

DOI:10.13364/j.issn.1672-6510.20230200

数字出版日期: 2024-06-21; 数字出版网址: <http://link.cnki.net/urlid/12.1355.N.20240620.1627.012>

## 基于图像超分辨率预处理和二次迁移学习的水稻病害识别方法

杨巨成, 燕聪, 贾庆祥, 沈杰, 刘建征

(天津科技大学人工智能学院, 天津 300457)

**摘要:** 针对现有的深度学习模型在水稻叶片病害的识别中准确率较低的问题, 本文提出一种基于图像超分辨率预处理和二次迁移学习的水稻病害识别方法, 通过采用超分辨率重建技术, 可以获得更高质量的图像, 从而提升识别率; 通过使用二次迁移学习技术, 引入由 Inception 块构成的 AW 模块构建网络模型 AW-Net (add width modules to the network model), 该方法增加了模型的网络宽度, 可以有效缩小类内距离, 扩大类间距离, 实现了对水稻叶片病害区域特征的有效提取, 提升识别率。实验结果表明, 本文方法识别的准确率显著提升。

**关键词:** 图像超分辨率; 二次迁移学习; VGG16; inception 模块; 图像分类

中图分类号: TP391

文献标志码: A

文章编号: 1672-6510(2024)06-0066-09

## Rice Disease Recognition Model Based on Image Super-Resolution Processing and Two-Step Transfer Learning

YANG Jucheng, YAN Cong, JIA Qingxiang, SHEN Jie, LIU Jianzheng

(College of Artificial Intelligence, Tianjin University of Science & Technology, Tianjin 300457, China)

**Abstract:** Aiming at the problem that the existing deep learning model has low accuracy in the recognition of rice leaf diseases, in this article we propose a rice disease recognition method based on image super-resolution preprocessing and two-step transfer learning. With the use of super-resolution reconstruction technology, higher quality images can be obtained, thus improving the recognition rate. By using the two-step transfer learning technology, AW modules composed of Inception blocks is introduced to construct the network model AW-Net (Add width modules to the network model). This method increases the network width of the model, which can effectively reduce the intra-class distance, enlarge the inter-class distance, realize the effective extraction of the features of rice leaf disease regions and improve the recognition rate. The experimental results showed that the recognition accuracy of our proposed AW-Net model was significantly improved.

**Key words:** image super-resolution; two-step transfer learning; VGG16; inception module; image classification

**引文格式:**

杨巨成, 燕聪, 贾庆祥, 等. 基于图像超分辨率预处理和二次迁移学习的水稻病害识别方法[J]. 天津科技大学学报, 2024, 39(6): 66-74.

YANG J C, YAN C, JIA Q X, et al. Rice disease recognition model based on image super-resolution processing and two-step transfer learning[J]. Journal of Tianjin university of science & technology, 2024, 39(6): 66-74.

水稻是世界上主要的粮食作物之一, 然而水稻病害多样、分布广泛、传播性高以及危害性严重等特点导致每年因病害而造成的损失惊人。传统水稻叶片

病害的识别主要依赖于植物保护专家的经验, 根据病害特征进行人为判断。这种方法容易受制于个体经验、作物生长阶段和气候条件等多重因素, 从而难以

收稿日期: 2023-10-24; 修回日期: 2024-02-18

基金项目: 天津市科普项目(21KPHDR00170)

作者简介: 杨巨成(1980—), 男, 湖北天门人, 教授, [jcyang@tust.edu.cn](mailto:jcyang@tust.edu.cn)

达到高效和准确的识别。

随着计算机性能的大幅提升和计算机理论研究的不断深入,机器学习和图像处理技术都得到了极大的发展。机器学习在农作物病害识别领域的应用,使农作物病害识别方法取得了众多实质性的进展。传统机器学习算法已在水稻病害识别方面表现出相对较高的准确率,比如支持向量机、 $k$  均值聚类法、主成分分析和邻近聚类法等算法均有较好的表现。然而,这类算法需要人工提取病斑特征进行检测,且在很大程度上受研究人员主观因素影响。相较之下,深度学习算法能够自动地从大规模数据中提取特征信息,特别是在处理海量数据方面表现出显著优势,有效避免了人工提取特征信息而出现特征丢失的问题,同时也减少了数据预处理的步骤,缩短了农作物病害识别的时间<sup>[2]</sup>。由于深度学习技术在特征提取方面具有优势,国内外的研究学者利用其在水稻病害识别领域取得了众多实质性的进展,主要使用的网络模型有 LeNet<sup>[3]</sup>、AlexNet<sup>[4]</sup>、VGG<sup>[5]</sup>和 GoogLeNet<sup>[6]</sup>等。

水稻病害常见于稻叶的某一区域,有些叶片的染病部分仅仅是很小的一处,而且稻叶长而扁平的特征与其他常见作物叶片结构不同,不利于特征的提取。为了提高水稻叶片病害识别的准确率,本研究以迁移学习为基础,提出了一种以 VGG16 为骨干网络的水稻病害识别模型 AW-Net(add width modules to the network model)模型。使用二次迁移学习,使微调后的模型更适合在水稻叶片病害识别上进行应用。同时,为了使模型更好地对细小特征进行提取,在图像预处理阶段,使用图像超分辨率技术生成更高分辨率的图像。将 AW 模块嵌入 VGG16 网络模型,对水稻病害图像的显著性区域进行特征提取。AW 模块由 Inception 模块组成,充分利用模型的宽度和深度优势,进一步提高水稻病害识别分类的准确率。

