 50 microns.

Near ultraviolet NUV: 350-400nm

Visible range: 400-700nm. (Vis): 400-700nm.

Infrared (IR):

Near-infrared, **NIR:** 0,74-1,4 μ m

Short-wavelength infrared, **SWIR:** 1,4-3,0 μ m

Mid-wavelength infrared, **MWIR:** 3-8 μ m

Long-wavelength infrared, **LWIR:** 8-15 μ m

Far-wavelength infrared, **FIR:** 8-15 μ m

CIE scheme:

IR-A: 700 nm — 1400 nm (0,7 μ m — 1,4 μ m)

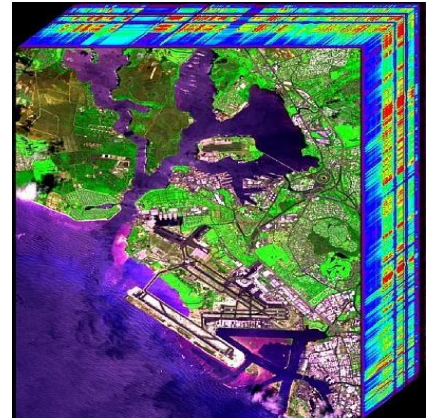
IR-B: 1400 nm — 3000 nm (1,4 μ m — 3 μ m)

IR-C: 3000 nm — 1 mm (3 μ m — 1000 μ m)

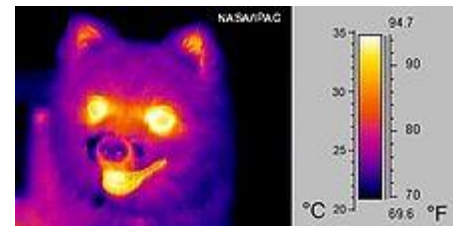
ISO 20473 scheme:

NIR 0,78-3 μ m; **MIR** 3-50 μ m;

FIR 50-1000 μ m

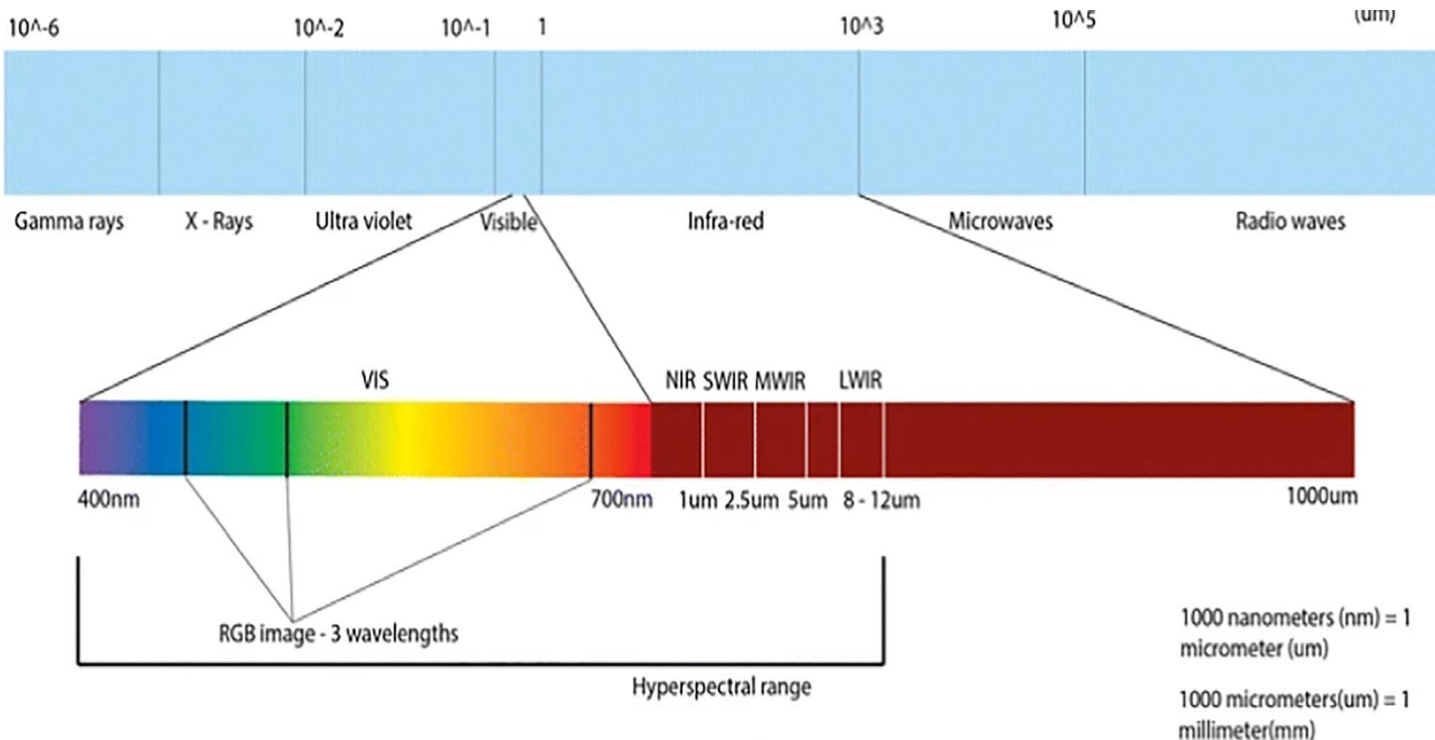


<https://directory.eoportal.org/web/eoportal/airborne-sensors/aviris>



What are the multi-, hyper-spectral (MSI,HSI), and multisensory images?

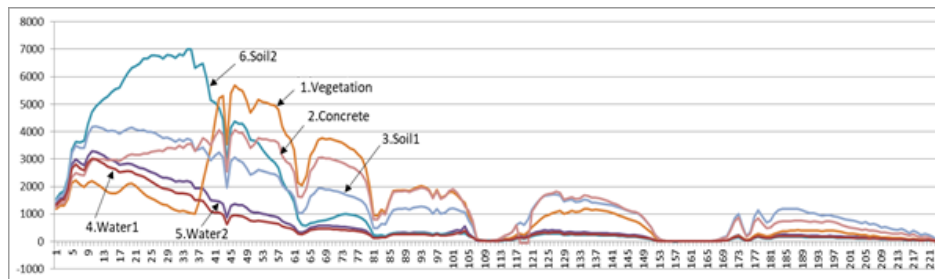
Problem: comprehensive analysis and monitoring of environmental objects based on MSI data and, especially, hyperspectral images (HSI)



Hyperspectral image specificity

Specificity No. 1: The presence of hundreds of channels (5-10 nm width) in which each pixel of the image is represented. Ability to describe a pixel by a spectral signature:

The potential ability to classify an object by 1 pixel without analyzing its environment. This is the main advantage of HSI.



