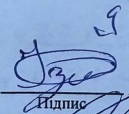


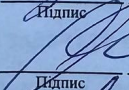
Хмельницький національний університет
 Факультет інформаційних технологій
 Кафедра комп'ютерних наук

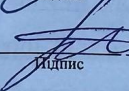
КВАЛІФІКАЦІЙНА РОБОТА БАКАЛАВРА


на тему: Нейромережевий метод ідентифікації захворювань рослин за зображеннями листя

Галузь знань 12 – Інформаційні технології
Шифр і назва галузі знань
 Спеціальність 122 – Комп'ютерні науки
Шифр і назва спеціальності
 Освітня програма Комп'ютерні науки
Назва освітньої програми

Виконала: студент групи КН-22-1  Ілля ЗАХАРЕНКО
Група виконавця Підпис Ім'я, ПРІЗВИЩЕ

Керівник: д.т.н., зав. кафедри КН,  Олександр БАРМАК
Науковий ступінь, посада Підпис Ім'я, ПРІЗВИЩЕ


Нормоконтроль: к.т.н., доц. каф. КН  Руслан БАГРІЙ
Науковий ступінь, посада Підпис Ім'я, ПРІЗВИЩЕ

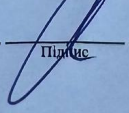
До захисту допускаю:
 зав. кафедри КН, д.т.н., професор  Олександр БАРМАК
15 червня 2026 р. Підпис Ім'я, ПРІЗВИЩЕ

Хмельницький 2026

7. Календарний план виконання кваліфікаційної роботи бакалавра:

№	Назва етапів (розділів) кваліфікаційної роботи бакалавра	Термін виконання	Примітка
1	Вибір напрямку дослідження та узгодження теми кваліфікаційної роботи з керівником, складання календарного графіка виконання	січень 2026	виконано
2	Ознайомлення з предметною областю, формулювання мети і задач дослідження, визначення об'єкта та предмета дослідження	лютий 2026	виконано
3	Проектування методу розв'язання задачі, опис архітектурних рішень, розроблення математичних моделей та алгоритмів.	березень 2026	виконано
4	Обґрунтування інструментарію розробки, програмна реалізація розробленого методу, проведення експериментального тестування та оцінювання ефективності.	квітень 2026	виконано
5	Написання пояснювальної записки, урахування зауважень керівника, оформлення згідно з вимогами	травень 2026	виконано
6	Розроблення презентаційних матеріалів та попередній захист кваліфікаційної роботи	травень 2026	виконано
7	Отримання відгуку керівника, рецензії, перевірка пояснювальної записки на плагіат, нормоконтроль	червень 2026	виконано
8	Підготовка до захисту та захист кваліфікаційної роботи	червень 2026	виконано

Виконавець: студент групи КН-22-1  Ілля ЗАХАРЕНКО
Група виконавця Підпис Ім'я, ПРІЗВИЩЕ

Керівник: д.т.н., зав. кафедри КН  Олександр БАРМАК
Науковий ступінь, посада Підпис Ім'я, ПРІЗВИЩЕ

Анотація

Тема кваліфікаційної роботи бакалавра: «Нейромережевий метод ідентифікації захворювань рослин за зображеннями листя»

Виконавець кваліфікаційної роботи бакалавра: студент групи КН-22-1 Ілля Захаренко

Керівник кваліфікаційної роботи бакалавра: д.т.н., професор Олександр Бармак

Кваліфікаційна робота бакалавра містить:

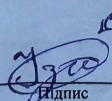
Пояснювальна записка				Кількість додатків
Сторінок	Рисунків	Таблиць	Джерел інформації	
61	31	1	47	2

Мета роботи полягає у підвищенні точності та оперативності діагностики захворювань сільськогосподарських рослин шляхом розробки нейромережевого методу ідентифікації захворювань за зображеннями листя на основі глибокого навчання. Для досягнення цієї мети розроблено метод класифікації на базі архітектури YOLOv11-cls.

Практичним результатом роботи є застосування, що дозволяє автоматизувати процес діагностики, мінімізувати суб'єктивність візуального аналізу та прискорити виявлення патологій. Розроблений інструмент орієнтований на фахівців агросектору, фермерські господарства та фітопатологів для використання як у польових, так і в тепличних умовах.

Ключові слова: нейромережа, метод, YOLO, рослини, зображення.

Виконавець: студент групи КН-22-1
Група виконавця


Підпис

Ілля ЗАХАРЕНКО
Ім'я, ПРІЗВИЩЕ

Зміст

Перелік скорочень.....	3
Вступ.....	4
Розділ 1 Характеристика предметної області: аналіз моделей, методів та реалізацій.....	6
1.1 Аналіз предметної області ідентифікації захворювання рослин за зображеннями їх листя.....	6
1.2 Огляд теоретичних підходів до розв’язку подібних задач.....	7
1.3 Огляд існуючих моделей глибокого навчання.....	8
1.4 Аналіз існуючих програмних засобів.....	11
1.5 Мета та завдання дослідження.....	15
Розділ 2 Розробка нейромережевого методу ідентифікації захворювань рослин за зображеннями листя.....	16
2.1 Формалізація задачі ідентифікації захворювань рослин.....	16
2.2 Архітектура згорткової нейронної мережі (CNN).....	18
2.3. Нейромережевий метод ідентифікації захворювань рослин за зображенням листя.....	23
2.4 Опис набору даних.....	26
2.5. Метрики оцінювання якості методу.....	32
2.6 Сценарій валідації запропонованого методу.....	34
2.7 Висновки до розділу 2.....	35
Розділ 3 Експериментальне дослідження методу.....	37
3.1 Експериментальне застосування для валідації та тестування методу.....	37
3.2. Результати валідації та тестування.....	39
3.3. Результати роботи аграрного застосування.....	49
3.4. Висновки до розділу.....	52
Загальні висновки.....	54
Перелік посилань.....	56
Додатки	

Перелік скорочень

Скорочення, термін, позначення	Пояснення
ШІ	Штучний інтелект
CNN	Convolutional Neural Networks
API	Application Programming Interface
SVM	Support Vector Machine
C3k2	Cross-Stage Partial Bottleneck with 2 Convolutions
RGB	Red, Green, Blue
AUC	Area Under the Curve
FN	False Negative
FP	False Positive
TN	True Negative
TP	True Positive
YOLO	You Only Look Once
ResNet	Residual Network
LeNet	LeCun Network
AlexNet	Alex Krizhevsky Network
FPR	False Positive Rate
TPR	True Positive Rate
PSA	Pyramidal Scanning Attention
ROC	Receiver Operating Characteristic

Вступ

Актуальність. Стрімкий розвиток технологій штучного інтелекту та комп'ютерного зору кардинально змінює підходи до вирішення прикладних задач в агропромисловому секторі. За оцінками Продовольчої та сільськогосподарської організації ООН, щорічні втрати врожаю від хвороб рослин сягають 20–40 % від загального обсягу виробництва, що спричиняє значні економічні збитки та загрозу продовольчій безпеці. Захворювання рослин мають різноманітну природу – грибкову, бактеріальну, вірусну, які проявляються через видимі зміни зовнішнього вигляду листя: некроз тканин, хлоротичні плями, деформації, наліт тощо [1].

Традиційні методи діагностики, що ґрунтуються на візуальному аналізі агрономами та фітопатологами, є трудомісткими, суб'єктивними та практично не масштабуються в умовах великих аграрних підприємств. Попередні спроби автоматизувати цей процес спирались на класичні методи обробки зображень і алгоритми машинного навчання, такі як метод опорних векторів (SVM) або Random Forest. Однак точність цих підходів суттєво знижується за умов змінного освітлення, складного фону та варіативності типів уражень [2].

Таким чином, виникає протиріччя між нагальною потребою у швидкій та об'єктивній діагностиці і відсутністю доступних автоматизованих інструментів. У цьому контексті перспективним напрямом є застосування методів глибокого навчання на основі згорткових нейронних мереж (CNN). Аналіз сучасних досліджень свідчить, що CNN забезпечують автоматичне виділення ієрархічних візуальних ознак безпосередньо з «сирих» зображень, без необхідності ручного визначення характеристик, що робить їх особливо ефективними для задач класифікації у реальних польових умовах [13].

Серед сучасних архітектур нейронних мереж особливе місце займає сімейство YOLO. Новітнє покоління YOLOv11 демонструє видатний баланс між швидкістю обробки та точністю, а версія YOLOv11-cls, спеціалізована для задач класифікації, показує конкурентні результати порівняно з EfficientNet та ResNet

при суттєво нижчій обчислювальній складності. Дослідження у сфері transfer learning демонструють, що донавчання попередньо навчених моделей на спеціалізованих аграрних зображеннях дозволяє досягти високої точності при значно меншому обсязі розміченої вибірки [20]. Це підтверджує доцільність застосування такого підходу у рамках даного дослідження та відкриває можливості для оперативного прийняття рішень в агросекторі.

Об'єкт дослідження – процес автоматизованої діагностики захворювань сільськогосподарських рослин за зображеннями листя.

Предмет дослідження – нейромережеві методи глибокого навчання для класифікації зображень листя рослин.

Мета кваліфікаційної роботи бакалавра – підвищення точності та оперативності діагностики захворювань сільськогосподарських рослин шляхом розробки нейромережевого методу ідентифікації захворювань за зображеннями листя на основі глибокого навчання.

Завдання кваліфікаційної роботи бакалавра:

~ проаналізувати предметну область автоматизованої діагностики захворювань рослин за зображеннями, сучасні нейромережеві підходи до класифікації зображень та існуючі програмні рішення у цій сфері;

~ розробити нейромережевий метод ідентифікації захворювань рослин, що включає підготовку та попередню обробку набору даних, а також донавчання моделі YOLOv11 для задачі класифікації;

~ розробити програмний веб-застосунок для тестування запропонованого методу з використанням середовища Streamlit;

~ провести тестування розробленого методу та здійснити оцінювання точності й ефективності його роботи.

Практичне значення одержаних результатів полягає у розробці цілісного нейромережевого методу та готового до використання веб-застосунку, що автоматизує процес діагностики захворювань рослин на основі аналізу звичайних фотографій листя.

Розділ 1 Характеристика предметної області: аналіз моделей, методів та реалізацій

1.1 Аналіз предметної області ідентифікації захворювання рослин за зображеннями їх листя

У сучасних умовах розвитку аграрного сектору особливої актуальності набуває проблема своєчасного виявлення захворювань сільськогосподарських культур. Значна частина світових втрат урожаю пов'язана з поширенням грибкових, бактеріальних та вірусних інфекцій, що уражають рослини на різних етапах їх розвитку [1]. Несвоєчасна діагностика призводить до зниження врожайності, погіршення якості продукції та економічних втрат.

Традиційно ідентифікація захворювань рослин здійснюється експертами-біологами на основі візуального аналізу зовнішніх ознак ураження: зміни кольору листя, появи плям, деформацій та інших морфологічних характеристик. Такий підхід є суб'єктивним, залежить від досвіду спеціаліста та складно масштабується у великих аграрних підприємствах [2].

Щоб подолати ці обмеження, з розвитком цифрових технологій почали активно застосовувати автоматизований аналіз зображень [3]. Перші методи ідентифікації захворювань рослин базувалися на класичних алгоритмах обробки зображень та статистичних моделях [4]. Зображення перетворювалося на набір числових характеристик, що описували колір, текстуру та форму уражених ділянок листя. Потім на основі цих характеристик виконувалася класифікація із застосуванням алгоритмів машинного навчання.

Попри певну результативність, класичні методи мають суттєві обмеження. Вони потребують попереднього визначення ознак, що вимагає участі фахівців, та не завжди дозволяють врахувати складну структуру зображення [5]. Крім того, точність таких моделей може знижуватися за умов змінного освітлення, складного фону або часткового перекриття об'єкта [6].

Суттєвий прорив у задачах розпізнавання зображень пов'язаний із застосуванням глибокого навчання, зокрема згорткових нейронних мереж (CNN).

Аналіз сучасних досліджень свідчить, що нейромережеві моделі демонструють значно вищу точність класифікації зображень порівняно з методами, заснованими на попередньо визначених ознаках [7]. Вони добре адаптуються до варіацій масштабу, кольору та текстури, що характерно для реальних польових умов. Крім того, здатність до узагальнення робить такі методи перспективними для застосування у різних сортах рослин і типах уражень [8].

Таким чином, проведений аналіз підходів до автоматизованої діагностики дозволяє зробити висновок про доцільність використання нейромережевого методу для ідентифікації захворювань рослин за зображеннями листя. Їх здатність до автоматичного виділення інформативних ознак та обробки складних візуальних структур підвищує точність і надійність розпізнавання, що є важливим для створення сучасних інформаційних систем аграрного призначення [9].

1.2 Огляд теоретичних підходів до розв'язку подібних задач

Дослідження проблеми автоматизованої ідентифікації захворювань рослин за зображеннями листя активно ведеться у науковій спільноті. У літературі розрізняють кілька підходів до вирішення цієї задачі, що відображають еволюцію методів від класичних алгоритмів обробки зображень до сучасних моделей глибокого навчання [10].

Ранні роботи зосереджувалися на виділенні ознак зображень за допомогою класичних методів комп'ютерного зору: аналізу кольору, текстури та форми листя, сегментації уражених ділянок та подальшої класифікації за допомогою алгоритмів машинного навчання, таких як SVM або Random Forest [11]. Такі методи показали базову ефективність на контрольованих датасетах, однак їх точність суттєво знижувалася при наявності складного фону, варіативного освітлення або пошкоджених листків [12].

З поширенням глибокого навчання у цій сфері значна увага приділяється згортковим нейронним мережам (CNN), які дозволяють автоматично виділяти релевантні ознаки без ручного визначення характеристик. У дослідженнях

показано, що CNN успішно справляються з класифікацією широкого спектра захворювань листя, зберігаючи високу точність при зміні умов освітлення та наявності шумів на зображенні [13]. Використання методів transfer learning, коли моделі попередньо навчаються на великих загальних датасетах і потім донавчаються на спеціалізованих аграрних зображеннях, дозволяє скоротити обсяг необхідних маркованих даних та підвищити продуктивність моделі [14].

Крім того, у літературі підкреслюють важливість використання методів аугментації даних для покращення узагальнювальної здатності моделей. Це включає обертання, масштабування, зміну яскравості та контрасту зображень, що дозволяє моделі бути стійкою до варіативних польових умов. Серед сучасних архітектур, що демонструють високу точність у задачах розпізнавання захворювань, виділяють ResNet, Inception, EfficientNet та MobileNet, які забезпечують баланс між точністю та обчислювальними ресурсами [15].

