

植物病害自動診断システムにおけるドメイン 適応の試み

NAGASAWA, Shunta / 長澤, 駿太

(出版者 / Publisher)

法政大学大学院理工学研究科

(雑誌名 / Journal or Publication Title)

法政大学大学院紀要. 理工学研究科編

(巻 / Volume)

63

(開始ページ / Start Page)

1

(終了ページ / End Page)

5

(発行年 / Year)

2022-03-24

(URL)

<https://doi.org/10.15002/00025385>

植物病害自動診断システムにおけるドメイン適応の試み

AN ATTEMPT AT DOMAIN ADAPTATION IN AUTOMATIC PLANT DISEASE DIAGNOSIS SYSTEMS

長澤駿太
Shunta NAGASAWA
指導教員 彌富仁

法政大学大学院理工学研究科応用情報工学専攻修士課程

In the automatic diagnosis system of plant diseases, there is a problem that the classification performance of the data obtained in the same field as the training data is high, but that of the data in the field not used for training is greatly reduced. The reason for this is that images taken in the same environment often have similar backgrounds, disease appearance, etc., and the same photographic equipment is often used, so the system overfitting on information specific to these fields. In recent years, the field of domain adaptation has been studied in order to maintain the performance on such different training data and data obtained from different distributions. In this paper, we implemented one unsupervised domain adaptation method and two domain standardization methods in a practical setting for the task of automatic plant disease diagnosis, and compared and verified the results. The results showed that the domain adaptation method improved the performance of the task by a small amount, but did not lead to a significant improvement. We also checked whether the current automatic plant disease diagnosis system has the information of the field where the images were taken, and investigated how much the current model depends on the information of the field. From the experiments, it was confirmed that the current disease classification model has a lot of field information and may be using the field information for disease classification.

Keywords : *Automated Plant Diagnosis, Domain Adaptation, Deep Learning*

1. はじめに

植物病害による被害を抑えることは、世界の食料需要と農業生産性の両立をするために重要であり、安価かつ、高速な機械学習を用いた植物病害自動診断システムの研究が多く行われている。病害診断の際、植物の葉は診断に使用される一般的な部位であり、葉画像を用いた植物病害の自動診断は広く研究され、多くの提案が convolutional neural networks(CNN)[1] やそれに関連するモデルに基づくアプローチを使用して有望な結果を達成している。先駆的な研究として、川崎ら [2] は実際の農場で撮影されたキュウリ葉の画像を使用して 3 クラス (2 種の病害と健全) 分類をするための 3 層の CNN による識別器を提案し、さまざまな撮影状況や複雑な背景のもとで 94.9% の平均精度が報告されている。また、藤田ら [3] によって、病害の初期症状や撮影条件の悪い画像などの実用的なデータを含めた識別器が開発され、キュウリ葉 8 クラス (病害 7 クラスと健全) の診断において平均識別精度は 82.3% を達成した。しかし、これらの研究は数値上素晴らしい結果を残しているが、学習に用いた環境とは異なる環境で撮影された未知のデータでの診断を行う場合に、学習時の精度と比べ診断のパフォーマンスが大幅に低下する問題が確認されている。Mohanty ら [4] は PlantVillage データセットに対して背景が均一な植物葉の画像を使用し、99.3% の分類精度を達成した。し

かし、異なる環境で撮影された画像で診断を行った場合、識別精度は約 31% に低下したことも指摘している。こういった圃場の違いによる分類性能の差は、撮影機器の違いや背景部分など様々な要因があると考えられる。

近年では学習に使用していない未知の圃場のデータに対しても高い分類性能を出すために多くの研究がおこなわれており、犀川ら [5] は識別機に入力する際に圃場の差を顕著に表していると考えられていた背景を消す処理を行う、anti over-fitting pre-treatment(AOP) を提案した。AOP 適応後の病害分類では f1-score が 52.5% であり、適応前と比較して 12.2% の向上が確認された。また、澁谷ら [6] は複数の作物に対して AOP を入れた実験を行った結果、画像を高画質にすることで AOP の有無による分類性能の変化がなくなることを報告している。しかし、これらの研究はそれぞれ若干の分類性能の向上を達成しているものの、まだ圃場の違いによる性能の乖離は大きく本質的な改善には至っていない。

