

# 基于共有特征学习和数据增强的农作物病害识别算法<sup>①</sup>

李国强<sup>②</sup> 王俊妍 王天雷

(燕山大学电气工程学院 秦皇岛 071000)

**摘要** 针对农作物病害图像类间差异较小,传统机器学习方法在农作物病害数据集上识别精度低、模型训练复杂等问题,本文提出一种基于共有特征学习和数据增强的农作物病害识别算法。首先,对于农作物病害数据集类间数据不均衡等问题,本文使用 Mixup 数据增强算法对数据集进行扩充,丰富样本数量;然后,对于特征提取模块,本文在深度残差网络中嵌入通道注意力模块,使之侧重学习农作物叶片病害特征,忽略背景信息对模型带来的干扰;最后,在提取完图像特征后,将特征图送入到共有特征学习模块中,提高图像之间线性关联,增强模型泛化性能和鲁棒性。为验证所提模型的有效性和实用性,本文在 Plant Diagnosis Dataset 农作物病害数据集上进行训练及测试,实验结果表明,所提模型准确率达到 97.9%,可有效提高农作物病害图像识别精度。

**关键词** 农作物病害;深度残差网络;数据增强;注意力机制;共有特征学习

## 0 引言

农作物是我国最重要的产物之一,它作为原材料对其他产业生产起着至关重要的作用,因而农作物的生产和发展对我国农业经济产生着深远的影响。农产品可用在食品、纺织、化工等领域,加大农作物创收,使农业发展走向智能化、现代化、信息化,是我国目前乃至未来都要努力的方向。然而,农作物在生长过程中,发生病害却是不可避免的。人们必须准确识别农作物病害<sup>[1]</sup>,以避免农作物病害带来的对经济上的潜在风险。以往,人们只能通过人工识别和区分农作物病害,由于在农作物生长的不同阶段都有可能产生不同的病害,这就需要掌握相关技术的专家。这是一项具有挑战性的任务,不仅会耗费大量人力物力,而且肉眼识别难免会出现错误。

机器视觉的进步使视觉识别成为可能,这些视

觉识别方法可用于成功识别植物疾病。当航空图像用于研究作物病害时,基于图像的病管理调查已有 90 多年的历史。自那时以来,疾病检测和识别工作得到了改进,也在进行信息丰富和复杂度分析。此外,研究表明,图像处理方法可以有效地从叶片图像中识别植物物种或疾病。成像设备已经变得更便宜、更普通,图像质量也更好,机器识别任务的可靠性、准确性和精确度也在不断提高。

本文利用深度学习作为基础理论,结合深度残差网络、注意力机制等相关知识,提出了一种适用于农作物病害识别的共有特征注意力模型(common feature attention model, CFAM)。CFAM 主要由 4 部分构成,分别是数据增强部分、特征提取模块、分类器模块和共有特征学习模块(common feature learning model, CFLM)。对于原始数据集,首先利用 Mix-up 数据增强技术增加数据的丰富度;再将增加丰富度后的数据集输入到特征提取模块中,特征提取模块由嵌入了通道注意力模块的深度残差网络构成;

<sup>①</sup> 河北省自然科学基金(F2020203003)资助项目。

<sup>②</sup> 男,1984年生,博士,副教授;研究方向:神经网络;联系人,E-mail:zhihuiyuang@163.com。  
(收稿日期:2022-01-04)

接着在特征提取后将特征分别输入到分类器模块和 CFLM 中并分别计算损失;最后利用反向传播算法优化网络参数。

## 1 相关工作

随着人工智能大数据时代到来,科技工作者们开始利用传统机器学习算法<sup>[2]</sup>处理一些图像类的问题。如文献[3]通过捕获不同波长下的高光谱图像,利用遗传算法和支持向量机对早期大豆炭腐病进行识别。文献[4]利用色相饱和度明度(hue-saturation-value, HSV)决策树算法将植被图像分离出来,并应用 K-means 算法消除噪声并从中提取特征,基于图像处理的技术和机器学习的算法来检测萝卜作物中的枯萎病。文献[5]利用卷积神经网络如 VGG 16、Inception V3 对水稻进行病虫害检测,实现了用小模型训练出分类高精度的效果。文献[6]在 VGG 19 中的输出层之前添加最终的批量归一化(batch normalization, BN)层后,实现了准确率从 29% 到 95% 的飞跃,证明了在现代卷积神经网络(convolutional neural networks, CNN)架构中在输出层之前使用额外的 BN 层在最大限度地减少高度不平衡数据集中少数类的训练时间和测试错误方面具有相当大的影响。文献[7]使用基于主成分分析网络(principal components analysis network, PCANet)的深度学习模型框架对自然场景下的植物叶片图像进行分类。文献[8]利用深度学习结合迁移学习的方法,在图像识别领域取得了不小的成效。其作者首先利用数据增强技术将叶片由 4483 张扩充到 30 880 张,再将 CaffeNet 的模型参数迁移之后进行微调,实验结果表明该方法识别分类准确率达 91%。文献[9]基于 14 种不同作物的 26 种不同病害图像分类任务,设计出一种深层卷积神经网络模型,针对图像特征进行训练学习。文献[10]在识别 9 个类别共 14 828 张番茄病害叶片图像数据集时,使用迁移 AlexNet 神经网络模型进行识别分类任务。文献[11]基于迁移学习模型搭配 VGG 16 卷积神经网络验证了深度学习在农作物病害图像分类任务上的准确性和高效性。