## 1 相关工作

### 1.1 VGG16网络

VGG16 网络可分为 6 段,即 5 段卷积加 1 段全连接,其中 5 段卷积包含 13 个卷积层,1 段全连接是指网络最后的 3 个全连接层,因此 VGG16 网络总共有 16 层。5 段卷积用以提取低、中、高各层的图像特征,每一段有 2 或 3 个卷积层。为了增加网络的非线性、防止梯度消失、减少过拟合以及提高网络训练的速度,各卷积层后均采用 ReLU 激活函数。为了有利

于捕捉细节变化,获得更好的非线性效果并减少参数数量,每个卷积层均采用  $3 \times 3$  的卷积核,使网络结构更加简洁,在必要时  $3 \times 3$  卷积核的堆叠还可以替代  $5 \times 5$ 、 $7 \times 7$  等较大的卷积核。5 段卷积的尾部均连接一个最大池化层,该池化层采用  $2 \times 2$  的池化核,能够减小卷积层参数误差造成估计值均值的偏移,更容易捕捉图像和梯度的变化,有利于保留纹理等细节信息。VGG16 网络的最后一段是 3 个全连接层,全连接层中的每一个节点都与上一层每个节点连接,把前一层输出特征综合起来,起到分类器的作用。

VGG16 网络的深度为 16 层,这种较深的网络通过逐层抽象,能够不断学习由低到高各层的特征,具有更强的非线性表达能力,能表达更为丰富的特征,拟合更为复杂的输入特征。另外,VGG16 网络最开始采用 64 个  $3 \times 3$  卷积核,随着网络的加深,卷积核数量逐渐从 64 增加到 128、256、512,因此使其具有较大的网络宽度,宽度的增加能使网络各层学习到更为丰富的颜色、纹理等特征。

Rangarajan 等<sup>[7]</sup>利用包含 6 种不同类型番茄病害图像的数据集,分别在 AlexNet 和 VGG16 这两种卷积神经网络模型上进行训练,通过持续优化网络参数,最终模型识别的准确率达到 95%。樊湘鹏等<sup>[8]</sup>将 Faster-CNN 算法引入卷积神经网络,并通过适应性改进。实验对比结果表明,采用 VGG16 卷积层结构作为特征提取网络的识别框架,对涉及 9 种玉米病害的最终模型的平均识别准确率达到 97.23%。

### 1.2 迁移学习

迁移学习旨在将已有的知识从一个领域传递到不同但相关的领域中,其核心概念在于通过利用源领域的数据和模型,在目标领域中实现更优越的性能。迁移学习可以分为基于权重、特征选择和特征映射的 3 种策略。通过基于权重的迁移学习,源领域模型的权重可以被引入目标领域,随后进行微调,从而使模型适应新任务。在特征选择的方法中,共享的相关特征被选取,以训练目标领域的模型。基于特征映射的迁移学习则将源领域和目标领域的特征映射到共同的空间,以提高模型性能。迁移学习在数据稀缺的情况下具有广泛应用,如水稻病害识别。通过有效利用已有知识,迁移学习能够为解决实际问题,提供可靠的解决方案,将数据的价值最大化,并在不同领域间促进知识的传递与共享。

Sladojevic 等<sup>[9]</sup>利用包含 13 种不同类型 2 100 多张植物叶片病害的数据集,使用 Caffe 框架构建了一

种深度卷积网络模型,并引入迁移学习微调,最终模型识别的准确率达到 91%。龙满生等<sup>[10]</sup>利用包含 5 种不同类型的油茶病害 3 000 多张图像的数据集,使用采取了对 ImageNet 数据集进行知识迁移的 AlexNet 网络模型,最终模型识别准确率达到 96.53%。杨明欣等<sup>[11]</sup>利用玉米病害小样本数据集,使用迁移网络模型 MobileNetV2 对其识别分类,最终模型识别的准确率达到 97.23%。谢军等<sup>[12]</sup>利用稀疏样本的茶树病害数据集,使用二次迁移后的 ResNet 模型对其进行识别分类,最终模型识别的准确率达到 98%。Chen 等<sup>[13]</sup>使用在 ImageNet 上预训练的 MobileNet-V2 模型,并在网络中添加了注意力机制,最终模型的平均识别准确率达到 98.48%。

### 1.3 Inception 模块

Inception 模块的核心思想是在不同尺度上同时执行多种卷积操作,从而捕获输入数据的不同特征尺度,有助于提升网络的感受野,使其能够更好地处理各种大小的物体。为实现这一目标,模块中将多个不同尺度的卷积操作进行并行处理,并将它们的输出在通道维度上连接起来。这种并行操作的方式使网络能够学习到多层次的特征表示,从而显著提升了网络的表达能力。

黄林生等<sup>[14]</sup>利用 8 种农作物病害的数据集,在 ResNet18 残差网络的基础上,引入多尺度卷积核结构且能够对不同尺度的病害特征进行提取的 Inception 模块,使用改进后的多尺度注意力残差网络模型对其识别分类,最终模型的平均识别准确率达到 95.62%。Krishnamoorthy 等<sup>[15]</sup>使用 InceptionResNetV2 神经网络模型对水稻叶片疾病进行预测,最终模型识别的准确率达到 95.67%。陈善雄等<sup>[16]</sup>利用 8 种荞麦病害的数据集,通过将最大稳定极值区域与卷积神经网络相结合,在传统的卷积神经网络框架中引入了两级 Inception 结构,实现了对病害区域和非病害区域的有效分离,最终模型的平均识别精准率达到 97.5%。Ramcharan 等<sup>[17]</sup>采用基于 GoogLeNet 架构的网络模型,使用 Inception v3 对木薯的病虫害进行识别,最终模型的最高识别精度达到 98%。

### 1.4 图像超分辨率

图像超分辨率是一项基于数学和计算机视觉原理的技术,旨在从低分辨率图像中恢复出更高分辨率的细节。通过运用信号处理、插值、频域分析及深度学习等方法,超分辨率重建通过推断图像中未显示的高频信息,从而提升图像的视觉质量。这种技术在数