機械学習の分野にドメイン適応という分野が存在する [7]。基本的に機械学習の分野では学習データと評価データが同じ分布に従うことを想定しているが、現実のデータでは同じ分布から得られることは少なく、こういった分布の違いは評価時に大幅な性能の低下につながる。ドメイン適応はこういった学習データと評価データが同じ分布に従わないときに、評価データに対しても高い性能で予測をすることを目標とした分野である。植物病害自

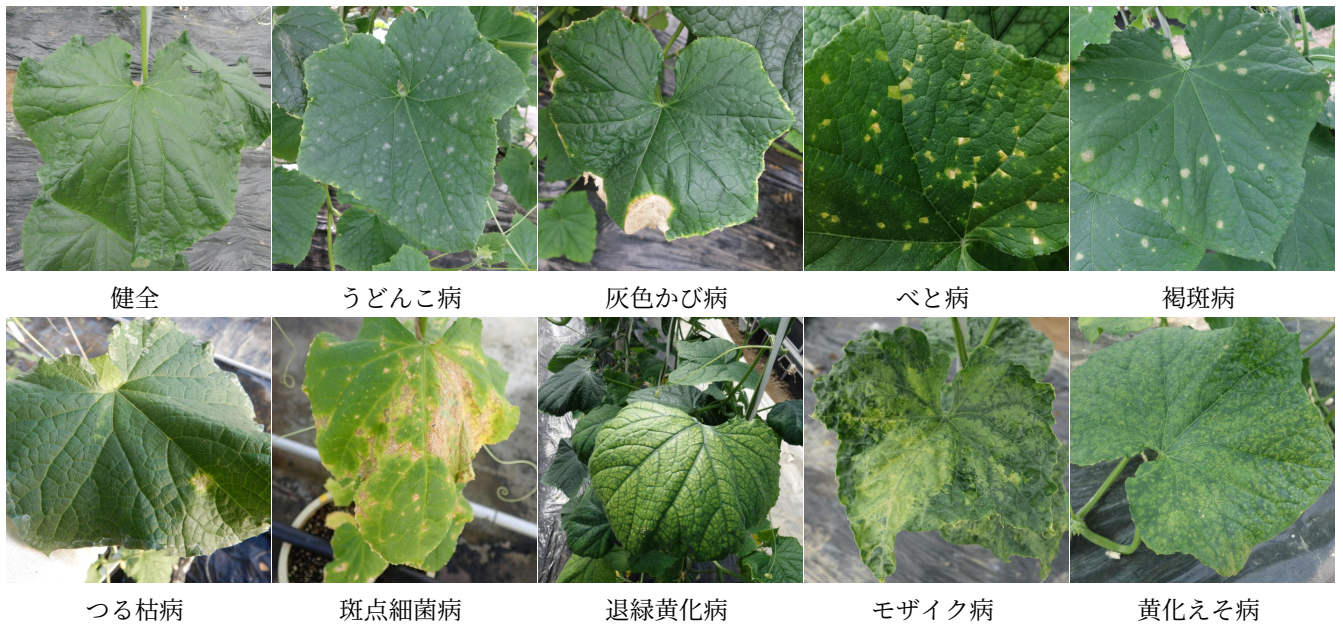


Figure 1 実験に使用したキュウリ葉の画像例

動診断の問題点とドメイン適応の目的はほとんど一致しており、撮影圃場をドメインとみなすことで、ドメイン適応の手法による性能向上が期待できる。ドメイン適応は様々な学習条件からタスクの細分化ができ、植物病害のタスクに実用的なものとしては教師なしドメイン適応とドメイン標準化の2つが挙げられる。この教師なしドメイン適応は学習とは異なる分布から得られた評価データをラベルなしで学習に使用できるタスクで、ドメイン標準化は学習データが複数の分布から得られており、それとは異なる分布から得られた評価データで評価を行うタスクである。そこで本研究ではより教師なしドメイン適応の手法1つとドメイン標準化の手法を2つ実装し、植物病害自動診断のタスクに適用する。ドメイン適応の手法も用いることで学習データと評価データの分類性能の差を抑えることを目標とし、比較と検証を行う。