卷积神经网络已被证明是解决计算机视觉领域各种问题的经典办法<sup>[12]</sup>,包括图像分类<sup>[13]</sup>、目标检测<sup>[14]</sup>和图像分割<sup>[15]</sup>等等。卷积神经网络是各种计算机视觉任务的支柱,并为确保其卓越的性能增加卷积神经网络的深度一直被认为是提升性能的直观方法。但在训练卷积神经网络加深网络模型深度时,经常会遇到网络退化问题,在越深的网络中,网络越向后传播就越会忽略前面提取的特征,致使网络分类时更依靠部分特征,降低准确率。为了解决这一问题,文献[16]提出的残差神经网络(residual neural network, RNN)通过在网络中引入残差模块,让网络学习输入和输出之间的差异,在一定程度上防止了上层信息丢失,使图像特征得到完整的保留,进而提升准确率。同时有效避免了在反向传播过程中梯度爆炸或消失的问题<sup>[17]</sup>,在很大程度上了解决网络退化。残差神经网络由多个残差模块(Res Block)堆叠而成,残差模块如图 1 所示。

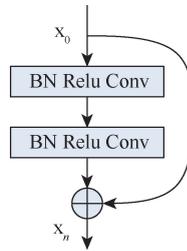


图 1 残差模块结构图

残差模块的输出可以用式(1)表示。

$$x_n = x_0 + F(x_0) \quad (1)$$

残差神经网络在图像处理<sup>[18]</sup>、计算机视觉<sup>[19]</sup>和模式识别<sup>[20]</sup>以及各种农业应用中发挥着至关重要的作用,例如物种检测、识别、分类、鉴定、植物生长阶段的病害检测等等。在追求高效准确的前提下,使用无人驾驶飞行器捕获高分辨率图像以便更好训练算法、得到高度准确结果已成为目前图像识别的主要手段。本文提出了一种基于 Mix-up 数据增强算法,在嵌入 SE(Squeeze-and Excitation)模块的 ResNet-50 网络中结合共有特征学习模块来对农作物病害图像进行分类。

## 2 模型介绍

### 2.1 Mixup 数据增强

农作物病害数据集是一个类间样本分布及其不平衡的数据集,为了让模型更好地学到样本特征并且防止过拟合情况出现,对数据集进行扩充和数据增强是必不可少的。在计算机视觉任务中,数据增强方法可分为单一类别增强和混和类别增强。单一类别增强即包括翻转、旋转、平移、随机明暗度、随机对比度和随机裁剪等方法。混合类别增强则使用 Mixup 数据增强方法将不同类间的样本图像特征进行混合,在模型训练时将不同批尺寸(batch size)的图片进行叠加,以达到扩充数据集的目的。Mixup 数据增强算法的原理如下。

假设  $batch_{x1}$  是一个 batch 样本,  $batch_{y1}$  是样本  $batch_{x1}$  对应的标签;  $batch_{x2}$  是另一个 batch 样本,  $batch_{y2}$  是样本  $batch_{x2}$  对应的标签。 $\lambda$  是由参数  $\alpha$  和参数  $\beta$  通过贝塔分布计算出来的混合系数,则 Mixup 数据增强算法的原理公式为

$$\lambda = \text{Beta}(\alpha, \beta) \quad (2)$$

$$\text{mixed\_batch}_x = \lambda \cdot \text{batch}_{x1} + (1 - \lambda) \cdot \text{batch}_{x2} \quad (3)$$

$$\text{mixed\_batch}_y = \lambda \cdot \text{batch}_{y1} + (1 - \lambda) \cdot \text{batch}_{y2} \quad (4)$$

