



(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 공개특허공보(A)

(11) 공개번호 10-2024-0107928
(43) 공개일자 2024년07월09일

- | | |
|--|--|
| <p>(51) 국제특허분류(Int. Cl.)
 <i>G16H 50/50</i> (2018.01) <i>G06N 3/0464</i> (2023.01)
 <i>G16H 50/20</i> (2018.01) <i>G16H 50/30</i> (2018.01)</p> <p>(52) CPC특허분류
 <i>G16H 50/50</i> (2018.01)
 <i>G06N 3/0464</i> (2023.01)</p> <p>(21) 출원번호 10-2022-0191005
 (22) 출원일자 2022년12월30일
 심사청구일자 2022년12월30일</p> | <p>(71) 출원인
 인천대학교 산학협력단
 인천광역시 연수구 갯벌로 27, 인천대학교 이노베이션센터(송도동)</p> <p>(72) 발명자
 전광길
 인천광역시 연수구 해송로 70, 209동 805호(송도동, 송도웰 카운티2단지)</p> <p>(74) 대리인
 특허법인충정</p> |
|--|--|

전체 청구항 수 : 총 9 항

(54) 발명의 명칭 **딥러닝을 이용한 식물 질병 탐지 시스템 및 방법**

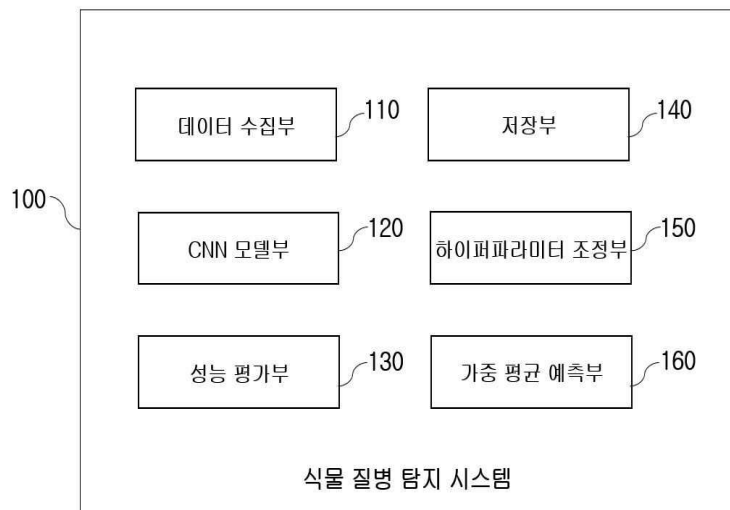
(57) 요약

딥러닝을 이용한 식물 질병 탐지 시스템 및 방법은 식물 질병을 예측하기 위해 복수의 CNN 모델의 성능을 비교 분석하여 최적의 CNN 모델을 선택하고, 선택된 CNN 모델의 성능을 개선하기 위해 유전자 알고리즘을 이용하여 하이퍼파라미터를 조정하여 높은 정확도와 성능을 얻을 수 있다.

본 발명은 식물 이미지에서 식물 질병을 탐지하는 모델링 기술로 98.1%의 높은 정확도와 성능을 획득하여 식물 질병으로 인한 손실을 크게 줄여서 전세계 농업 생산량을 향상시키는 효과가 있다.

본 발명은 식물 질병의 모니터링하는 기술로 효율성이나 정확도를 크게 향상시키는 효과가 있다.

대표도 - 도1



(52) CPC특허분류

G16H 50/20 (2018.01)

G16H 50/30 (2018.01)

명세서

청구범위

청구항 1

식물을 감염시키는 여러 유형의 질병을 포함한 데이터 세트를 저장하고, 건강한 식물 클래스와 질병 감염된 식물 클래스를 나타내는 식물 이미지를 선택하는 데이터 수집부;

상기 데이터 수집부에서 선택한 식물 이미지를 질병 감염 식물 이미지와 정상 식물 이미지로 분류하도록 역전파 알고리즘을 사용하여 데이터에서 계층적 특징을 학습하는 사전 훈련된 복수의 CNN(Convolutional neural networks) 모델을 선정하는 컨볼루션 신경망 모델부; 및

상기 복수의 CNN 모델의 성능을 비교 분석하여 훈련 정확도가 상대적으로 높은 기설정된 개수의 CNN 모델을 선택하는 성능 평가부를 포함하는 딥러닝을 이용한 식물 질병 탐지 시스템.

청구항 2

청구항 1에 있어서,

상기 성능 평가부에서 선택한 하나 이상의 CNN 모델에 대한 성능을 개선하기 위하여 유전자 알고리즘을 이용하여 하이퍼파라미터를 조정하는 하이퍼파라미터 조정부를 더 포함하는 딥러닝을 이용한 식물 질병 탐지 시스템.

청구항 3

청구항 2에 있어서,

상기 하이퍼파라미터 조정부는 하이퍼파라미터를 조정하기 위한 요소로 학습률(Learning Rate), 뉴런수(Neuron Number), 에포크(Epoch)의 범위에서 선택하고, CNN과 유전자 알고리즘(Genetic Algorithm, GA)의 두 부분을 결합한 GA-CNN 알고리즘을 이용하여 상기 선택한 하나 이상의 CNN 모델의 하이퍼파라미터를 조정하는 딥러닝을 이용한 식물 질병 탐지 시스템.