字图像处理中具有重要价值,不仅能够改善图像的可视化效果,还在医学影像诊断、远程监控以及卫星图像分析等领域有着广泛应用。

代强等<sup>[18]</sup>将基于深度学习的超分辨率重建网络模型 LADSRN、DSRNIP 引入农作物病害叶片图像重建中,对草莓叶枯病、番茄疮痂病等 10 种病害图像进行超分辨率重建。Zhao 等<sup>[19]</sup>应用 DoubleGAN 模型使用更少的样本生成不健康叶子的高分辨率图像,识别结果优于原始数据集,植物种类和病害的识别准确率分别达到 99.80% 和 99.53%。Yeswanth 等<sup>[20]</sup>在葡萄叶病害识别模型中加入图像超分辨率重建模块,模型 RSNSR-LDD 在 PlantVillage 数据集上的准确率达到 97.19%、99.37% 和 99.06%。

## 2 本文方法:基于图像超分辨率预处理和二次迁移学习的水稻病害识别方法

AW-Net 水稻病害识别模型网络结构如图 1 所示,主要优化过程如下:

(1)首先对水稻病害图像的训练集和测试集的输入进行数据预处理和数据增强。在数据处理这一部分,模型采用的是图像超分辨率重建技术,通过对 Paddy Doctor 数据集<sup>[21]</sup>进行图像超分辨率重建,使用超分辨率图像辅助进行实验。

(2)为了更好地提取水稻图像的信息,该模型采用 VGG16 网络作为骨干网络。为了更好地提取病害特征,加入了 AW 模块,该模块由 Inception 模块构成,增加了网络宽度。

(3)使用迁移学习技术将预训练 VGG16 网络的参数迁移到 AW-Net 水稻病害识别模型中,不仅减少了模型对数据量的要求,并且缩短了模型训练的时间,提高了识别准确率。

AW-Net 水稻病害识别模型主要通过优化数据预处理、图像分类、预测和参数调整,重构基于 VGG16 网络的图像分类网络模型。

### 2.1 图像超分辨率预处理

病害识别需要高度细致的纹理和颜色信息,本文采用的是 ESRGAN<sup>[22]</sup>(enhanced super-resolution generative adversarial networks)进行水稻病害识别数据集的超分辨率预处理。以往的超分辨率方法,如传统插值技术和早期基于深度学习的模型,通常无法有效地恢复图像中的细节和纹理,导致生成的高分辨率图像在感知上显得模糊和不自然。但是,ESRGAN 在提

高感知质量、增强纹理恢复能力和实现更高的分辨率增益方面展现出了显著优势。这些特点对于水稻病害识别至关重要,精确识别水稻病害往往依赖于图像中细微的纹理和细节信息<sup>[23]</sup>,如叶片上的斑点、色泽变化等。ESRGAN 通过其先进的感知损失和网络架构优化,能够生成在视觉上更逼真、细节更丰富的超分辨率图像,这有助于提高后续病害识别模型的准确率和鲁棒性。此外,ESRGAN 具有对较大放大因子图像的重建能力,使其在处理低分辨率农业图像时,尤其适用于恢复和增强关键的病害特征,从而优化整个病害识别流程。

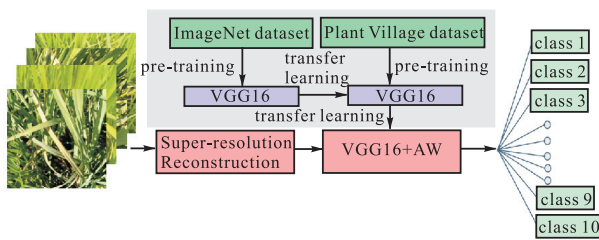


图1 AW-Net水稻病害识别模型

Fig. 1 AW-Net rice disease recognition model

## 2.2 骨干网络

VGG16 网络的构建方法是通过重复堆叠  $3 \times 3$  的小型卷积核和  $2 \times 2$  的最大池化层。相对于仅使用单个  $1 \times 1$  的卷积层,这种方法带来了更多的非线性变换,同时参数量较少。卷积层主要负责特征提取,而池化层则将特征图的尺寸压缩为原来的一半。随后的全连接层将分布式特征映射到样本标记空间,以减少特征位置对分类结果的影响。最后,通过 softmax 层将分类结果归一化为概率值,实现了对图像的分类。这种方法能够有效地减少网络中的参数数量,同时提供了强大的特征提取能力,使网络在图像分类任务中表现出色。

VGG16 网络因具有较好的深度及宽度,在图像分类的应用中具有一定的优势,但对具有类间相似性高、类内差异性大以及存在复杂背景干扰的水稻叶片病害分类,其准确率还有待提高。

## 2.3 二次迁移学习

病害识别方面的迁移学习可以通过使用二次迁移学习,第一阶段的参数在公开数据集上训练获得,第二阶段的模型通过将一阶段模型迁移到目标任务相似的植物病害数据集上获得,第三阶段的最终识别模型由第二阶段模型在目标病害任务上训练获得。这种迁移学习的优势在于能够充分利用数据之间的相似性,保证模型快速收敛。

本研究采用二次迁移的方法对骨干网络模型进行训练。将在 ImageNet 数据集上训练好的 VGG16 网络模型参数进行首次迁移,随后在更加贴近目标数据集即水稻病害数据集的植物病害叶片数据集 Plant Village<sup>[24]</sup>上进行训练,将训练后的模型参数保存。最后,进行二次迁移,迁移学习后的骨干网络 VGG16,用来对该研究的目标数据集进行训练。