Specificity No. 2: high correlation of images of adjacent channels

More than 76% has $K_{\text{pears}} > 0.99$;

less than 6% has $K_{\text{pears}} < 0.9$.

→
+ Compression potential based on channel affinity
- Even noise is correlated

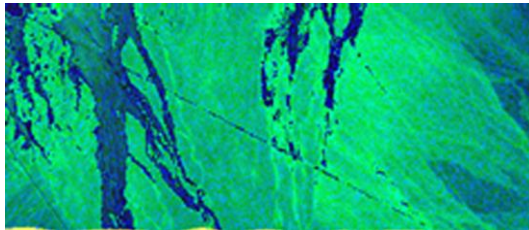
Table 1. The distribution of the values of the Pearson correlation coefficient of the current channel with the following one (223 pairs, HSI Moffett Field) [4]

K pears	Channels Number	Part in %
0,9999-0,99999	32	14.34
0,999-0,9999	91	40.80
0,99-0,999	48	21.52
0,9-0,99	40	17.93
0,3-0,9	12	5.83

[4] Pakhomov P.A. Investigation of hyperspectral image pixel signatures by the empirical mode decomposition method/ P.A.Pakhomov, A.V.Borusyak, V.E.Turlapov // CEUR Workshop Proceedings. – 2018. – Vol. 2210. – P. 352–364. .

Hyperspectral image specificity

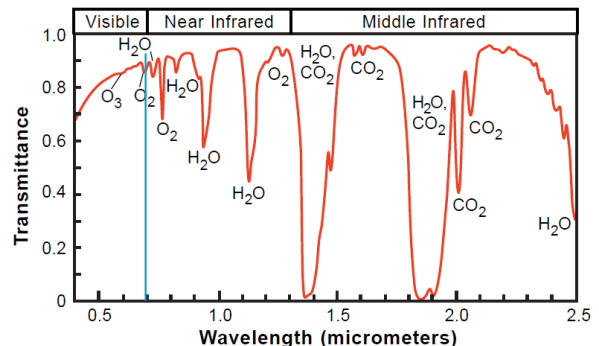
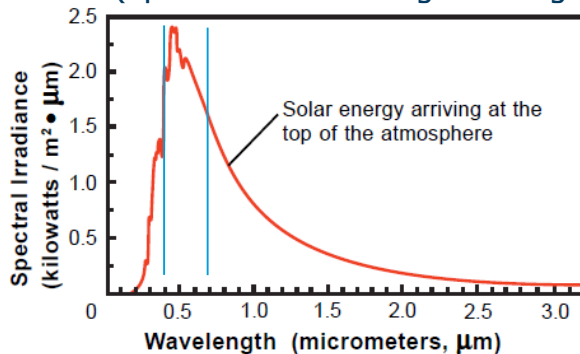
Specificity No. 3: representation of image values in double-byte integers



Spectrometer hardware error $\sim 10^{-5}$

Two-halftone visualization of double-byte pixels in channels.
An example image of a fragment of one of the channels ("Cuprite-1" AVIRIS) [5]

Specificity No. 4: the influence (noise) of the atmosphere reduces the accuracy of the result (up to 2-5% according to Landgrebe, 1999)



(from "Introduction to Hyperspectral Imaging" of Randall B. Smith, Ph.D., 5 January 2012. ©MicroImages, Inc.)

HSI applications. Vegetation and Agriculture



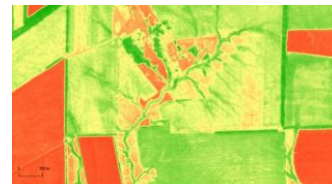
Hyperspectral images allow the classification, identification and detection of vegetation status that are related to a wide range of applications, for example:

- 1) precise farming ($NDVI = (NIR - RED) / (NIR + RED)$ - $\rightarrow$ normalized difference vegetation index, WBI-Water Band Index)
- 2) chlorophyll fluorescence measurement and mapping
- 3) measuring and mapping biomass production efficiency
- 4) measuring the content and distribution of sugar and starch in sugar beets, potatoes, etc.
- 5) sorting of fruits, berries and vegetables by maturity and sugar content
- 6) stress detection
- 7) seed properties analysis
- 8) mapping and monitoring of insects and diseases, plant health
- 9) detection of insect and pest eggs on plants and roots
- 10) species identification and aggressive species mapping
- 11) remote sensing applications