청구항 4

청구항 3에 있어서,

상기 성능 평가부는 상기 CNN 모델부(120)로부터 출력된 질병 감염 식물 이미지와 정상 식물 이미지를 TP(True-positive), FP(False-positive), TN(True-negative), FN(False-negative)의 4가지 세그먼트로 분류하고, 이를 이용하여 회수율(Recall), 정확도(Accuracy), 정밀도(Precision)를 다음의 수학식 1, 수학식 2, 수학식 3에 의해 계산되는 딥러닝을 이용한 식물 질병 탐지 시스템.

[수학식 1]

$$Recall = TP / (TP + FN)$$

[수학식 2]

$$Accuracy = (TP + TN) / (TP + TN + FN)$$

[수학식 3]

$$Precision = TP / (TP + FP)$$

여기서, TP(True-positive)는 감염된 것으로 올바르게 식별된 이미지의 샘플의 수이고, FP(False-positive)는 감염된 것으로 잘못 분류된 샘플의 수이고, TN(True-negative)는 감염되지 않고, 올바르게 분류된 샘플의 수이고, FN(False-negative)는 건강한 것으로 잘못 분류된 샘플의 수임.

청구항 5

청구항 3 또는 청구항 4에 있어서,

상기 하이퍼파라미터 조정부에서 하이퍼파라미터를 조정한 하나 이상의 CNN 모델과 가중 평균 앙상블을 사용하여 가중 평균을 예측하고, 선택하는 가중 평균 선택부를 더 포함하는 딥러닝을 이용한 식물 질병 탐지 시스템.

청구항 6

청구항 4에 있어서,

상기 하이퍼파라미터 조정부는 하이퍼파라미터를 조정한 하나 이상의 CNN 모델에 대하여 전술한 수학적 1, 수학적 2, 수학적 3을 이용하여 회수율(Recall), 정확도(Accuracy), 정밀도(Precision)를 계산하는 딥러닝을 이용한 식물 질병 탐지 시스템.

청구항 7

청구항 1에 있어서,

상기 성능 평가부는 상기 CNN 모델부(120)로부터 출력된 질병 감염 식물 이미지와 정상 식물 이미지를 TP(True-positive), FP(False-positive), TN(True-negative), FN(False-negative)의 4가지 세그먼트로 분류하고, 이를 이용하여 회수율(Recall), 정확도(Accuracy), 정밀도(Precision)를 다음의 수학적 4, 수학적 5, 수학적 6에 의해 계산되는 딥러닝을 이용한 식물 질병 탐지 시스템.

[수학적 4]

$$Recall = TP / (TP + FN)$$

[수학적 5]

$$Accuracy = (TP + TN) / (TP + TN + FN)$$

[수학적 6]

$$Precision = TP / (TP + FP)$$

여기서, TP(True-positive)는 감염된 것으로 올바르게 식별된 이미지의 샘플의 수이고, FP(False-positive)는 감염된 것으로 잘못 분류된 샘플의 수이고, TN(True-negative)는 감염되지 않고, 올바르게 분류된 샘플의 수이고, FN(False-negative)는 건강한 것으로 잘못 분류된 샘플의 수임.

청구항 8

데이터 수집부가 식물을 감염시키는 여러 유형의 질병을 포함한 데이터 세트를 저장하고, 건강한 식물 클래스와 질병 감염된 식물 클래스를 나타내는 식물 이미지를 선택하는 단계;

컨볼루션 신경망 모델부가 상기 데이터 수집부에서 선택한 식물 이미지를 질병 감염 식물 이미지와 정상 식물 이미지로 분류하도록 역전파 알고리즘을 사용하여 데이터에서 계층적 특징을 학습하는 사전 훈련된 복수의 CNN(Convolutional neural networks) 모델을 선정하는 단계;

성능 평가부가 상기 복수의 CNN 모델의 성능을 비교 분석하여 훈련 정확도가 상대적으로 높은 기설정된 개수의 CNN 모델을 선택하는 단계;

하이퍼파라미터 조정부가 상기 성능 평가부에서 선택한 하나 이상의 CNN 모델에 대한 성능을 개선하기 위하여 유전자 알고리즘을 이용하여 하이퍼파라미터를 조정하는 단계; 및

가중 평균 선택부가 상기 하이퍼파라미터 조정부에서 하이퍼파라미터를 조정한 하나 이상의 CNN 모델과 가중 평균 앙상블을 사용하여 가중 평균을 예측하고, 선택하는 단계를 포함하는 딥러닝을 이용한 식물 질병 탐지 방법.

청구항 9

청구항 8에 있어서,

상기 성능 평가부는 상기 CNN 모델부(120)로부터 출력된 질병 감염 식물 이미지와 정상 식물 이미지를 TP(True-positive), FP(False-positive), TN(True-negative), FN(False-negative)의 4가지 세그먼트로 분류하고, 이를 이용하여 회수율(Recall), 정확도(Accuracy), 정밀도(Precision)를 다음의 수학적 1, 수학적 2, 수학적 3에 의해 계산되는 단계를 더 포함하는 딥러닝을 이용한 식물 질병 탐지 방법.