## 2.4 AW 模块

为了充分提取水稻病害识别任务中类间相似性高、类内差异较大的敏感特征<sup>[25]</sup>,从而提高识别的准确率,在 VGG16 网络的基础上引入 AW 模块。Inception A 模块、Inception B 模块和 Reduction A 模块如图 2—图 4 所示。AW1-模块由 4 个四分支的 Inception A 模块、4 个四分支的 Inception B 模块和 1 个三分支的 Reduction A 模块构成(图 5)。

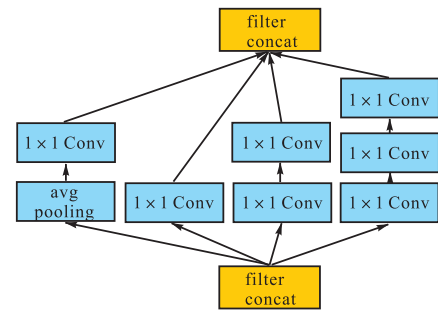


图2 Inception A 模块

Fig. 2 Inception A module

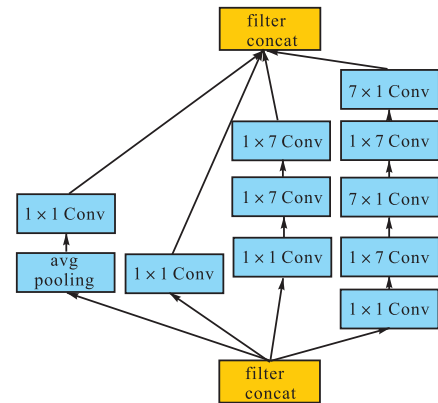


图3 Inception B 模块

Fig. 3 Inception B module

AW 模块由 Inception 块构成,Inception 结构的主要贡献有两个:一是使用  $1 \times 1$  的卷积进行升降维;二是在多个尺寸上同时进行卷积再聚合。在直观感觉上在多个尺度上同时进行卷积,能提取到不同尺度的特征。特征更为丰富也意味着最后分类判断时

更加准确。同时,在 Inception 模块的一个分支使用了 max pooling,也能起到提取特征的作用。本研究引入 AW 模块能更高效地利用计算资源,在相同计算量的条件下能提取到更多的特征,从而提升训练结果。

### 2.5 优化网络结构

在前 5 段卷积的每个卷积层中均加入 BN 层 (batch normalization layer) 和 ReLU 激活函数。BN 层的作用是加快网络的训练和收敛的速度,防止梯度爆炸及梯度消失,使模型变得更加稳定<sup>[26]</sup>。ReLU 激活函数能增强网络的非线性,防止梯度消失,减少过拟合,提高网络训练的速度。进一步优化 AW 模块(图 6): AW-2 模块由 1 个四分支的 Inception A 模块和 1