其中  $\text{Beta}$  指的是贝塔分布,  $\text{mixed\_batch}_x$  是混合后的 batch 样本,  $\text{mixed\_batch}_y$  是混合后的 batch 样本对应的标签。进行 Mixup 数据增强后的数据样本如图 2 所示。

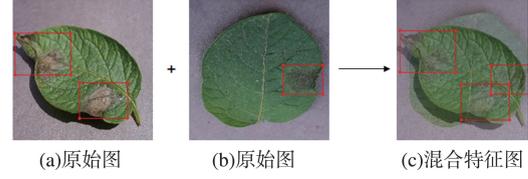


图 2 Mixup 图像数据增强过程

其中,图 2(a)和(b)为原始图片的特征标注样例,图 2(c)为 Mixup 数据增强后的混合特征标注样例。由图 2 可以看出 Mixup 是将原始样本中的随机 2 个样本进行融合组成一组新的样本数据,从而使得样本数量得以扩充,同时经过 Mixup 后的样本数据中目标特征要比原始样本数据复杂,进而提升模型泛化能力。

### 2.2 通道注意力机制

由于农作物病害数据图像类间特征差异不明显,那么通道特征的关联性就显得尤其重要。如图 3 所示,引入通道注意力模块来加强通道间特征关联。通道注意力模块<sup>[21]</sup>可以根据不同任务目标对通道特征进行自主学习甄别,其主要作用是压缩和激励。

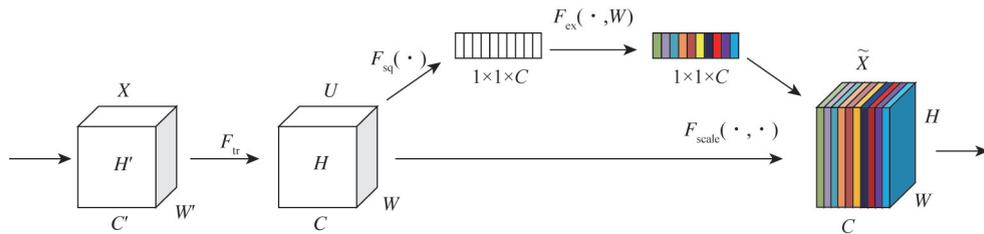


图 3 通道注意力模块结构

压缩即在经过滤波器提取特征后的特征图  $H \times W \times C$  转换为一维特征向量  $1 \times 1 \times C$ ,其中  $H$  表示特征图的高度、 $W$  表示特征图的宽度和  $C$  表示特征图的通道数。压缩操作通过全局平均池化操作(global average pooling, GAP)将特征图压缩成通道相关的一维特征向量,即每个一维特征向量都有

与之对应的空间特征信息,式(5)表示全局平均池化操作过程。

$$g(X) = \frac{1}{W \times H} \sum_{i=1}^H \sum_{j=1}^W X(i, j) \quad (5)$$

激励即在将特征图压缩为特征向量  $1 \times 1 \times C$  之后,加入一个全连接层(fully connected, FC)对通

道的重要性进行预测,得到各个通道的重要性之后再激励到原特征图的对应通道上,从而加强重要特征的学习。

通道注意力模块在生成特征图时,是通过对图像各个通道特征的重要程度进行建模,以获取任意2个通道之间的关联程度,生成通道特征重要系数  $w$ ,参考  $w$  系数学习重要通道特征,增强重要特征并抑制次要特征,通过 Sigmoid 函数输出注意力系数相关的权重矩阵。通道注意力模块旨在加强通道间关联,将不同通道间特征权值进行矩阵运算并在输出时进行维度变换,达到增强特定通道下图像特征表达能力的目的。

### 2.3 共有特征学习模块

在视觉上相似的图像之间容易混淆,类混淆模式通常遵循类的层次结构。一般的图像识别模型通常可以很好地分类高级类别组,但学习分类单个类别的专用特征分类器的困难程度比较高。这是因为同一层次结构类别中的全局几何图形和外观可能非常相似。因此,辨别区域的细微差异对如何识别它们至关重要。与一般的图像识别不同,图像区域部分的精细特征表示在类间差异较小的图像识别中起着更为关键的作用。而要正确地识别有区别特征的部分,必须深入理解图像整体结构和关键区域的空间上下文信息。反过来,图像中区域的位置信息也可以增强神经网络的视觉表现。这与以前的工作不同,本节旨在侧重于图像区域之间的特征关联。

因此,根据农作物病虫害图片的特点,本节提出了一种适用于该类数据的共有特征学习模块。具体地,对于农作物病虫害图片,其主要特点为虫害类型较多,可分为大类和小类,大类指的是对于某种作物来说的虫害,而小类是具体的虫害名称。同时,该类数据还具有的特点是不同类别的样本特征的差异并不明显,且因其图片中的背景大部分都是农作物的叶,而需要区分的目标区域在整个图片中的占比较少,故简单的卷积神经网络模型并不能很好地区分目标区域和背景。

