Tạp chí Khoa học Trường Đại học Cần Thơ
Phần A: Khoa học Tự nhiên, Công nghệ và Môi trường
website: sj.ctu.edu.vn

DOI:10.22144/ctu.jsi.2017.012

TỰ ĐỘNG NHẬN DẠNG MỘT SỐ LOẠI SÂU BỆNH TRÊN LÁ BƯỞI SỬ DỤNG CÔNG NGHỆ ẢNH

Nguyễn Minh Triết[1], Trương Quốc Bảo[2] và Trương Quốc Định[3]

[1]*Công ty Cổ phần Dịch vụ Bưu chính viễn thông Sài Gòn*
[2]*Khoa Công nghệ, Trường Đại học Cần Thơ*
[3]*Khoa Công nghệ Thông tin và Truyền thông, Trường Đại học Cần Thơ*

Thông tin chung:
Ngày nhận bài: 15/09/2017
Ngày nhận bài sửa: 10/10/2017
Ngày duyệt đăng: 20/10/2017

Title:
Grapefruit leaf pets detection and recognition automatically using image technology

Từ khóa:
Đặc trưng ảnh, lá bưởi, máy học vectơ hỗ trợ, nhận dạng và phát hiện, phân đoạn ảnh, sâu bệnh, xử lý hình thái

Keywords:
Image feature, grapefruit leaf, support vector machines, detection and recognition, image segmentation, pests, morphology processing

ABSTRACT

Nowadays, information technology is widely applied in agriculture - the most developed field in Viet Nam. Among these applications, the detection and recognition of pests system using handle image technique and computer vision have been attracted by many researchers. In this paper, the detection and recognition pests are resolved through two main phases: (1) detect possible areas that are pests; (2) identify the pests from the possible areas detected. In the first phase, segment method is used to detect possible areas. Binary segment and contour detection method is used to get and hightlight related objects in this phase. In the second phase, some colour features and shape features are extracted from images. Then, combined with extracted features, support vector machines are built to classify the image areas which are found in the previous phase. Classification models are trained to recognize four grapefruit leaf pests. The training results are over 99.5% for each model. The experimental result over 500 images is 99.2%. These results show that the proposed method achieves promising results and can be applied to identify the pests in reality.

TÓM TẮT

Ngày nay, công nghệ thông tin đã được ứng dụng rộng rãi trong nông nghiệp, lĩnh vực phát triển nhất của nước ta. Trong số các ứng dụng này, hệ thống phát hiện và nhận dạng sâu bệnh sử dụng kỹ thuật xử lý ảnh và thị giác máy tính đang thu hút nhiều nhà nghiên cứu trong và ngoài nước. Nghiên cứu này trình bày phương pháp để phát hiện và nhận dạng sâu bệnh trên lá bưởi. Bài toán được giải quyết thông qua hai giai đoạn chính là: phát hiện vùng ứng viên có khả năng là sâu bệnh; nhận dạng sâu bệnh từ các vùng ứng viên đã phát hiện. Ở giai đoạn thứ nhất, phương pháp phân đoạn ảnh được thực hiện để xác định vùng ứng viên có thể là đối tượng sâu bệnh. Giai đoạn này sử dụng phương pháp phân ngưỡng nhị phân kết hợp với kỹ thuật dò biên để tách lấy vùng ứng viên. Ở giai đoạn thứ hai, một số đặc trưng về màu sắc và hình dáng được trích ra từ ảnh. Sau đó, mô hình máy học vectơ hỗ trợ (SVM) được xây dựng kết hợp với các đặc trưng đã trích ra trước đó để phân lớp vùng ứng viên. Chúng tôi huấn luyện mô hình phân lớp để nhận dạng bốn loại sâu bệnh trên lá bưởi. Kết quả huấn luyện đạt trên 99,5%. Kết quả thực nghiệm nhận dạng trên 500 ảnh sâu bệnh cho thấy độ chính xác xấp xỉ 99,2% đã khẳng định phương pháp đề nghị là rất triển vọng và có thể áp dụng vào nhận dạng sâu bệnh trên thực tế.

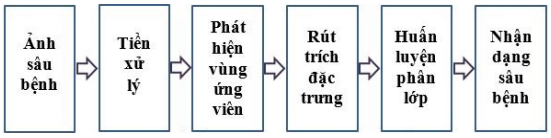
Trích dẫn: Nguyễn Minh Triết, Trương Quốc Bảo và Trương Quốc Định, 2017. Tự động nhận dạng một số loại sâu bệnh trên lá bưởi sử dụng công nghệ ảnh. Tạp chí Khoa học Trường Đại học Cần Thơ. Số chuyên đề: Công nghệ thông tin: 88-95.