NDVI



NDVI



Пример эксперимента

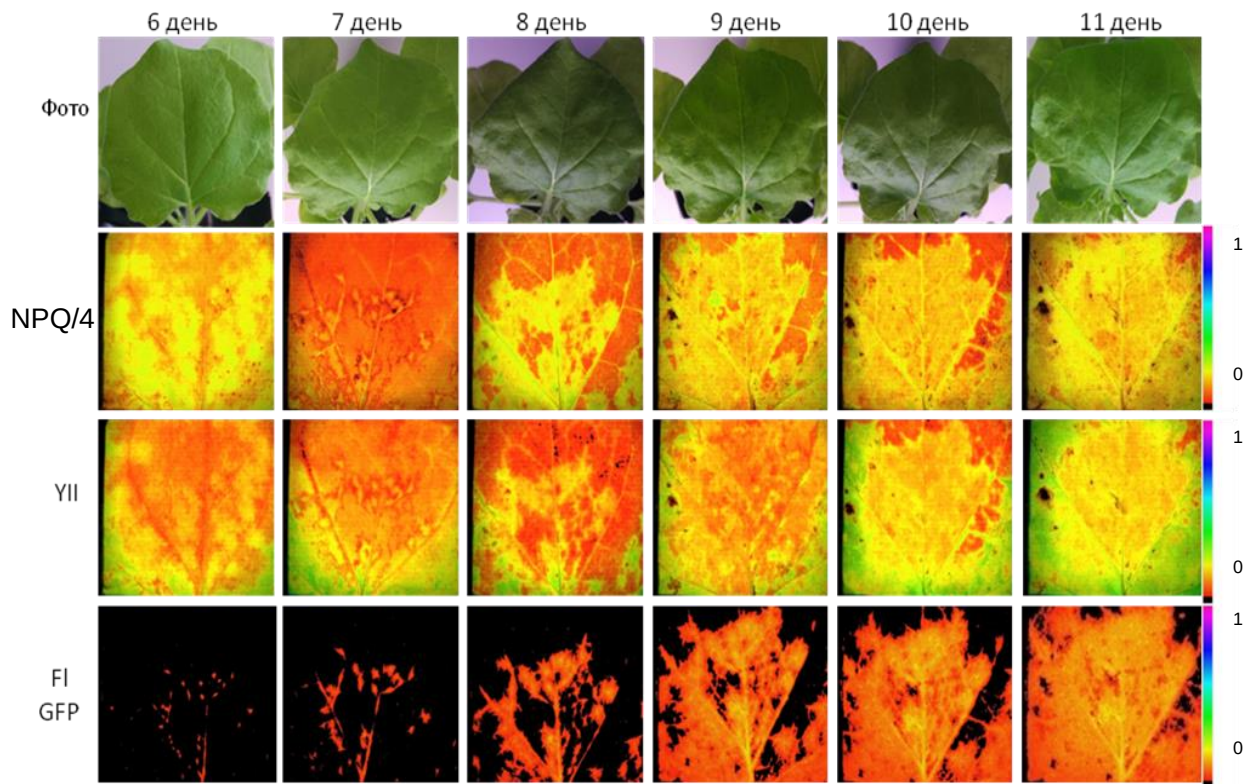
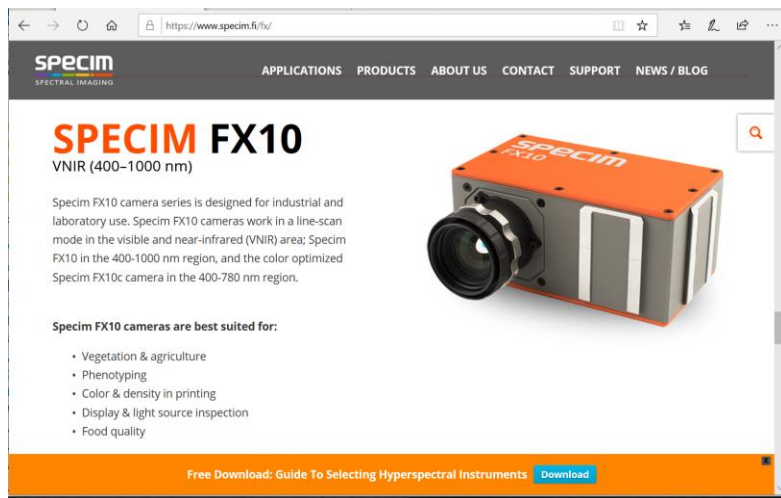


Рис. 8. RGB изображения 10 листа *Nicotiana benthamiana*, нефотохимическое тушение (NPQ), эффективный квантовый выход фотосистемы II (YII) и флуоресценция вируса (flGFP)

Modern hyperspectrometers



SPECIM FX10
VNIR (400–1000 nm)

Specim FX10 camera series is designed for industrial and laboratory use. Specim FX10 cameras work in a line-scan mode in the visible and near-infrared (VNIR) area; Specim FX10 in the 400–1000 nm region, and the color optimized Specim FX10c camera in the 400–780 nm region.

Specim FX10 cameras are best suited for:

- Vegetation & agriculture
- Phenotyping
- Color & density in printing
- Display & light source inspection
- Food quality

Free Download: Guide To Selecting Hyperspectral Instruments [Download](#)

<https://www.specim.fi/fx/>

Example 1: Full range (224 bands) selected = 330 FPS



Example 2: Range of 20 bands selected = 2830 FPS



Example 3: Three specific regions selected (5 bands) = 6510 FPS

Характеристики SPECIM FX10

Spectral Range	400 – 1000 nm
Spectral Bands	224
Spectral FWHM	5.5 nm
Spatial Sampling	1024 px
Frame Rate	330 FPS full frame 9900 with 1 band selected
FOV	38°
F-number	F/1.7
Camera SNR (Peak)	600:1
Camera Interface	GigE Vision or CameraLink
Dimensions	150 x 85 x 71 mm
Weight	1.26 kg

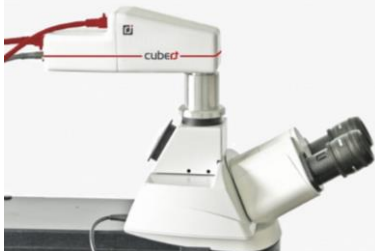
Modern hyperspectrometers



Cubert Q285
450-950nm, 125 channels
weight 300g, waterproof
frame - 1 / 1000sec



Cubert S185
450-950nm, 125 channels
weight 470g, frame - 1 /
1000sec, for UAVs, starting -
840g



Cubert M185
for using with a
microscope

Specifications of Cubert S185

Detector	Si CCD
Digitization	12 bit
Measurement time	down to 100 μ s
Camera interface	2x Gigabit Ethernet
Hyperspectral cube rate	up to 5 cubes/s
Cube resolution	1 megapixel
Spectral throughput	2 500 spectra / cube
Processing software	included
Software development kit	included

Optical properties

Objective	selectable
Mount	C-mount objective
Ground resolution	selectable mm - m

Physical properties

Environment conditions	dry / non condensing
Operating temperature	0 - 40 °C
Weight	470 g
Power	DC 12 V, 15 W

Examples of Open Datasets

Species	Problem	Optical technique	Dataset	IP Algorithm	Metrics	Reference
Sugar beet leaves (cultivar Pauletta)	Cercospora leaf spot, powdery mildew, sugar beet rust	Hyperspectral range from 400 to 1000 nm and a spectral resolution of up to 2.8 nm.	200 - 400 per class 4 classes I) healthy, II) Cercospora leaf spot, III) powdery mildew, IV) sugar beet rust	RELIEF-F algorithm (Robnik-Šikonja & Kononenko, 2003) Spectral vegetation indices (SVIs)	balanced classification accuracy: 89%, 92%, 87%, 85%,	A.-K. Mahlein et al. Development of spectral indices for detecting and identifying plant diseases / Remote Sensing of Environment 128 (2013) 21–30
25 plants	1 disease to plant	RGB images	open DB of 87,848 images, containing 25 different plants in a set of 58 distinct classes of [plant, disease] combinations, including healthy plants.	(i) AlexNet, (ii) AlexNetOWTBn (iii) GoogLeNet (iv) Overfeat (v) VGG	The classification success rate of 99.53%	Konstantinos P. Ferentinis, 2018. Deep learning models for plant disease detection and diagnosis. Computers and Electronics in Agriculture 145 (2018) 311–318.