针对上述特点,本文提出了共有特征学习模块。设输入为  $I$ ,经过特征提取结构的输出为  $f(I)$ ,大小为  $N \times N \times C$ ;可将特征图  $f(I)$  在像素维度上分为

$N \times N$  个向量  $f(I)_{i,j} \in \mathbf{R}^{1 \times C} (1 \leq i, j \leq N)$ ,其中每一个特征向量代表输入  $I$  的某个局部特征。受来自于同一类别的图像总是拥有共同特征,而这些公共特征又反过来帮助模型识别对象的启发,接着采样与输入  $I$  同一类别的样本  $I' = \{I'_1, I'_2, \dots, I'_p\}$ ,其中  $p$  为超参数,代表采样同类样本的个数,将  $I'$  同样输入到特征提取网络,得到  $f(I')$ 。利用  $f(I)$  和  $f(I')$  计算输入  $I$  与同类别其他样本  $I'$  的局部相关性,计算方式如式(6)所示。

$$\varphi(I, I') = \frac{1}{C} \max_{1 \leq i, j' \leq N} \langle f(I)_{i,j}, f(I')_{i',j'} \rangle \quad (6)$$

式中  $\langle \cdot, \cdot \rangle$  表示点乘,  $C$  表示特征图的通道数。

在图像分类、目标检测领域中,点乘常常用于特征提取后评估2个特征向量的相似性;对于本文来说,先将  $f(I)$  和  $f(I')$  分为  $N \times N$  个局部特征,再将局部特征点乘,就能得到相似性最高的区域,该区域很好地表示了该类别的共性表征,如图4所示。考虑到作物虫害的位置变化,本文采用多个正图像来定位一个共性区域的方法,如式(7)所示。

$$M(I, I') = \frac{1}{P} \sum_{p=1}^P \varphi(I, I'_p) \quad (7)$$

选择  $P$  个同一类别的正样本,分别利用式(6)计算相关性,其中最大的作为该类的共有特征,记为  $M(I, I')$ 。

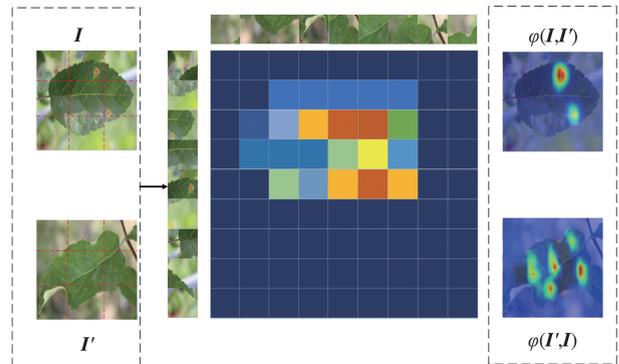


图4 共有特征学习模块

共有特征模块的主要目的是从图像的共性特征中丰富模型的表达能力,并预测图像的标签。因此,在得到输入  $I$  的特征图  $f(I)$  后,将  $f(I)$  后接一个  $1 \times 1$  的卷积层,该卷积的目的是调整通道数,得到单通道的特征  $m'(I)$ ,该特征可以理解为输入  $I$  的整



果大概率取决于数据数量,因此本文将对数据进行预处理。将 RGB 图像随机水平翻转,随机顺时针旋转角度在  $0 \sim 20^\circ$  之间,随机调整明暗度参数设置为 0.4,随机增强对比度参数设置为 0.5,最后将图像随机裁剪为  $128 \times 128$  像素。另将数据集按照 8:2 的比例分为训练集和测试集,并输入网络训练。

表 1 Plant Diagnosis Dataset 数据集分布

大类	小类	训练数	测试数	总数
胡椒	细菌斑	798	199	997
胡椒	健康	1182	296	1478
土豆	早疫病	800	200	1000
土豆	健康	122	30	152
土豆	晚疫病	800	200	1000
番茄	靶斑病	1123	281	1404
番茄	花叶病	298	75	373
番茄	叶卷曲病	2567	642	3209
番茄	细菌斑	1702	425	2127
番茄	早疫病	800	200	1000
番茄	健康	1273	318	1591
番茄	晚疫病	1527	382	1909
番茄	叶霉菌	762	190	952
番茄	赤星病叶斑病	1417	354	1771
番茄	二斑蜘蛛螨	1341	335	1676