Таким чином, аналіз наукових публікацій підтверджує, що для ефективної автоматизованої діагностики захворювань рослин доцільно застосовувати підходи глибокого навчання, що поєднують згорткові нейронні мережі та оптимізовані методи роботи з навчальними даними. Це створює обґрунтовану теоретичну базу для вибору конкретних моделей та алгоритмів у рамках кваліфікаційної роботи.

1.3 Огляд існуючих моделей глибокого навчання

Огляд актуальних напрямків використання нейромережевих моделей глибокого навчання в аграрній сфері дозволяє визначити ефективні методи обробки зображень, підходи до формування та використання навчальних даних, а також технології програмної реалізації подібних методів [16]. Теоретичний огляд існуючих моделей, алгоритмів та архітектур створює обґрунтовану основу для вибору технологічних рішень у межах кваліфікаційної роботи.

Для задач ідентифікації захворювань рослин за зображенням листя найбільш ефективними є методи глибокого навчання, такі як згорткові нейронні

мережі [17]. CNN здатні автоматично виділяти інформативні ознаки зі складних зображень, враховуючи текстури, форми, кольорові патерни та дрібні деталі ушкоджень листя [18]. Це робить їх особливо придатними для аграрних завдань, де ручне визначення ознак складне або неефективне. Архітектура CNN побудована на послідовності шарів де згорткові шари відповідають за виділення локальних патернів і структурних ознак, пулінгові – за зменшення розмірності та виділення найбільш значущих ознак, а повнозв'язні – за інтеграцію всіх ознак для остаточної класифікації [19].

Серед базових архітектур CNN, які можуть застосовуватися для задачі розпізнавання захворювань рослин, виділяються LeNet, AlexNet та VGG. LeNet і AlexNet є класичними прикладами, які успішно працюють на простих або середніх за розміром датасетах [20]. Вони дозволяють виявляти базові текстурні та морфологічні ознаки листя, використовуючи стандартну послідовність згорткових і пулінгових шарів, завершених повнозв'язним шаром для класифікації [21]. VGG відрізняється більшою глибиною та використанням однотипних згорткових шарів з ядрами 3×3 , що дозволяє поступово формувати багаторівневі ознаки та підвищувати точність класифікації. На глибших рівнях мережа здатна виявляти складні патерни ушкоджень, які можуть бути малопомітними на початкових етапах аналізу. Схему даного підходу продемонстровано на рисунку 1.1.

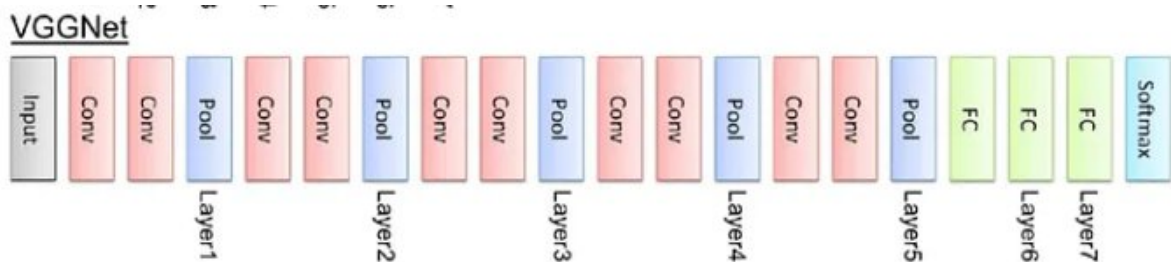


Рисунок 1.1 – Схема роботи архітектурного підходу VGG [22]

Для більш складних зображень використовують ResNet. Основна особливість ResNet – це наявність залишкових зв'язків, які дозволяють передавати інформацію між шарами без втрати градієнта під час навчання глибоких мереж [23]. Це забезпечує стабільне навчання навіть дуже глибоких моделей та дозволяє

уникнути проблеми затухання градієнта. Завдяки цьому ResNet здатні навчатися на великих датасетах з високою деталізацією і різними типами ушкоджень листя [24]. Схему роботи архітектурного підходу зображено нижче (рисунок 1.2).

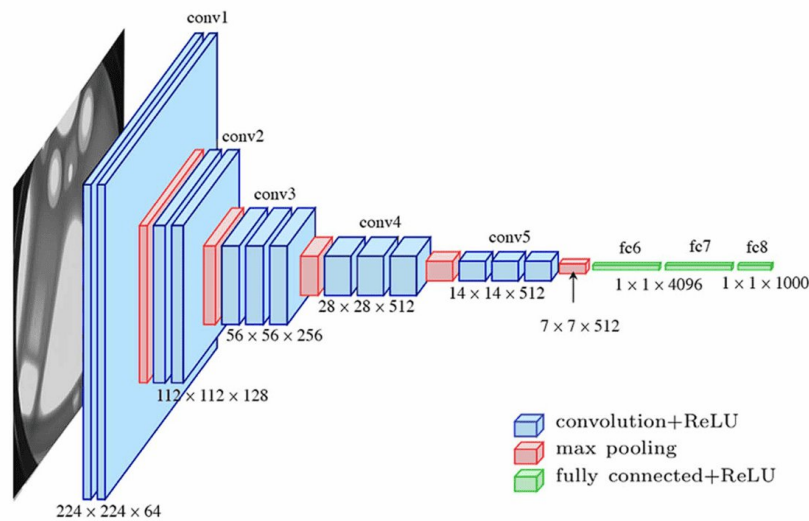


Рисунок 1.2 – Схема роботи ResNet архітектури [25]

Для мобільних застосунків та швидкої діагностики застосовуються легкі CNN, до прикладу MobileNet [26]. Ця архітектура оптимізована для обмежених ресурсів і дозволяє швидко обробляти зображення на слабких пристроях, зберігаючи при цьому високу точність класифікації. Вона використовує розділені згортки для значного зменшення кількості параметрів і обчислювальної складності в порівнянні з традиційними згортковими шарами [27]. Такий підхід дозволяє зменшити об'єм пам'яті та енергоспоживання, що робить його ідеальним вибором для мобільних додатків, схему роботи даної архітектури зображено на рисунку 1.3.

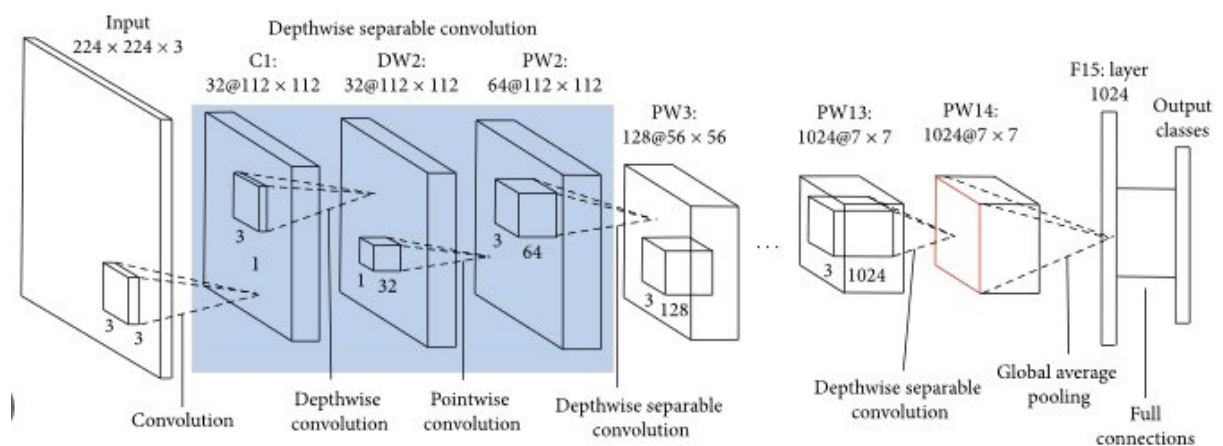


Рисунок 1.3 – Схема роботи MobileNet архітектури [28]

Таким чином, сучасні архітектури згорткових нейронних мереж забезпечують ефективну обробку зображень листя, дозволяючи автоматично виділяти ознаки захворювань та адаптувати моделі під різні умови використання – від високоточного дослідження в лабораторії до швидкої діагностики в польових умовах. Вибір конкретної архітектури залежить від складності завдання, розміру датасету та ресурсних обмежень застосунку.

1.4 Аналіз існуючих програмних засобів

У агросфері великого значення набувають системи автоматичного розпізнавання захворювань рослин за зображеннями листя з використанням нейронних мереж [29]. Такі рішення дозволяють навчити модель на великій кількості зображень листя різних культур і реалізувати її у веб-інтерфейсі або мобільному застосунку для швидкої та точної діагностики. На відміну від традиційного візуального огляду, автоматизовані системи можуть аналізувати зображення за короткий час, порівнювати його з великою кількістю попередньо вивчених прикладів та формувати результат без постійної участі експерта.

Користувач отримує можливість автоматично виявляти патологічні ознаки на листках, визначати ймовірний діагноз та отримувати рекомендації щодо подальших дій. Це робить подібні системи корисними для фермерів, садівників і дослідників рослинних культур, оскільки вони можуть застосовуватися як інструмент попередньої діагностики у польових або тепличних умовах. Крім того, такі програмні рішення сприяють зменшенню суб'єктивності оцінювання, прискорюють процес прийняття рішень і можуть бути інтегровані у ширші інформаційні системи аграрного моніторингу.

Одним із найвідоміших застосунків у цій предметній області є мобільний застосунок Plantix. Plantix – це застосунок для розпізнавання хвороб сільськогосподарських рослин, що використовує алгоритми штучного інтелекту для аналізу зображень листя [30]. Користувач може зробити або завантажити фото ураженої рослини, а система автоматично визначає, чи наявні на ній ознаки

хвороби, шкідників або дефіциту поживних речовин. Після аналізу застосунк надає користувачу можливий діагноз, коротке пояснення проблеми та рекомендації щодо лікування або профілактики. Такий підхід дозволяє швидко отримати первинну інформацію про стан рослини без необхідності звернення до спеціаліста на початковому етапі діагностики. Інтерфейс застосунку Plantix наведено на рисунку 1.4.

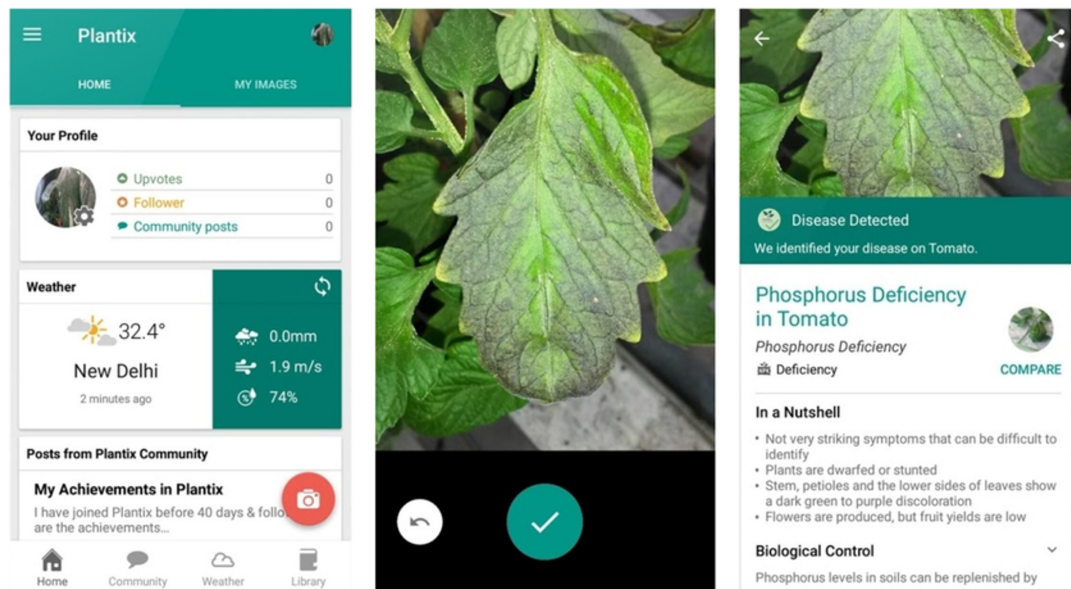


Рисунок 1.4 – Інтерфейс мобільного застосунку Plantix [31]

З переваг застосунку слід відзначити широку базу підтримуваних культур і велику спільноту користувачів, що сприяє постійному розширенню бази знань. До недоліків можна віднести залежність від якості зображень та неможливість прямого онлайн-аналізу без інтернет-підключення чи інтеграції у веб-інтерфейси сторонніх сервісів.

Серед веб-сайтів, що пропонують подібний функціонал у браузері без встановлення окремого застосунку, популярним є AgroVisionAI [32]. Це сайт для діагностики хвороб рослин, яка дозволяє завантажити зображення листя й отримати автоматичний аналіз за допомогою нейронної мережі та рекомендації щодо лікування, інтерфейс веб-сайту зображено на рисунку 1.5.

Перевагами цього сервісу є простота використання, зрозумілий інтерфейс та відсутність обов'язкової реєстрації для доступу до основного функціоналу. Користувач може швидко завантажити зображення рослини та отримати

попередній результат аналізу без складного налаштування системи. Додатковими можливостями сервісу є перегляд історії сканувань та інтеграція голосового помічника, що забезпечує додаткову підтримку користувача під час роботи із системою. Це робить сервіс зручним для початкової діагностики та швидкого отримання інформації про можливий стан рослини.