1 GIỚI THIỆU

Việt Nam là một nước phát triển nông nghiệp, ngành công nghiệp cây ăn quả ở nước ta có tiềm năng rất lớn và đóng một vai trò quan trọng trong nông nghiệp sản xuất. Bưởi là loại cây ăn trái có giá trị kinh tế cao. Bưởi được trồng ở rất nhiều địa phương trên cả nước. Tỉnh Vĩnh Long nổi tiếng với giống bưởi Năm Roi, Bến Tre nổi tiếng với bưởi da xanh, Đồng Nai có bưởi đường lá cam, Phú Thọ có bưởi tổ,…

Trên thế giới đã có một số công trình nghiên về cứu nhận dạng sâu bệnh trên trái cà chua, dưa chuột,… bằng cách vận dụng kỹ thuật xử lý ảnh và nhận dạng đã đạt được một số kết quả khả quan. Các hệ thống nhận dạng sâu bệnh thường được thử nghiệm trong điều kiện lý tưởng là môi trường nhà kính, chưa được áp dụng rộng rãi vào môi trường thực tế ngoài trời (Mundada and Gohokar, 2013), nghiên cứu này có thể nhận biết chính xác lá cây có hoặc không có sâu bệnh nằm trên đó. Hệ nhận dạng có thể nhận dạng sâu bệnh tổng quát khi đã có dữ liệu sâu bệnh như được trình bày ở Faithpraise Fina *et al*. (2013) sử dụng kết hợp kỹ thuật K-Means với bộ lọc tương hợp (correspondence filter) để nhận dạng sâu bệnh. Đến nay, vẫn có rất ít hệ thống nhận dạng sâu bệnh cho một loại nông sản. Nghiên cứu được trình bày bởi Murali Krishnan and Jabert.G, 2013 sử dụng kỹ thuật phân cụm K-Means và phép trừ ảnh để phát hiện sâu bệnh trên lá cà phê và chưa xây dựng một hệ thống nhận dạng sâu bệnh đầy đủ, chỉ dừng lại ở mức phát hiện nhưng chưa nhận dạng được sâu bệnh. Ở Việt Nam, hiện nay chưa có các công bố về hệ thống phát hiện và nhận dạng sâu bệnh trên cây trồng mặc dù phát triển mạnh về nông nghiệp. Vì vậy, nghiên cứu về phát hiện và nhận dạng sâu bệnh trên lá bưởi có ý nghĩa khoa học và thực tiễn cao.

Trong bài báo này, chúng tôi đề xuất giải thuật mới để phát hiện và nhận dạng sâu bệnh trên lá bưởi sử dụng kỹ thuật phân đoạn ảnh, kết hợp với phương pháp dò biên và phân tích hình dáng để phát hiện vùng ứng viên là các đối tượng có khả năng là sâu bệnh. Tiếp theo, các vùng ứng viên sẽ được phân tích nhằm trích đặc trưng ảnh và phân loại để nhận dạng sâu bệnh bằng SVM.



Hình 1: Sơ đồ tổng quát của phương pháp được đề nghị

Quy trình giải quyết bài toán được trình bày như Hình 1. Mục tiếp theo của bài báo sẽ giới thiệu chi tiết nội dung của giải thuật xử lý ảnh và nhận dạng để phát hiện và nhận dạng sâu bệnh trên lá bưởi. Các kết quả thực nghiệm và thảo luận được trình bày ở mục 3. Kết luận và hướng phát triển được đưa ra trong mục 4 của bài báo.

2 NỘI DUNG NGHIÊN CỨU

Cây bưởi thuộc họ hàng cây the. Cũng như các loại cây có múi khác, bưởi thường bị khá nhiều loại sâu hại trên thân, quả và lá. Trong đó, sâu hại trên lá bưởi thuộc loại nguy hiểm do chúng làm cho cây giảm quang hợp dẫn đến cây sinh trưởng và phát triển kém, đặc biệt là đối với cây con, hoa và trái dễ rụng. Một số loại sâu hại lá bưởi có thể kể đến là bọ xít nâu, ốc sên, rệp sáp, rệp vảy (Hình 2).

Hình 2: Từ trái sang phải: bọ xít nâu, ốc sên, rệp sáp, rệp vảy

2.1 Tiền xử lý

Đầu tiên, ảnh đầu vào sẽ được chuyển từ không gian màu RGB sang HSV hoặc Lab. Thực nghiệm cho thấy việc xử lý ảnh trên không gian màu HSV cho kết quả tốt trong trường hợp cần phân đoạn một đối tượng trên một lá, trong khi đó việc xử lý ảnh trên không gian màu Lab cho kết quả phân đoạn ảnh tốt đối với một hoặc nhiều đối tượng trên một lá bưởi.