[수학적 1]

$$Recall = TP / (TP + FN)$$

[수학적 2]

$$Accuracy = (TP + TN) / (TP + TN + FN)$$

[수학적 3]

$$Precision = TP / (TP + FP)$$

여기서, TP(True-positive)는 감염된 것으로 올바르게 식별된 이미지의 샘플의 수이고, FP(False-positive)는 감염된 것으로 잘못 분류된 샘플의 수이고, TN(True-negative)는 감염되지 않고, 올바르게 분류된 샘플의 수이고, FN(False-negative)는 건강한 것으로 잘못 분류된 샘플의 수임.

발명의 설명

기술 분야

- [0001] 본 발명은 딥러닝을 이용한 식물 질병 탐지 시스템 및 방법에 관한 것으로서, 더욱 상세하게는 식물 질병을 예측하기 위해 복수의 CNN 모델의 성능을 비교 분석하여 최적의 CNN 모델을 선택하고, 선택된 CNN 모델의 성능을 개선하기 위해 유전자 알고리즘을 이용하여 하이퍼파라미터를 조정하여 높은 정확도와 성능을 얻을 수 있는 딥러닝을 이용한 식물 질병 탐지 시스템 및 방법에 관한 것이다.

배경 기술

- [0002] UN(United Nations)은 세계 인구가 2050년에 98억에 도달하고, 2100년에 112억에 도달할 것으로 추정한다.
- [0003] 이러한 예측이 정확하다면, 식량에 대한 세계 식량 수요는 반드시 크게 증가할 것으로 예상된다.
- [0004] 식량 안보는 부분적으로 분배 문제이지만, 식량 생산을 향상시키는 것이 중요하다.
- [0005] 농업 부문은 장기적으로 경제적으로 실행 가능한 동시에 중요한 사회 및 환경 문제를 고려하면서 증가하는 식량 수요를 충족해야 한다.
- [0006] 식물 질병은 양질의 식품 생산을 가로막는 장애물이고, 식물 질병으로 인한 손실은 전세계 농업 생산량의 40%에 달하고 있다. 이러한 식물 질병은 수확량의 질과 양에 심각한 영향을 미친다.
- [0007] 농업 시장은 식물 질병의 자동 모니터링 기술에 향상된 컴퓨터 비전 기술과 인공 지능 기술을 연구하고 있다.
- [0008] 농업 분야에서 인공 지능을 사용하여 식물 질병의 모니터링하는 기술이 효율성이나 정확성 면에서 아직까지 부족한 실정이다.

선행기술문헌

특허문헌

- [0009] (특허문헌 0001) 한국 등록특허번호 제10-2425487호

발명의 내용

해결하려는 과제

[0010] 이와 같은 문제점을 해결하기 위하여, 본 발명은 식물 질병을 예측하기 위해 복수의 CNN 모델의 성능을 비교 분석하여 최적의 CNN 모델을 선택하고, 선택된 CNN 모델의 성능을 개선하기 위해 유전자 알고리즘을 이용하여 하이퍼파라미터를 조정하여 높은 정확도와 성능을 얻을 수 있는 딥러닝을 이용한 식물 질병 탐지 시스템 및 방법을 제공하는데 그 목적이 있다.

과제의 해결 수단

[0011] 상기 목적을 달성하기 위한 본 발명의 특징에 따른 딥러닝을 이용한 식물 질병 탐지 시스템은,

[0012] 식물을 감염시키는 여러 유형의 질병을 포함한 데이터 세트를 저장하고, 건강한 식물 클래스와 질병 감염된 식물 클래스를 나타내는 식물 이미지를 선택하는 데이터 수집부;

[0013] 상기 데이터 수집부에서 선택한 식물 이미지를 질병 감염 식물 이미지와 정상 식물 이미지로 분류하도록 역전파 알고리즘을 사용하여 데이터에서 계층적 특징을 학습하는 사전 훈련된 복수의 CNN(Convolutional neural networks) 모델을 선정하는 컨볼루션 신경망 모델부; 및

[0014] 상기 복수의 CNN 모델의 성능을 비교 분석하여 훈련 정확도가 상대적으로 높은 기설정된 개수의 CNN 모델을 선택하는 성능 평가부를 포함한다.

[0015] 본 발명의 특징에 따른 딥러닝을 이용한 식물 질병 탐지 방법은,

[0016] 데이터 수집부가 식물을 감염시키는 여러 유형의 질병을 포함한 데이터 세트를 저장하고, 건강한 식물 클래스와 질병 감염된 식물 클래스를 나타내는 식물 이미지를 선택하는 단계;

[0017] 컨볼루션 신경망 모델부가 상기 데이터 수집부에서 선택한 식물 이미지를 질병 감염 식물 이미지와 정상 식물 이미지로 분류하도록 역전파 알고리즘을 사용하여 데이터에서 계층적 특징을 학습하는 사전 훈련된 복수의 CNN(Convolutional neural networks) 모델을 선정하는 단계;

[0018] 성능 평가부가 상기 복수의 CNN 모델의 성능을 비교 분석하여 훈련 정확도가 상대적으로 높은 기설정된 개수의 CNN 모델을 선택하는 단계;

[0019] 하이퍼파라미터 조정부에 상기 성능 평가부에서 선택한 하나 이상의 CNN 모델에 대한 성능을 개선하기 위하여 유전자 알고리즘을 이용하여 하이퍼파라미터를 조정하는 단계; 및

[0020] 가중 평균 선택부가 상기 하이퍼파라미터 조정부에서 하이퍼파라미터를 조정한 하나 이상의 CNN 모델과 가중 평균 앙상블을 사용하여 가중 평균을 예측하고, 선택하는 단계를 포함한다.

