

Роман Гуменюк¹, Юліан Федірко²¹ Кафедра систем автоматизованого проектування, Національний університет “Львівська політехніка”, вул. С. Бандери, Львів, Україна, E-mail: roman.v.humeniuk@lpnu.ua, ORCID 0009-0000-8649-829X² Кафедра систем автоматизованого проектування, Національний університет “Львівська політехніка”, вул. С. Бандери, Львів, Україна, E-mail: Yulian.A.Fedirko@lpnu.ua, ORCID 0000-0001-9968-7313

ОПТИМІЗАЦІЯ ВИЯВЛЕННЯ ХВОРОБ ЛИСТЯ ТОМАТІВ ЗА ДОПОМОГОЮ ГЛИБОКОГО МАШИННОГО НАВЧАННЯ З ВИКОРИСТАННЯМ ВДОСКОНАЛЕНИХ НЕЙРОННИХ МЕРЕЖ

Отримано: Лютий 28, 2025 / Переглянуто: Березень 12, 2025 / Прийнято: Березень 20, 2025

© Гуменюк Р., Федірко Ю., 2025

<https://doi.org/>

Анотація. У статті розглянуто застосування методів глибокого машинного навчання для виявлення хвороб листя томатів. Метою дослідження є підвищення точності класифікації зображень хворих рослин за допомогою модифікації згорткових нейронних мереж (ЗНМ), що поєднує модуль Inception, функцію активації Mish і пакетну нормалізацію. Запропонований підхід дав змогу отримати кращі результати порівнянні з базовими моделями ЗНМ і методом опорних векторів. Для оцінки моделі використано набір даних PlantVillage, що містить зображення хворих і здорових рослин. Результати показали, що мережа InceptionV3 з запропонованим модулем досягла вищої точності (97,8%), і продемонструвала високу ефективність для ідентифікації вірусних хвороб томатів. Оригінальність роботи полягає в розробці нового модуля, що значно підвищує продуктивність моделей. Практична цінність дослідження полягає в застосуванні методів для мобільних додатків, що дає змогу здійснювати раннє виявлення хвороб рослин. Подальші дослідження будуть спрямовані на розширення застосування модуля для виявлення інших хвороб рослин та оптимізацію використаних ресурсів.

Ключові слова: згорткова нейронна мережа; класифікація хвороб листя; функція активації Mish; оптимізація; набір даних PlantVillage; метод опорних векторів; модуль Inception.

Вступ

Зростаюча тенденція до збільшення населення є новим викликом для виробництва продуктів харчування, яке повинно зрости на 70%, щоб нагодувати населення світу до 2050 року [1]. Зі збільшенням використання класифікації даних, глибокого машинного навчання та точного землеробства ми стикаємося з проблемою швидкої діагностики хвороб для запобігання їхньому прогресуванню та епідемії. Необхідно усунути можливість ускладнень, які виникають з часом, шляхом своєчасного лікування хвороб рослин. Тому необхідно створювати моделі, які надаватимуть об'єктивну допомогу експертам у прийнятті рішень та прискорюватимуть процес ідентифікації хвороб, такі як нейронні мережі. Враховуючи обмеженість людського ресурсу у контролі великих сільськогосподарських площ, досягнення в області глибокого машинного навчання дають змогу раніше та точніше виявляти хвороби рослин за допомогою візуального моніторингу.

Постановка проблеми

Томат є однією з основних сільськогосподарських культур у світі, і його глобальна річна виробнича вартість перевищує 90 мільярдів доларів США. З глобальним впливом зміни клімату на

загальний обсяг сільськогосподарського виробництва, а також поступове збільшення стійкості до шкідників та пестицидів, цільові врожаї томатів перебувають під загрозою. Модель впливу зміни клімату на врожай прогнозує значне збільшення ймовірності спалахів двокрапкового павутинного кліща в дев'яти країнах Європи, Африки та Азії. Розвиток міжнародної торгівлі сприяв поширенню інвазивних видів які складають конкуренцію місцевим організмам а також посприяв поширення стійких генотипів хвороб [2]. Томатна мінууча міль (*Tuta absoluta*) яка, згідно із повідомленнями у українських ЗМІ почала потрапляти до нас із партіями імпортованих томатів, добре відомий шкідник томатів, що розвинула стійкість до близько ста активних хімічних інгредієнтів [3]. Більш того, недавно було зафіксовано, що вірус жовтої кучерявості листя томатів (*tomato yellow leaf curl virus*) може передаватися через насіння, що може спричинити значні фінансові втрати і зниження сільськогосподарського виробництва. Неналежне використання пестицидів може розвинути збільшення стійкості до патогенів та пошкодження захисного механізму рослини. Однак цьому можна запобігти завдяки ранньому виявленню проблем, що дозволяє здійснювати цільове застосування пестицидів або фунгіцидів лише на інфікованих ділянках або конкретних рослинах із симптомами. Це також допоможе зменшити використання різних хімічних засобів для обробки рослин, знизити витрати та захистити здорові рослини від потенційної шкоди, спричиненої пестицидними засобами широкого спектру дії.