Sau khi chuyển ảnh đầu vào từ không gian màu RGB sang không gian màu HSV thì ảnh sẽ được áp dụng kỹ thuật tăng độ tương phản với tham số $\alpha = 2$ (độ tương phản) trước khi chuyển sang ảnh đa mức xám. Tiếp đến, kỹ thuật lọc mờ với mặt nạ kích thước 3x3 được áp dụng nhằm nâng cao chất lượng ảnh trước khi chuyển sang giai đoạn phân đoạn ảnh.

Đối với ảnh được chuyển từ không gian màu RGB sang không gian màu Lab thì không cần thực hiện giai đoạn tăng độ tương phản và áp dụng kỹ thuật lọc vẫn cho kết quả tốt, do đó phương pháp này được sử dụng trong hệ thống thực nghiệm.

2.2 Phát hiện vùng ứng viên

Để trích được vùng ứng viên trên lá chứa sâu bệnh, chúng tôi thực hiện các bước sau: phân đoạn ảnh để tách vùng ứng viên (sâu bệnh) ra khỏi nền (vùng lá bưởi), sau đó sử dụng phép toán hình thái để làm sạch, làm trơn và nổi bật vùng ứng viên, cuối cùng tiến hành xây dựng viền (contour) để trích lấy vùng ứng viên chứa sâu bệnh từ ảnh gốc đầu vào.

2.2.1 Thuật toán tự động phân ngưỡng Otsu

Giai đoạn đầu tiên để có được vùng ứng viên là phân ngưỡng ảnh đầu vào. Ảnh gốc được chuyển sang ảnh nhị phân bằng kỹ thuật phân ngưỡng với ngưỡng Otsu.

Thuật toán Otsu thực hiện thông qua các bước sau (Trương Quốc Bảo, 2013):

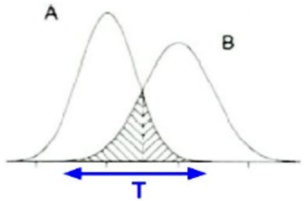
Kiểm tra tất cả ngưỡng T.

Với mỗi ngưỡng T được chọn, thực hiện:

Tính giá trị trung bình và giá trị phương sai cho mức xám của mỗi lớp.

Chọn ngưỡng sao cho giá trị tổng bình phương phương sai của các lớp là lớn nhất.

Hình 3 minh họa việc chọn ngưỡng phân đoạn của thuật toán Otsu.



Hình 3: Phân ngưỡng Otsu

Thuật toán Otsu hai lớp:

Tính giá trị trung bình mức xám:

$$p_i = \frac{n_i}{n} \quad (1)$$

$$p_i \geq 0 \quad (2)$$

$$\sum_{i=0}^{L-1} p_i = 1 \quad (3)$$

Trong đó: i là mức xám, n_i là số lượng điểm ảnh có mức xám i.

Tính trọng số (t là ngưỡng):

$$\omega_1(t) = \sum_{i=0}^{t} p_i \quad (4)$$

$$\omega_2(t) = \sum_{i=t+1}^{L-1} p_i \quad (5)$$

Tính giá trị phương sai:

$$\mu_1(t) = \sum_{i=0}^{t} \frac{ip_i}{\omega_1(t)} \quad (6)$$

$$\mu_2(t) = \sum_{i=t+1}^{L-1} \frac{ip_i}{\omega_2(t)} \quad (7)$$

$$\mu_T = \sum_{i=0}^{L-1} ip_i \quad (8)$$

Tính tổng phương sai:

$$\sigma_B^2(t) = \omega_1(t)(\mu_1(t) - \mu_T)^2 + \omega_2(t)(\mu_2(t) - \mu_T)^2 \quad (9)$$

Chọn ngưỡng tối ưu t*

$$t^* = \text{ArgMax}_{0 \leq t \leq L-1}\{\sigma_B^2(t)\} \quad (10)$$

2.2.2 Phương pháp dò biên Laplacian

Sau khi ảnh đầu vào được nhị phân hóa, kỹ thuật dò biên được áp dụng vào giai đoạn này nhằm xác định biên của vùng ứng viên. Ở nghiên cứu này, chúng tôi sử dụng phương pháp dò biên Laplacian.