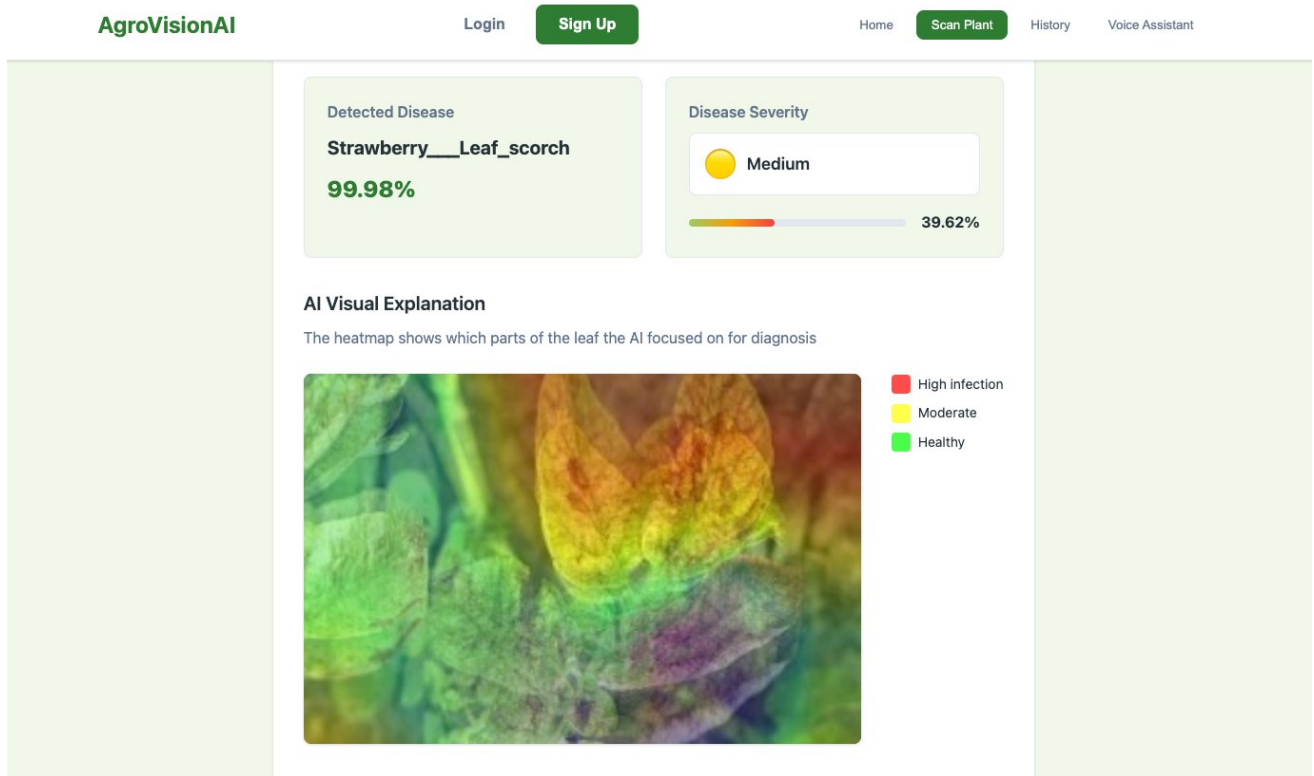


Рисунок 1.5 – Інтерфейс веб-сайту AgroVisionAI [33]

Недоліком є те, що точність визначення значною мірою залежить від якості та чіткості завантаженого зображення. Якщо фото має розмиття, недостатнє освітлення, складний фон або часткове перекриття листка, результат аналізу може бути менш надійним. Крім того, деякі функції сервісу вимагають створення облікового запису, що може бути додатковим обмеженням для користувачів, які потребують швидкого одноразового аналізу без реєстрації.

Інший відомий веб-інструмент який буде розглянуто це Plantnl. Plantnl є безкоштовною онлайн-системою для визначення захворювань рослин за фото листя, що використовує ШІ для ідентифікації понад 30 поширених хвороб [34] (рисунок 1.6).

Система підтримує завантаження зображень прямо у браузері у різних форматах та миттєво аналізує їх і видає перелік можливих діагнозів з

поясненнями. Перевага Plantnl полягає у доступності безкоштовної онлайн-діагностики, проте недоліком є обмежена база підтримуваних культур та хвороб у порівнянні з комерційними продуктами.

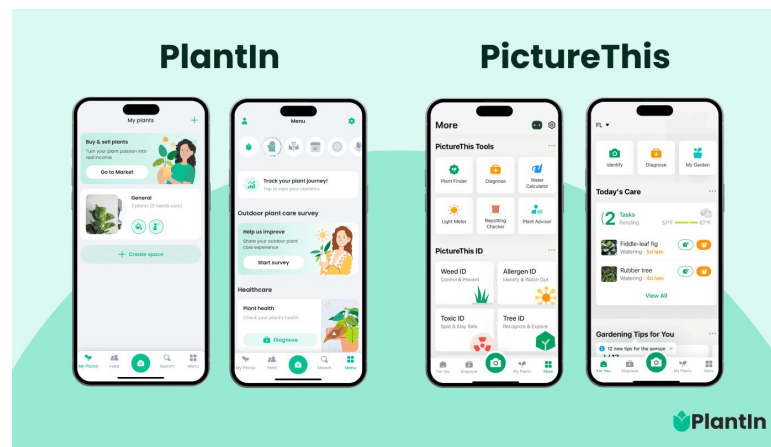


Рисунок 1.6 – Інтерфейс веб-сайту Plantnl [35]

Також існують API-сервіси, наприклад plant.health, які дозволяють інтегрувати функцію розпізнавання захворювань у власні програмні рішення, наприклад веб-сайт або мобільний застосунок [36]. Перевагою таких сервісів є можливість швидко підключити готову нейромережеву модель до будь-якої платформи, масштабувати її використання та гнучко налаштувати під конкретні культури або типи рослин. Недоліком є те, що API не надає готового інтерфейсу для кінцевого користувача і потребує додаткової розробки фронтенду та інтеграції, а також точність розпізнавання може залежати від якості переданих зображень і обмежень конкретного сервісу.

Таким чином, аналіз існуючих програмних засобів показує, що для автоматизованої діагностики захворювань рослин доступні як мобільні застосунки з великими базами знань та мобільною зручністю, так і веб-сервіси, що надають швидкий доступ до аналізу через браузер без встановлення додаткового ПЗ. Однак жоден із наявних продуктів не забезпечує одночасно широку підтримку всіх культур, високої точності розпізнавання у будь-яких умовах та повної інтеграції в єдиний комплексний сервіс, що означає наявність значної потреби в розробці нової платформи, орієнтованої на універсальний та адаптивний підхід до розробки нейромережевого методу ідентифікації захворювань рослин за зображеннями листя.

1.5 Мета та завдання дослідження

Проведений аналіз предметної області показав, що традиційні методи діагностики є трудомісткими та залежними від кваліфікації фахівця, а огляд існуючих програмних рішень виявив обмеження щодо кількості підтримуваних культур та прозорості методів класифікації. Огляд сучасних моделей глибокого навчання підтвердив доцільність застосування архітектури YOLO з механізмом Transfer Learning як оптимального балансу між точністю та швидкістю роботи моделі.

Мета роботи полягає у підвищенні точності та оперативності діагностики захворювань сільськогосподарських рослин шляхом розробки нейромережевого методу ідентифікації захворювань за зображеннями листя на основі глибокого навчання. Для досягнення цієї мети розроблено метод класифікації на базі архітектури YOLOv11-cls.

Для досягнення поставленої мети необхідно виконати наступні завдання:

- ~ проаналізувати предметну область автоматизованої діагностики захворювань рослин за зображеннями, сучасні нейромережеві підходи до класифікації зображень та існуючі програмні рішення у цій сфері;
- ~ розробити нейромережевий метод ідентифікації захворювань рослин, що включає підготовку та попередню обробку набору даних, а також донавчання моделі YOLOv11 для задачі класифікації;
- ~ розробити програмний веб-застосунок для тестування запропонованого методу з використанням середовища Streamlit;
- ~ провести тестування розробленого методу та здійснити оцінювання точності й ефективності його роботи;

Розділ 2 Розробка нейромережевого методу ідентифікації захворювань рослин за зображеннями листя

2.1 Формалізація задачі ідентифікації захворювань рослин

Для побудови ефективного методу необхідно формалізувати прикладну задачу у математичну площину, що забезпечує чітке визначення вхідних даних, вихідних результатів та алгоритмічних принципів роботи моделі [37]. У даній роботі задача ідентифікації реалізується як задача багатокласової класифікації, оскільки кожне зображення листя необхідно віднести до однієї з K взаємовиключних категорій, що відповідають конкретним хворобам або здоровому стану рослини. На відміну від задач детекції чи сегментації, які спрямовані на локалізацію об'єктів або їх частин на зображенні, багатокласова класифікація фокусується на визначенні загального стану наданого зразка, що робить її оптимальною для роботи з датасетом, де кожне зображення вже містить один окремий листок, попередньо сегментований та готовий до аналізу [38].

Математично задача описується через простір вхідних даних X та простір вихідних рішень Y . Простір вхідних даних X представляє собою множину цифрових RGB-зображень листків, які математично інтерпретуються як тривимірні тензори:

$$X \in \mathbb{R}^{H \times W \times C}, \quad (2.1)$$

де H і W визначають висоту та ширину зображення відповідно, а C – кількість кольорових каналів, що відповідають червоному, зеленому та синьому кольорам.

Кожен елемент тензора $X_{i,j,k}$ після нормалізації приймає значення в діапазоні $[0, 1]$, що забезпечує стабільність обчислень у шарах нейронної мережі та сприяє більш швидкій та стійкій збіжності під час навчання. Нормалізація пікселів дозволяє уникнути проблем, пов'язаних із великою дисперсією значень, та підвищує ефективність процесу оптимізації вагових параметрів мережі, що особливо важливо при роботі з великими наборами даних.

Вихідний простір Y визначається як множина класів хвороб:

$$Y = \{y_1, y_2, \dots, y_k\}, \quad (2.2)$$

де k – це загальна кількість категорій у датасеті.

Кожна мітка класу для обчислень кодується за допомогою One-Hot Encoding, тобто тільки один елемент вектора дорівнює 1, що відповідає істинному класу, а всі інші 0. Такий підхід дозволяє коректно застосовувати категоріальну функцію втрат та забезпечує порівнянність прогнозованих ймовірностей із еталонними значеннями, що є основою для оцінки точності роботи моделі.

Математичне представлення процесу класифікації базується на використанні глибокої нейронної мережі YOLOv11-cls, яка виступає як складний нелінійний апроксиматор функції $f_o(x)$, що відображає вхідні зображення у простір ймовірностей класів. Обробка зображення мережею відбувається у два основних етапи. Спочатку зображення проходить через екстрактор ознак $\Phi(x;O)$, який перетворює масив пікселів у вектор абстрактних ознак високого рівня, що містять інформацію про форму, колір, текстуру та загальну структуру листка. На наступному етапі ці ознаки подаються на класифікаційну голову F_{cls} , яка формує логіти класів, після чого застосовується функція активації Softmax σ яка перетворює логіти у розподіл ймовірностей належності до кожного класу:

$$\hat{y} = \sigma(F_{cls}(\Phi(x;O))) \quad (2.3)$$

Сума елементів вихідного вектора \hat{y} завжди дорівнює одиниці, що дозволяє інтерпретувати його як ймовірність належності зображення до певного класу. Таке представлення забезпечує не лише класифікацію, а й оцінку впевненості моделі у своєму рішенні, що є важливою складовою для подальшого аналізу та інтеграції результатів у веб-застосунок.

Для оптимізації параметрів моделі під час навчання використовується функція втрат у вигляді категоріальної крос-ентропії, яка вимірює розбіжність між прогнозованим розподілом ймовірностей для K класів захворювань \hat{y} та еталонним вектором y :

$$L = - \sum_{i=1}^K y_i \log(\hat{y}_i), \quad (2.4)$$

де K – загальна кількість класів захворювань, y_i – елемент еталонного вектора one-hot кодування, \hat{y}_i – прогнозована ймовірність належності до i -го класу.

Мінімізація даної функції втрат дозволяє нейромережі коректувати свої вагові параметри таким чином, щоб максимально точно передбачати клас захворювання, одночасно підвищуючи загальну точність та надійність системи. Таким чином, математична модель об'єднує представлення вхідних даних, визначення класів вихідних рішень, операції екстракції ознак і класифікації, а також механізм оптимізації навчання, формуючи цілісну інформаційну систему для автоматичної діагностики стану рослин.

2.2 Архітектура згорткової нейронної мережі (CNN)

Для реалізації нейромережевого методу ідентифікації патологій рослин у даній роботі обрано найсучаснішу модель YOLOv11-cls з сімейства You Only Look Once. Вибір цієї архітектури замість традиційних згорткових мереж, таких як ResNet, Inception або VGG, обґрунтований необхідністю забезпечення балансу між високою точністю класифікації та швидкістю роботи моделі. Це критично важливо для веб-орієнтованих систем, де користувач очікує отримати результат аналізу зображення у режимі реального часу. YOLOv11-cls є спеціалізованою модифікацією, яка зберігає потужний екстрактор ознак стандартної YOLOv11, але оптимізована саме для задачі віднесення цілого зображення до конкретної категорії без необхідності локалізації об'єктів рамками. Крім того, архітектура моделі забезпечує ефективне вилучення як дрібних текстурних ознак ураження (плями, некрози, зміна кольору), так і загальних структурних патернів, що характеризують конкретне захворювання. Компактність моделі дозволяє розгорнути її на серверній частині веб-додатку без потреби у спеціалізованому GPU-обладнанні, що суттєво знижує вимоги до інфраструктури. На рисунку 2.1 зображено схему архітектури YOLOv11-cls.

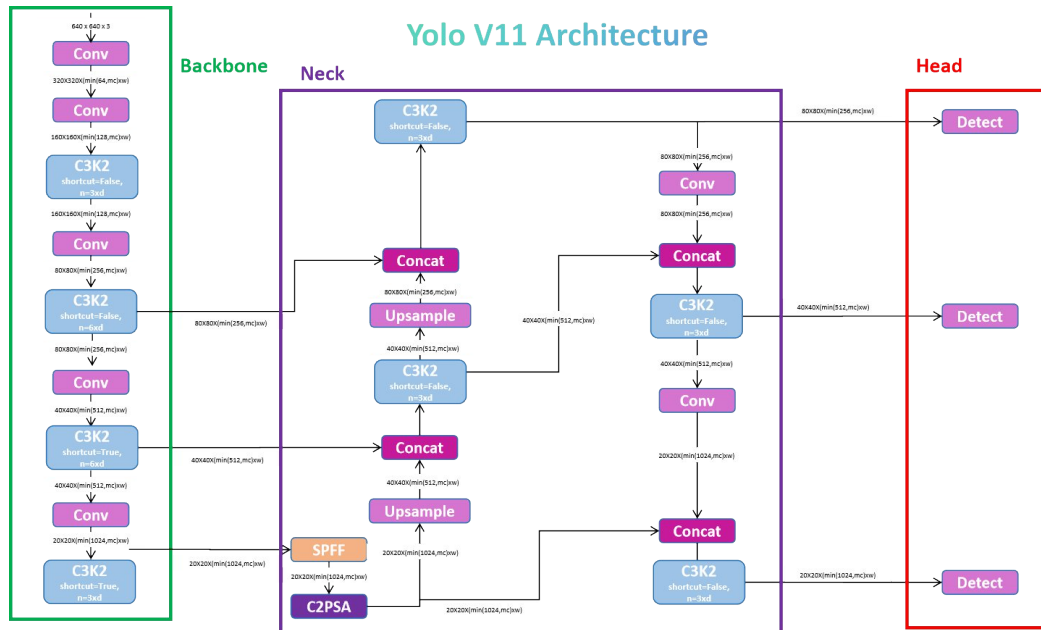


Рисунок 2.1 – Схема архітектури YOLOv11 [39]

Внутрішня структура моделі базується на глибокій ієрархічній архітектурі, де ключову роль відіграє Backbone (екстрактор ознак). У YOLOv11 він побудований на використанні вдосконалених блоків C3k2 (Cross-Stage Partial Bottleneck з двома згортками) [40]. Ці блоки є еволюційним розвитком архітектури CSPNet, головною ідеєю якої є розділення вхідного потоку даних на дві гілки. Одна гілка проходить через серію інтенсивних згорткових перетворень, а інша – безпосередньо об'єднується з результатом (shortcut connection). Такий підхід дозволяє вирішити фундаментальну проблему глибоких нейронних мереж – затухання градієнта, що дає змогу ефективно тренувати дуже глибокі структури, зберігаючи при цьому дрібні текстурні особливості уражень листків, такі як мікроскопічні спори грибів або перші прояви хлорозу. Детальна структура блоку C3k2 зображена на рисунку 2.2.