个三分支的 Reduction A 模块构成。

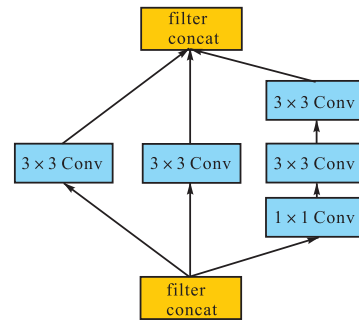


图 4 Reduction A 模块  
Fig. 4 Reduction A module

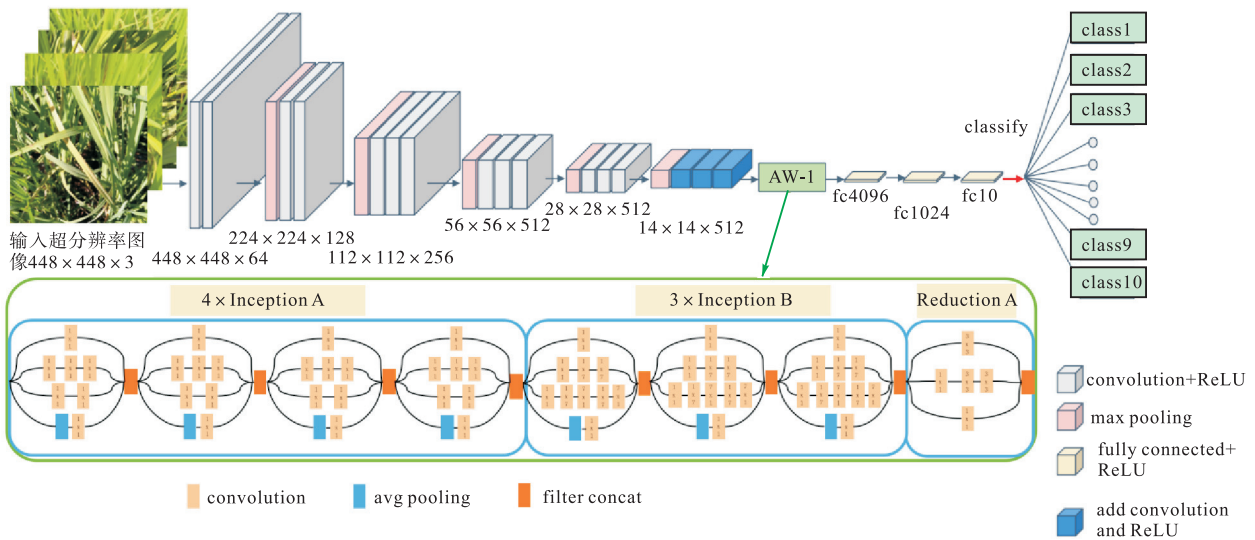


图 5 AW-1-Net 模型网络结构  
Fig. 5 Network structure of AW-1-Net model

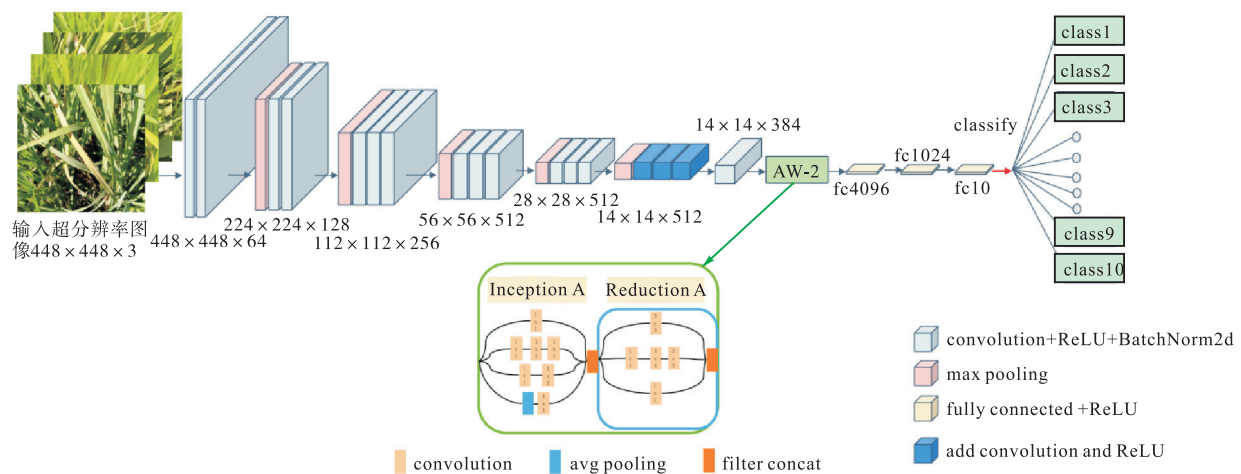


图 6 AW-2-Net 模型网络结构  
Fig. 6 Network structure of AW-2-Net model

### 2.6 损失函数

由于水稻叶片病害的识别属于多分类问题<sup>[27]</sup>,

其推导只与识别正确的概率相关,所以模型训练的损失函数使用交叉熵损失函数(用符号  $L$  表示)。



$$L = \frac{1}{N} \sum_i L_i = \frac{1}{N} \sum_i \sum_{c=1}^M y_{ic} \log(p_{ic}) \quad (1)$$

式中:  $N$  表示样本量,  $M$  表示种类或者类别数量,  $y_{ic}$  表示第  $i$  个样本对于第  $c$  个种类的标签值,  $p_{ic}$  表示第  $i$  个样本对于第  $c$  个种类的概率分布。

### 3 实验

实验运行环境: 处理器为 Intel(R) Core (TM) i7-8700K CPU @ 3.70 GHz, 内存为 64 GB, 显卡为 2 张 NVIDIA TITAN RTX, 单张显存为 24 GB, 操作系统 Linux。软件系统使用 Jupyter Notebook, Python 3.8.0、PyTorch 框架、Keras 库和 sklearn 库。

#### 3.1 数据集

Plant Village 数据集是一个植物病害图像数据库, 常作为基础数据集用于农作物病害及其他植物病害的相关研究。该数据库的图像均在实验室中拍摄, 目前数据集中有 54 305 张植物病害叶片图像, 其中包含 13 种植物共 26 类病害叶片。该数据集中有 38 个类别的样本图像。

Paddy Doctor 数据集是一个用于水稻病害自动识别的大型注释数据集, 它是从印度泰米尔纳德邦蒂

鲁内尔维利区附近一个村庄的真实稻田中收集的稻叶 RGB 图像。数据收集时间为 2021 年 2 月至 4 月, 当时水稻的秧龄为 40 ~ 80 d。该数据集的提供者使用带有内置摄像头的 CAT S62 Pro 智能手机捕捉 RGB 图像, 初始数据集包含大约 30 000 张 JPEG 格式的图像。随后提供者经过仔细检查每个样本并删除不良图像和重复图像后, 剩余 16 225 张图像。同时, 该数据集在农艺师的帮助下, 根据疾病症状, 对每张图像进行手动注释, 并分配相应的标签, 即水稻病害名称或正常叶片。在进行人工注释后, 最终完成的数据集有 13 个类别, 对应 12 种病害叶片和健康叶片。

本研究数据集使用的是来自 Kaggle 的水稻病害数据集, 该数据集的来源是 Paddy Doctor 数据集, 但清除了其中部分质量较低的图像, 最终形成了一个包含 10 407 张标记稻叶图像的训练数据集, 涵盖细菌叶枯病、细菌叶条纹、细菌穗枯萎病、褐斑、霜霉病等 9 种水稻病害叶片图像以及健康叶片图像, 共 10 个类别。实验以 9 : 1 的比例将图像划分为训练集和测试集两部分。10 种水稻病害及正常叶片类型对应图像见图 7, 每种病害所包含的图像数量见表 1。