2.2.3 Xử lý hình thái – Phép toán đóng

Kết quả của bước dò biên là viền của vùng ứng viên. Tuy nhiên, các viền này có thể chưa được liền mạch hoặc chưa thật chính xác. Do đó, chúng tôi sử dụng thêm phép toán hình thái, ở đây phép toán đóng được áp dụng với kiểu mặt nạ elip, kích thước 3x3. Trong phép toán đóng, phép toán giãn nở được thực hiện năm lần, phép toán co được thực hiện năm lần ngay sau đó. Kết quả của quá trình này là viền (contour) của các vùng ứng viên, từ đó tách lấy các đối tượng được xác định bởi các viền đó. Sau đó, các đối tượng này sẽ được đặt sang ảnh khác với kích thước vuông, nền đen. Ảnh này được điều chỉnh lại thành kích thước 25 x 25 pixels.

a b c d

Hình 4: Các bước thực hiện tách vùng ứng viên khỏi ảnh gốc

Hình 4 mô tả các bước tách vùng ứng viên khỏi ảnh gốc. Đầu tiên, ảnh gốc (Hình 4a) được nhị phân hóa với ngưỡng Otsu và tiến hành dò tìm viền (Hình 4b). Tiếp đến, viền của đối tượng được đặt lên ảnh gốc như Hình 4c. Cuối cùng, vùng ảnh nằm trong viền được sao chép sang ảnh mới với nền đen.

2.3 Rút trích đặc trưng

Bốn loại sâu bệnh được chọn có màu sắc và hình dáng tương đối khác nhau nên chúng tôi tập trung chủ yếu vào việc rút trích các đặc trưng liên quan đến màu sắc và hình dạng. Từng tấm ảnh sẽ được đọc qua và tiến hành rút trích các đặc trưng sau: Color moments (Hoàng Văn Hiệp, 2011), Color correlograms (Claudio Taranto *et al.*, 2010), Zernike moments (Jamie Shutler, 2002).

2.3.1 Đặc trưng Color moments

Đặc trưng màu sắc đầu tiên được sử dụng là Color moments. Với đặc trưng này, ảnh RGB được tách thành ba kênh màu riêng biệt Red (đỏ), Green (xanh lá cây), Blue (xanh dương). Sau đó, chúng tôi sẽ tính toán đặc trưng giá trị trung bình (Mean),

độ lệch chuẩn (Standard deviation) và độ lệch phân bố (Skewness) trên từng kênh màu. Ảnh gốc cũng được chuyển sang ảnh đa mức xám để trích đặc trưng Color moments. Cuối cùng, đặc trưng trên ba kênh màu và đặc trưng trên ảnh xám sẽ được ghép lại với nhau để trở thành đặc trưng Color moments của bức ảnh. Các đặc trưng này được tính toán theo các công thức (11), (12) và (13):

Giá trị kỳ vọng, giá trị trung bình (Mean): $E_i = \sum_{j=1}^{N} \frac{1}{N} p_{ij}$ (11)

Độ lệch chuẩn (Standard deviation): $\sigma_i = \sqrt{\frac{1}{N}\sum_{j=1}^{N}(p_{ij} - E_i)^2}$ (12)

Độ lệch phân bố (Skewness): $s_i = \sqrt[3]{\frac{1}{N}\sum_{j=1}^{N}(p_{ij} - E_i)^3}$ (13)

Trong đó: pij là giá trị của kênh màu i tại pixel có vị trí j trong ảnh.

Thực nghiệm cho thấy việc tách ảnh gốc thành ba kênh màu song song với việc chuyển sang ảnh đa mức xám để rút đặc trưng sẽ đem lại hiệu quả tốt hơn, độ chính xác cao hơn so với việc chỉ rút đặc trưng trực tiếp trên ảnh đa mức xám.

2.3.2 Đặc trưng Color correlograms

Đặc trưng màu sắc tiếp theo được sử dụng là Color correlograms. Cũng như đặc trưng Color moments, để rút trích đặc trưng Color correlograms thì ảnh RGB cũng được tách thành ba kênh màu riêng biệt Red (đỏ), Green (xanh lá cây), Blue (xanh dương), đồng thời ảnh gốc cũng được chuyển sang ảnh đa mức xám để rút trích đặc trưng. Tham số cho đặc trưng Color correlograms được chọn như sau:

Mức xám của màu được phân theo cụm (k), mỗi cụm năm giá trị liền nhau. Như vậy, với 256 mức xám ta được 52 cụm.

Khoảng cách từ điểm ảnh đang xét đến điểm ảnh cần so sánh về giá trị mức xám (d) được chọn lần lượt năm giá trị là 1, 2, 3, 4, 5.