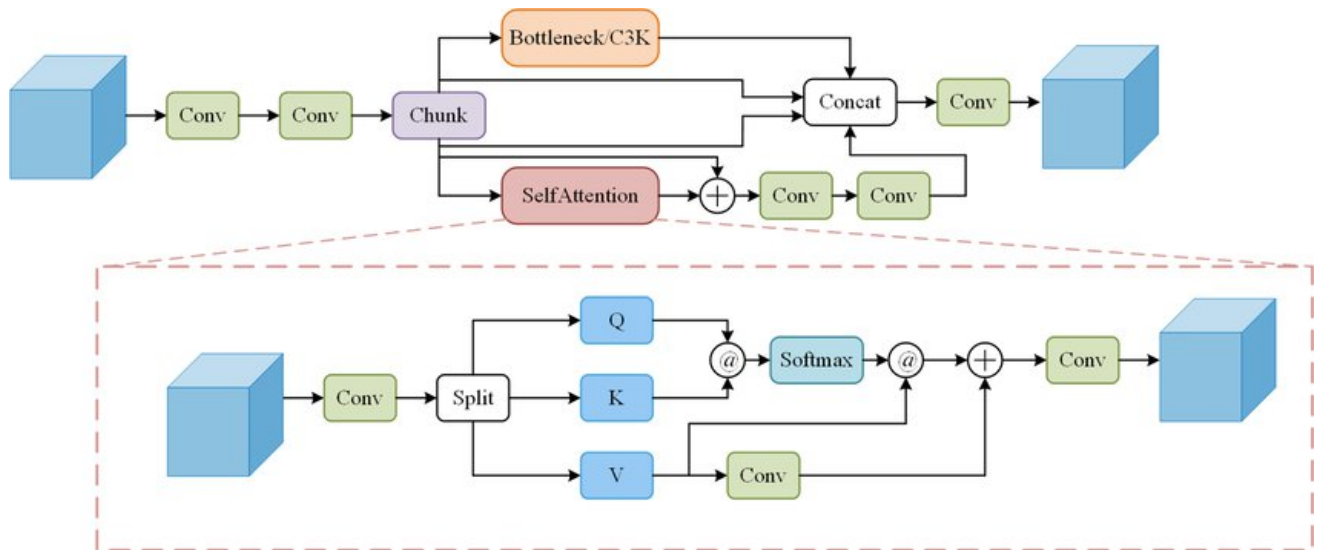


Рисунок 2.2 – Детальна структура блоку C3k2 [41]

Особливою відмінністю YOLOv11 від попередніх поколінь є інтеграція механізму PSA (Pyramidal Scanning Attention). Механізми уваги дозволяють нейронній мережі імітувати людський зір, фокусуючись на найбільш значущих частинах зображення [42]. У задачі класифікації хвороб рослин це має вирішальне значення, оскільки патогенні зони часто складають лише 5-10% площі листка, а решта зображення може бути зайнята здоровою тканиною або неоднорідним фоном. Модуль PSA аналізує зображення на різних просторових масштабах, формуючи “карту уваги”, яка підсилює сигнали від аномальних плям або деформацій і пригнічує шуми від фону (грунт, артефакти освітлення). Такий підхід дозволяє моделі зберігати високу точність навіть на зображеннях із складним природним фоном. При цьому структура PSA забезпечує ефективне використання обчислювальних ресурсів, оскільки обробляє карти ознак на різних рівнях роздільності без надлишкового дублювання обчислень. Архітектура PSA модуля наведена на рисунку 2.3.

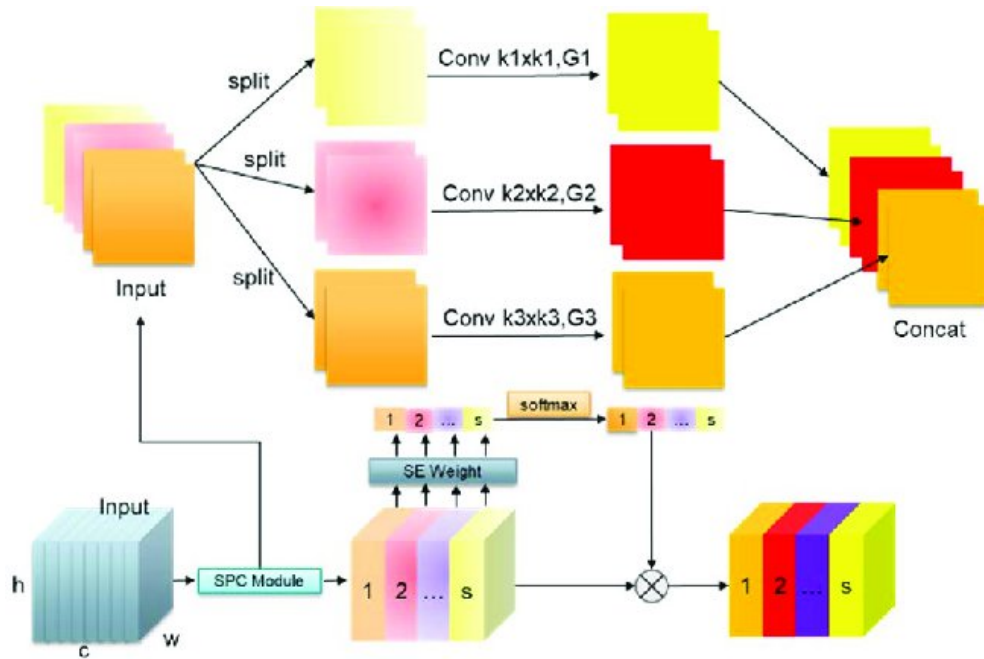


Рисунок 2.3 – Архітектура PSA модуля [43]

Для адаптації даної архітектури до специфічного набору даних у роботі реалізовано метод Transfer Learning. Теоретичним підґрунтям цього методу є те, що нейронні мережі, навчені на надвеликих датасетах, вивчають універсальні візуальні дескриптори, від ліній і кутів на перших шарах до складних форм на середніх. Використання попередньо навчених ваг θ_{pre} дозволяє не починати навчання «з чистого аркуша», що значно скорочує час збіжності та вимагає меншої кількості епох для досягнення цільової точності.

Процес Fine-tuning, що застосовується у даній роботі, передбачає повну заміну вихідного шару класифікаційної голови f_{cls} . Оскільки початкова модель була налаштована на 1000 класів, її фінальний шар видаляється, а замість нього інтегрується новий повнов'язний шар з активацією Softmax, кількість виходів якого K відповідає кількості категорій у датасеті $K=24$. Під час навчання використовується стратегія поступового розморожування шарів: спочатку тренується лише нова «голова» моделі, а потім – вся мережа з надзвичайно малим кроком навчання η , що дозволяє здійснити точне підстроювання внутрішніх фільтрів під текстуру хворих листків. Математичне оновлення ваг на кожному кроці ітерації t описується формулою:

$$\theta_{t+1} = \theta_t + \eta * \nabla L(\theta_t, x, y) \quad (2.5)$$

Концептуальна схема перенесення знань від загальної моделі-донора до спеціалізованої моделі-реципієнта, а також подальшого тонкого налаштування параметрів наведена на рисунку 2.4.

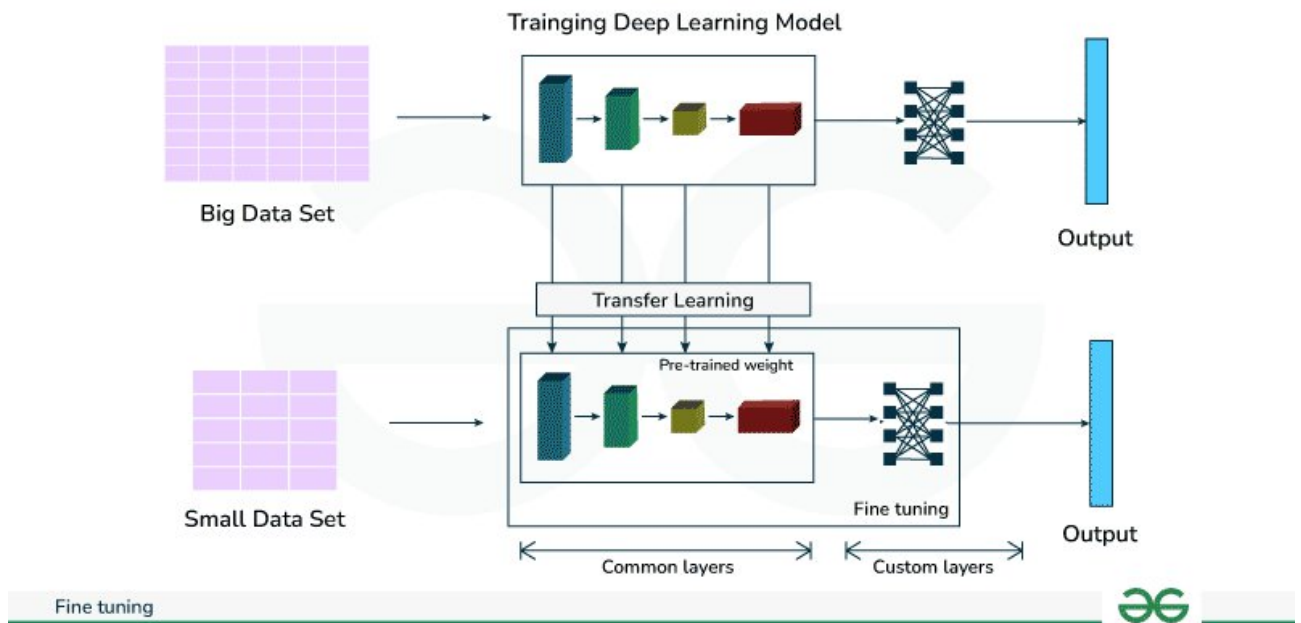


Рисунок 2.4 – Схема процесу Transfer Learning та Fine-tuning нейронної мережі

[44]

Як видно з наведеної діаграми, процес адаптації моделі розділений на два паралельні потоки обробки даних. Спільні шари (Common layers), які формують основну частину екстрактора ознак, містять універсальні візуальні дескриптори. Ці ваги копіюються з претренованої моделі (Big Data Set), що дозволяє системі миттєво розуміти структуру зображення. Водночас кастомні шари (Custom layers), що відповідають за специфічну класифікацію, ініціалізуються випадковим чином та проходять повний цикл навчання на вузькоспеціалізованому наборі даних (Small Data Set). Такий підхід забезпечує ефект синергії: модель використовує глобальний досвід розпізнавання об'єктів для вирішення локальної задачі діагностики конкретних патогенів. Це мінімізує ризик перенавчання на малій вибірці та дозволяє досягти стабільно високих показників точності вже після перших ітерацій навчання.

Завершальним етапом архітектурної побудови методу є використання оптимізатора AdamW та методів регуляризації. AdamW забезпечує адаптивне коригування швидкості навчання для кожного параметра окремо, що дозволяє

моделі швидше проходити через функції втрат. Крім того, застосовується техніка Global Average Pooling (GAP) перед виходом мережі. На відміну від застарілих методів, GAP обчислює середнє значення кожної карти ознак, що радикально зменшує кількість вагових параметрів у фінальному шарі, запобігаючи перенавчанню та забезпечуючи кращу узагальнюючу здатність моделі на нових зображеннях, які не входили до навчальної вибірки.

2.3. Нейромережевий метод ідентифікації захворювань рослин за зображенням листя

Запропонований метод ідентифікації захворювань рослин у даній роботі реалізується як задача багатокласової класифікації зображень листя. Такий підхід обрано з урахуванням особливостей використаного набору даних, у якому кожне зображення містить один попередньо виділений листок і не потребує додаткової локалізації об'єктів. Таким чином, визначення захворювання зводиться до віднесення зображення до одного з наперед визначених класів.

Метод базується на використанні попередньо навченої нейромережевої моделі, адаптованої до задачі ідентифікації захворювань рослин. Він включає підготовку вхідних даних, навчання моделі на наборі зображень, а також подальше використання отриманої моделі для класифікації нових зображень листя.

Структурно запропонований метод складається з двох основних блоків, блоку навчання нейромережевої моделі та блоку ідентифікації захворювань за допомогою навченої моделі. У першому блоці здійснюється підготовка навчальних даних, їх попередня обробка та аугментація, після чого виконується оптимізація параметрів моделі. У другому блоці виконується обробка нового зображення, обчислення ймовірностей належності до класів та визначення результату. Узагальнену схему запропонованого методу наведено на рисунку 2.5.

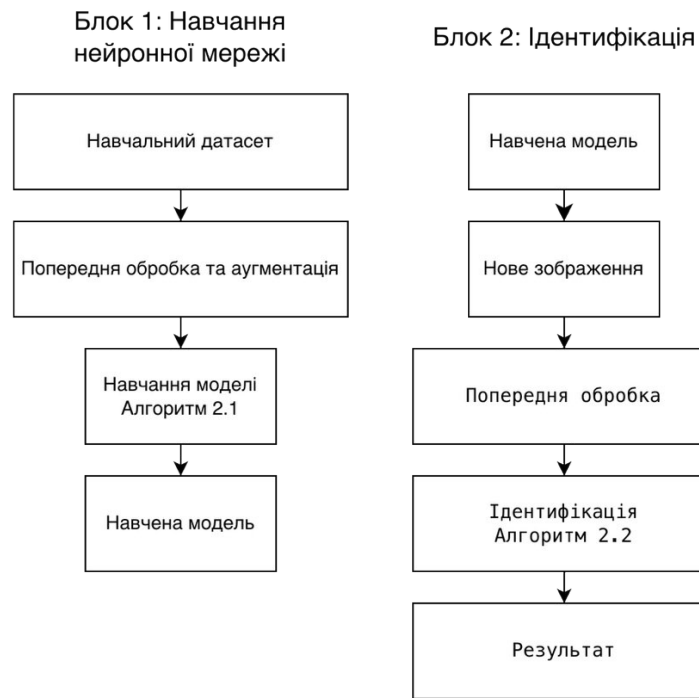


Рисунок 2.5 – Схема методу ідентифікації захворювань рослин

Для підготовки даних до подання на вхід нейромережевої моделі застосовано стандартний набір операцій попередньої обробки. Усі зображення було приведено до єдиного розміру, сумісного з вхідною розмірністю моделі, що забезпечує коректність обчислень. Додатково виконано нормалізацію значень пікселів із діапазону $[0, 255]$ до $[0, 1]$, що сприяє стабільності процесу навчання.