图 6 Plant Diagnosis Dataset 数据集部分图像

### 3.3 评价指标

本文使用图像分类任务中常用的评价指标,准确率(accuracy)、查准率(precision)、查全率(recall)和  $F1$  分数。首先引入混淆矩阵,如表 2 所示。

表 2 混淆矩阵

	实际正确	实际错误
预测正确	TP	FP
预测错误	FN	TN

准确率(accuracy)的计算公式为

$$Accuracy = \frac{TP + TN}{TP + TN + FP + FN} \quad (9)$$

查准率(precision)又称为精确率,计算公式为

$$Precision = \frac{TP}{TP + FP} \quad (10)$$

查全率(recall)又称为召回率,计算公式为

$$Recall = \frac{TP}{TP + FN} \quad (11)$$

$F1$  分数( $F1$ -score)计算公式为

$$F_\beta = (1 + \beta^2) \cdot \frac{precision \cdot recall}{(\beta^2 \cdot precision) + recall} \quad (12)$$

其中, $\beta$  是衡量查准率和查全率重要性的系数,当  $\beta = 1$  时,认为查准率和查全率重要程度相同,这里  $\beta$  取 1。 $F1$  分数公式为

$$F_1 = 2 \cdot \frac{precision \cdot recall}{precision + recall} = \frac{2TP}{2TP + FP + FN} \quad (13)$$

### 3.4 农作物病害分类对比实验

#### 3.4.1 实验细节

本文提出了用于农作物病虫害识别的 CFAM 模型,而本节将在 Plant Diagnosis Dataset 农作物病害图像上进行大量实验和消融实验以及结果分析,验证该模型的有效性。本文将从 Plant Diagnosis Dataset 数据集中划分出的 16 511 张预处理后的图片送入网络中训练,每个批次送入 8 张图片,训练周期为 50 个迭代(epoch)。训练过程中使用 Adam 优化器<sup>[22]</sup>,交叉熵损失函数<sup>[23]</sup>作为优化器的目标函数,来衡量预测概率分布和真实概率分布间差异,交叉熵的值越小,预测效果就越好。采用了 Xavier 初始化方法<sup>[24]</sup>,初始学习率为 0.1,且当总训练次数达到 60、120 以及 160 次时依次降低学习率到原来的  $1/10$ 。为了缓解过拟合现象,本文对权重参数进行了  $L2$  正则化<sup>[25]</sup>,正则化系数为 0.0005,并且在残差块的每个卷积层后面加入了放弃率(dropout)<sup>[26]</sup>方法,放弃率为 20%。

#### 3.4.2 实验结果分析

如表 3 所示,本文比较了 CFAM 与 ResNet 网络、AlexNet 网络、VGG 16 网络和 VGG 19 网络在数据集上的准确率、查准率、查全率以及  $F1$  分数。其中 CFAM 中的共有特征学习模块含有超参数  $p$ , $p$  代表与输入  $I$  同类的样本  $I'$  的个数;本节设置了  $p =$

1~4,共4种情况。从结果可知, $p$ 越大时准确率越高,然而由表4得到,当 $p$ 增大时,其时间复杂度也成倍增长。综合准确率和时间复杂度,得到当 $p=3$ 时,模型最佳。同时从实验结果显而易见,CFAM在准确率、查准率、查全率和 $F1$ 分数分别达到了97.90%、98.67%、95.27%和96.94%,分别比原网络模型高2.01%、1.94%、0.88%和1.39%,且均比AlexNet网络、VGG16网络和VGG19网络在该数据集上表现良好,证明了该模型的有效性与实用性。

表3 CFAM与传统深度学习模型比较(%)

	准确率	查准率	查全率	$F1$
AlexNet	89.76	91.21	87.09	89.10
VGG16	87.74	88.63	85.21	86.89
VGG19	88.23	89.34	86.43	87.86
ResNet	95.89	96.73	94.39	95.55
CFAM( $p=1$ )	96.80	97.67	95.01	95.94
CFAM( $p=2$ )	97.02	97.81	95.52	96.21
CFAM( $p=3$ )	97.90	98.67	95.27	96.94
CFAM( $p=4$ )	97.91	98.65	95.30	96.91

由表3可得,当 $p=1\sim4$ 时,其准确率、查准率、查全率和 $F1$ 分数均高于其他的模型,其中 $p=4$ 时,准确率、查全率和 $F1$ 分数最高, $p=3$ 时查准率最高。同时本节还对比了当 $p=1\sim4$ 时,CFAM随着训练轮数增加准确率上升的折线以及训练一轮的耗时,结果如表4和图7所示。