2. 方法

本研究では、ドメイン適応の手法を用いて植物病害自動診断システムの性能向上を図る。そのため、教師なしドメイン適応の手法である domain adversarial neural networks(DAN)[8] とドメイン標準化の手法である multisource domain adversarial networks(MDAN)[9], jigsaw puzzle based Generalization(JiGen)[10] の3つの実装を行い、通常の学習モデルとの比較を行う。

(1) DAN

DAN は敵対的学習を用いた教師なしドメイン適応の手法である。DAN は画像から特徴抽出を行うエンコーダ G_f とエンコーダから得られた特徴から目的タスクの分類を行う G_y 、同様に画像特徴からドメインの分類、つまり学習データの分布の画像かそれとは異なる分布かの分類を行う G_d から構成されている。今回の実験では G_y は病害分類を行っている。それぞれ G_y と G_d は病害分類とドメインの分類ができるように学習を行い、エン

コーダ G_f はドメインを分類できないように、かつ病害を分類できるように学習を行う。この学習を行うことで評価データと学習データの分布差をなくし、評価データに対しても学習データに近い性能が期待できる。

(2) MDAN

MDAN は DAN と同様に敵対的学習を用いたドメイン標準化の手法である。MDAN の構成はほぼ DAN と似ており、画像から特徴抽出を行うエンコーダ G_f とエンコーダから得られた特徴から目的タスクの分類を行う G_y 、同様に画像特徴からドメインの分類、つまり学習データの複数の分布のうち、どの分布に属する画像かの分類を行う G_{di} から構成されている。ここで DAN と大きく異なる点はドメイン分類の部分であり、MDAN はそのドメイン数分のドメイン分類器を用意し、それぞれがそのドメインか否かの2値分類を行うモデルとなっている。MDAN ではそれぞれ G_y と G_{di} が病害分類とドメインの分類ができるように学習を行い、エンコーダ G_f がどのドメインの画像かわからないように、かつ病害を分類できるように学習を行う。この学習を行うことで、画像特徴抽出器が病害分類を行うための情報を保持しつつ、ドメインを見分けられない情報を抽出し、ドメインバイアスを除去することが可能になる。本研究ではパラメータ削減のため、ドメインの二値分類器を複数用意するのではなく、1つのドメイン分類器で多クラス分類を行うように変更した。

(3) JiGen

JiGen はドメインに関連しない補助タスクを目的のタスクと同時に解くことで、ドメインバイアスの除去を行いつつ、分類モデルの学習を行う手法である。JiGen では補助タスクとして自己教師あり学習の jigsaw のタスク [11] を行っている。jigsaw では入力する画像をパッチ分割し、ランダムにシャッフルして再構成した画像に対して、どのパッチがどの位置に移動したのかを予測する

Table 1 キュウリのデータセットの概要

| 病気名圃場 | 学習データ | | 評価データ |
|------------|--------|-----|-------|
| | データ数 | 圃場数 | |
| 00_HEALTHY | 17,786 | 5 | 4,448 |
| 01_PM | 1,065 | 4 | 1,813 |
| 02_GM | 643 | 1 | 150 |
| 08_DM | 3,145 | 3 | 1,091 |
| 09_CLS | 5,041 | 4 | 1,806 |
| 17_GSB | 0 | 2 | 100 |
| 20_BS | 0 | 2 | 1,147 |
| 22_CCYV | 5,969 | 1 | 179 |
| 23_MD | 26,860 | 1 | 1,626 |
| 24_MYSV | 15,344 | 4 | 1,004 |