З метою підвищення узагальнюючої здатності моделі та зменшення ризику перенавчання було застосовано методи аугментації даних, а саме повороти зображень, віддзеркалення, масштабування та зміна яскравості. Це дозволяє змоделювати різні умови отримання зображень і зробити модель більш стійкою до варіацій у реальних даних.

Математичний псевдокод, що описує процес навчання нейромережевої моделі для ідентифікації захворювань рослин, наведено в Алгоритмі 2.1.

Алгоритм 2.1 – Навчання нейромережевого методу ідентифікації захворювань рослин

Вхідні дані: навчальний набір зображень $D = \{(x_i, y_i)\}_{i=1}^N$; нейромережевий класифікатор $f(x; \theta)$; функція втрат L ; швидкість навчання h ; кількість епох E .

Вихідні дані: оптимізований набір параметрів моделі θ^* .

1. **Ініціалізувати** параметри моделі θ попередньо навченими значеннями.

2. Для кожної епохи $e = 1, 2, \dots, E$ виконувати:

- Перемішування навчального набору
- Розбиття даних на мініпакекти

2.1. Для кожного мініпакета $B \subset D$ виконувати:

- Попередня обробка зображень
- Формування підготовленого набору даних $x' = P(x)$
- Прямий прохід через нейромережеву модель
- Отримання вектора оцінок належності до класів $\hat{y} = f(x'; \theta)$
- Обчислення функції втрат
- Розрахунок значення похибки $L = -\sum_{i=1}^K y_i \log(\hat{y}_i)$
- Зворотне поширення помилки
- Обчислення градієнтів $g = \nabla_{\theta} L$
- Оновлення параметрів моделі
- Корекція ваг за правилом $\theta_{t+1} = \theta_t - hg$

2.2 **Кінець циклу мініпакетів**

3. **Кінець циклу епох**

4. **Повернути** θ^* .

Математичний псевдокод процесу використання навченої моделі для визначення захворювання рослини наведено в Алгоритмі 2.2.

Алгоритм 2.2 – Ідентифікація захворювання рослини за зображенням листя

Вхідні дані: зображення листка x ; навчена модель $f(x; \theta^*)$; множина класів $Y = \{y_1, \dots, y_K\}$.

Вихідні дані: передбачений клас y^* ; вектор ймовірностей \hat{y} .

1. Отримати та підготувати вхідне зображення x :

- виконати зміну розміру та нормалізацію
- сформувати підготовлене зображення $x' = P(x)$

2. Виконати обробку зображення нейромережевою моделлю:

- подати x' на вхід моделі

- обчислити вектор ймовірностей класів $\hat{y} = f(x'; \theta^*)$
- обрати клас із максимальним значенням ймовірності
- обчислити $y^* = \arg \max_{y_i \in Y} \hat{y}_i$

3. Сформувати та повернути результат:

- передбачений клас y^* ;
- вектор ймовірностей \hat{y} .

Запропонований метод описує повний процес ідентифікації захворювань рослин за зображеннями листя, включаючи як етап навчання нейромережевої моделі на розміченому наборі даних, так і етап її подальшого практичного використання для аналізу нових зображень. У межах методу реалізується послідовність взаємопов'язаних операцій, починаючи з підготовки вхідних даних і завершуючи формуванням підсумкового результату класифікації, що дозволяє забезпечити цілісність і узгодженість процесу обробки.

Формалізація методу у вигляді алгоритмів дає можливість чітко визначити структуру обчислювальних етапів, встановити логічні зв'язки між ними та забезпечити однозначність інтерпретації кожної операції. Це, у свою чергу, спрощує реалізацію методу засобами програмування, підвищує відтворюваність результатів і дозволяє ефективно інтегрувати розроблений підхід у програмний веб-застосунок.

2.4 Опис набору даних

Для задачі розпізнавання хвороб рослин особливо важливо, щоб датасет містив зображення з різним фоном, умовами освітлення, масштабами листків та ракурсами зйомки. У реальному використанні система може отримувати фотографії, зроблені камерою смартфона у полі, саду чи теплиці, де фон не є однорідним, освітлення може бути нерівномірним, а листок бути частково перекритий іншими об'єктами. Тому використання лише лабораторних датасетів може обмежити практичну цінність розробленої моделі.

З огляду на це, у роботі було прийнято рішення не використовувати лише один готовий датасет, а сформувати власний об'єднаний набір даних на основі

двох відкритих наборів зображень: PlantDoc [45] та PlantWild [46]. Такий підхід дозволяє збільшити різноманітність навчальних даних, поєднати зображення з різних джерел та зменшити залежність моделі від особливостей одного конкретного датасету.

Обрані датасети містять зображення рослин у більш природних умовах порівняно з класичними лабораторними наборами даних. На відміну від широко відомого датасету PlantVillage, де більшість зображень містять окремі листки на однорідному фоні [47], PlantDoc і PlantWild включають більш складні сцени: різний фон, неоднорідне освітлення, різну якість зображень, змінний масштаб об'єктів та природне розташування листків. Такі умови краще відповідають реальним сценаріям використання, коли фотографії можуть бути зроблені у полі, саду або теплиці за допомогою звичайної камери чи смартфона.

Використання таких наборів даних дозволяє навчати модель не лише на ідеалізованих зображеннях, а й на прикладах, що містять візуальні шуми, тіні, часткове перекриття листків та різні ракурси зйомки. Це є важливим для підвищення здатності моделі до узагальнення, оскільки в реальному застосуванні система повинна коректно працювати з різними умовами отримання зображень. Саме тому ці набори даних є більш придатними для дослідження задачі ідентифікації захворювань рослин у практичних умовах.

Датасет PlantDoc було використано як основне джерело для формування структури класів. Загалом було відібрано 24 класи, що включають різні типи уражень листків, спричинених грибковими, бактеріальними та іншими захворюваннями, а також зображення здорових листків. Такий вибір дозволив сформувати зрозумілу та узгоджену структуру категорій для подальшого навчання моделі. Крім того, використання PlantDoc як базового джерела забезпечило можливість зберегти класи, які мають практичне значення для задачі автоматизованої діагностики рослин. Приклади зображень із датасету PlantDoc наведено на рисунку 2.6.



Рисунок 2.6 – Приклад зображень датасету PlantDoc

Загальний обсяг використаної частини датасету PlantDoc становить 2552 зображень. Це дозволило сформувати базу вибірки для навчання та подальшого розширення набору даних за рахунок другого джерела. Розподіл кількості зображень за класами у датасеті PlantDoc наведено на рисунку 2.7.

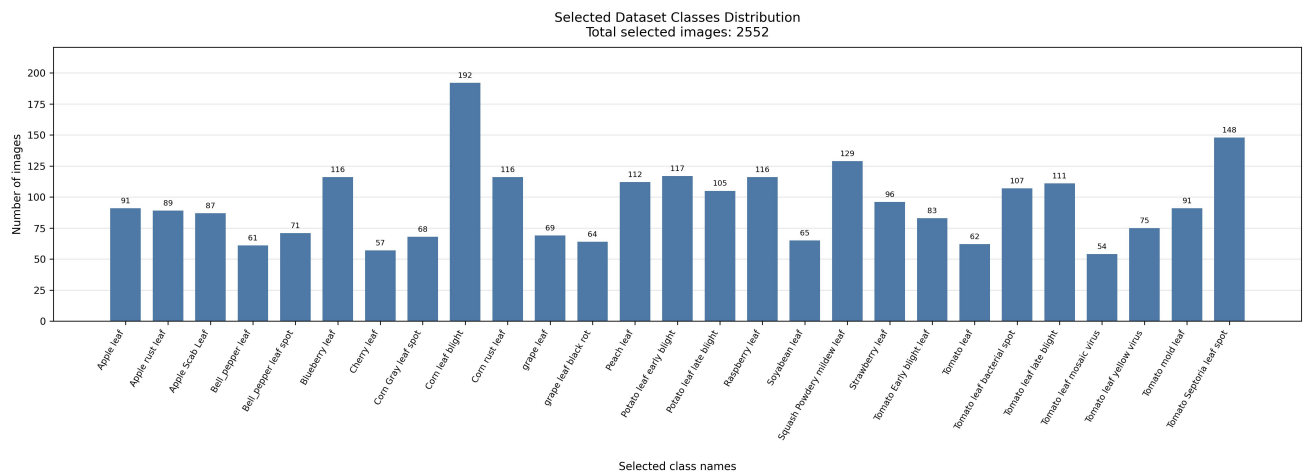


Рисунок 2.7 – Розподіл зображень за класами в датасеті PlantDoc

Набір даних PlantWild також містить кольорові зображення листя рослин, що відповідають окремим класам захворювань або здоровому стану. Особливістю цього датасету є наявність зображень, отриманих у природному середовищі, що дозволяє врахувати реальні умови зйомки: різне освітлення, неоднорідний фон,

зміну ракурсу, різну відстань до об'єкта та різний ступінь прояву симптомів хвороби.

У вихідному вигляді датасет PlantWild охоплює 115 класів. Проте в межах цієї роботи використовувалися не всі класи, а лише ті, що збігаються з обраними 24 класами датасету PlantDoc. Такий підхід дозволив зберегти єдину структуру класів і водночас збільшити кількість зображень для відповідних категорій. Приклади зображень із датасету PlantWild наведено на рисунку 2.8.

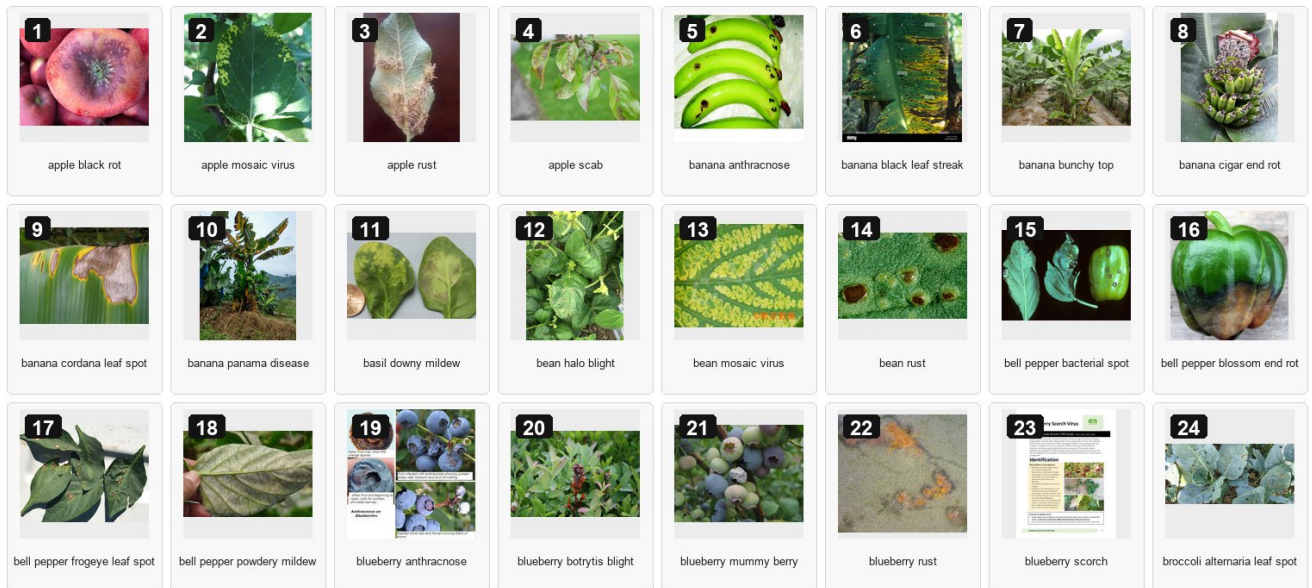


Рисунок 2.8 – Приклад зображень датасету PlantDoc

Загальний обсяг використаної частини датасету PlantWild становить 2336 зображень. Ці зображення було використано для доповнення класів, наявних у PlantDoc, що дозволило підвищити різноманітність навчальних прикладів. Розподіл кількості зображень за класами у використаній частині датасету PlantWild наведено на рисунку 2.9.

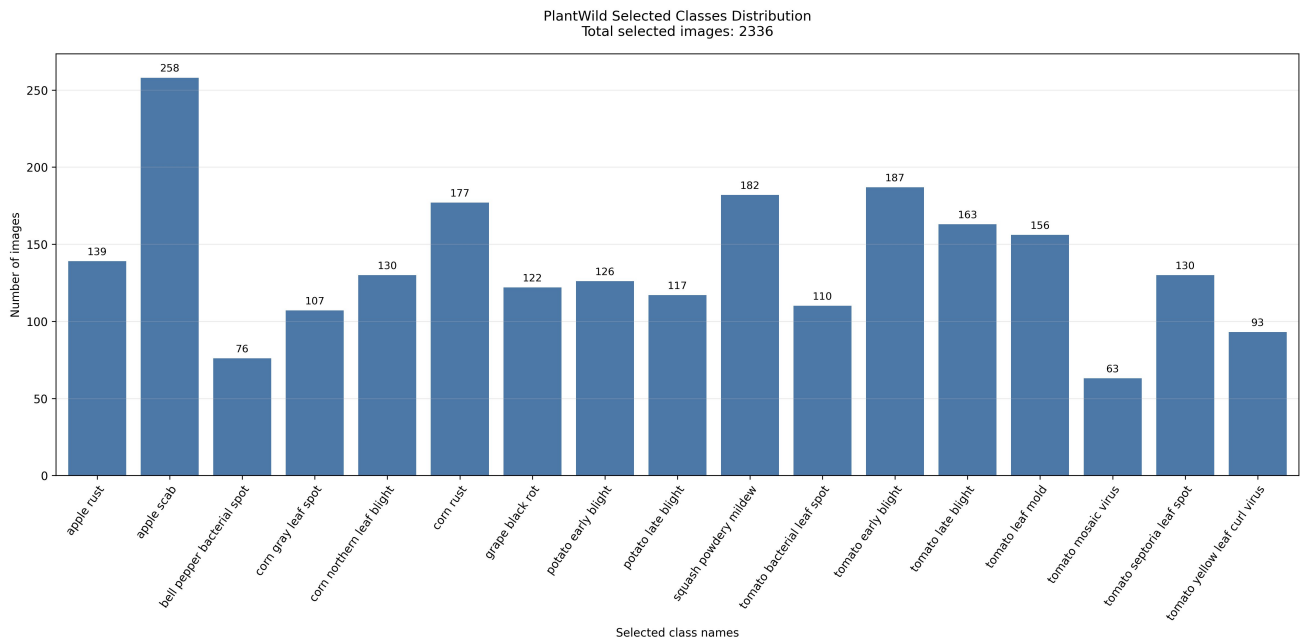


Рисунок 2.9 – Розподіл зображень за класами у використаній частині датасету PlantWild

На основі датасетів PlantDoc та PlantWild було сформовано власний об'єднаний набір даних для навчання та оцінювання нейромережевої моделі. Оскільки PlantDoc містить 24 класи, а PlantWild 115 класів, за основу було взято структуру класів PlantDoc. Із датасету PlantWild було відібрано лише ті зображення, які належать до відповідних 24 класів, що збігаються з класами PlantDoc.