Examples of Open Datasets

Species	Problem	Optical technique	Dataset	IP Algorithm	Metrics	Reference
Citrus leaves	Huanglong bing (greening)	mid-infrared spectra in the range of 5.15–10.72 μm (1942–933 cm^{-1}) with 0.04 μm resolution.	Orange leaves (~300 samples) 3 classes: healthy, nutrient-deficient and HLB-infected leaves	1.PSA 2. quadratic discriminant analysis (QDA) 3. k-nearest neighbors (kNN)	average classification accuracy 87-98%	S. Sankaran et al. Mid-infrared spectroscopy for detection of Huanglongbing (greening) in citrus leaves / Talanta 83 (2010) 574–581

Dataset фенотипа кукурузы

Два архива изображений 360 GB и 123 GB от четырех типов камер: RGB, гиперспектральных, флуоресцентных, тепловизионных ИК.)

./Maize_diversity_iplant.tar.gz:

Файл изображения разнообразия кукурузы, содержащий **32 инбредных генотипа**.

Структура данных - это идентификатор генотипа (1-32).

-> Идентификатор растения (**пять копий каждого генотипа**)

-> Изображения, снятые каждым типом камеры

(2 вида сбоку + 1 вид сверху для флуоресцентных (флуоресцентных), тепловизионных ИК (ИК) и RGB-камер (VIS); 1 вид сбоку для гиперспектральной камеры (HYP))

-> Отдельное изображение, снятое за отдельный день

(Гиперспектральные изображения хранятся в папке каждого дня для 243 каналов, 0_0_0.png и 1_0_0.png: информация о гиперспектральном изображении в каждый конкретный день и не используется для анализа.)

./Maize_diversity_ground_truth.txt

Условие для эксперимента minim-B73 задано следующим образом:

1. до DAP 10 и засушливые, и контрольные горшки поддерживались при 5400 г;

2. после DAP 10 контрольные горшки все еще поддерживали поливом до 5400 г, в то время как воду в засушливые горшки не добавляли.

./minimaize_iplant.tar.gz

Файл изображения содержит кукурузу B73 и минимизируется в условиях засухи и нормального полива. Структура данных -> ID генотипа (B73 и минимизации)

-> Идентификатор растения (сорок копий каждого генотипа)

-> Изображения, снятые каждым типом камеры

(2 вида сбоку + 1 вид сверху для флуоресцентных (флуоресцентных), тепловизионных ИК (ИК) и RGB-камер (VIS); 1 вид сбоку для гиперспектральной камеры (HYP))

-> Отдельное изображение, полученное в течение отдельного дня (гиперспектральные изображения хранятся в папке каждого дня для 243 каналов, 0_0_0.png и 1_0_0.png: информация о гиперспектральном изображении в каждый конкретный день.)

./minimaize_water_use.txt

Ежедневно регистрируется вес горшка для каждого растения до и после полива, а также объем воды, потребляемой за день. «-1» означает, что система не записывает никаких данных.

./minimaize_date-to-dap.txt

Фактическая дата изображения и соответствующий день записи изображения и дни после посадки.

Примечание: изображение после DAP46 (день 28) бесполезно, поскольку большинство растений было удалено.

Открытое Программное Обеспечение

<https://www.quantitative-plant.org/software> - различные графические программные средства для работы с изображениями растений (**Plant Image Analysis - открытая база данных для программных средств анализа изображений растений**)

<https://github.com/Emmarex/naijahacks-fort-API> - Api Обнаружения Болезней Растений

<https://github.com/2052sagar/PlantDiseaseDetection> - Plant Disease Detection

<https://github.com/sumanismscse/Plant-Disease-Identification-using-CNN> - Идентификация болезней растений с помощью CNN

https://github.com/znreza/image_processing_for_plant_disease - Обработка изображений и извлечение признаков для обнаружения болезней растений из изображений стеблей

<https://github.com/muskan1998/PlantDiseaseDetection> - Plant Disease Detection

https://github.com/IsraelAbebe/plant_disease_experiments - Обнаружение болезней растений с помощью глубокого обучения

https://github.com/bkley/nplant_diseases - Классификация болезней растений

<https://github.com/Maitreyapatel/plant-diseases-website> - не уверен

<https://github.com/cnpmjs.org/ZoraizQ/agriscan> - обнаружение и отслеживание местоположения болезни TYLCV путем отправки изображения листа в веб-чат

<https://github.com/abhinavsagar/plant-disease> - Об И использовании Трансфертного Обучения Для Выявления Болезней Растений

<https://github.com/PuneethReddyHC/leaf-diseases-predition> - прогнозирование болезни растений (с интерфейсом)

https://github.com/rupeish/plant_disease_classification - Классификация Болезней Растений (с интерфейсом)

https://github.com/Praneet9/Plant_Monitor - Система глубокого обучения для обнаружения нарушений в растениях томатов

<https://github.com/sarraRoza/apdm-predictor> - это модуль, написанный на Python для прогнозирования болезней растений, фузариоза и фитофтороза картофеля

<https://github.com/daorse/PlantDiseaseNN> - Анализ набора данных и оптимизация моделей CNN для классификации болезней растений

https://github.com/sfczekalski/plant_pathology - Сборка классификатора для распознавания болезней на изображениях листьев яблони

<https://github.com/esgario/lara2018/> - Глубокое обучение для классификации и оценки тяжести биотического стресса кофейных листьев

<https://github.com/abdullahselek/plant-disease-classification> - Классификация болезней на различных растениях с использованием машинного обучения и сверточных нейронных сетей

Предварительное исследование

Описание базы данных

База данных изображений больных и здоровых листьев томатов

взята из открытого источника [PlantVillage](https://tensorflow.google.cn/datasets/catalog/plant_village?hl=en)

(https://tensorflow.google.cn/datasets/catalog/plant_village?hl=en)

Включает 6000 изображений, которые подразделяются на 6 классов.