발명의 효과

[0021] 전술한 구성에 의하여, 본 발명은 식물 이미지에서 식물 질병을 탐지하는 모델링 기술로 98.1%의 높은 정확도와 성능을 획득하여 식물 질병으로 인한 손실을 크게 줄여서 전세계 농업 생산량을 향상시키는 효과가 있다.

[0022] 본 발명은 식물 질병의 모니터링하는 기술로 효율성이나 정확도를 크게 향상시키는 효과가 있다.

도면의 간단한 설명

[0023] 도 1 및 도 2는 본 발명의 실시예에 따른 딥러닝을 이용한 식물 질병 탐지 시스템의 구성을 나타낸 도면이다.

도 3은 본 발명의 실시예에 따른 10개의 건강한 토마토 식물 클래스와 질병 감염된 토마토 식물 클래스를 나타내는 식물 이미지를 나타낸 도면이다.

도 4는 본 발명의 실시예에 따른 GA-CNN 알고리즘을 나타낸 도면이다.

발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

[0024] 명세서 전체에서, 어떤 부분이 어떤 구성요소를 "포함"한다고 할 때, 이는 특별히 반대되는 기재가 없는 한 다른 구성요소를 제외하는 것이 아니라 다른 구성요소를 더 포함할 수 있는 것을 의미한다.

[0025] 많은 질병이 토마토 식물에 영향을 미치고, 수확량 손실을 일으킬 수 있다.

- [0026] 본 발명은 딥러닝을 이용하여 수율 손상을 방지할 수 있는 기술로 토마토를 표적으로 하는 질병을 검출하기 위한 하이브리드 모델을 개발한다.
- [0027] 도 1 및 도 2는 본 발명의 실시예에 따른 딥러닝을 이용한 식물 질병 탐지 시스템의 구성을 나타낸 도면이고, 도 3은 본 발명의 실시예에 따른 10개의 건강한 토마토 식물 클래스와 질병 감염된 토마토 식물 클래스를 나타내는 식물 이미지를 나타낸 도면이고, 도 4는 본 발명의 실시예에 따른 GA-CNN 알고리즘을 나타낸 도면이다.
- [0028] 본 발명의 실시예에 따른 딥러닝을 이용한 식물 질병 탐지 시스템(100)은 데이터 수집부(110), CNN 모델부(120), 성능 평가부(130), 저장부(140), 하이퍼파라미터 조정부(150) 및 가중 평균 예측부(160)를 포함한다.
- [0029] 데이터 수집부(110)는 실험을 수행하기 위해 식물을 감염시키는 여러 유형의 질병을 포함한 데이터 세트인 PlantVillage 데이터 세트를 저장하고 있다. 본 발명은 설명의 편의를 위해서 식물 질병을 토마토 질병으로 한정하여 설명한다.
- [0030] 표 1은 토마토 질병의 10가지 등급으로 분류한 것이다. 세균성 반점(Bacterial spot) 1702, 조기 마름병(Early blight) 800, 역병(Late blight) 1527, 잎곰팡이병(Leaf Mold) 761, 셉토리아 잎반점(Septoria Leaf Spot) 1417, 두점박이진드기(Spider mites Two spotted spider mite) 1341, 표적점(Target spot) 1123, Tomato_Yellow_Leaf_Curl_Virus 4286, Tomato_mosaic_virus 299 및 건강한 토마토 1273을 들 수 있다.

표 1

Class	Disease	Number of images
C1	Bacterial spot	1702
C2	Early blight	800
C3	Late blight	1527
C4	Leaf Mold	761
C5	Septoria leaf spot	1417
C6	Spider mites Two spotted spider mite	1341
C7	Target spot	1123
C8	Tomato_Yellow_Leaf_Curl_Virus	4286
C9	Tomato_mosaic_virus	299
C10	Healthy	1273
Total		14,526