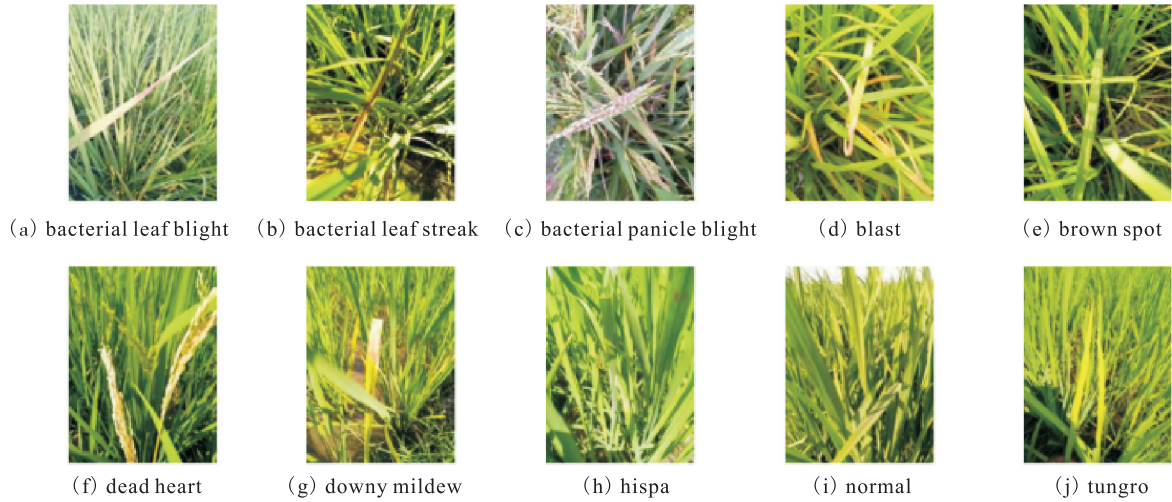


图 7 图像数据集示例

Fig. 7 Examples of image datasets

#### 3.2 评价指标

采用准确率、精确率、召回率和  $F_1$  值<sup>[28]</sup>评估水稻病害识别模型的识别效果, 计算公式为式(4)一式(7)。准确率(accuracy, 用符号  $A$  表示)是识别病害正确的样本数量占总样本数量的比例, 是最直观的评价指标。精确率(precision, 用符号  $P$  表示)是对于某单一病害识别正确的样本数量占所有识别正确的样本总数的比例。召回率(recall, 用符号  $R$  表示)是对于

某单一病害识别正确的样本数量占该病害样本总数的比例。 $F_1$  值是精确率和召回率的调和平均值, 体现了模型的稳健性<sup>[29]</sup>。

$$A = \frac{N_{TP} + N_{TN}}{N_{TP} + N_{TN} + N_{FP} + N_{FN}} \quad (2)$$

$$P = \frac{N_{TP}}{N_{TP} + N_{FP}} \quad (3)$$

$$R = \frac{N_{TP}}{N_{TP} + N_{FN}} \quad (4)$$

$$F_1 = \frac{2PR}{P + R} \quad (5)$$

式中： $N_{TP}$  是指模型将正样本正确预测为正例的样本数量， $N_{TN}$  是指模型将负样本正确预测为负例的样本数量， $N_{FP}$  是指模型将负样本错误预测为正例的样本数量， $N_{FN}$  是指模型将正样本错误预测为负例的样本数量。

表 1 水稻叶片种类及对应图像数量

Tab. 1 Rice leaf types and corresponding numbers of pictures

叶片种类	训练集图像/张	测试集图像/张
bacterial leaf blight	432	48
bacterial leaf streak	342	38
bacterial panicle blight	303	34
blast	1 565	173
brown spot	870	96
dead heart	1 298	144
downy mildew	558	62
hispa	1 435	159
normal	1 588	176
tungro	980	108

### 3.3 实验对比与分析

本研究使用 PyTorch 框架构建 VGG16、VGG19、ResNet50、ResNet100 和 MobileNetV2 这 5 个模型进行实验，结果见表 2。ResNet50 模型的准确率最高，为 95.04%。对 VGG16、ResNet50 这两个模型性能进行对比，结果见表 3。

表 2 5 种深度学习模型训练结果

Tab. 2 Training results of five deep learning models

模型	Epoch	精确度/%
VGG16	30	85.92
	60	91.64
	120	93.75
VGG19	30	80.56
	60	88.72
	120	91.48
ResNet50	30	87.15
	60	92.33
	120	95.04
ResNet100	30	86.24
	60	91.86
	120	94.17
MobileNetV2	30	78.28
	60	85.76
	120	90.35

表 3 两种模型性能对比

Tab. 3 Performance comparison of two models

模型	平均迭代时间/min	总训练时间/min	推理时间/s
VGG16	1.42	42.72	0.012
ResNet50	1.36	40.72	0.013

总训练时间是模型训练从开始到结束所需的时间。每个迭代的时间并不是实际时间，而是总训练时间除以迭代次数的平均时间。推理时间是训练后保存最优参数的模型预测单张图像所需的时间。结果表明，VGG16 和 ResNet50 在推理时间上相差不大，分别为 0.012 s 和 0.013 s。这说明在实际应用中，虽然 VGG16 和 ResNet50 的网络结构复杂度有所不同，但在推理速度上却相差无几，都能满足实时处理的需求。添加 AW-Net 中各模块的实验结果见表 4。结果表明，在迁移学习框架下 VGG16 网络具有更好的适应性和学习能力。VGG16 网络能够更好地利用先验知识和图像细节信息提升识别性能。

表 4 添加 AW-Net 中各模块的实验结果

Tab. 4 Experimental results of each module in added AW-Net

模型	准确率/%	精确度/%	召回率/%	$F_1$ /%
ResNet50 + TL	96.28	94.25	91.17	91.55
VGG16 + TL	97.32	95.53	92.85	92.88
VGG16 + TL + SR	97.49	95.57	92.93	93.13
VGG16 + TL + SR + AW-1	97.64	95.76	93.02	92.88
VGG16 + TL + SR + BN	97.81	95.82	93.03	93.15
VGG16 + TL + SR + AW-2	97.89	95.97	93.54	93.22
VGG16 + TL + SR + BN + AW-2	99.08	97.13	95.41	95.85

考虑到两者在推理时间上接近，VGG16 网络因其在迁移学习后在准确率、精确度、召回率及  $F_1$  值指标上均优于 ResNet50 模型，从而更适合作为水稻病害识别任务的骨干网络。本研究评估了所提出的新模型 AW-Net 在水稻病害识别任务中的性能(表 4)。在基础模型上进行二次迁移学习 (transfer-learning, TL) 训练，对数据集进行图像超分辨率预处理 (image super resolution reconstruction, SR)，以及加入本文提出的 AW 模块进行实验。实验结果表明，本研究经过图像超分辨率预处理以及二次迁移学习模型对水稻病害识别的准确率为 99.08%，明显优于 VGG16、VGG19、ResNet50、ResNet100 和 MobileNetV2 这 5 个模型识别的准确率。与其他模型相比，在精确度、召回率以及  $F_1$  值这 3 个评价指标上 AW-Net 具有显著优势。