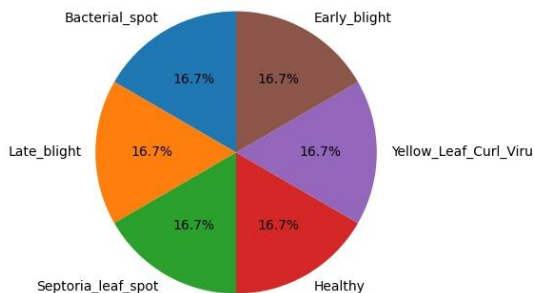


Рис. 1. Классы изображений в PlantVillage



Рис. 2. Лист томата, пораженный ранней гнилью (Early blight)

Текстурные признаки

Grey Level Co-occurrence Matrix – матрица в которой каждый элемент представляет собой вероятность

$$P(i, j, d, \varphi),$$

где i и j – яркости соседних точек на изображении, расположенных на расстоянии d друг от друга, при угловом направлении φ .

Из GLCM извлекаются текстурные признаки.

Корреляция. Измеряет линейную зависимость интенсивностей пикселей относительно друг друга.

$$\text{корреляция} = \sum_{i,j} P_{ij} * \frac{(i - \mu_i) * (j - \mu_j)}{\sigma_i * \sigma_j} \quad (1)$$

$$\mu_i = \sum_{i,j} i * P_{ij}, \quad \mu_j = \sum_{i,j} j * P_{ij} \quad (2)$$

$$\sigma_i^2 = \sum_{i,j} P_{ij} * (i - \mu_i)^2, \quad \sigma_j^2 = \sum_{i,j} P_{ij} * (j - \mu_j)^2 \quad (3)$$

Энергия. Измеряет текстурную однородность.

$$\text{энергия} = \sqrt{\sum_{i,j} P_{ij}^2} \quad (4)$$

Энтропия. Измеряет беспорядок или сложность изображения.

$$\text{энтропия} = \sum_{i,j} P_{ij} * (-\ln P_{ij}) \quad (5)$$

Контраст. Определяет локальные изменения интенсивности.

$$\text{контраст} = \sum_{i,j} P_{ij} * (i - j)^2 \quad (6)$$

Однородность. Измеряет близость распределения элементов GLCM к диагонали.

$$\text{однородность} = \sum_{i,j} \frac{P_{ij}}{1 + (i - j)^2} \quad (7)$$

Метрики качества алгоритмов классификации

При сбалансированных данных:

$$Accuracy = \frac{N_{correct}}{N_{total}}$$

$N_{correct}$ - число верных предсказаний алгоритма

N_{total} - число объектов в тестовой выборке

При несбалансированных данных:

$$Precision = \frac{TP}{TP+FP} \quad Recall = \frac{TP}{TP+FN} \quad F-score = \frac{2*Precision * Recall}{Precision + Recall}$$

TP - число верных предсказаний

FP - число ложноположительных предсказаний

FN - число ложноотрицательных.

Исследование глобальных статистических признаков

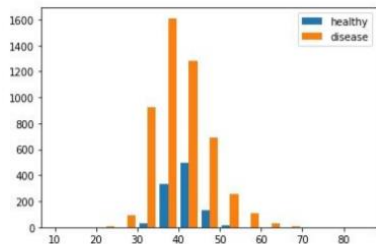


Рисунок 1. Гистограмма признака «mean»

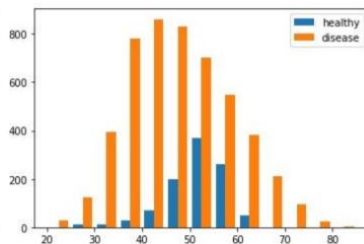


Рисунок 2. Гистограмма признака «std»

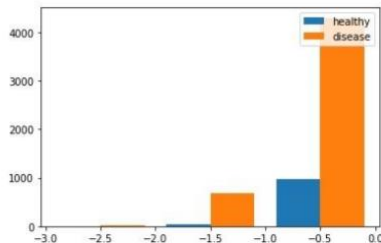


Рисунок 3. Гистограмма признака «min»

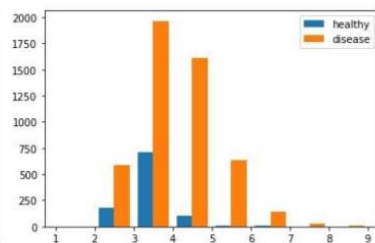


Рисунок 4. Гистограмма признака «max»

Можно ли разделить растения на здоровые и больные с помощью глобальных статистических признаков?

Признаки: *mean*, *std*, *min*, *max*

Для решения задачи «бинарной» классификации воспользуемся информацией из гистограмм.

Используя пороги, отсекаем долю больных растений.

Результаты обнаружения:

Precision = 95.64 %

Recall = 63.79 %

F-score = 76.54 %

Исследование глобальных текстурных признаков

Можно ли разделить растения на здоровые и больные с помощью GLCM-матрицы всего изображения?

В качестве решающего признака было предложено использовать косинус угла между GLCM матрицей классифицируемого изображения и средней GLCM-матрицей всех здоровых растений.