Tham số k và d được chọn dựa trên thực nghiệm. Chúng tôi tiến hành thay đổi các giá trị của k và d đồng thời kiểm tra độ chính xác của mô hình phân lớp SVM (Bảng 1). Dựa vào Bảng 1, ta thấy việc chọn giá trị k = 52 và d = {1, 2, 3, 4, 5} đem lại độ chính xác cao nhất cho mô hình phân lớp.

Bảng 1: Bảng đánh giá độ chính xác của mô hình phân lớp SVM dựa vào tham số d và k của đặc trưng Color correlograms trong một số trường hợp

STT	k	d	Độ chính xác của mô hình SVM
1	52	{1, 2, 3}	99,1111 %
2	52	{1, 2, 3, 4, 5}	99,5 %
3	52	{1, 2, 3, 4, 5, 6, 7}	99,4444 %
4	43	{1, 2, 3, 4, 5}	99,1667 %
5	64	{1, 2, 3, 4, 5}	99,2778 %

Với tham số k và d đã được chọn, chúng tôi tiến hành trích đặc trưng trên ảnh đa mức xám và ảnh đa mức xám theo từng kênh màu. Sau khi tổng hợp lại sẽ được đặc trưng Color correlograms cho bức ảnh.

Đối với ảnh RGB, số lượng màu sắc rất lớn (hơn 16,7 triệu màu), việc tách ảnh RGB thành ảnh đa mức xám giúp cho việc tính toán xử lý được đơn giản hơn rất nhiều. Đồng thời, ảnh được tách làm ba kênh màu giúp gia tăng độ chính xác trong nhận dạng. Thực nghiệm cho thấy với cách chọn tham số k và d như đã nêu ở trên đem lại kết quả khá tối ưu, độ chính xác cao và loại bỏ được sự dư thừa của dữ liệu, đồng thời rút ngắn thời gian xử lý.

2.3.3 Đặc trưng Zernike moments

Trong nghiên cứu này, chúng tôi sử dụng một đặc trưng hình dạng là Zernike moments. Để rút trích đặc trưng này, ảnh đầu vào được chuyển từ ảnh màu RGB sang ảnh đa mức xám. Sau đó, chúng tôi áp dụng công thức (14) để tính đa thức Radial.

$$R_{mn}(r) = \sum_{s=0}^{\frac{m-|n|}{2}} (-1)^s \frac{(m-s)!}{s!\left(\frac{m+|n|}{2}-s\right)!\left(\frac{m-|n|}{2}-s\right)!} r^{m-2s} \quad (14)$$

Khi đã có đa thức Radial, chúng tôi tiến hành tính Zernike moments theo (15):

$$Z_{mn} = \frac{m+1}{\pi}\sum_{x}\sum_{y} P(x,y)V_{mn}^{*}(x,y) \quad (15)$$

Chúng tôi thử nghiệm trên nhiều bậc của Zernike moments để xác định độ chính xác của mô hình phân lớp (Bảng 2). Ở đây, bậc của Zernike moments được chọn là 8 do mô hình phân lớp SVM đạt độ chính xác cao nhất.

Qua thực nghiệm, chúng tôi nhận thấy rằng ba đặc trưng đã chọn cho thời gian trích đặc trưng

nhanh chóng, dung lượng tập tin đặc trưng nhỏ. Tuy nhiên, bộ đặc trưng ở trường hợp này vẫn đảm bảo đem lại độ chính xác cao trong quá trình phân lớp nhận dạng.

Bảng 2: Bảng đánh giá độ chính xác của mô hình phân lớp SVM dựa vào bậc của Zernike moments trong một số trường hợp

STT	Bậc của Zernike moments	Độ chính xác của mô hình SVM
1	6	99,2222 %
2	7	99,2222 %
3	8	99,5 %
4	9	99,2778 %
5	10	99,2222 %

Sau khi trích đặc trưng của ảnh, dữ liệu sẽ được chuẩn hóa để phù hợp với thư viện LibSVM.

2.4 Huấn luyện phân lớp

Sau khi có được tập tin đặc trưng đã chuẩn hóa, tập tin này sẽ trở thành đầu vào của máy học SVM. Ở đây, chúng tôi sử dụng thư viện LibSVM (Chih-Chung Chang and Chih-Jen Lin, 2001) để xây dựng mô hình phân lớp, các bước thực hiện như sau:

Bước 1: Các đặc trưng đã được xuất ra ở bước rút trích đặc trưng sẽ là đầu vào của quá trình huấn luyện phân lớp.