为了更加方便地查看和分析实验结果,采用了混淆矩阵作为可视化工具。AW-Net 模型预测结果的混

淆矩阵如图 8 所示,可以更直观地看到各个类别的预测结果。

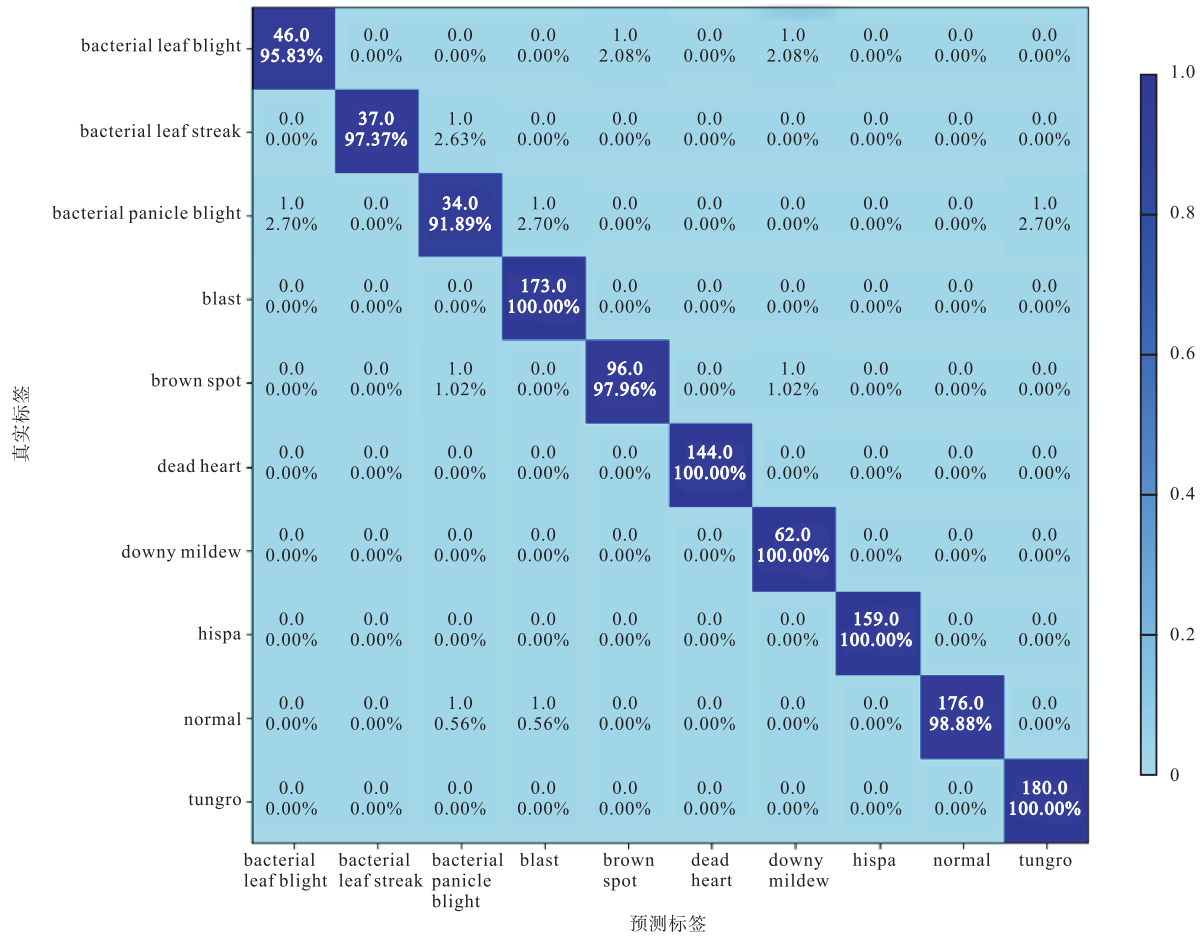


图 8 AW-Net 模型预测结果的混淆矩阵

Fig. 8 Prediction results of confusion matrix of AW-Net model

## 4 结 语

现有的基于深度学习方法的的水稻病害识别模型存在应用数据集的数量少或质量低的问题,在提取图像特征时具有很大局限性,更精准地识别水稻病害种类仍是亟待解决的难题。本文针对水稻叶片病害的识别提出一种结合图像超分辨率和二次迁移学习模型 AW-Net 的水稻病害识别方法。首先,利用图像超分辨率重建技术对已有的 Paddy Doctor 数据集进行数据预处理。然后,将在 ImageNet 上预训练的 VGG16 网络进行二次迁移学习,在 Plant Village 数据集上进行微调,在预处理的 Paddy Doctor 数据集上再次微调。最后,为了更好地提取病害特征,加入了 AW 模块,该模块由 Inception 模块构成,增加了网络宽度。

在下一步工作中,将对该模型进行进一步的性能

提升,确保模型可以在更短的时间内精准识别水稻叶片病害,并且将这种病害识别方法扩展到其他类似的植物上。

## 参考文献:

- [1] MO F, LONG Y, LI M, et al. Effect of enzyme-response Mag@CMCS@CPSG film on rice sheath blight disease (caused by *Rhizoctonia solani*) control and rice quality[J]. *Frontiers in sustainable food systems*, 2023, 7: 1204698.
- [2] LI L, ZHANG S, WANG B. Plant disease detection and classification by deep learning: a review[J]. *IEEE Access*, 2021, 9: 56683-56698.
- [3] 杨红云,肖小梅,黄琼,等. 基于卷积神经网络和迁移学习的水稻害虫识别[J]. *激光与光电子学进展*, 2022, 59(16): 333-340.
- [4] 郭小清,范涛杰,舒欣. 基于改进 Multi-Scale AlexNet 的番茄叶部病害图像识别[J]. *农业工程学报*, 2019,