Для каждого класса больных растений вычислен средний вектор

$$V_{\text{ср.}d,\varphi} = GLCM_{\text{ср.}}(d, \varphi)$$

и найден

$$\cos(V_{\text{ср.}d,\varphi}, GLCM_{\text{ср.здор.}d,\varphi})$$

для каждого d и φ :

$$d = \{1, 2, 4\}, \quad \varphi = \{0, \frac{\pi}{4}, \frac{\pi}{2}, \frac{3\pi}{4}\}$$

$GLCM_{\text{ср.здор.}d,\varphi}$ - средняя GLCM всех здоровых растений при заданных d и φ

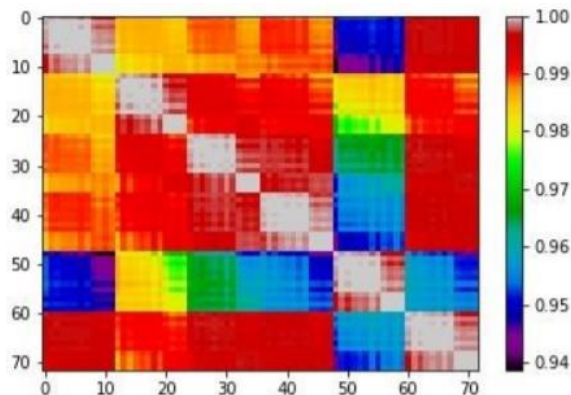


Рисунок 5. Значение косинусов между средними векторами всех классов

Описание вектора локальных признаков

Размер маски 17x17

Для анализа участков изображений под маской инструмента выбран следующий вектор признаков:

$$features = [STAT, HIST, GLCM]$$

- Локальные статистические признаки

$$STAT = \left[\frac{mean}{mean^*}, \frac{std}{std^*}, \frac{max - mean}{std^*}, \frac{mean - min}{std^*} \right],$$

$mean^*$ и std^* - посчитаны для всей тренировочной выборки

- Нормированная гистограмма квантованного изображения

$$HIST = Norm(Q[0, mean - std, mean, mean + std, 255]),$$

- Текстурные признаки

$$GLCM = [contrast, homogeneity, energy, correlation, entropy]$$

$$d = \{1, 2, 4\}, \quad \varphi = \{0, \frac{\pi}{4}, \frac{\pi}{2}, \frac{3\pi}{4}\}$$

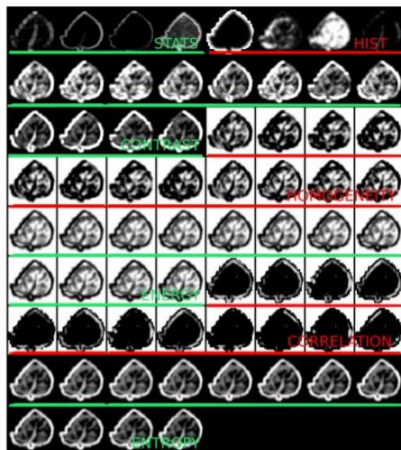


Рисунок 6. Исходное изображение и вектор изображений *features* для здорового листа

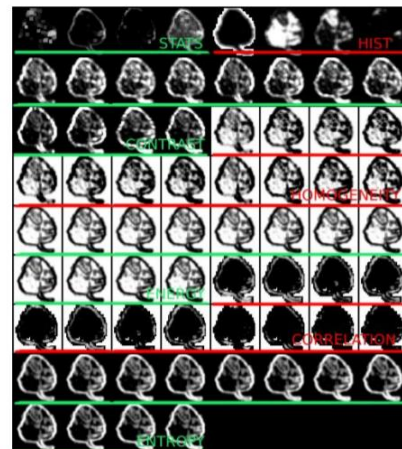


Рисунок 7. Исходное изображение и вектор изображений *features* для больного Bacterial spot листа

Классификация

Классификаторы:

- дерево решений DTC
- случайный лес RF
- мультиклассовый метод опорных векторов MSVM
- метод k-ближайших соседей KNN
- Одноуровневый персептрон 1 layer MLP

Таблица 1. Параметры алгоритмов классификации

Название метода	Параметры для scikit-learn
DTC	random_state=0, splitter='best', criterion='entropy', max_depth=10
MSVM	gamma='auto', kernel='linear', C=5, shrinking=True
RF	max_depth=10, random_state=0, criterion='entropy', n_jobs=8, n_estimators=250
KNN	n_neighbors=11, n_jobs=8, metric='euclidean'
1 Layer MLP	activation='relu', batch_size='auto', hidden_layer_sizes=(200), learning_rate='constant', max_iter=10000, nesterovs_momentum=True, shuffle=True, solver='adam'

F-score на локальных признаках

Name	Feature vector	Standartize data	Tomato Bacterial Spot	Tomato Early blight	Tomato Late blight	Tomato Septoria leaf spot	Tomato Yellow Leaf Curl Virus	Tomato healthy	Average F-Score
Decision Tree	FEATURE	Y	0.71	0.44	0.49	0.42	0.72	0.80	0.60
	FEATURE	N	0.70	0.43	0.50	0.41	0.72	0.79	0.59
	STAT	Y	0.57	0.41	0.43	0.40	0.67	0.58	0.51
	STAT	N	0.59	0.39	0.41	0.39	0.65	0.58	0.50
	STAT+HIST	Y	0.63	0.41	0.43	0.43	0.65	0.64	0.53
	STAT+HIST	N	0.62	0.40	0.44	0.46	0.66	0.64	0.54
	GLCM	Y	0.67	0.36	0.42	0.41	0.56	0.79	0.54
	GLCM	N	0.66	0.36	0.42	0.40	0.57	0.79	0.53
Support Vector Machine	FEATURE	Y	0.85	0.60	0.65	0.69	0.87	0.92	0.76
	FEATURE	N	0.75	0.52	0.55	0.58	0.78	0.86	0.67
	STAT	Y	0.58	0.34	0.43	0.31	0.62	0.28	0.43
	STAT	N	0.55	0.37	0.47	0.31	0.59	0.27	0.43
	STAT+HIST	Y	0.67	0.47	0.47	0.42	0.73	0.65	0.57
	STAT+HIST	N	0.65	0.44	0.47	0.18	0.62	0.64	0.50
	GLCM	Y	0.79	0.52	0.58	0.60	0.80	0.89	0.70
	GLCM	N	0.74	0.43	0.54	0.46	0.68	0.82	0.61
Random Forest	FEATURE	Y	0.79	0.53	0.57	0.57	0.81	0.88	0.69
	FEATURE	N	0.79	0.52	0.59	0.57	0.80	0.88	0.69
	STAT	Y	0.69	0.44	0.49	0.45	0.76	0.65	0.58
	STAT	N	0.68	0.44	0.49	0.46	0.76	0.65	0.58
	STAT+HIST	Y	0.71	0.50	0.55	0.53	0.76	0.73	0.63
	STAT+HIST	N	0.71	0.50	0.54	0.53	0.77	0.73	0.63
	GLCM	Y	0.77	0.46	0.56	0.51	0.70	0.85	0.64
	GLCM	N	0.77	0.45	0.56	0.52	0.70	0.85	0.64
K Nearest Neighbors	FEATURE	Y	0.73	0.53	0.53	0.51	0.79	0.86	0.66
	FEATURE	N	0.73	0.50	0.53	0.48	0.76	0.82	0.64
	STAT	Y	0.65	0.44	0.46	0.37	0.76	0.63	0.55
	STAT	N	0.61	0.43	0.42	0.35	0.71	0.64	0.53
	STAT+HIST	Y	0.71	0.45	0.54	0.46	0.74	0.73	0.60
	STAT+HIST	N	0.68	0.44	0.52	0.43	0.70	0.73	0.58
	GLCM	Y	0.71	0.46	0.50	0.42	0.72	0.84	0.61
	GLCM	N	0.69	0.43	0.51	0.43	0.67	0.79	0.59
1 Layer MLP	FEATURE	Y	0.89	0.73	0.77	0.76	0.95	0.94	0.84
	FEATURE	N	0.91	0.72	0.77	0.77	0.94	0.95	0.84
	STAT	Y	0.69	0.47	0.53	0.44	0.79	0.69	0.60
	STAT	N	0.70	0.48	0.51	0.43	0.79	0.69	0.60
	STAT+HIST	Y	0.79	0.59	0.66	0.60	0.88	0.81	0.72
	STAT+HIST	N	0.77	0.57	0.64	0.60	0.88	0.81	0.71
	GLCM	Y	0.88	0.62	0.66	0.71	0.84	0.92	0.77
	GLCM	N	0.86	0.55	0.64	0.63	0.81	0.91	0.73