- [0031]
- [0032] 데이터 수집부(110)는 데이터 세트를 훈련 데이터와 테스트 데이터의 두 부분으로 나누고, 도 3과 같이, 이 중 10개의 건강한 토마토 식물 클래스와 질병 감염된 토마토 식물 클래스를 나타내는 식물 이미지를 선택한다.
- [0033] 도 3은 (a)Early Blight, (b)Late Blight, (c)Leaf Mold, (d)Septoria Leaf Spot, (e)Bacterial Spot, (f)Two Spotted Spider Mite, (g)Target Spot, (h)Tomato Yellow Leaf Curl Virus, (i)Tomato Mosaic Virus, (j)Healthy이다.
- [0034] 컨볼루션 신경망(Convolutional neural networks, 이하 'CNN' 칭함) 모델부(120)는 역전과 알고리즘을 사용하여 데이터에서 계층적 특징을 학습하는 기능이 있다.
- [0035] 컨볼루션 계층, 풀링 계층 및 완전 연결 계층, 컨볼루션 레이어는 이미지에서 특징을 추출하기 위해 미리 지정된 크기(예: 3×3 , 5×5 , 7×7)의 미리 지정된 수의 필터를 생성한다.
- [0036] CNN 모델부(120)는 각 필터를 사용하여 식물 이미지에 컨볼루션 연산을 적용하면 활성화 맵이 출력된다. 이러한 활성화 맵은 다음 계층에 대한 입력으로 사용된다.
- [0037] 풀링 레이어는 특징을 유지하면서 모델 매개 변수를 줄이기 위해 입력 크기를 줄인다. 완전히 연결된 계층은 CNN의 출력이며 분류를 위해 컨볼루션 계층에서 추출된 기능을 사용한다.
- [0038] CNN 모델부(120)는 10개의 클래스로 구성된 식물 데이터 세트를 분류하기 위해서 7개의 서로 다른 CNN 아키텍처

가 개별적으로 훈련한다.

- [0039] CNN 모델부(120)는 토마토 식물 질병을 예측하기 위한 7개의 CNN 모델을 이용하여 성능을 비교한다. 다시 말해, CNN 모델부는 식물 데이터 세트를 분류하기 위해서 훈련된 7개의 CNN 모델의 EffcientNet B0, EffcientNet B0, EffcientNet B1, EffcientNet B2, EffcientNet B3, EffcientNet B4, ResNet 50 and VGG 16을 이용하고, 추후에 테스트 단계에서 두 가지 가장 성공적인 CNN 모델의 예측이 결합된다.
- [0040] CNN 모델부(120)는 처음부터 시작하는 것을 방지하기 위해 전이 학습 기법을 적용한다.
- [0041] 전이 학습은 다르지만 유사한 작업을 해결하면서 이전에 획득한 지식을 시작점으로 재사용하는 기술이다.
- [0042] 데이터 세트에서 훈련된 잘 알려진 CNN 모델의 전이 학습을 사용하는 것이다. 전이 학습의 주요 관심사는 적절한 미세 조정 전략을 결정하는 것이다. 데이터 유사성과 데이터 양은 미세 조정 매개변수를 결정할 때 중요한 요소이다.
- [0043] CNN 모델부(120)는 매개 변수 튜닝을 수행하기 위해서 데이터 세트에 대한 7개의 사전 훈련된 CNN 모델을 적용한다.
- [0044] 7개의 CNN 모델은 모델 상단에 Global Average Pool을 추가하고, 2개의 Dense Layer를 채택한다.
- [0045] CNN 모델부(120)는 CNN 모델의 입력 크기를 다음의 표 2와 같고, 훈련을 위해 CNN에서 사용되는 파라미터는 다음의 표 3과 같다.

표 2

Model	Input size
Efficient Net B0	224×224
Efficient Net B1	240×240
Efficient Net B2	260×260
Efficient Net B3	300×300
Efficient Net B4	300×300
ResNet 50	224×224
VGG16 16	224×224

[0046]

표 3

Hyperparametre	Value
Classe	10
Batch size	16
Optimizer	Adam
L_r	0.001
ϵ	$1e^{-6}$
β_1, β_2	0.9

[0047]

- [0048] CNN 모델부(120)는 입력된 식물 이미지를 컨볼루션 계층, 풀링 계층 및 완전 연결 계층, 컨벌루션 레이어를 거쳐 데이터 분석을 통해 질병 감염 식물 이미지와 정상 식물 이미지를 출력한다.
- [0049] 성능 평가부(130)는 CNN 모델부(120)로부터 출력된 질병 감염 식물 이미지와 정상 식물 이미지를 TP(True-

positive), FP(False-positive), TN(True-negative), FN(False-negative)의 4가지 세그먼트로 분류하여 저장부 (140)에 저장한다.

TP(True-positive)는 감염된 것으로 올바르게 식별된 이미지의 샘플의 수를 나타낸다.

FP(False-positive)는 감염된 것으로 잘못 분류된 샘플의 수를 나타낸다.

TN(True-negative)는 감염되지 않고, 올바르게 분류된 샘플의 수를 나타낸다.

FN(False-negative)는 건강한 것으로 잘못 분류된 샘플의 수를 나타낸다.

성능 평가부(130)는 CNN 모델부(120)로부터 출력된 출력 이미지에서 TP 케이스를 예측하는데 7개의 CNN 모델이 얼마나 성공했는지를 나타내는 회수율(Recall)을 다음의 수학적 식 1을 이용하여 계산한다.

수학적 식 1

$$Recall = TP / (TP + FN)$$

성능 평가부(130)는 7개의 CNN 모델의 전반적인 성능을 평가하는 정확도(Accuracy)를 다음의 수학적 식 2를 이용하여 계산한다.