Алгоритми глибокого навчання пропонують точні та ефективні рішення для раннього виявлення хвороб рослин. Вони перевершують існуючі традиційні методи діагностики хвороб рослин, що залежать від людської експертизи, яка може призводити до затримок у лікуванні через обмеженість людських і фінансових ресурсів. Також традиційні методи діагностики є трудомісткими і не можуть ефективно покривати великі території, що дозволяє хворобам швидко поширюватися до того, як їх виявлять.

Запропонований метод виявлення хвороб томатів базується на кольорі та структурі листя, оскільки найчастіше перші симптоми хвороби з'являються саме на листях томатів. Для покращення існуючих моделей глибокого навчання, було розроблено модуль на основі модуля Inception, функції активації Mish та пакетної нормалізації (*batch normalization*), який є універсальним модулем, що може вбудовуватись у глибокі нейронні мережі для оптимізації згорткових нейронних мереж (CNN) і досягнення вищої точності. При порівнянні попередньо натренованих CNN, CNN з методами опорних векторів (SVM) та CNN з розробленим модулем, виявилось, що використання CNN з новим модулем є більш точним для виявлення хвороб листя томатів.

Огляд сучасних джерел інформації за тематикою публікації

Протягом останніх років був досягнутий значний прогрес у автоматичному розпізнаванні хвороб томатів за допомогою технік глибокого навчання. Проте масштабованість та стійкість цих моделей у реальних сільськогосподарських умовах залишаються активними напрямками досліджень та розробок. Попередні дослідження у оптимізації методів глибокого навчання для виявлення хвороб листя рослин були відносно успішними.

У нових дослідженнях представлено новий підхід, глибокого машинного навчання для виявлення та класифікації хвороб рослин, який пропонує надійну систему класифікації на основі публічно доступного набору даних PlantVillage[6]. Для визначення ключових ознак і їх узагальнення використовувалась DenseNet-77, а мережа CenterNet дозволяла виявляти та класифікувати хвороби рослин [4]. У іншому дослідженні [5] було представлено методи виявлення та класифікації хвороб рослин за допомогою CNN на основі попередньо натренованих моделей. Досліджувалась ефективність попередньо натренованих моделей і моделей, натренованих лише на спостережуваному наборі даних, після чого вони визначили, що найкращі результати досягалися завдяки попередньо натренованій моделі на основі навчання з передачею знань. Також було підтверджено, що ізольовані ознаки не завжди вказують на класифіковану хворобу через різницю симптомів на різних стадіях розвитку рослини. У іншому дослідженні [7] використали навчання з передачею знань для тренування CNN, щоб успішно розпізнати три хвороби та два види шкідників,

які вражають касаву (маніок їстівний) — одну з трьох основних джерел вуглеводів у країнах Африки на південніше Сахари. Використаний набір даних містив зображення хвороб касави на різних стадіях росту та спостереження за різними генотипами. Аналізуючи ефективність мережі InceptionV3 з шаром Inception, методу SVM та методу найближчого сусіда, найкраща модель досягла точності 93.00% і була реалізована на Android-пристроях [7]. Було створено модель на основі навчання з передачею знань та CNN для раннього виявлення пошкоджень на листках, а також для виявлення хвороб загалом. Вони розширили набір даних PlantVillage власноруч зібраними зображеннями, що містили приклади хвороб рису та кукурудзи. Використовуючи попередньо натреновану модель VGGNet, вони досягли точності 91.83% для розпізнавання хвороб, доступних у наборі даних PlantVillage, а точність ідентифікації прикладів у власноруч зібраному наборі даних становила 92.00%. У іншому дослідженні використовували дві попередньо натреновані CNN, InceptionV3 та InceptionResNetV2, які були натреновані на 5225 зображеннях з набору даних PlantVillage [6] для класифікації здорових та нездорових листків томатів. Вони досліджували вплив різних ставок відсіювання та дійшли висновку, що найкращі результати досягаються за допомогою InceptionV3 з 50%-м відсівом та InceptionResNetV2 з 15%-м відсівом, досягнувши точності 99.22%. В іншому дослідженні було запропоновано ланцюжок зі трьох компактних CNN для автоматичного виявлення хвороб листя томатів. Результати показали, що методи найближчого сусіда та метод опорних векторів досягли найвищих точностей 99.92% та 99.90% відповідно, використовуючи лише 22 та 24 ознаки, що продемонструвало конкурентоспроможні результати порівняно з попередніми дослідженнями в класифікації хвороб листя томатів.