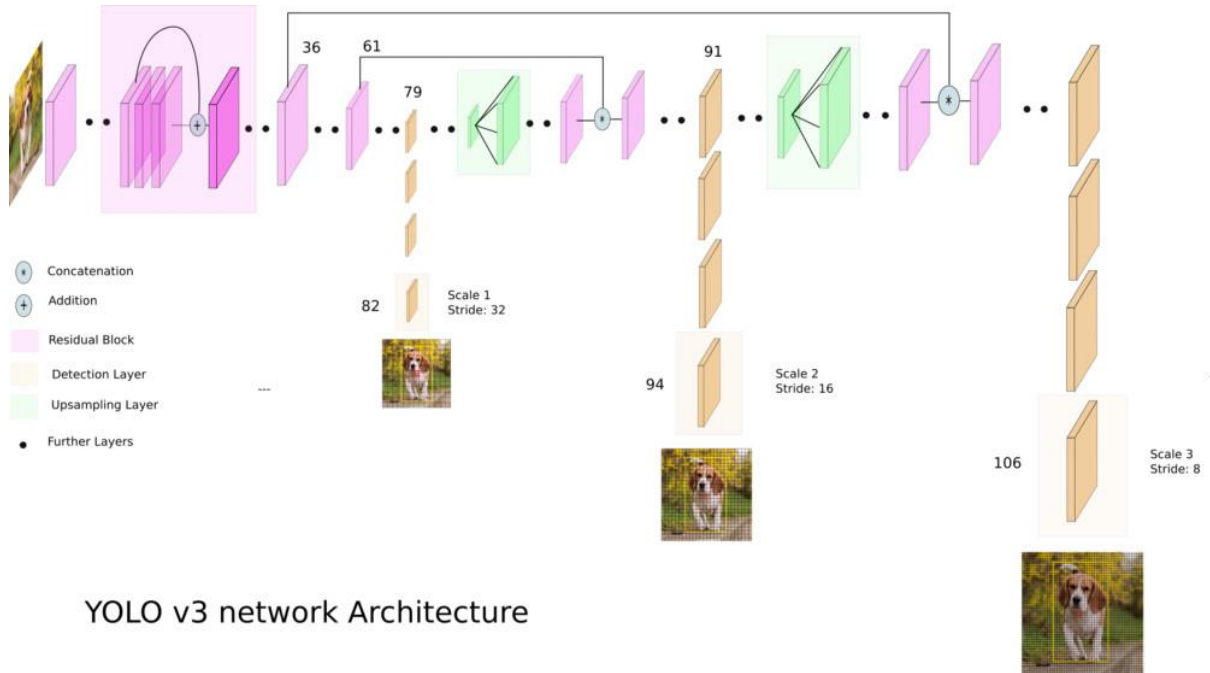
F-Score на глобальных признаках

Name	Feature vector	Standartize data	Tomato Bacterial Spot	Tomato Early blight	Tomato Late blight	Tomato Septoria leaf spot	Tomato Yellow Leaf Curl Virus	Tomato healthy	Average F-Score
Decision Tree	FEATURE	Y	0.67	0.38	0.49	0.43	0.61	0.74	0.55
	FEATURE	N	0.68	0.37	0.52	0.45	0.66	0.75	0.57
	STAT	Y	0.59	0.28	0.33	0.16	0.40	0.53	0.38
	STAT	N	0.56	0.25	0.36	0.17	0.41	0.53	0.38
	STAT+HIST	Y	0.59	0.37	0.41	0.40	0.58	0.60	0.49
	STAT+HIST	N	0.59	0.37	0.41	0.41	0.56	0.62	0.49
	GLCM	Y	0.67	0.38	0.39	0.38	0.67	0.73	0.54
	GLCM	N	0.68	0.40	0.44	0.38	0.66	0.75	0.55
Support Vector Machine	FEATURE	Y	0.83	0.59	0.62	0.68	0.91	0.91	0.76
	FEATURE	N	0.74	0.53	0.51	0.58	0.74	0.86	0.66
	STAT	Y	0.59	0.32	0.38	0.21	0.32	0.38	0.36
	STAT	N	0.59	0.32	0.38	0.21	0.32	0.38	0.37
	STAT+HIST	Y	0.60	0.40	0.38	0.35	0.39	0.53	0.44
	STAT+HIST	N	0.62	0.39	0.39	0.33	0.39	0.52	0.44
	GLCM	Y	0.78	0.56	0.56	0.65	0.84	0.89	0.71
	GLCM	N	0.72	0.48	0.54	0.52	0.75	0.80	0.63
Random Forest	FEATURE	Y	0.75	0.49	0.58	0.53	0.76	0.85	0.66
	FEATURE	N	0.76	0.49	0.58	0.53	0.77	0.85	0.66
	STAT	Y	0.62	0.33	0.40	0.22	0.50	0.58	0.44
	STAT	N	0.63	0.33	0.40	0.21	0.50	0.58	0.44
	STAT+HIST	Y	0.70	0.43	0.49	0.47	0.65	0.68	0.57
	STAT+HIST	N	0.70	0.41	0.49	0.49	0.64	0.69	0.57
	GLCM	Y	0.74	0.48	0.56	0.49	0.75	0.84	0.65
	GLCM	N	0.75	0.48	0.58	0.50	0.75	0.85	0.65
K Nearest Neighbors	FEATURE	Y	0.72	0.48	0.52	0.48	0.76	0.82	0.63
	FEATURE	N	0.65	0.45	0.48	0.37	0.69	0.77	0.57
	STAT	Y	0.57	0.30	0.36	0.23	0.39	0.57	0.40
	STAT	N	0.59	0.28	0.39	0.23	0.44	0.57	0.42
	STAT+HIST	Y	0.62	0.41	0.46	0.42	0.62	0.67	0.53
	STAT+HIST	N	0.60	0.40	0.44	0.37	0.59	0.64	0.51
	GLCM	Y	0.70	0.44	0.52	0.44	0.74	0.82	0.61
	GLCM	N	0.67	0.46	0.51	0.38	0.68	0.77	0.58
1 Layer MLP	FEATURE	Y	0.87	0.67	0.73	0.74	0.92	0.95	0.81
	FEATURE	N	0.85	0.64	0.73	0.71	0.92	0.94	0.80
	STAT	Y	0.65	0.38	0.44	0.24	0.53	0.60	0.47
	STAT	N	0.65	0.37	0.45	0.19	0.53	0.59	0.46
	STAT+HIST	Y	0.71	0.49	0.52	0.50	0.69	0.74	0.61
	STAT+HIST	N	0.69	0.49	0.53	0.50	0.72	0.74	0.61
	GLCM	Y	0.86	0.60	0.70	0.72	0.90	0.93	0.79
	GLCM	N	0.84	0.60	0.67	0.68	0.91	0.93	0.77

Precision, Recall, F-Score для задачи обнаружения болезни на основе локальных и глобальных признаков

Name	Feature vector	Standardize data	Local			Global		