タスクである。

3. 実験

本論文では圃場の影響や、ドメイン適応による病害分類手法による影響を検証するために、以下の2つの実験を行った。

- 実験 I: 撮影圃場の差による乖離の調査
- 実験 II: ドメイン適応手法の比較

4. データセット

本研究では現在、我々の研究室が所持している中で最もデータ数が多く、複数の圃場から集められているキュウリの葉表のデータセットを使用する。Table 1 にデータセットの各クラスの枚数とそれぞれの圃場から得られたかを記した概要を、Fig. 1 に使用したデータセットの例を示す。このデータセットは農業技術センターの専門家によってアノテーションされており、9種類の病気(うどんこ病(01_PM), 灰色かび病(02_GM), ベト病(08_DM), 褐斑病(09_CLS), つる枯病(17_GSB), 斑点細菌病(20_BS), 退緑黄化病(23_CCYV), モザイク病(23_MD), 黄化えそ病(24_MYSV))と健全(00_HEALTHY)の計10クラスから構成されている。このデータセットのうち92,949枚をモデル学習用に、13,364枚をモデルの評価用に分割した。分割の際には、実用的な評価のために学習データと評価データの圃場が同じにならないようにしている。

(1) 実験 I: 撮影圃場の差による乖離の調査

この実験の目的は病害分類を学習したモデルから得られる特徴量がどれだけ圃場の情報を持っているかを明確にすることである。まず最初に学習データに対して、EfficientNet-B4[12]で構築した病害分類モデルで特徴量抽出を行う。次に得られた特徴量表現から単純な線形分類モデルであるロジスティック回帰[13]を使用して分類を行う。このとき学習データを9:1にロジスティック回帰の学習用と評価用に分割し、評価用データを用いてどれだけ分類できるかを確認する。単純な線形分類モデル

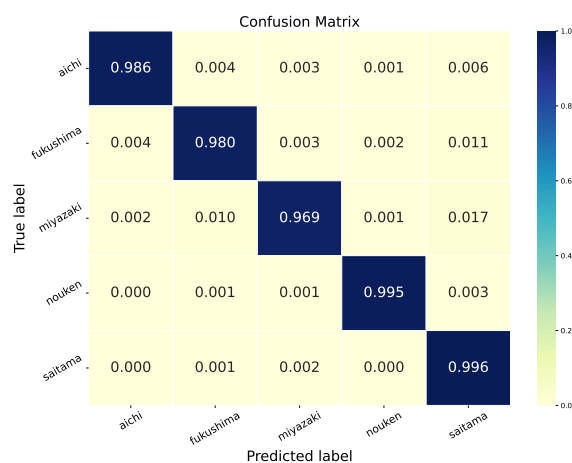


Figure 2 実験 I の混同行列

のロジスティック回帰で分類できた場合、それに使用したモデルは圃場の情報を多く持つことになり、圃場の情報を使って分類している可能性が考えられる。

(2) 実験 II: ドメイン適応手法の比較

この実験の目的は複数のドメイン適応の手法を用いて、植物病害自動診断システムのタスクを解くことで、全体の分類性能や各クラスの分類性能にどう影響を与えるか調査することである。今回はセクション 3.1 で紹介した3つの手法とドメイン適応の手法を使用しないベースラインの4つで比較を行う。以下に比較を行う4つのモデルの概要を示す。

- Baseline: 今回の実験のベースライン。モデルはEfficientNet-B4[12]を使用。
- DAN[8]: 敵対的学習を用いた教師なしドメイン適応の手法で、このモデルだけ評価データをラベルを使用せずに学習させている。評価データと学習データが判別できないように制約を加えることでドメインバイアスを取り除く。
- MDAN[9]: 敵対的学習を用いたドメイン標準化の手法。学習データ内の圃場を判別できないように学習を行うことで、ドメインバイアスを取り除く。
- JiGen[10]: ジグソーパズルを解く補助タスクを導入するドメイン標準化の手法。ドメインに依存しないサブタスクと同時に病害分類問題を解くことでドメインバイアスの影響を減らす。