Bước 2: Chọn các thông số phù hợp để việc xây dựng mô hình phân lớp. Đối với mỗi tập tin đặc trưng đầu vào, chúng tôi sử dụng công cụ grid.py của thư viện LibSVM để chọn tham số tốt nhất, đảm bảo cho quá trình huấn luyện đem lại độ chính xác cao nhất. Đối với tập đặc trưng đã chọn ở trên, tham số g (gamma của hàm nhân) được chọn là 0,125 và c (chi phí) được chọn là 8.

Bước 3: Huấn luyện mô hình SVM bằng phương thức Train() với tập tin đặc trưng đã chọn ở bước 1, các thông số đã chọn ở bước 2.

Bước 4: Kiểm tra độ chính xác của mô hình bằng phương thức EvaluateClassificationProblem().

Đầu ra của giai đoạn này là mô hình phân lớp. Mô hình này dùng để phân lớp nhận dạng sâu bệnh.

2.5 Nhận dạng sâu bệnh

Sau khi có được mô hình phân lớp, chúng tôi tiến hành kiểm tra quá trình phân lớp của SVM. Dữ liệu đầu vào là tập tin dữ liệu đặc trưng của ảnh. SVM sẽ sử dụng phương thức Predict() để tiến hành phân lớp nhận dạng và kết quả của giai đoạn này là nhãn (lớp) của dữ liệu đầu vào.

3 KẾT QUẢ THỰC NGHIỆM

3.1 Kết quả phát hiện vùng ứng viên

Chúng tôi sử dụng 500 ảnh để kiểm thử, tỉ lệ tìm được bao đóng (viền) của vùng ứng viên là 100% (Bảng 3).

Bảng 3: Kết quả phát hiện vùng ứng viên

Số ảnh kiểm thử	Số ảnh phát hiện được vùng ứng viên	Số ảnh không phát hiện được vùng ứng viên
500	500 (100%)	0 (0%)

3.2 Kết quả huấn luyện SVM với đặc trưng Color moments, Color correlograms và Zernike moments

3.2.1 Giá trị tham số huấn luyện

Với tập dữ liệu sâu bệnh đã thu thập được, chúng tôi xây dựng mô hình phân lớp SVM với các tham số như sau:

- SVM type: C-SVC
- Kernel type: Radial basis
- Gamma: 0.125
- Cost: 8

3.2.2 Kết quả huấn luyện

Với giá trị tham số huấn luyện đã tìm được, chúng tôi tiến hành huấn luyện mô hình phân lớp và kiểm tra kết quả. Cụ thể như sau:

- Số mẫu huấn luyện: 1800 mẫu.
- Số lượng mẫu kiểm tra: 500 mẫu với

Số mẫu phân lớp đúng: 496 mẫu (chiếm 99,2 %).

Số mẫu phân lớp sai: 04 mẫu (chiếm 0.8 %).

3.3 Kết quả kiểm thử

3.3.1 Trường hợp 1: một sâu bệnh/ một lá bưởi

Chúng tôi tiến hành kiểm thử trên hình ảnh sâu bệnh. Kết quả kiểm thử với mô hình phân lớp nhận dạng SVM được trình bày chi tiết như Bảng 4.

Hình 5 minh họa cho nhận dạng một sâu bệnh trên một lá. Trong đó, Hình 5a minh họa nhận dạng đối tượng sâu bệnh, Hình 5b là trường hợp lá không chứa đối tượng sâu bệnh.

A B

Hình 5: Nhận dạng một sâu bệnh/lá

Bảng 4: Bảng kết quả kiểm thử chương trình đối với một sâu bệnh/lá

Loại sâu bệnh	Số lượng mẫu kiểm thử	Số lượng mẫu nhận dạng đúng	Số lượng mẫu nhận dạng sai	Thời gian xử lý trung bình
Bọ xít nâu	100	99 (99%)	01 (01%)	206 ms
Ốc sên	100	98 (98%)	02 (02%)	150 ms
Rệp sáp	100	100 (100%)	00 (00%)	151 ms
Rệp vảy	100	100 (100%)	00 (00%)	142 ms
Không có sâu bệnh trên lá	100	99 (99%)	01 (01%)	281 ms
Tổng cộng	500	496 (99,2%)	04 (0,8%)	186 ms

3.3.2 Trường hợp 2: nhiều sâu bệnh/ một lá bưởi (mở rộng)

Chúng tôi mở rộng phạm vi của đề tài bằng cách xây dựng thêm chức năng nhận dạng nhiều sâu bệnh trên một lá bưởi. Kết quả kiểm thử nhiều sâu bệnh trên cùng một lá với mô hình phân lớp nhận dạng SVM được trình bày chi tiết như Bảng 5, 6, 7.