Після відбору відповідних категорій зображення з обох датасетів було об'єднано в єдину структуру, де кожна папка відповідає одному класу. Такий підхід дозволив уникнути неузгодженості між класами, зменшити ризик надмірного дисбалансу та сформувати більш різноманітний набір даних. Приклади зображень із сформованого набору даних наведено на рисунку 2.10.

Загальний обсяг сформованого об'єднаного набору даних становить 4088 зображень. Розподіл кількості зображень за класами у фінальному об'єднаному датасеті наведено на рисунку 2.11.

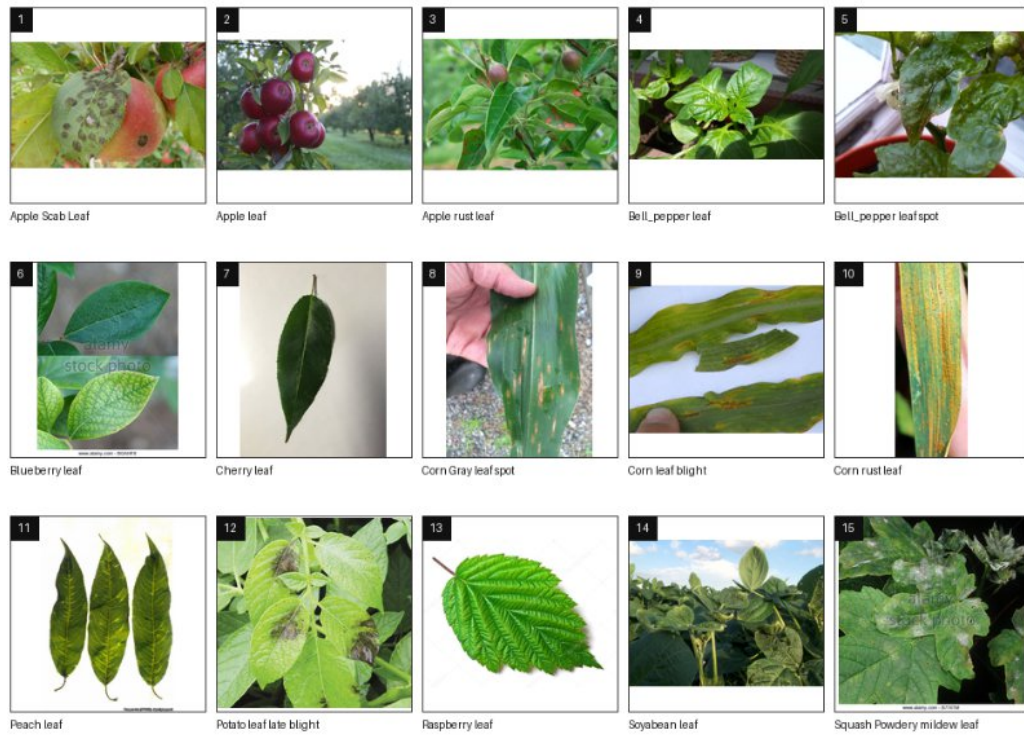


Рисунок 2.10 – Приклад зображень з об'єднаного датасету

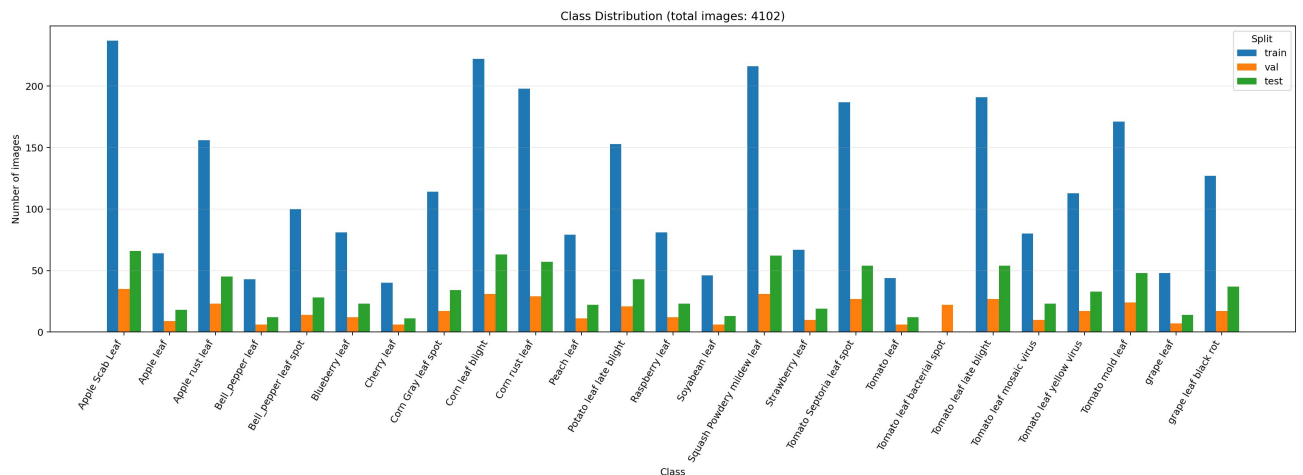


Рисунок 2.11 – Розподіл зображень за класами в створеному датасеті

Обраний підхід є більш доцільним, ніж використання лише одного з датасетів, оскільки об'єднання PlantDoc і PlantWild дозволяє збільшити кількість прикладів, розширити візуальну різноманітність зображень і зменшити залежність моделі від особливостей одного джерела даних. Крім того, на відміну від популярного датасету PlantVillage, де значна частина зображень зроблена в контрольованих умовах на однорідному фоні, сформований набір з двох датасетів краще відображає реальні умови зйомки та є більш придатним для практичного використання системи ідентифікації захворювань рослин за зображенням листя.

2.5. Метрики оцінювання якості методу

Для оцінювання якості розробленого нейромережевого методу ідентифікації захворювань рослин за зображеннями листя використовується набір кількісних метрик, які дозволяють об'єктивно визначити якість класифікації. Оскільки задача належить до багатокласової класифікації, оцінювання здійснюється шляхом порівняння передбачених результатів моделі з мітками тестової вибірки.

На першому етапі оцінювання аналізується процес навчання моделі за допомогою графіків функції втрат (loss function). Зменшення значення функції втрат на навчальній та валідаційній вибірках свідчить про ефективне навчання моделі та її здатність узагальнювати дані. Наявність значного розходження між цими кривими може вказувати на перенавчання або недонавчання моделі.

Наступним етапом є аналіз матриці помилок, яка є основою для оцінювання результатів класифікації. Вона відображає співвідношення між передбаченими та реальними класами та дозволяє виявити типові помилки моделі. Вона складається з таких основних величин: істинно позитивні (TP), хибно позитивні (FP), хибно негативні (FN) та істинно негативні (TN). Аналіз матриці помилок дозволяє визначити, між якими саме класами модель найчастіше помиляється, що є важливим для оцінювання її практичної ефективності. На основі значень матриці помилок обчислюються основні метрики оцінювання.

Базовою метрикою є загальна точність класифікації (Accuracy), яка визначається як:

$$Accuracy = \frac{TP+TN}{TP+TN+FP+FN}. \quad (2.5)$$

Метрика Precision характеризує, яка частка передбачених позитивних результатів є правильними:

$$Precision = \frac{TP}{TP+FP}. \quad (2.6)$$

Метрика Recall визначає, яка частка реальних позитивних прикладів була правильно ідентифікована моделлю:

$$Recall = \frac{TP}{TP+FN}. \quad (2.7)$$

Для узагальнення характеристик Precision та Recall використовується F1-міра:

$$F1 = 2 \cdot \frac{Precision \cdot Recall}{Precision + Recall}, \quad (2.8)$$

де Precision і Recall – відповідні метрики точності та повноти.

Додатково застосовується метрика Top-1 Ассурасу, яка визначає частку випадків, коли модель правильно визначила клас із найбільшою ймовірністю:

$$Top - 1 = \frac{N_{correct}}{N}, \quad (2.9)$$

де $N_{correct}$ – це кількість правильно класифікованих прикладів, а N є загальною кількістю прикладів.

Для врахування складності задачі багатокласової класифікації також використовується метрика Top-k Ассурасу:

$$Top - k = \frac{N_k}{N}, \quad (2.10)$$

де N_k – це кількість випадків, у яких істинний клас входить до множини з k найбільш імовірних класів, k – кількість врахованих найбільш імовірних варіантів, а N – загальна кількість прикладів.

Застосування метрики Top-k є доцільним у задачах, де окремі класи мають схожі візуальні ознаки, що характерно для різних типів захворювань рослин.

Додатково для оцінювання якості класифікації використовується ROC-крива, яка відображає залежність між часткою істинно позитивних результатів та часткою хибно позитивних при різних порогах прийняття рішення. Величини для побудови ROC-кривої обчислюються наступним чином:

$$TPR = \frac{TP}{TP+FN}, \quad (2.11)$$

$$FPR = \frac{FP}{FP + TN}, \quad (2.12)$$

де TPR – це частка правильно визначених позитивних результатів, а FPR – частка помилкових позитивних передбачень.

Кількісною характеристикою ROC-кривої є площа під нею. Значення AUC належить інтервалу $[0; 1]$, де значення, близьке до 1, відповідає високій якості класифікації, тоді як значення, близьке до 0.5, свідчить про випадковий характер передбачень моделі.

Таким чином, використання сукупності метрик дозволяє комплексно оцінити якість роботи розробленого методу та визначити його ефективність у задачі ідентифікації захворювань рослин. Застосування лише однієї метрики є недостатнім, оскільки вона не відображає всіх аспектів функціонування моделі, зокрема її здатності коректно розпізнавати окремі класи та уникати помилок різних типів. Саме тому для отримання об'єктивної та достовірної оцінки доцільно використовувати набір взаємодоповнюючих метрик.

2.6 Сценарій валідації запропонованого методу

Для оцінювання ефективності розробленого нейромережевого методу ідентифікації захворювань рослин запропоновано наступний поетапний сценарій валідації, який дозволяє комплексно перевірити якість роботи моделі як на даних, що використовуються у процесі навчання, так і на нових зображеннях, які не входять до складу навчального набору:

1. Для 4 запусків:
 - 1.1. Визначаємо випадковим чином навчальний та тестовий набір даних (у співвідношенні 80%/20%)
 - 1.2. Проводимо навчання моделі
 - 1.3. Визначаємо значення метрик: Accuracy, Precision, Recall, F1-міра, Top-1 Accuracy, Top-k Accuracy, AUC
2. Визначаємо середні значення метрик (Accuracy, Precision, Recall, F1-міра, Top-1 Accuracy, Top-k Accuracy, AUC) та їх відхилення
3. Отримуємо значення метрик (Accuracy, Precision, Recall, F1-міра, Top-1 Accuracy, Top-k Accuracy, AUC) для зображень які не належать датасету

У межах даної роботи використовується об'єднаний датасет. Валідація розробленого методу виконується у декілька незалежних запусків із випадковим розподілом даних на навчальну та тестову вибірки у співвідношенні 80%/20%.

На першому етапі кожного запуску виконується навчання моделі на навчальній вибірці з використанням валідаційної підмножини для контролю процесу навчання. У цей період здійснюється налаштування параметрів моделі, а аналіз результатів на валідаційній вибірці дозволяє виявити перенавчання та визначити оптимальні параметри моделі.

Другий етап передбачає оцінювання моделі на навчальній вибірці, що дозволяє перевірити, наскільки добре модель засвоїла закономірності у даних.

На третьому етапі проводиться тестування моделі на тестовій вибірці, яка не використовувалась під час навчання. За результатами кожного запуску обчислюються значення метрик якості, зокрема Accuracy, Precision, Recall, F1-міри, Top-1 Accuracy, Top-k Accuracy та AUC.

Після виконання всіх запусків визначаються середні значення метрик та їх відхилення, що дозволяє отримати більш надійну оцінку ефективності моделі.

Таким чином, запропонований сценарій валідації забезпечує комплексну перевірку розробленого методу та дозволяє об'єктивно оцінити його ефективність.

2.7 Висновки до розділу 2

У даному розділі розроблено неймережевий метод ідентифікації захворювань рослин за зображеннями листя, який охоплює усі етапи – від математичної формалізації задачі та обґрунтування архітектурних рішень до формування набору даних і побудови сценарію експериментальної перевірки. Кожний етап підкріплено теоретичними обґрунтуваннями та формальними описами, що забезпечує цілісність запропонованого підходу. У ході роботи зроблено наступне:

~ формалізовано задачу ідентифікації як багатокласову класифікацію з $K = 24$ взаємовиключними категоріями, визначено простір вхідних даних та цільову функцію оптимізації;

~ обґрунтовано вибір архітектури YOLOv11-cls на основі порівняльного аналізу сучасних моделей класифікації зображень;

~ метод представлено у вигляді двох взаємопов'язаних алгоритмів – навчання нейромережевої моделі та ідентифікації захворювання за новим зображенням, що охоплюють повний цикл обробки від аугментації вхідних даних до формування результату;

~ сформовано власний об'єднаний набір даних обсягом 4088 зображень, розподілених за 24 класами захворювань та здорових станів рослин;

~ визначено комплексну систему метрик оцінювання якості класифікації та розроблено поетапний сценарій валідації, що передбачає чотири незалежних запуски із випадковим розподілом даних, усередненням результатів та додатковим тестуванням на зображеннях.

Отримані результати створюють теоретичну та методичну основу для подальшої реалізації програмного застосунку, проведення експериментальних досліджень та кількісного оцінювання ефективності запропонованого методу в умовах реальних даних, що розглядається у наступному розділі.

Розділ 3 Експериментальне дослідження методу

3.1 Експериментальне застосування для валідації та тестування методу

Для валідації та тестування запропонованого методу ідентифікації захворювань рослин було розроблене застосування у вигляді веб-застосунку, що забезпечує можливість практичного використання моделі в умовах реального середовища. Основною метою створення даного застосунку є надання користувачу простого та зручного інструменту для діагностики стану рослин на основі аналізу зображень листя.