Хоча ці дослідження підтвердили перевагу моделей глибокого навчання з передачею знань у виявленні хвороб сільськогосподарських культур порівняно з традиційними підходами, все ще існує потенціал для майбутньої оптимізації з метою досягнення балансу між обчислювальною складністю та покращеною ефективністю моделей. Для ефективного мінімізації втрат врожаю через хвороби рослин необхідно розробити нові методи розпізнавання листя. Тому це дослідження пропонує універсальний модуль для покращення ефективності мережі, забезпечуючи раннє виявлення хвороб листя томатів, який можна вбудовувати в згорткові нейронні мережі.

Цілі та проблеми дослідження

Запропонований метод глибокого навчання з передачею знань, базується на модулі для виявлення хвороб листя томатів. Цей метод складається з трьох етапів: підготовка вхідних даних для шести хвороб листя томатів на основі набору даних PlantVillage; оцінка моделей глибокого навчання, включаючи чотири моделі глибокого навчання з передачею знань (InceptionV3, InceptionResNetV2, MobileNetV2 та DenseNet201) з новим модулем; та виявлення хвороб листя томатів і оцінка точності.

Виклад основного матеріалу

Попередня обробка даних. Набір даних PlantVillage [6] є публічним набором даних, який широко використовується в дослідженнях виявлення хвороб сільськогосподарських культур, оскільки містить понад 50 000 зображень хвороб рослин та здорових рослин. Для тренування та перевірки алгоритмів CNN було використано 3300 зображень шести хвороб листя томатів. Вибрані хвороби томатів включають альтернаріоз (лат. *Alternaria solani*), фітофтору інфекційну (лат. *Phytophthora infestans*), септоріоз (лат. *Septoria lycopersici*), павутинний кліщ (лат. *Tetranychus urticae*), вірус тютюнової мозаїки томатів (лат. *Tobamovirus*) та вірус жовтої кучерявості листя томатів (лат. *Begomovirus*). Кожен клас складався з 550 зображень уражених листків, для яких було виконано стратифіковане випадкове розділення у співвідношенні 70:30 для створення навчальних та валідаційних наборів даних. Для уникнення перенавчання навчальний набір даних складався з рівної кількості зображень для кожної хвороби томатів. Крім того, для розширення набору даних було застосовано попередню обробку даних у вигляді розтягування зображень, віддзеркалення,

обертання, покращення контрасту та зміну яскравості, як рекомендується в попередньому дослідженні [8]. Зображення були змінені до розміру 224×224 пікселів під час попередньої обробки.

Для попередньої обробки та збільшення набору даних, а також для реалізації моделей CNN використовувались платформи Keras-GPU та TensorFlow-GPU. Моделі були натреновані та перевірені за допомогою відкритої платформи обчислень Google Colab. Кожну мережу тренували протягом 30 епох з розміром партії 32. Основним алгоритмом оптимізації був Adam, а швидкість навчання автоматично визначалася та коригувалася під час навчання.

Структура мереж глибокого навчання з передачею знань для розпізнавання хвороб листя томатів. CNN є поширеними алгоритмами для розробки автоматизованих систем для ідентифікації хвороб рослин шляхом виявлення симптомів на листі [5]. Як метод глибокого машинного навчання, CNN представляє найбільш перспективне рішення для цієї проблеми завдяки точному підходу до вилучення візуальних ознак без використання сегментації [9]. Зазвичай мережа складається з шарів згортки з різними значеннями, які можуть бути паралельними, та функцій активації, за якими слідує шар підсумовування та повноз'язні шари [5,10].