由图7及表4可知, $p$ 代表共有特征学习模块中同类样本的采样个数,随着 $p$ 值的增加,计算得到的类别共有特征越准确,最终分裂准确率也随之增加;然而随着 $p$ 值的增加,其耗时也随之成倍增加,假设设置批尺寸 $batchsize=16$ ,则 $p=1$ 时,需额外提取16个样本的特征; $p=2$ 时,需额外提取32个样本的特征; $p=3$ 时,需额外提取48个样本的特征; $p=4$ 时,需额外提取64个样本的特征,故其时间复杂度成倍增加。当训练轮数达到50轮时, $p=3$ 和 $p=4$ 的最终准确率相差较小,故综合时间复杂度和准确率,当 $p=3$ 时,模型为最优模型,其准确率和损失随训练次数变化曲线如图8所示。

表4 训练一轮的耗时

$p$ 取值	1	2	3	4
时间/min	21	35	58	75

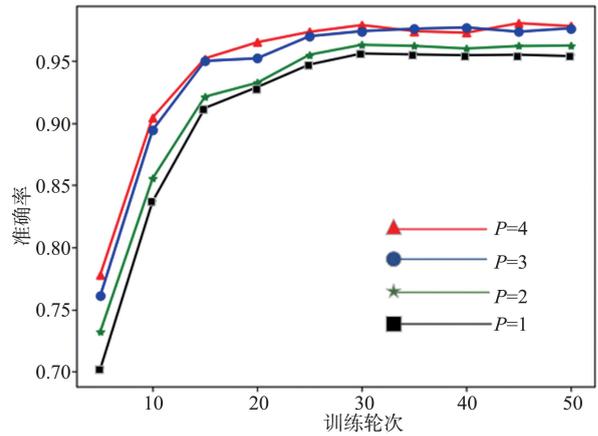


图7 随训练次数增加 $p=1\sim4$ CFAM准确率上升折线

### 3.4.3 Mixup数据增强算法对模型性能的影响

为了验证Mixup数据图像预处理算法对农作物病害分类模型性能的影响,本节使用CFAM网络模型在Plant Diagnosis Dataset农作物病害数据集上进行测试,研究了超参数 $\alpha$ 的取值对分类精度的影响,实验结果如表5所示。从表中显而易见,当超参数 $\alpha$ 取值为0.5时,网络模型的分分类准确率达到最高,为97.9%。

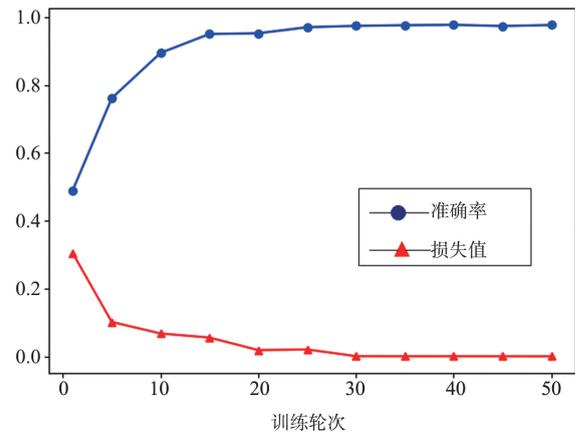


图8 CFAM模型的分分类精度及损失

研究结果表明,Mixup数据增强算法通过将不同类别图像逐像素相加融合成新图像,将样本标签通过不同的权重相加进而从单热向量编码转换为多热向量编码,丰富了样本数据间线性联系,明显增加

了单样本特征数量和种类,有效解决了部分农作物病害样本数据类别不均衡问题,在提升网络模型分类准确度的同时进而提升了网络模型的鲁棒性。

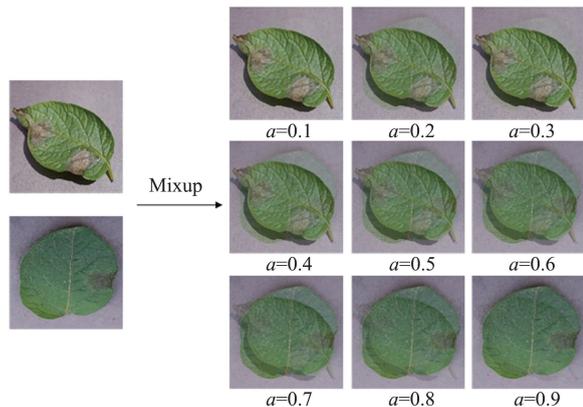


图 9 Mixup 在不同  $\alpha$  取值情况下的融合情况

表 5 Mixup 数据增强算法对模型性能的影响 (%)