Pipeline аграрного застосування є послідовністю етапів обробки даних, що починається з отримання зображення від користувача та завершується формуванням результату класифікації. Такий підхід дозволяє інтегрувати нейромережеву модель у практичний інструмент, придатний для використання аграріями, садівниками або іншими користувачами без спеціальних технічних знань. Pipeline для розробленого методу та веб-застосунку зображено на рисунку 3.1.

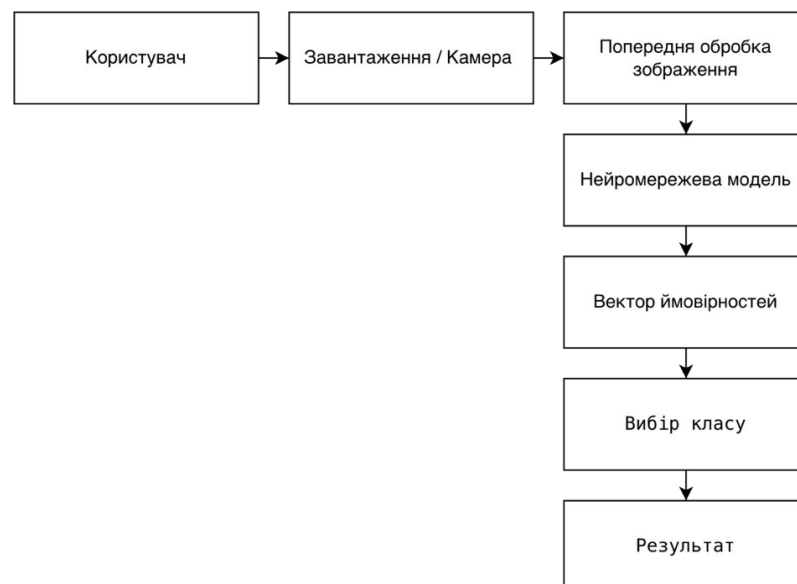


Рисунок 3.1 – Pipeline аграрного використання розробленого методу та веб-застосунку

Представлений pipeline включає декілька послідовних етапів, кожен з яких виконує окрему функцію в процесі обробки даних. На початковому етапі користувач взаємодіє із системою через веб-інтерфейс, завантажуючи зображення листка або створюючи фотографію за допомогою камери пристрою. Такий підхід забезпечує гнучкість використання застосунку як у стаціонарних умовах, так і в польових.

Отримане зображення передається до модуля попередньої обробки, де виконується зведення зображення до формату, необхідного для подальшого аналізу. Зокрема, здійснюється зміна розміру зображення, нормалізація значень пікселів та підготовка даних до подання на вхід нейромережевої моделі.

На наступному кроці підготовлене зображення подається на вхід навченої моделі, яка виконує аналіз візуальних ознак листка. У результаті обробки формується вектор ймовірностей належності до кожного з можливих класів захворювань або здорового стану рослини. Це дозволяє не лише визначити найбільш імовірний клас, але й оцінити рівень впевненості моделі у прийнятому рішенні.

Далі виконується вибір кінцевого результату класифікації шляхом визначення класу з максимальним значенням ймовірності. Отриманий результат інтерпретується як підсумковий висновок про стан рослини.

На завершальному етапі результат обробки передається користувачу через інтерфейс веб-застосунку. Користувач отримує інформацію про визначене захворювання або підтвердження здорового стану рослини, що дозволяє оперативно оцінити ситуацію та прийняти подальші рішення.

Таким чином, представлений pipeline відображає повний цикл функціонування розробленого застосунку, забезпечує послідовну обробку даних та демонструє інтеграцію нейромережевої моделі у практичний інструмент для ідентифікації захворювань рослин.

3.2. Результати валідації та тестування

Для оцінювання ефективності розробленого нейромережевого методу ідентифікації захворювань рослин було проведено серію з 4 незалежних запусків із навчання моделі YOLOv11-cls на об'єднаному датасеті PlantDoc та PlantWild загальним обсягом 4088 зображень, розподілених між 24 класами захворювань та здорових станів рослин. Навчання виконувалось протягом 20 епох з використанням оптимізатора AdamW та стратегії Transfer Learning із попередньо навченими вагами. Розподіл даних на навчальну та тестову вибірки здійснювався у співвідношенні 80%/20% з випадковою ініціалізацією розбиття для кожного запуску. Усі результати, наведені нижче, представлені у форматі середнє \pm стандартне відхилення (mean \pm std) за 4 запусками, що забезпечує статистичну достовірність оцінок.

Аналіз динаміки навчання є першочерговим етапом валідації, оскільки дозволяє оцінити збіжність моделі та виявити ознаки перенавчання. На рисунку 3.2 наведено усереднену криву функції втрат на навчальній вибірці протягом 20 епох із зоною ± 1 стандартного відхилення (тінь) за 4 запусками.

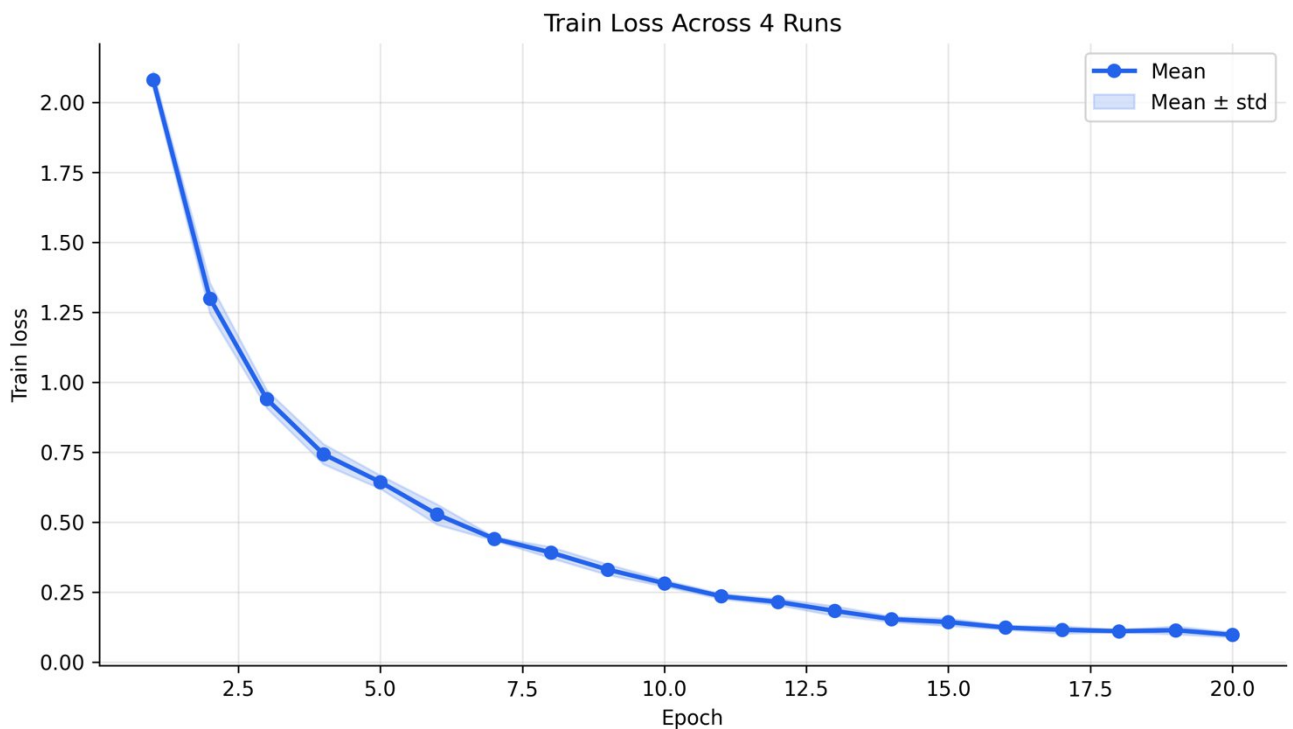


Рисунок 3.2 – Усереднена крива train loss за 4 запусками (тінь – ± 1 std)

Як видно з графіка, середнє значення train loss стрімко зменшується протягом перших епох: від ≈ 2.08 на першій епі до ≈ 0.65 на п'ятій. Надалі спадання стає більш плавним, а наприкінці навчання середнє значення функції втрат досягає ≈ 0.10 . Вузька зона стандартного відхилення свідчить про високу відтворюваність процесу навчання між запусками. Така поведінка підтверджує ефективну збіжність моделі та стабільну оптимізацію ваг нейромережі незалежно від випадкового розбиття даних.

Нижче на рисунку 3.3 наведено усереднену криву функції втрат на валідаційній вибірці із зоною ± 1 стандартного відхилення за 4 запусками.

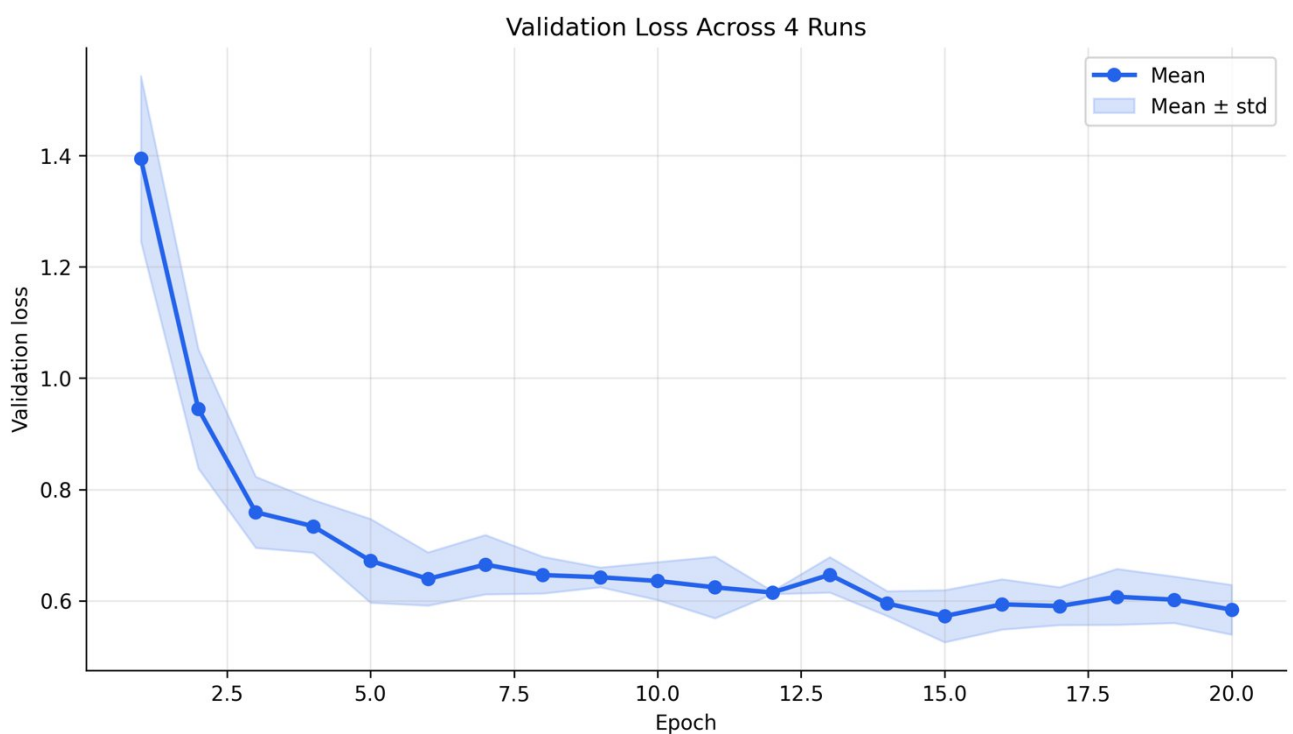


Рисунок 3.3 – Усереднена крива validation loss за 4 запусками (тінь – ± 1 std)

Усереднена валідаційна крива також демонструє загальну тенденцію до зниження: від ≈ 1.40 на першій епі до ≈ 0.59 наприкінці навчання. Починаючи з 10-ї епохи, середнє значення validation loss стабілізується в діапазоні 0.58–0.65 із незначними осциляціями. Зона стандартного відхилення на валідаційній кривій є помітно ширшою, ніж на навчальній, що є очікуваним явищем, зумовленим різним складом тестових вибірок при кожному запуску. Помірний розрив між train loss (≈ 0.10) та validation loss (≈ 0.59) наприкінці навчання свідчить про

контрольований рівень перенавчання та достатню здатність моделі до узагальнення на нових даних.

На рисунку 3.4 представлено результати оцінювання моделі за метриками Top-1 Accuracy та Top-3 Accuracy на тестовій вибірці з планками похибок за 4 запусками.

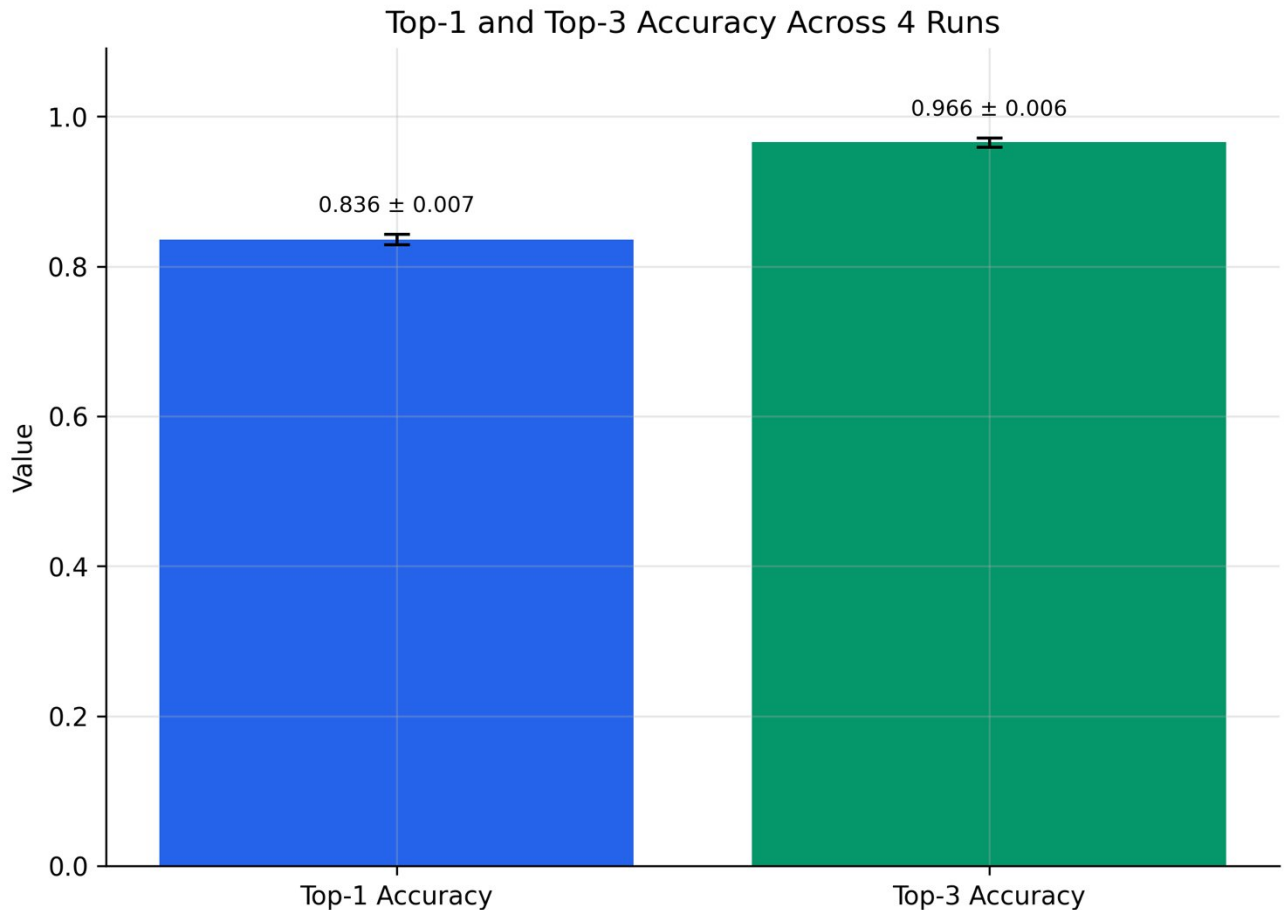


Рисунок 3.4 – Порівняння значень Top-1 та Top-3 Accuracy

Отримані результати демонструють високу якість класифікації. Середнє значення Top-1 Accuracy становить 0.836 ± 0.007 , що означає правильне визначення найбільш імовірного класу у 83.6% випадків. Середнє значення Top-3 Accuracy досягає 0.966 ± 0.006 , тобто у 96.6% випадків правильний клас входить до трійки найбільш імовірних передбачень моделі. Малі значення стандартного відхилення (0.007 та 0.006 відповідно) підтверджують стабільність результатів між запусками. Це є особливо важливим для задачі ідентифікації захворювань рослин, оскільки окремі класи мають подібні візуальні ознаки, а тому система