Метою функції активації є введення нелінійності в мережу, що дозволяє їй навчатися з даних, виконувати складні обчислення та робити прогнози. Вона передусім лінійній трансформації кожної математичної операції, що виконується під час навчання моделі [11]. Функції активації також відіграють важливу роль, будучи математичним фільтром між нейронами в поточних і наступних шарах. За визначенням, функція Mish подібна до функції активації Swish, але через її точнішу ефективність і простішу реалізацію вона є більш поширеним вибором при побудові моделей глибокого машинного навчання. Окрім підвищення точності класифікації, згладжена та нелінійна функція Mish дозволяє встановити нижче значення швидкості навчання під час тренування моделі.

Після попереднього навчання моделі з передачею знань містили вже навчені ваги, що дозволяли створювати карти ознак до навчання моделі на спеціалізованому наборі даних. Цей підхід забезпечив значне скорочення часу обробки для навчання, а також можливість навчати модель зі досить малою кількістю вхідних даних [10].

Структура запропонованого модуля. Ідея реалізації модуля полягає в створенні унікальної системи шарів, яку можна вбудувати в усі CNN для досягнення кращої продуктивності та точності під час процесу класифікації. Цей модуль включає найважливіші частини системи блоків, використовуючи модуль Inception як основу, функцію активації Mish в окремому шарі та шар пакетної нормалізації. Для оцінки ефективності запропонованого модуля була проведена класифікація хвороб листя томатів для CNN з новим модулем, а також для попередньо натренованих CNN і CNN з SVM.

Модуль Inception був представлений у 2015 році як частина архітектури GoogleNet, яка була вдосконалена в наступних дослідженнях з метою мінімізації обчислювальних витрат без впливу на узагальнення мережі [5]. Така архітектура комбінує фільтри різних розмірів для вилучення ознак і регулювання обчислень. Модуль Inception був використаний як основа модуля для вилучення ознак. Після цього функція активації Mish була застосована в окремому шарі. Пакетна нормалізація використовувалась для зменшення часу навчання, запобігання проблемі зникнення градієнта та зменшення ймовірності перенавчання. Потім карти ознак були зменшені за допомогою шару глобального підсумовування, і були створені менші карти ознак. Нарешті, щільний шар став кінцевим шаром запропонованого модуля.

Оцінка точності виявлення хвороб листя томатів. Для оцінки точності виявлених підходів глибокого навчання для виявлення хвороб листя томатів використовувалися статистичні метрики: точність, відгук, F1-оцінка та правильність. Усі зазначені метрики були розраховані за допомогою значень матриці сплутаності відповідно до формул (1)–(4):

$$\text{Точність} = \frac{ПП}{ПП + ХП}, \quad (1)$$

$$\text{Відгук} = \frac{\text{ІП}}{\text{ІП} + \text{ХН}}, \quad (2)$$

$$\text{F1-оцінка} = 2 * \frac{\text{Точність} * \text{Відгук}}{\text{Точність} + \text{Відгук}}, \quad (3)$$

$$\text{Правильність} = \frac{\text{ІП} + \text{ІН}}{\text{ІП} + \text{ХП} + \text{ІН} + \text{ХН}}, \quad (4)$$

де ІП (істинно позитивний) — це кількість листків, які правильно класифіковані як уражені. Вони зазвичай жовті або коричневі та мають зміни у формі листя, такі як порожнини. ХН (хибно негативний) — це кількість листків, які неправильно класифіковані як здорові, хоча насправді вони мають ознаки, що визначають хворобу. ХП (хибно позитивний) — це кількість листків, які помилково класифіковані як уражені, хоча насправді вони здорові. ІН (істинно негативний) — це кількість правильно класифікованих листків, які є здоровими і не мають жодних ознак, що визначають хворобу.

Результати та обговорення

Результати оцінки точності виявлення хвороб листя томатів на основі чотирьох різних архітектур мереж з використанням глибокого машинного навчання з передачею знань представлені в Таблиці 1. Експеримент був проведений із використанням 3300 зображень для ідентифікації шести різних хвороб листя томатів. Найкращу ефективність показала мережа InceptionV3, що містить новий модуль, з точністю 97.78%. Наступними за результатами були архітектури мереж InceptionResNetV2 та MobileNetV2, обидві в поєднанні з новим модулем. Порівнюючи кожну мережу з її версією з новим модулем і версією з SVM, у трьох з чотирьох випадків найвищу точність показала мережа з новим модулем. У решті випадків точність версії мережі DenseNet201 з новим модулем склала 92.00%, тоді як в поєднанні з SVM вона була 92.44%. У порівнянні з іншими методами було відзначено, що мережа з новим модулем досягла кращих результатів і підвищила ефективність класифікатора в розпізнаванні хвороб томатів. Точність, відгук і F1-оцінка підтвердили спостереження, зроблені на основі аналізу значень точності.