Bảng 5: Bảng kết quả kiểm thử chương trình đối với hai sâu bệnh/lá

Số lượng sâu bệnh trên lá	Số loại sâu bệnh	Số lượng mẫu kiểm thử	Số lượng mẫu nhận dạng đúng		Thời gian xử lý trung bình
			2 sâu bệnh	1 sâu bệnh	
2	1	12	12	00	347 ms
	2	02	02	00	366 ms

Hình 6 minh họa cho nhận dạng hai sâu bệnh trên một lá. Hình 6a chứa hai đối tượng sâu bệnh cùng loại. Hình 6b chứa hai đối tượng sâu bệnh khác loại.

a b

Hình 6: Nhận dạng hai sâu bệnh/lá

Bảng 6: Bảng kết quả kiểm thử chương trình đối với ba sâu bệnh/lá

Số lượng sâu bệnh trên lá	Số loại sâu bệnh	Số lượng mẫu kiểm thử	Số lượng mẫu nhận dạng đúng			Thời gian xử lý trung bình
			3 sâu bệnh	2 sâu bệnh	1 sâu bệnh	
3	1	12	12	0	0	426 ms
	2	02	02	0	0	439 ms

Hình 7 minh họa cho nhận dạng ba sâu bệnh trên một lá. Hình 7a chứa ba đối tượng sâu bệnh cùng loại. Hình 7b chứa ba đối tượng sâu bệnh thuộc hai loại khác nhau.

a b

Hình 7: Nhận dạng ba sâu bệnh/lá

Bảng 7: Bảng kết quả kiểm thử chương trình đối với bốn sâu bệnh/lá

Số lượng sâu bệnh trên lá	Số loại sâu bệnh	Số lượng mẫu kiểm thử	Số lượng mẫu nhận dạng đúng				Thời gian xử lý trung bình
			4 sâu bệnh	3 sâu bệnh	2 sâu bệnh	1 sâu bệnh	
4	1	10	09	01	00	00	513 ms
	2	03	02	01	00	00	576 ms

Hình 8 minh họa cho nhận dạng bốn sâu bệnh trên một lá. Hình 8a chứa bốn đối tượng sâu bệnh cùng loại. Hình 8b chứa bốn đối tượng sâu bệnh thuộc hai loại khác nhau.

Trong một số trường hợp hệ thống không tìm được vùng ảnh là đối tượng sâu bệnh như Hình 9.

a b

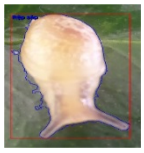
Hình 8: Nhận dạng bốn sâu bệnh trên lá

3.3.3 Trường hợp 3: phát hiện và nhận dạng đối tượng sâu bệnh không chính xác

Hình 9 là ảnh chứa 04 đối tượng sâu bệnh nhưng hệ thống chỉ phát hiện được 03 đối tượng. Nguyên nhân của việc phát hiện không đầy đủ này là do quá trình phát hiện vùng ứng viên chưa thật tốt. Hạn chế này có thể được khắc phục bằng cách tính toán lại tỉ lệ kích thước các vùng ứng viên.

Hình 9: Ví dụ về trường hợp phát hiện vùng ứng viên không đầy đủ

Ngoài việc phát hiện không đầy đủ vùng ứng viên, hệ thống cũng có thể nhận dạng đối tượng sâu bệnh không chính xác. Hình 10 minh họa cho việc nhận dạng nhầm loại sâu bệnh trên ảnh. Đối tượng sâu bệnh trong hình là ốc sên nhưng hệ thống nhận dạng là rệp sáp. Việc nhận dạng không chính xác do hai nguyên nhân chính: (i) việc phát hiện vùng ứng viên không chính xác dẫn đến thay đổi hình dạng của đối tượng; (ii) do đặc trưng của đối tượng được rút trích gần giống với đặc trưng của lớp khác dẫn đến SVM phân lớp không chính xác.



Hình 10: Ví dụ cho trường hợp nhận dạng đối tượng không chính xác

3.4 Đánh giá kết quả

Thời gian xử lý và độ chính xác của chương trình phụ thuộc vào hai giai đoạn chính là phát hiện vùng ứng viên và nhận dạng sâu bệnh từ các vùng ứng viên đó.

3.4.1 Phát hiện vùng ứng viên

Về mức độ chính xác: Bảng 4 cho thấy kỹ thuật phát hiện vùng ứng viên tốt, độ chính xác cao.

Về mức độ thời gian xử lý: chương trình có thời gian xử lý phù hợp trong việc phân đoạn ảnh, phát hiện vùng ứng viên.