			Precision	Recall	F-Score	Precision	Recall	F-Score
Decision Tree	FEATURE	Y	0.96	0.96	0.96	0.96	0.96	0.96
	FEATURE	N	0.96	0.96	0.96	0.96	0.96	0.96
	STAT	Y	0.91	0.93	0.92	0.89	0.91	0.90
	STAT	N	0.90	0.92	0.91	0.90	0.93	0.91
	STAT+HIST	Y	0.90	0.95	0.92	0.91	0.94	0.93
	STAT+HIST	N	0.90	0.95	0.93	0.91	0.95	0.93
	GLCM	Y	0.95	0.96	0.96	0.96	0.95	0.95
	GLCM	N	0.95	0.97	0.96	0.96	0.95	0.96
Support Vector Machine	FEATURE	Y	0.97	0.98	0.98	0.99	0.98	0.99
	FEATURE	N	0.95	0.98	0.96	0.96	0.98	0.97
	STAT	Y	0.83	1.00	0.91	0.83	1.00	0.91
	STAT	N	0.83	1.00	0.91	0.83	1.00	0.91
	STAT+HIST	Y	0.83	1.00	0.91	0.86	0.99	0.92
	STAT+HIST	N	0.83	1.00	0.91	0.86	1.00	0.92
	GLCM	Y	0.97	0.98	0.98	0.97	0.98	0.97
	GLCM	N	0.95	0.98	0.96	0.94	0.97	0.95
Random Forest	FEATURE	Y	0.97	0.98	0.98	0.96	0.98	0.97
	FEATURE	N	0.97	0.99	0.98	0.96	0.99	0.97
	STAT	Y	0.89	0.97	0.93	0.88	0.95	0.92
	STAT	N	0.89	0.97	0.93	0.88	0.95	0.92
	STAT+HIST	Y	0.91	0.99	0.95	0.91	0.97	0.94
	STAT+HIST	N	0.91	0.98	0.95	0.91	0.97	0.94
	GLCM	Y	0.96	0.98	0.97	0.95	0.98	0.97
	GLCM	N	0.96	0.98	0.97	0.95	0.98	0.97
K Nearest Neighbors	FEATURE	Y	0.97	0.97	0.97	0.96	0.97	0.96
	FEATURE	N	0.96	0.97	0.96	0.95	0.97	0.96
	STAT	Y	0.91	0.95	0.93	0.89	0.94	0.91
	STAT	N	0.91	0.95	0.93	0.88	0.93	0.91
	STAT+HIST	Y	0.94	0.95	0.94	0.92	0.95	0.94
	STAT+HIST	N	0.94	0.96	0.95	0.91	0.94	0.93
	GLCM	Y	0.96	0.98	0.97	0.96	0.97	0.97
	GLCM	N	0.95	0.98	0.96	0.95	0.96	0.96
1 Layer MLP	FEATURE	Y	0.99	0.98	0.99	0.99	0.98	0.99
	FEATURE	N	0.99	0.99	0.99	0.98	0.99	0.99
	STAT	Y	0.92	0.96	0.94	0.90	0.94	0.92
	STAT	N	0.91	0.96	0.93	0.89	0.95	0.92
	STAT+HIST	Y	0.96	0.96	0.96	0.94	0.96	0.95
	STAT+HIST	N	0.96	0.96	0.96	0.93	0.96	0.94
	GLCM	Y	0.98	0.99	0.99	0.99	0.98	0.99
	GLCM	N	0.98	0.98	0.98	0.99	0.98	0.99

Эксперименты по детектированию аномалий с YOLOv3



Additional Sources & References

1. Vijai Singh, et al. A review of imaging techniques for plant disease detection. Artificial Intelligence in Agriculture
(<http://www.keaipublishing.com/en/journals/artificial-intelligence-in-agriculture/>)
2. Карта Фенотипа Кукурузы (2 архива изображений 360 GB и 123 GB от четырех типов камер: RGB, гиперспектральных, флуоресцентных, тепловизионных ИК.)
https://datacommons.cyverse.org/browse/iplant/home/shared/commons_repo/curated/Liang_Schnable_UNLPlantVision_2017