Таблиця 1

Результати оцінки точності різних архітектур

Модель глибокого навчання	Точність	Відгук	F1-Оцінка	Правильність
InceptionV3 з SVM	0.8878	0.8889	0.8876	0.8966
InceptionV3 з новим модулем	0.9777	0.9779	0.9779	0.9780
InceptionResNetV2 з SVM	0.9312	0.9322	0.9312	0.9338
InceptionResNetV2 з новим модулем	0.9744	0.9744	0.9744	0.9743
MobileNetV2 з SVM	0.8437	0.8438	0.8439	0.8826
MobileNetV2 з новим модулем	0.9501	0.9501	0.9487	0.9501
DenseNet201 з SVM	0.9233	0.9239	0.9237	0.9277
DenseNet201 з новим модулем	0.9202	0.9202	0.9191	0.9197

Хоча набір даних, використаний у дослідженні, був збалансований з урахуванням кількості використаних зображень для кожної хвороби листя томатів, F1-оцінка була зроблена для кожної окремої хвороби томатів для надання об'єктивного індикатора точності тесту через гармонійне середнє точності та відзиву. Згідно з отриманими результатами, найвища значення F1-оцінки було досягнуто в класі осіб, уражених вірусом тютюнової мозаїки томатів, а наступними за результатами були хворі на вірус жовтої кучерявості листя томатів.

Таблиця 2 містить значення точності навчання та валідації, а також втрат валідації протягом 15 і 30 епох. Таким чином можна було контролювати модель, щоб не допустити недонавчання або

перенавчання. Порівнюючи продуктивність моделей, було відзначено, що InceptionV3 постійно досягав найвищої точності навчання серед усіх протестованих підходів. MobileNetV2 продемонстрував сильну продуктивність, особливо з IncMB, досягнувши високої точності навчання та валідації з меншими втратами валідації порівняно з іншими моделями при 30 епохах. InceptionResNetV2 та DenseNet201 показали покращення за допомогою додаткової методики, але загалом відставали від InceptionV3 та MobileNetV2. Зі збільшенням кількості епох з 15 до 30 зазвичай спостерігалось покращення точності навчання та валідації для більшості моделей, особливо InceptionV3 та InceptionResNetV2. Крім того, MobileNetV2 продемонстрував незначне покращення точності валідації при збільшенні кількості епох. Хоча інтеграція SVM трохи покращила точність валідації для InceptionV3 та InceptionResNetV2 при 30 епохах, це могло негативно вплинути на продуктивність моделі MobileNetV2. Отже це вказує на те, що SVM може не бути універсально корисним. З іншого боку, новий модуль постійно покращував продуктивність усіх моделей, що призводило до вищої точності навчання та валідації і нижчих втрат валідації при 30 епохах.

Таблиця 2

Результати оцінки точності, валідації і втрат у різних архітектурах

Модель глибокого навчання	15 епох точність	15 епох валідація	15 епох втрати	30 епох точність	30 епох валідація	30 епох втрати
InceptionV3 з SVM	0.9885	0.8543	0.5254	0.9957	0.8879	0.3564
InceptionV3 з новим модулем	0.9744	0.9146	0.7248	0.9995	0.9764	0.2371
InceptionResNetV2 з SVM	0.9494	0.8413	0.8035	0.9948	0.9339	0.0571
InceptionResNetV2 з новим модулем	0.9321	0.8581	1.3069	0.9981	0.9732	0.1891
MobileNetV2 з SVM	0.8911	0.8076	0.4562	0.8934	0.8382	0.3071
MobileNetV2 з новим модулем	0.9236	0.8749	0.4295	0.9692	0.9491	0.2388
DenseNet201 з SVM	0.8155	0.8812	0.4189	0.9059	0.9248	0.2129
DenseNet201 з новим модулем	0.8108	0.8681	0.4788	0.8939	0.9198	0.2659

У дослідженні [12] було підтверджено, що мережа InceptionV3 є точнішою за DenseNet. Незважаючи на нижчі індивідуальні показники, DenseNet201 у поєднанні з SVM досягла помірної точності у виявленні хвороб листів томатів. Швидше всього, це стало можливим завдяки специфічній архітектурі, в якій карти ознак кожного шару з'єднані з попереднім, тому мережа містить дубльовані дані кілька разів. Зв'язність DenseNet може бути особливо вигідною для захоплення тонких візуальних патернів, характерних для хвороб рослин, надаючи SVM багатший набір ознак для точної класифікації [14].