この実験ではよりロバストな評価を行うために、2つのCNNモデルを使用して評価を行った。各クラスのスコアを比較していくことで、ドメイン適応の手法がどういったときに有効に働くのか、また植物病害自動診断システムのタスクで性能の改善に至るのかを検証した。

5. 結果および議論

(1) 実験 I: 撮影圃場の差による乖離の調査

病害分類モデルの特徴量から圃場を分類したときの混同行列を Fig. 2 に示す。混同行列からほぼ100%の

Table 2 実験 III の各クラスの F1 スコア (EfficientNet-B4)

| method | 00_HEALTHY | 01_PM | 02_GM | 08_DM | 09_CLS |
|----------|---------------|---------------|---------------|---------------|---------------|
| baseline | 0.7502 | 0.7840 | 0.0000 | 0.6320 | 0.7216 |
| DAN | 0.6337 | 0.6498 | 0.3390 | 0.7818 | 0.6874 |
| MDAN | 0.7394 | 0.8050 | 0.0621 | 0.6779 | 0.7576 |
| JiGen | 0.7539 | 0.7297 | 0.2111 | 0.7005 | 0.8220 |

| method | 17_GSB | 20_BS | 22_CCYV | 23_MD | 24_MYSV | macro-avg |
|----------|---------------|---------------|---------------|---------------|---------------|---------------|
| baseline | 0.2778 | 0.0042 | 0.6877 | 0.5644 | 0.6613 | 0.5083 |
| DAN | 0.1550 | 0.0062 | 0.3555 | 0.4300 | 0.5638 | 0.4601 |
| MDAN | 0.1575 | 0.0031 | 0.6634 | 0.5168 | 0.5698 | 0.4953 |
| JiGen | 0.1812 | 0.0016 | 0.6295 | 0.5632 | 0.6199 | 0.5213 |

近い精度で学習データ内の圃場の分類ができていることがわかる。病害分類モデルは学習データに対してはほぼ 100% に近い識別性能を出しているため、病害分類の際に圃場の情報も使用していることが考えられる。通常病害分類に特化したモデルの場合、圃場を分離できるような境界線はほとんど存在せず、低次元表現上では病害ごとに分離されていることが理想とされる。これらのことから条件付き確率のように、ある圃場のこの病害のような情報を学習している可能性が考えられる。そのため学習データにない圃場で評価を行うと学習データと異なり、圃場の情報を使用することができないため、識別性能が落ちる理由の一つであると言える。

(2) 実験 III: ドメイン適応手法の比較

EfficientNet-B4 を用いたときのベースラインとドメイン適応の手法を適用した時の病害分類の識別精度の比較結果を Table (2) に示す。Table (2) のマクロ平均の列から、ドメイン適応の手法の導入によって学習データと評価データのスコアの乖離の改善には至らなかった。また、予測できるクラスの傾向も大きな変化はなく、圃場数が少なくデータ数も少ないクラスはほとんど予測ができなかった。この原因として、クラスごとに圃場数が異なり、ドメイン適応の手法の効果が少なかったことが挙げられる。ほかには圃場が異なる場合に圃場ごとで病徴の出方が異なるといった原因も考えられる。これは植物を育てる際に、圃場ごとで環境が異なるため同じ病害でも少し違った病徴出ることや、異なる病害でも圃場が異なることで同じ病徴に見えることがある。前者は学習する際に、共通部分を学習することで汎化的なモデルができるが、後者は汎化性の高いモデルを作成する際には学習の妨げになる。今後の植物病害自動診断システムの性能を上げるためには各クラス複数の圃場からデータを集めることが最も有効だと考えられる。