수학적 식 2

$$Accuracy = (TP + TN) / (TP + TN + FN)$$

성능 평가부(130)는 7개의 CNN 모델에서 CNN 모델부(120)로부터 출력된 출력 이미지의 정밀도(Precision)를 다음의 수학적 식 3을 이용하여 계산한다.

수학적 식 3

$$Precision = TP / (TP + FP)$$

성능 평가부(130)는 7개의 CNN 모델들에 대하여 회수율, 정확도, 정밀도를 계산하여 다음의 표 4와 같이 나타낸다.

표 4

Pre-trained model	Training accuracy %	Test accuracy %	Precision %	Recall %
Efficient Net B0	97.7	95.6	95.8	95.5
Efficient Net B1	97	95	95.2	94.9
Efficient Net B2	96.8	95	95	95.3
Efficient Net B3	96.8	95	95	94.8
Efficient Net B4	96.7	95.5	94.8	94.4
ResNet 50	98.6	96.6	96	95.8
VGG16 16	94.8	89.8	90	91.5

표 4와 같이, 7개의 CNN 모델 중에서 훈련 정확도를 고려하면 ResNet and Efficient Net B0이 97.7%, 98.6%로

다른 CNN 모델보다 가장 우수하다는 결론을 내렸다.

[0063] 성능 평가부(130)는 7개의 CNN 모델 중에서 훈련 정확도를 고려하여 ResNet와 Efficient Net B0의 2개의 CNN 모델을 선택한다.

[0064] 하이퍼파라미터 조정부(150)는 성능 평가부(130)에서 선택한 2개의 CNN 모델에 대한 성능을 개선하기 위하여 유전자 알고리즘을 이용하여 하이퍼파라미터를 조정한다.

[0065] 하이퍼파라미터 조정부(150)는 하이퍼파라미터를 조정하기 위한 요소로 다음의 표 5와 같이, 학습률(Learning Rate), 뉴런수(Neuron Number), 에포크(Epoch)의 범위에서 선택할 수 있다.

표 5

Parameter	Range
Learning rate	[0.01 - 10 ⁻⁵]
Neuron number	[100 - 1000]
Epoch	[15 - 30]

[0066]

[0067] 하이퍼파라미터 조정부(150)는 8명의 개체를 무작위로 선택하고, 각 개체는 학습률, 뉴런수, 에포크의 유전자로 정의된다.

[0068] 하이퍼파라미터 조정부(150)는 Fitness 함수로 인하여 점수가 높은 4명의 개체를 선택하여 교차 및 돌연변이 기법을 적용하여 새로운 개체를 생성한다.

[0069] 도 4에 도시된 바와 같이, 하이퍼파라미터 조정부(150)는 GA-CNN 알고리즘을 이용하여 CNN의 하이퍼파라미터를 조정한다.

[0070] GA-CNN 알고리즘은 CNN과 유전자 알고리즘(Genetic Algorithm, GA)의 두 부분을 결합한 것으로 CNN 모델은 유전자 알고리즘에서 개체로 존재한다.

[0071] 도 4와 같이, 하이퍼파라미터 조정부(150)는 Part 1에서 데이터 세트를 사용하여 다양한 CNN 모델을 훈련하고 평가한다. 이어서, 하이퍼파라미터 조정부(150)는 Part 2에서 ResNet와 Efficient Net의 2가지 CNN 모델을 선택한다.

[0072] 그런 후에, 하이퍼파라미터 조정부(150)는 유전자 알고리즘을 채택하여 선택한 2개의 CNN 모델의 하이퍼파라미터를 조정한다.

[0073] 하이퍼파라미터 조정부(150)는 GA-CNN 알고리즘을 이용하여 효율적이고 강력한 CNN 모델을 생성할 수 있다.

[0074] 하이퍼파라미터 조정부(150)는 모집단 크기, 세대수, 교차 및 변이율, CNN 하이퍼파라미터와 같은 일련의 매개변수를 제공한다, CNN 정확도를 Fitness 함수로 정의한다.

[0075] GA-CNN 알고리즘은 진화 과정을 통해 각 개체의 fitness를 테스트하고, 그 후 부모(Parents)는 교차(crossover) 및 돌연변이(mutation) 연산자를 통해 새로운 자식(Child)를 생성한다. 그리고 다음 세대로 살아남을 엘리트(elite)를 선별해 진화를 이어간다.

[0076] 미리 정의된 세대 번호가 달성되면, 유전자 알고리즘은 토마토 질병을 분류하기 위해 CNN의 최상의 아키텍처를 반환한다.

[0077] 테스트 모델과 해당 하이퍼파라미터는 다음의 표 6과 같다.

표 6

Hyperparameters	ResNet 50	Efficient Net B0
Neuron number	1000	800
Learning rate	0,001	0,0001
Epochs	30	15

[0078]

[0079]

하이퍼파라미터 조정부(150)는 인용된 모든 하이퍼파라미터에 대한 다양한 가능성을 탐색하고, 해당 값의 올바른 조합을 찾을 수 있다(표 7).

[0080]

다음의 표 7과 같이, 하이퍼파라미터 조정부(150)는 하이퍼파라미터를 조정한 하나 이상의 CNN 모델에 대하여 전술한 수학적 1, 수학적 2, 수학적 3을 이용하여 회수율(Recall), 정확도(Accuracy), 정밀도(Precision)를 계산할 수 있다.