SVM і є поширеним класичним методом машинного навчання, однак останні дослідження показали, що комбінація SVM з іншими методами глибокого навчання може покращити загальну точність класифікації [15]. Продуктивність мережі MobileNetV2 з новим модулем відкрила можливість впровадження моделі на мобільні пристрої для полегшення її використання та забезпечення якомога більш раннього виявлення хвороб томатів. У іншому дослідженні [16] було зафіксовано, що архітектура MobileNet також використовувалася в розгортанні. Під час процесу навчання були оцінені точність та втрати валідації для запобігання перенавчанню або недонавчанню моделей. Зі збільшенням кількості епох точність навчання та валідації збільшувалася, що в майже всіх випадках було значно нижчим за значення точності навчання.

Водночас збільшення кількості епох зменшило втрати валідації, що підтвердило тенденцію навчання алгоритму. Моделі глибокого навчання досягли значних рівнів точності та високої продуктивності, хоча їхнє впровадження потребує більше часу та потужностей апаратного забезпечення [10]. Процес вилучення ознак був повністю автоматизований за допомогою методів глибокого навчання, оскільки це вже було вбудовано в сам алгоритм.

У прикладах хворих і здорових рослин, життєвий цикл яких проходить у контрольованих умовах, було продемонстровано, що попередньо натреновані моделі CNN досягли більшої точності порівняно з моделями, натренованими вперше. Крім того, було відзначено залежність від фону при класифікації хвороб рослин, тому методи сегментації фону не застосовувалися, оскільки це знижувало ефективність моделі [8]. Крім того, оцінені підходи краще розпізнають зразки, уражені вірусом тютюнової мозаїки та вірусом жовтої кучерявості листя томатів. Ймовірно, це стається через певну специфіку симптомів вірусних хвороб. Зокрема, у рослин, інфікованих цими вірусами, основним симптомом є пожовтіння листя, тоді як у випадку з вірусом жовтої кучерявості томатів також спостерігається викривлення поверхні листа [13]. У випадку інших спостережуваних хвороб основними симптомами є чорні крапки та/або чорні кола неправильної форми, тому через перекриття симптомів, а також їх наявність на різних стадіях розвитку, алгоритми стають менш точними в розпізнаванні того, чим саме інфіковано конкретну рослину [13].

Більш того, під час аналізу результатів було виявлено, що кількість неправильно класифікованих рослин була найменшою для вірусу тютюнової мозаїки томатів та вірусу жовтої кучерявості томатів. Задля покращення точності, використані моделі можуть бути застосовані разом з іншими передовими технологіями, такими як наприклад гіперспектральні датчики.

Аналізуючи спектральні підписи рослин, CNN можуть виявляти ознаки хвороб ще до появи видимих симптомів, що дозволить здійснити раннє втручання та мінімізувати втрати врожаю. Окрім того, запропоновані моделі CNN можуть автоматично навчатися та визначати відповідні ознаки з гіперспектральних даних, усуваючи потребу в ручному проектуванні ознак, що може бути трудомістким та потребувати високої кваліфікації. Запропоновані моделі також можна оптимізувати для швидшої обробки на потужному апаратному забезпеченні та аналізу зображень, отриманих за допомогою смартфонів або вбудованих систем у полі, що дозволить здійснювати ідентифікацію хвороб у реальному часі. MobileNetV2 з новим модулем, протестована в цьому дослідженні, має потенціал для використання через мобільний додаток, що надає підтримку в реальному часі для виявлення хвороб.

Наявність більшого набору даних для тренування моделей глибокого машинного навчання, ймовірно, покращить продуктивність моделі. Окрім хворих рослин томатів, набір даних можна розширити іншими прикладами хворих листя томатів, а також здоровими прикладами, що дозволить створити набір даних, що містить приклади хворого листя інших культур для розширення обсягу запропонованого модуля. Розширення використовуваного набору даних новими зображеннями також дозволить отримати уявлення про поточні сфери застосування та допоможе експертам у прийнятті рішень. Для досягнення кращої продуктивності в майбутніх дослідженнях планується покращення запропонованого модуля шляхом додавання додаткових згорткових шарів і розширення застосування передових функцій активації, які сприяють точності моделі.