	准确率	查准率	查全率	F1
加入 Mixup, $\alpha = 0.1$	97.20	97.64	94.60	95.26
加入 Mixup, $\alpha = 0.3$	97.43	97.82	95.06	95.80
加入 Mixup, $\alpha = 0.5$	97.90	98.67	95.27	96.94
加入 Mixup, $\alpha = 0.7$	97.74	98.32	95.08	96.70
加入 Mixup, $\alpha = 0.9$	97.58	98.04	95.01	96.32

### 3.4.4 通道注意力模块对模型性能的影响

为了验证通道注意力模块对农作物病害分类模型性能的影响,本节针对 CFAM 模型在 Plant Diagnosis Dataset 农作物病害数据集上进行了对比实验,实验结果如表 6 所示。本实验将去掉逐层卷积和逐点卷积中的通道注意力机制模块。观察发现,在去除通道注意力模块后,所提模型的准确率下降 0.55%、查准率下降 0.4%、查全率下降 0.13%、F1 分数下降 0.47%,同时损失值也有升高趋势,在特征提取时缺乏通道间关联,导致错失通道间重要特征。上述实验结果表明,通道注意力模块能够有效增强各通道维度间关联,促使网络学习重要通道特征,忽视次要特征。

表 6 通道注意力模块对模型性能的影响 (%)

	准确率	查准率	查全率	F1
CFAM	97.90	98.67	95.27	96.94
CFAM(无 SE)	97.35	98.27	95.14	96.47

## 4 结论

将深度学习算法应用到农业领域中不仅可以加快处理任务的速度,而且还可以避免人工操作中的失误。本文对农作物病害叶片部位的病害图像识别问题展开研究,将图像识别技术应用到农业领域中,提出了基于共有特征学习和数据增强的农作物病害识别算法。

针对农作物病害图像类间样本数量不均衡问题,提出单一类别图像增强(如水平翻转、水平旋转、随机明暗度、随机对比度和随机裁剪等方式)和混合类别图像增强 Mixup 算法,一定程度上扩充了样本数量,解决了样本不均衡问题对分类模型带来的影响。引入通道注意力模块,抑制次要特征学习主要特征,增强图像通道间特征联系。最后,将提取到的图像特征送入到共有特征学习模块,通过对样本特征进行矩阵点乘和维度变换,学习不同样本之间的共同特征,提升网络模型的鲁棒性和泛化能力。在 Plant Diagnosis Dataset 农作物病害数据集上对所提模型进行训练与测试,模型识别准确率可以达到 97.9%,证明所提模型的有效性实用性,为解决农业病虫害图像识别提供了一种高效可行的解决方案。

虽然目前所提模型的准确率已经达到了一定高度,但为了模型能够更好地应用到实际问题中,模型的实用性还有待加强。例如模型的运行速度还有待提升,参数数量有待减少,后续工作将针对模型轻量化展开研究,探究在保持模型精度的条件下缩减模型内存并提升模型速度,使模型在农业图像识别领域更具有实用性。

### 参考文献

- [1] KRISHNAKUMAR A, NARAYANAN A. A system for plant disease classification and severity estimation using machine learning techniques [C] // Proceedings of the International Conference on ISMAC in Computational Vision and Bio-Engineering. Palladam: Springer, 2018: 447-457.
- [2] 李疆, 郝梦洁, 任显丞, 等. 机器学习在农作物病虫害识别上的应用综述[J]. 河南农业, 2021(5): 49-50.