표 7

Hyperparameters	Training Accuracy %	Test Accuracy %	Recall %	Precision %
ResNet 50	98	96.2	96	96.3
Efficient Net B0	97	95.9	95.7	95.5

[0081]

[0082]

표 7과 같이, ResNet 50에서 얻어진 테스트 정확도는 96.2%를 얻었다.

[0083]

가중 평균 예측부(160)는 앙상블 모델을 생성하기 위해 ResNet 50과 EfficientNet B0와 가중 평균 앙상블을 이용하여 가중 평균을 예측하고 선택한다.

[0084]

ResNet 50과 EfficientNet B0는 하이퍼파라미터 조정부(150)에서 하이퍼파라미터를 조정한 2개의 CNN 모델이다.

[0085]

가중 평균 앙상블(Weighted Average Ensemble)은 기여도에 따라 각 모델의 예측값에 가중치(weight)를 주어, 최종 예측값을 만드는 앙상블 기법이다.

[0086]

가중 평균 예측부(160)는 각 기본 예측 변수에 기본 모델의 예측을 곱한 고정 가중치를 할당한다. 그런 다음, 가중 평균 예측부(160)는 Grid Search를 적용하여 가중 평균 앙상블 모델에 대한 각 기본 모델의 상대적 기여도를 지정하는 최적의 가중치 또는 인수를 결정한다.

[0087]

가중 평균 예측부(160)는 혼합 모델이 생성되었고 CNN 모델 단독을 의미하는 베이스 프로텍터보다 더 나은 결과를 달성하는 것으로 입증되었다.

[0088]

가중 평균 앙상블 방법의 정확도는 테스트 데이터 세트에 대해 98.1%에 도달했다. 이러한 속도는 사전 훈련된 7개의 CNN 모델 모두에서 이전에 얻은 것보다 높다. ResNet 50 및 EfficientNet B0에 대해 최적화된 가중치는 각각 $w_{ResNet50} = 0.473$ 및 $w_{EfficientNetB0} = 0.526$ 이다.

[0089]

본 발명은 토마토를 표적으로 하는 질병을 검출하기 위한 하이브리드 모델을 개발하였다. 본 발명은 GA-CNN 알고리즘의 part 1에서는 토마토 식물 질병을 예측하기 위한 7개의 CNN 모델의 성능을 비교했다. 그런 다음 GA-CNN 알고리즘의 part 2에서 가중 평균 앙상블을 구현하기 위해 두 가지 모델을 선택했다. 그 후 CNN-GA 모델을 구축하기 위해 두 개의 성능 모델을 선택했다.

[0090]

그런 다음 두 개의 CNN-GA 모델을 결합하여 가중 평균 앙상블을 사용하여 하이브리드 모델을 구현했다. 모델의 가중치는 Grid Search를 사용하여 결정되었습니다. 이 실험에서는 98.1%의 정확도로 가중 평균 앙상블을 사용하여 최상의 성능을 얻었다. 이 모델은 스마트폰 카메라로 촬영한 토마토 RGB 이미지를 학습하여 최적화할 수 있다. 또한, 이 연구는 다른 유형의 작물을 포함하여 확장될 수 있다. 앞으로 TinyML 기술을 사용하여 리소스가

제한된 예지 장치에서 모델을 실행할 수 있다.

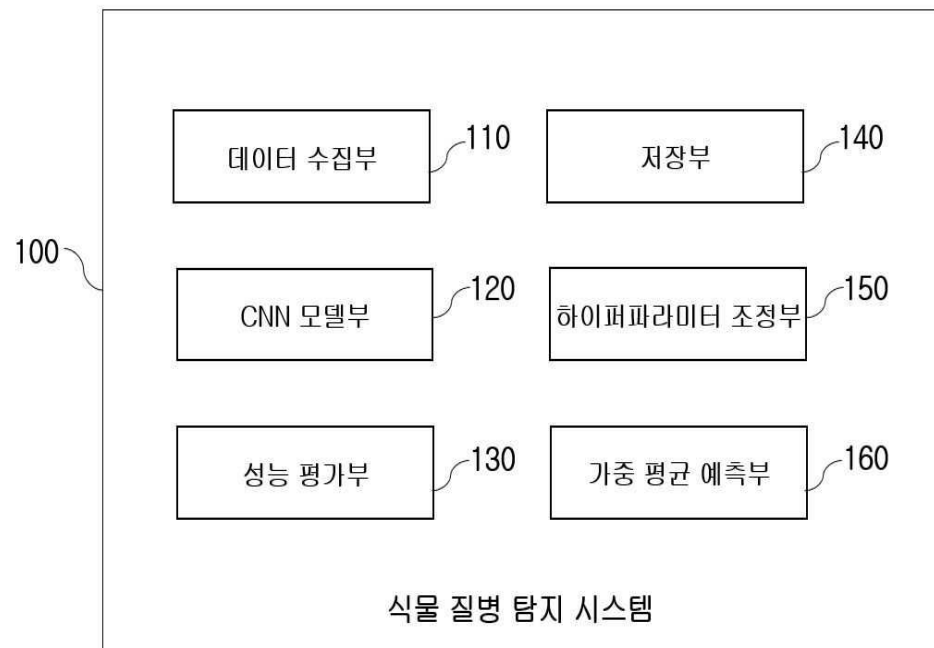
[0091] 이상에서 본 발명의 실시예에 대하여 상세하게 설명하였지만 본 발명의 권리범위는 이에 한정되는 것은 아니고 다음의 청구범위에서 정의하고 있는 본 발명의 기본 개념을 이용한 당업자의 여러 변형 및 개량 형태 또한 본 발명의 권리범위에 속하는 것이다.