Độ chính xác của giai đoạn này phụ thuộc chủ yếu vào chất lượng (độ tương phản, độ sáng, nhiễu,…) của ảnh đầu vào. Trong khi đó, thời gian xử lý của giai đoạn này lại phụ thuộc chủ yếu vào kích thước của ảnh.

3.4.2 Nhận dạng sâu bệnh

Từ Bảng 5, 6, 7, chúng ta nhận thấy:

Chương trình có độ chính xác cao, nhận dạng chính xác các loại sâu bệnh đã được huấn luyện. Ở Hình 6a số lượng vùng ứng viên được tìm thấy là 03, số lượng đối tượng sâu bệnh được nhận dạng là 02 do một vùng ứng viên được hệ thống xác định không phải là sâu bệnh. Tương tự như vậy, ở Hình 8a, số lượng vùng ứng viên được hệ thống trả về là 05, trong khi đó số lượng đối tượng sâu bệnh nhận dạng được là 04 do một vùng ứng viên được xác định không phải là sâu bệnh.

Chương trình có thời gian xử lý phù hợp trong việc trích đặc trưng, huấn luyện và nhận dạng sâu bệnh (thời gian xử lý trung bình trong các Bảng 5, 6, 7 là tổng thời gian phát hiện vùng ứng viên và nhận dạng sâu bệnh từ các vùng ứng viên).

Độ chính xác của giai đoạn nhận dạng phần lớn phụ thuộc vào chất lượng ảnh, đặc trưng ảnh được sử dụng, đồng thời phụ thuộc vào độ chính xác của mô hình phân lớp. Trong khi đó, thời gian xử lý phụ thuộc chủ yếu vào số lượng vùng ứng viên tìm thấy ở giai đoạn trước đó, số lượng thành phần đặc trưng được rút trích.

4 KẾT LUẬN

Nghiên cứu này đã đề xuất một giải pháp để phát hiện và nhận dạng một số loại sâu bệnh trên lá bưởi bằng kỹ thuật xử lý ảnh kết hợp với máy học. Giải pháp được thực hiện qua hai bước chính: phân đoạn ảnh bằng thuật toán Otsu, dò tìm biên vùng ứng viên kết hợp với phép xử lý hình thái sau đó rút trích đặc trưng màu sắc và hình dạng của vùng ứng viên để tiến hành huấn luyện nhận dạng bằng máy học vectơ hỗ trợ. Thực nghiệm tiến hành trên 500 ảnh, độ chính xác của hệ thống đạt 99,2% với thời gian xử lý trung bình khoảng 200 ms. Kết quả đạt được rất hứa hẹn cho việc áp dụng vào hệ thống nhận dạng sâu bệnh trong nông nghiệp.

Sắp tới, chúng tôi sẽ thu thập số lượng hình ảnh lớn hơn, đa dạng hơn để mở rộng phạm vi áp dụng của nghiên cứu. Đồng thời thử nghiệm thêm một số phương pháp phát hiện và nhận dạng khác để so sánh ưu, khuyết điểm so với phương pháp đề xuất. Tiếp đến, chúng tôi hướng sang việc cài đặt ứng dụng lên thiết bị di động nhằm áp dụng rộng rãi cho nông dân.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Rupesh G. Mundada, Dr. V. V. Gohokar (2013). Detection and Classification of Pests in Greenhouse Using Image Processing. IOSR Journal of Electronics and Communication Engineering, Vol.5, No.6, pp. 57-63.

Faithpraise Fina, Philip Birch, Rupert Young, J. Obu, Bassey Faithpraise and Chris Chatwin (2013). Automatic Plant Pest Detection And Recognition

Using K-Means Clustering Algorithm And Correspondence Filters. BioIT Journal, Vol.4, No.2, pp 189-199.

Murali Krishnan and Jabert.G (2013). Pest Control in Agricultural Plantations Using Image Processing. IOSR Journal of Electronics and Communication Engineering (IOSR-JECE), Vol.6, No.4, pp. 68-74.

Trương Quốc Bảo. Bài giảng Xử lý ảnh. Khoa Công nghệ, Trường Đại học Cần Thơ, 2013.

Hoàng Văn Hiệp. Giáo trình Xử lý ảnh. Viện Công nghệ thông tin và Truyền thông.

Claudio Taranto, Nicola Di Mauro, Stefano Ferilli. Approximate Image Color Correlograms. University of Bari "Aldo Moro".

Jamie Shutler, Department of Electronics and Computer Science, University of Southampton United Kingdom, 2002.

Chih-Chung Chang, Chih-Jen Lin (2001). LIBSVM: A Library for Support Vector Machines. Department of Computer Science National Taiwan University