- [3] DESHMUKH R, TIWARI S. Molecular interaction of charcoal rot pathogenesis in soybean; a complex interaction[J]. *Plant Cell Reports*, 2021(6):1-14.
- [4] NAGASUBRAMANIAN K, JONES S, SARKAR S, et al. Hyperspectral band selection using genetic algorithm and support vector machines for early identification of charcoal rot disease in soybean stems[J]. *Plant Methods*, 2018, 14(1):86.
- [5] CRR C, PSA A, MEA A, et al. Identification and recognition of rice diseases and pests using convolutional neural networks-ScienceDirect[J]. *Biosystems Engineering*, 2020, 194:112-120.
- [6] SUBETHA T, KHILAR R, CHRISTO M S. A comparative analysis on plant pathology classification using deep learning architecture-ResNet and VGG 19[J]. *Materials Today: Proceedings*, 2021(7), doi: 10.1016/j.matpr.2020.11.993.
- [7] MEHDIPOUR GHAZI M, YANIKOGLU B, APTOULA E, et al. Sabanci-Okan system in life CLEF 2015 plant identification competition[C]// Working Notes of Conference and Labs of the Evaluation Forum (CLEF). Toulouse: CLEF, 2015:1-9.
- [8] SRDJAN S, MARKO A, ANDRAS A, et al. Deep neural networks based recognition of plant diseases by leaf image classification[J]. *Computational Intelligence and Neuroscience*, 2016, 2016:1-11.
- [9] MOHANTY S P, HUGHES D P, SALATHE M. Using deep learning for image-based plant disease detection[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2016, 7:1419.
- [10] BRAHIMI M, BOUKHALFA K, MOUSSAOUI A. deep learning for tomato diseases; classification and symptoms visualization[J]. *Applied Artificial Intelligence*, 2017, 31(4-6):1-17.
- [11] COULIBALY S, KAMSU-FOGUEM B, KAMISSOKO D, et al. Deep neural networks with transfer learning in millet crop images[J]. *Computers in Industry*, 2019, 108:115-120.
- [12] 王威, 邹婷, 王新. 基于局部感受野扩张 D-MobileNet 模型的图像分类方法[J]. *计算机应用研究*, 2020, 37(4):307-310,316.
- [13] DOLZ J, AYED I B, JING Y, et al. HyperDense-Net: a hyper-densely connected CNN for multi-modal image segmentation[J]. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 2019, 38(5):1116-1126.
- [14] LAROCA R, SEVERO E, ZANLORENSI L A, et al. A robust real-time automatic license plate recognition based on the YOLO detector[C]// 2018 International Joint Conference on Neural Networks. Rio de Janeiro: IEEE, 2018:1-10.
- [15] 张丹丹, 赵双. 图像分割技术综述[J]. *科技创新与应用*, 2013(10):36.
- [16] HE K, ZHANG X, REN S, et al. Identity mappings in deep residual networks[C]// European Conference on Computer Vision. Amsterdam: Springer International Publishing, 2016:1-15.
- [17] 朱少杰. 基于深度学习的文本情感分类方法研究[D]. 哈尔滨:哈尔滨工业大学, 2014.
- [18] 李弼程, 彭天强, 彭波. 智能图像处理技术[M]. 北京:电子工业出版社, 2004.
- [19] 吴俊. 基于计算机视觉的彩色图像二维纹理识别方法[J]. *黑龙江工业学院学报:综合版*, 2020, 20(1):31-36.
- [20] 陈鹏. 有限训练样本条件下的分类器构建与应用[D]. 北京:北京科技大学, 2020.
- [21] 刘璐, 李建强, 陈适. 基于混合域注意力机制和残差网络的特纳综合征分类研究[J]. *中国数字医学* 2021, 16(2):16-20.
- [22] 汪友明, 徐攀峰. 基于改进 Adam 优化器的 CNN 电镜医学图像分类[J]. *西安邮电大学学报*, 2019, 24(5):26-33.
- [23] 周非, 李阳, 范馨月. 图像分类卷积神经网络的反馈损失计算方法改进[J]. *小型微型计算机系统*, 2019, 40(7):1532-1537.
- [24] 蔡楠. 卷积神经网络中卷积核权重初始化方法研究及应用[D]. 银川:宁夏大学, 2019.
- [25] 武国宁, 胡汇丰, 于萌萌. 深度学习中的正则化方法研究[J]. *计算机科学与应用*, 2020, 10(6):10.
- [26] 陈倬. 基于随机 Dropout 卷积神经网络的人体行为识别方法研究[J]. *科技资讯*, 2017(12):28-29.

## Crop disease recognition algorithm based on common feature learning and data augmentation

LI Guoqiang, WANG Junyan, WANG Tianlei

(College of Electrical Engineering, Yanshan University, Qinhuangdao 071000)

### Abstract

To address the problems of small difference between crop disease images, low recognition accuracy and complex model training of traditional machine learning methods in crop disease dataset, this paper proposes a crop disease recognition algorithm based on common feature learning and data augmentation. Firstly, for the problem of unbalanced data between classes in crop disease dataset, this paper uses Mixup data augmentation algorithm to expand the dataset and enrich the number of samples; then, for the feature extraction module, this paper embeds the channel attention module in the deep residual network, so that it focuses on learning the crop leaf disease features and ignores the interference brought by the background information to the model. After extracting the image features, the feature maps are fed into the common feature learning module to improve the linear correlation between images and enhance the generalization performance and robustness of the model. In order to verify the effectiveness and practicality of the proposed model, the training and test are conducted on the Plant Diagnosis Dataset, and the experimental results show that the accuracy of the proposed model reaches 97.9%, which can effectively improve the accuracy of crop disease image recognition.

**Key words:** crop diseases, depth residual network, data augmentation, attention mechanism, common feature learning