부호의 설명

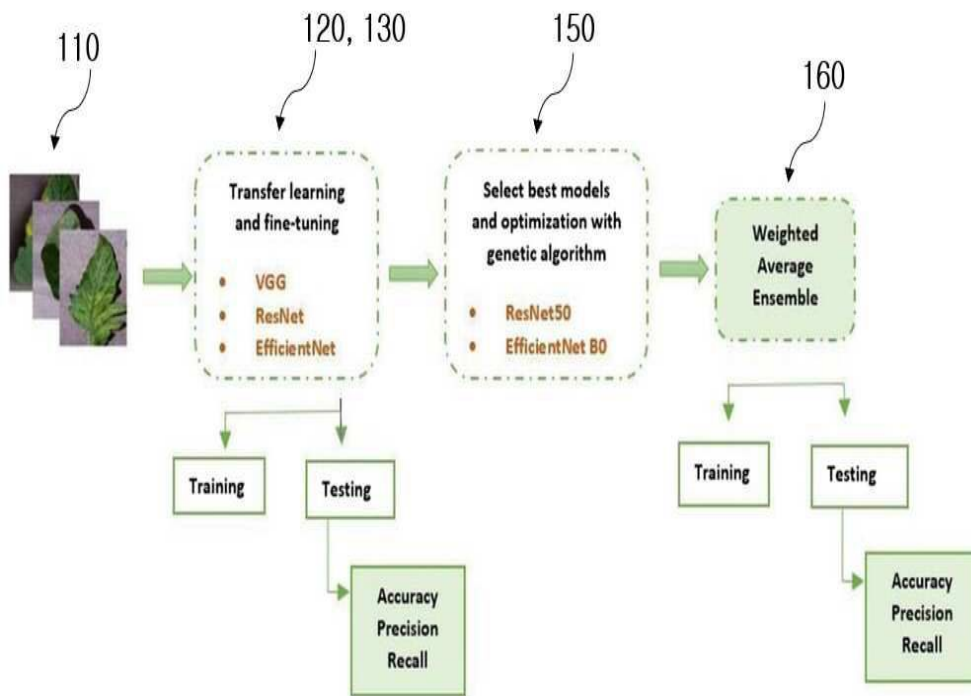
[0092] 100: 식물 질병 탐지 시스템
110: 데이터 수집부
120: CNN 모델부
130: 성능 평가부
140: 저장부
150: 하이퍼파라미터 조정부
160: 가중 평균 예측부

도면

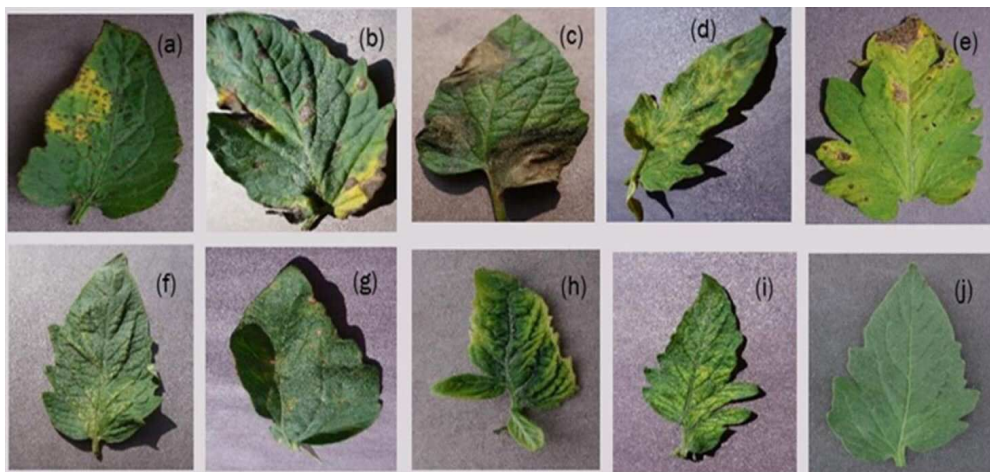
도면1



도면2



도면3



도면4

GA-CNN Algorithm

Part 1 Begin Input the image datasets for classification Initialize a CNN Manual CNN fine-tuning Train and evaluate the CNN model Return Accuracy and loss of CNN models Part 2 Input the population size, generation number, mutation rate, CNN hyperparameters Define the fitness function Create a crossover function Create a mutation function For $i < \text{generation number}$ do : Evaluate the fitness of each CNN architecture in the popula- tion using the fitness function Generate new CNN architectures from selected parents using mutation and crossover End for Return CNN architecture with the best fitness function (accu- racy) in the population End
--