Висновки

Традиційне раннє виявлення хвороб рослин вимагає багато уваги людини, і без належної автоматичної ідентифікації виробництво продуктів харчування відповідно до прогнозів на 2050 рік може бути неможливим. Для розпізнавання хвороб листя томатів у цьому дослідженні використовувався метод глибокого машинного навчання CNN разом з передачею знань, щоб скористатися перевагами попередньо натренованих мереж. Для оптимізації їх продуктивності був запропонований унікальний блок шарів із вбудованими CNN, який був спроектований для класифікації зображень хвороб листя томатів, що дозволило досягти більшої точності, ніж у базових мережах. Продуктивність попередньо натренованих CNN з новим модулем перевищила

продуктивність CNN з методом SVM.

Експериментальні результати показали, що найкращу продуктивність було досягнуто із мережею InceptionV3, разом із новим модулем, яка дала точність 97.8%. Оцінюючи результати для розпізнавання хвороб томатів, визначено, що CNN з новим модулем досягла значних результатів, і їх можна збільшити шляхом розширення використовуваного набору даних. Для майбутніх удосконалень, а також щоб підвищити універсальність запропонованого модуля, ефективність нового методу буде досліджено на ширшому спектрі схожих наборів даних хвороб рослин. Це включатиме тестування запропонованих моделей на різних наборах даних хвороб рослин, крім хвороб томатів. Крім того, мережа MobileNetV2 з новим модулем, що була протестована в цьому дослідженні, продемонструвала перспективні результати для реального використання. Як легка мережа, вона добре підходить для вбудовування в мобільний додаток. Цей додаток можна буде використати, для надання підтримки у реальному часі для виявлення хвороб рослин у полі.

Перелік використаних джерел

- [1] M. Van Dijk, T. Morley, M. L. Rau, and Y. Saghai, "A meta-analysis of projected global food demand and population at risk of hunger for the period 2010–2050," *Nat. Food*, vol. 2, pp. 494–501, 2021. <https://doi.org/10.1038/s43016-021-00322-9>
- [2] G. Ghisbain, M. Gérard, T. J. Wood, H. M. Hines, and D. Michez, "Expanding insect pollinators in the Anthropocene," *Biol. Rev.*, vol. 96, pp. 2755–2770, 2021. <https://doi.org/10.1111/brev.12777>
- [3] C. Ferracini, V. H. P. Bueno, M. L. Dindo, B. L. Ingegno, M. G. Luna, N. G. Salas Gervassio, N. E. Sánchez, G. Siscaro, J. C. van Lenteren, L. Zappalà, et al., "Natural enemies of *Tuta absoluta* in the Mediterranean Basin, Europe and South America," *Biocontrol Sci. Technol.*, vol. 29, pp. 578–609, 2019. <https://doi.org/10.1080/09583157.2019.1572711>
- [4] W. Albattah, M. Nawaz, A. Javed, M. Masood, and S. Albahli, "A novel deep learning method for detection and classification of plant diseases," *Complex Intell. Syst.*, vol. 8, pp. 507–524, 2022. <https://doi.org/10.1007/s40747-021-00536-1>
- [5] S. H. Lee, H. Goëau, P. Bonnet, and A. Joly, "New perspectives on plant disease characterization based on deep learning," *Comput. Electron. Agric.*, vol. 170, 105220, 2020. <https://doi.org/10.1016/j.compag.2020.105220>
- [6] D. P. Hughes and M. Salathe, "An open access repository of images on plant health to enable the development of mobile disease diagnostics," *arXiv*, arXiv:1511.08060, 2015.
- [7] A. Ramcharan, K. Baranowski, P. McCloskey, B. Ahmed, J. Legg, and D. P. Hughes, "Deep learning for image-based cassava disease detection," *Front. Plant Sci.*, vol. 8, 1852, 2017. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01852>
- [8] J. Lu, L. Tan, and H. Jiang, "Review on convolutional neural network (CNN) applied to plant leaf disease classification," *Agriculture*, vol. 11, 707, 2021. <https://doi.org/10.3390/agriculture11080707>
- [9] A. Guerrero-Ibañez and A. Reyes-Muñoz, "Monitoring tomato leaf disease through convolutional neural networks," *Electronics*, vol. 12, 229, 2023. <https://doi.org/10.3390/electronics12010229>
- [10] L. Alzubaidi, J. Zhang, A. J. Humaidi, A. Al-Dujaili, Y. Duan, O. Al-Shamma, J. Santamaría, M. A. Fadhel, M. Al-Amidie, and L. Farhan, "Review of deep learning: Concepts, CNN architectures, challenges, applications, future directions," *J. Big Data*, vol. 8, 53, 2021. <https://doi.org/10.1186/s40537-021-00444-8>
- [11] Y. Jiang, J. Xie, and D. Zhang, "An adaptive offset activation function for CNN image classification tasks," *Electronics*, vol. 11, 3799, 2022. <https://doi.org/10.3390/electronics11223799>
- [12] J. Chen, J. Chen, D. Zhang, Y. Sun, and Y. A. Nanekaran, "Using deep transfer learning for image-based plant disease identification," *Comput. Electron. Agric.*, vol. 173, 105393, 2020. <https://doi.org/10.1016/j.compag.2020.105393>
- [13] R. S. Ramos, L. Kumar, F. Shabani, and M. C. Picanço, "Risk of spread of tomato yellow leaf curl virus (TYLCV) in tomato crops under various climate change scenarios," *Agric. Syst.*, vol. 173, pp. 524–535, 2019. <https://doi.org/10.1016/j.agry.2019.03.020>
- [14] A. Dash, P. K. Sethy, and S. K. Behera, "Maize disease identification based on optimized support vector machine using deep feature of DenseNet201," *J. Agric. Food Res.*, vol. 14, 100824, 2023. <https://doi.org/10.1016/j.jafr.2023.100824>
- [15] A. Mezenner, H. Nemmour, Y. Chibani, and A. Hafiane, "Tomato plant leaf disease classification based on CNN features and support vector machines," in *Proc. 2022 2nd Int. Conf. Adv. Electr. Eng. (ICAEE)*, Constantine, Algeria, 29–30 Oct. 2022, pp. 1–5.