6. まとめ

本論文では、植物病害自動診断システムの性能改善のためにドメイン適応の手法を複数導入し、比較と検証を

行った。結果としてドメイン適応の手法を導入しても、学習データと評価データの分類性能の乖離は改善せず、各クラスの精度の傾向も大きな変化はなかった。これはクラスによって得られた圃場数が少ないことや、圃場が異なることにより病徴が異なることが原因として考えられる。圃場数が少ないクラスのデータを収集することで、ドメイン適応による恩恵が多く受けられると考えられるため、今後はさらなるデータの収集や、1つのドメインのみを使用して学習する分野である single domain generalization の適用を検討していく。

7. 謝辞

本研究は JSPS 科研費 基盤研究(C)17K08033, (2017-2020) の助成を受けたものである。

参考文献

- [1] Y. LeCun, Y. Bengio, and G. Hinton, “Deep learning,” *nature*, vol. 521, no. 7553, pp. 436–444, 2015.
- [2] Y. Kawasaki, H. Uga, S. Kagiwada, and H. Iyatomi, “Basic study of automated diagnosis of viral plant diseases using convolutional neural networks,” in *International symposium on visual computing*, pp. 638–645, Springer, 2015.
- [3] E. Fujita, Y. Kawasaki, H. Uga, S. Kagiwada, and H. Iyatomi, “Basic investigation on a robust and practical plant diagnostic system,” in *2016 15th IEEE International Conference on Machine Learning and Applications (ICMLA)*, pp. 989–992, 2016.
- [4] S. P. Mohanty, D. P. Hughes, and M. Salathé, “Using deep learning for image-based plant disease detection,” *Frontiers in plant science*, vol. 7, p. 1419, 2016.
- [5] T. Saikawa, Q. H. Cap, S. Kagiwada, H. Uga, and

- H. Iyatomi, “Aop: an anti-overfitting pretreatment for practical image-based plant diagnosis,” in *2019 IEEE International Conference on Big Data (Big Data)*, pp. 5177–5182, IEEE, 2019.
- [6] S. Shibuya, Q. H. Cap, S. Nagasawa, S. Kagiwada, H. Uga, and H. Iyatomi, “Validation of prerequisites for correct performance evaluation of image-based plant disease diagnosis using reliable 221k images collected from actual fields,” in *AI for Agriculture and Food Systems*, 2021.
- [7] M. Wang and W. Deng, “Deep visual domain adaptation: A survey,” *Neurocomputing*, vol. 312, pp. 135–153, 2018.
- [8] Y. Ganin, E. Ustinova, H. Ajakan, P. Germain, H. Larochelle, F. Laviolette, M. Marchand, and V. Lempitsky, “Domain-adversarial training of neural networks,” *The journal of machine learning research*, vol. 17, no. 1, pp. 2096–2030, 2016.
- [9] H. Zhao, S. Zhang, G. Wu, J. M. Moura, J. P. Costeira, and G. J. Gordon, “Adversarial multiple source domain adaptation,” *Advances in neural information processing systems*, vol. 31, pp. 8559–8570, 2018.
- [10] F. M. Carlucci, A. D’Innocente, S. Bucci, B. Caputo, and T. Tommasi, “Domain generalization by solving jigsaw puzzles,” in *Proceedings of the IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, pp. 2229–2238, 2019.
- [11] M. Noroozi and P. Favaro, “Unsupervised learning of visual representations by solving jigsaw puzzles,” in *European conference on computer vision*, pp. 69–84, Springer, 2016.
- [12] M. Tan and Q. Le, “Efficientnet: Rethinking model scaling for convolutional neural networks,” in *International Conference on Machine Learning*, pp. 6105–6114, PMLR, 2019.
- [13] D. W. Hosmer Jr, S. Lemeshow, and R. X. Sturdivant, *Applied logistic regression*, vol. 398. John Wiley & Sons, 2013.