- 35(13):162-169.
- [5] ANAMI B S, MALVADE N N, PALAIAH S. Deep learning approach for recognition and classification of yield affecting paddy crop stresses using field images[J]. *Artificial intelligence in agriculture*, 2020, 4: 12-20.
- [6] YANG L, YU X, ZHANG S, et al. GoogLeNet based on residual network and attention mechanism identification of rice leaf diseases[J]. *Computers and electronics in agriculture*, 2023, 204: 107543.
- [7] RANGARAJAN A K, PURUSHOTHAMAN R, RAMESH A. Tomato crop disease classification using pre-trained deep learning algorithm[J]. *Procedia computer science*, 2018, 133: 1040-1047.
- [8] 樊湘鹏, 周建平, 许燕. 基于改进区域卷积神经网络的田间玉米叶部病害识别[J]. *华南农业大学学报*, 2020, 41(6): 82-91.
- [9] SLADOJEVIC S, ARSENOVIC M, ANDERLA A, et al. Deep neural networks based recognition of plant diseases by leaf image classification[J]. *Computational intelligence and neuroscience*, 2016, 2016: 3289801.
- [10] 龙满生, 欧阳春娟, 刘欢, 等. 基于卷积神经网络与迁移学习的油茶病害图像识别[J]. *农业工程学报*, 2018, 34(18): 194-201.
- [11] 杨明欣, 张耀光, 刘涛. 基于卷积神经网络的玉米病害小样本识别研究[J]. *中国生态农业学报(中英文)*, 2020, 28(12): 1924-1931.
- [12] 谢军, 江朝晖, 李博, 等. 基于二次迁移模型的小样本茶树病害识别[J]. *江苏农业科学*, 2021, 49(6): 176-182.
- [13] CHEN J, ZHANG D, ZEB A, et al. Identification of rice plant diseases using lightweight attention networks[J]. *Expert systems with applications*, 2021, 169: 114514.
- [14] 黄林生, 罗耀武, 杨小冬. 基于注意力机制和多尺度残差网络的农作物病害识别[J]. *农业机械学报*, 2021, 52(10): 264-271.
- [15] KRISHNAMOORTHY N, PRASAD L V N, KUMAR C S P, et al. Rice leaf diseases prediction using deep neural networks with transfer learning[J]. *Environmental research*, 2021, 198: 111275.
- [16] 陈善雄, 伍胜, 于显平, 等. 基于卷积神经网络结合图像处理技术的荞麦病害识别[J]. *农业工程学报*, 2021, 37(3): 155-163.
- [17] RAMCHARAN A, BARANOWSKI K, MCCLOSKEY P, et al. Deep learning for image-based cassava disease detection[J]. *Frontiers in plant science*, 2017, 8: 1852.
- [18] 代强, 乔焰, 程曦, 等. 基于深度学习的农作物病害叶片的图像超分辨率重建[J]. *黑龙江八一农垦大学学报*, 2020, 32(2): 82-90.
- [19] ZHAO Y, CHEN Z, GAO X, et al. Plant disease detection using generated leaves based on DoubleGAN[J]. *IEEE/ACM Transactions on computational biology and bioinformatics*, 2021, 19(3): 1817-1826.
- [20] YESWANTH P V, DEIVALAKSHMI S, GEORGE S, et al. Residual skip network-based super-resolution for leaf disease detection of grape plant[J]. *Circuits, systems, and signal processing*, 2023, 42(11): 6871-6899.
- [21] MURUGAN D. Paddy Doctor: a visual image dataset for paddy disease classification[EB/OL]. [2023-06-04]. <https://doi.org/10.48550/arXiv.2205.11108>.
- [22] WANG X, YU K, WU S, et al. ESRGAN: enhanced super-resolution generative adversarial networks[C]//ECCV. *Proceedings of the European conference on computer vision (ECCV) workshops*. Berlin: Springer, 2018: 63-79.
- [23] LAMBA S, KUKREJA V, BALIYAN A, et al. A novel hybrid severity prediction model for blast paddy disease using machine learning[J]. *Sustainability*, 2023, 15(2): 1502.
- [24] HUGHES D, SALATHÉ M. An open access repository of images on plant health to enable the development of mobile disease diagnostics[EB/OL]. [2023-06-04]. <https://doi.org/10.48550/arXiv.1511.08060>.
- [25] DEB M, DHAL K G, MONDAL R, et al. Paddy disease classification study: a deep convolutional neural network approach[J]. *Optical memory and neural networks*, 2021, 30: 338-357.
- [26] 侯向宁, 刘华春, 侯宛贞. 基于改进 VGG16 网络模型的花卉分类[J]. *计算机系统应用*, 2022, 31(7): 172-178.
- [27] ISLAM M A, SHUVO M N R, SHAMSOJAMAN M, et al. An automated convolutional neural network based approach for paddy leaf disease detection[J]. *International journal of advanced computer science and applications*, 2021, 12(1): 0120134.
- [28] DEBNATH O, SAHA H N. An IoT-based intelligent farming using CNN for early disease detection in rice paddy[J]. *Microprocessors and microsystems*, 2022, 94: 104631.
- [29] FIALLOS J J F, BOSQUEZ G L M, BARCENES V A B, et al. Deep neural networks based recognition of paddy crop diseases by image classification[J]. *Annals of forest research*, 2023, 66(1): 3857-3867.