[16] J. Minango, M. Zambrano, W. Paredes Parada, C. Tasiguano, and K. Ayala, "Identification of corn leaves diseases images using MobileNet architecture in smartphones," in Proc. Trends Artif. Intell. Comput. Eng., Riobamba, Ecuador, 10–12 Nov. 2021, M. Botto-Tobar, O. S. Gómez, R. Rosero Miranda, A. Díaz Cadena, and W. Luna-Encalada, Eds., Springer Nature, Cham, Switzerland, 2023, pp. 661–673.

Roman Humeniuk¹, Yulian Fedirko²

¹ Computer Aided Design Department, Lviv Polytechnic National University, Ukraine, Lviv, S. Bandery street 12,
E-mail: roman.v.humeniuk@lpnu.ua, ORCID 0009-0000-8649-829X

² Computer Aided Design Department, Lviv Polytechnic National University, Ukraine, Lviv, S. Bandery street 12,
E-mail: yulian.a.fedirko@lpnu.ua, ORCID 0000-0001-9968-7313

OPTIMIZATION OF TOMATO LEAF DISEASE DETECTION USING DEEP MACHINE LEARNING WITH ADVANCED NEURAL NETWORKS

Received: February 28, 2025 / Revised: March 12, 2025 / Accepted: March 20, 2025

© Humeniuk R., Fedirko Yu., 2025

Abstract. The article discusses the application of deep machine learning methods for detecting tomato leaf diseases. The goal of the study is to improve the accuracy of classifying images of diseased plants through modifications to convolutional neural networks (CNN), combining the Inception module, the Mish activation function, and batch normalization. The proposed approach outperforms basic CNN models and the support vector machine method. The PlantVillage dataset, containing images of both diseased and healthy plants, was used for model evaluation. The results showed that the InceptionV3 network with the proposed module achieved the highest accuracy (97.8%) and demonstrated high efficiency for viral tomato diseases. The originality of the work lies in the development of a new module that significantly improves model performance. The practical value of the study is in applying these methods to mobile applications, enabling early detection of plant diseases. Further research will focus on expanding the module's application to other plant diseases and optimizing it for real-world use.

Keywords: convolutional neural network; leaf disease classification; Mish activation function; optimization; PlantVillage dataset; support vector machine; Inception module.