може використовуватись як інструмент підтримки прийняття рішень із поданням декількох найбільш імовірних діагнозів користувачу.

Після завершення навчання модель було оцінено на тестовій вибірці за комплексом метрик, визначених у підрозділі 2.5. Зведені усереднені результати тестування за 4 запусками наведено на рисунку 3.5.

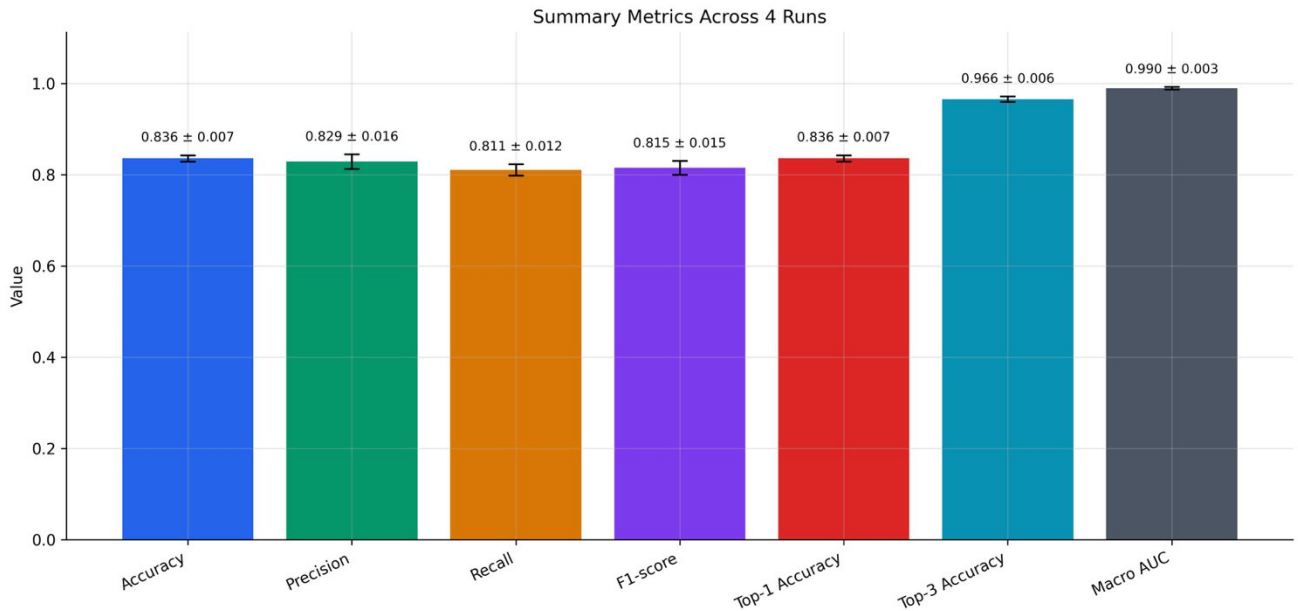


Рисунок 3.5 – Зведені метрики якості класифікації

Отримані результати свідчать про високу загальну якість класифікації. Середнє значення Accuracy становить 0.836 ± 0.007 , що означає правильну класифікацію 83.6% усіх тестових зображень. Значення Precision та Recall на рівні 0.829 ± 0.016 та 0.811 ± 0.012 відповідно демонструють збалансованість моделі між точністю передбачень та повнотою розпізнавання. F1-міра з середнім значенням 0.815 ± 0.015 підтверджує цей баланс як середнє двох метрик.

Особливо високим є середнє значення Top-3 Accuracy (0.966 ± 0.006), що свідчить про те, що навіть коли модель помиляється у визначенні найбільш імовірного класу, правильна відповідь майже завжди входить до трійки найвирогідніших варіантів. Це є практично важливим, оскільки в реальному застосуванні користувачу можна запропонувати декілька варіантів діагнозу. Середнє значення Macro AUC = 0.990 ± 0.003 підтверджує високу розділяючу здатність моделі між класами. Низькі значення стандартного відхилення для всіх

метрик (від 0.003 до 0.016) свідчать про стійкість моделі до варіацій у розбитті даних.

Для порівняння результатів, отриманих за 4 незалежних запусків, з результатами окремого тестового запуску, зведено метрики до таблиці 3.1.

Набір даних	Accuracy	Precision macro	Recall macro	F1-score macro	Top-1 Accuracy	Top-3 Accuracy	Macro AUC
Навчальний набір, 4 запуски	0.836 ± 0.007	0.829 ± 0.016	0.811 ± 0.012	0.815 ± 0.015	0.836 ± 0.007	0.966 ± 0.006	0.990 ± 0.003
Тестовий набір, 1 запуск	0.835	0.818	0.806	0.806	0.835	0.969	0.992

Таблиця 3.1 – Порівняння метрик якості класифікації

Порівняння результатів показує, що метрики, отримані за 4 незалежних запусків, є узгодженими з результатами окремого тестового запуску. Значення Accuracy (0.836 ± 0.007 проти 0.835), Precision (0.829 ± 0.016 проти 0.818) та Top-3 Accuracy (0.966 ± 0.006 проти 0.969) знаходяться в межах одного стандартного відхилення, що підтверджує стабільність та відтворюваність результатів моделі. Незначне відхилення тестового набору в бік нижчих значень Recall (0.806 проти 0.811 ± 0.012) та F1-score (0.806 проти 0.815 ± 0.015) пояснюється варіативністю складу тестової вибірки при фіксованому розбитті.

Для детального аналізу помилок класифікації побудовано усереднену нормалізовану матрицю помилок за 4 запусками (рисунок 3.6). Нормалізація здійснюється по рядках, що дозволяє оцінити середню частку правильних та помилкових передбачень для кожного класу незалежно від кількості зразків.

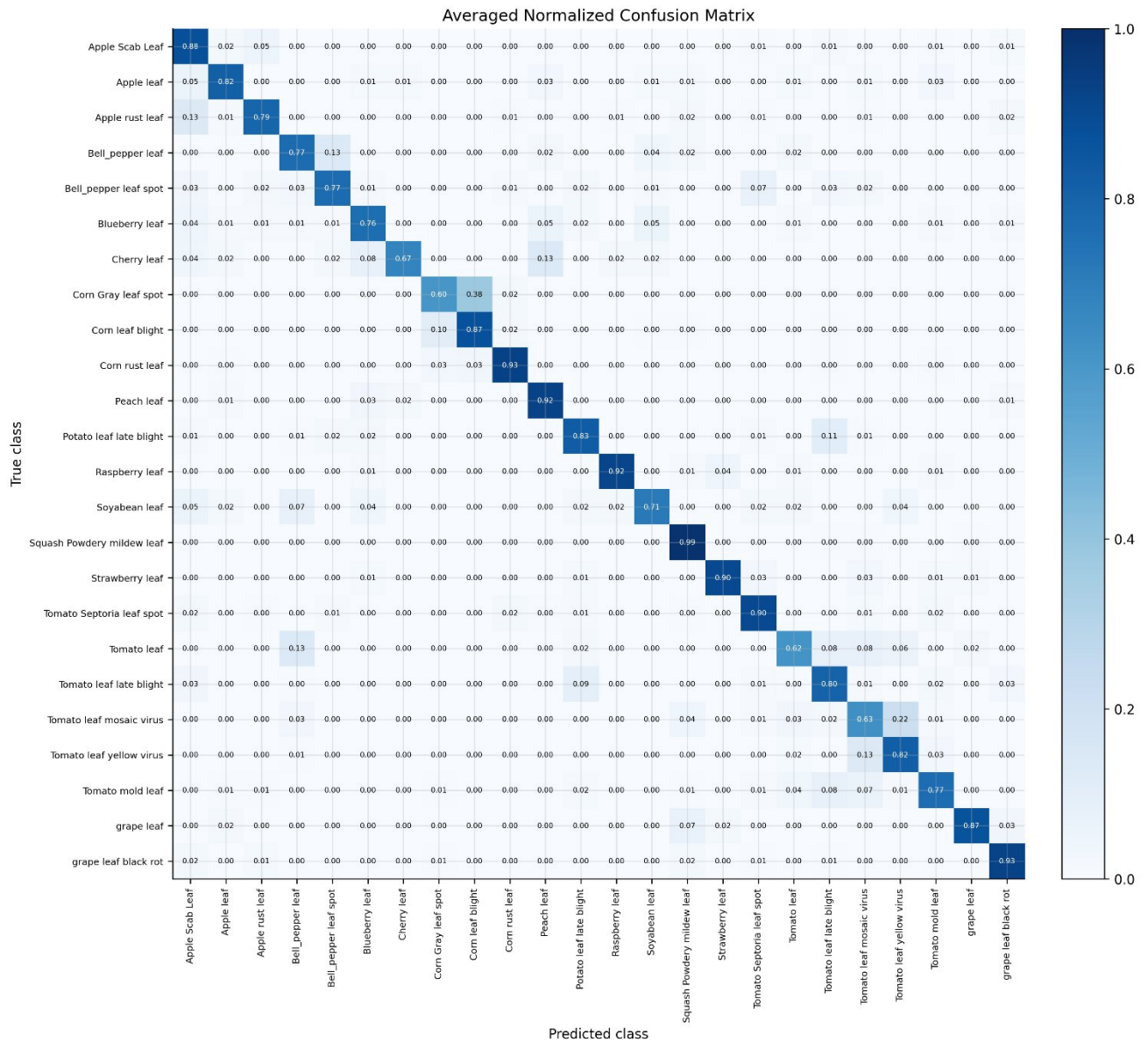


Рисунок 3.6 – Нормалізована матриця помилок за 4 запусками

Аналіз матриці помилок дозволяє виявити класи з найвищою та найнижчою точністю розпізнавання. Найкращі результати демонструють класи Squash Powdery mildew leaf (0.99), Corn rust leaf (0.93), grape leaf black rot (0.93), Raspberry leaf (0.92), Peach leaf (0.92) та Strawberry leaf (0.90). Ці класи мають характерні візуальні ознаки, які чітко відрізняються від інших категорій.

Водночас, найбільші труднощі модель відчуває при розпізнаванні класів із подібними візуальними ознаками. Зокрема, клас Tomato leaf (здорове листя томату) має середній recall лише 0.62, оскільки модель плутає його з класами Tomato leaf mosaic virus (0.08) та Tomato mold leaf (0.06). Клас Corn Gray leaf spot має середній recall лише 0.38, при цьому 0.60 зразків помилково класифікуються

як Corn leaf blight через візуальну подібність уражень кукурудзи. Також спостерігається плутання класу Soyabean leaf (0.71) з кількома іншими класами через подібність форми та текстури листя.

Детальний аналіз усередненої матриці помилок дозволяє виявити дві найбільш проблемні пари класів, між якими відбувається систематична плутанина через високу візуальну подібність зразків. Такі пари є типовими для задач класифікації захворювань рослин, оскільки різні патогени можуть спричиняти морфологічно схожі симптоми на одній і тій самій рослині-хазяїні, що ускладнює диференціацію навіть при візуальному огляді фахівцем.

Найвиразнішою парою плутанини є Corn Gray leaf spot та Corn leaf blight: модель помилково класифікує 60% зразків Corn Gray leaf spot як Corn leaf blight (при лише 38% правильних класифікацій). Обидва класи є ураженнями листя кукурудзи, що характеризуються подібними коричневими плямами на зеленому тлі листової пластини, які на ранніх стадіях розвитку майже нерозрізненні (рисунок 3.7).



Corn Gray leaf spot



Corn leaf blight

Рисунок 3.7 – Візуальна подібність класів Corn Gray leaf spot та Corn leaf blight

Аналогічна проблема спостерігається у групі томатних захворювань. Клас Tomato leaf mosaic virus має лише 63% правильних класифікацій, при цьому 22% зразків помилково віднесено до класу Tomato leaf yellow virus (рисунок 3.8). Обидва вірусних захворювання проявляються через мозаїчні жовтуваті патерни на листках, що відрізняються переважно інтенсивністю та розподілом знебарвлення. Здорове листя томату (Tomato leaf) також створює труднощі для

моделі: лише 62% правильних класифікацій із розсіюванням помилок на Bell_pepper leaf spot (13%), Tomato leaf mosaic virus (8%) та Tomato mold leaf (6%).



Tomato leaf mosaic virus



Tomato leaf yellow virus

Рисунок 3.8 – Візуальна подібність вірусних захворювань томату

Виявлені патерни систематичної плутанини вказують на необхідність збільшення кількості навчальних зразків для проблемних класів, застосування спеціалізованої аугментації (зміна кольорового балансу, контрасту) та потенційне введення ієрархічної класифікації, де спочатку визначається рослина-хазяїн, а потім – конкретне захворювання.

Для більш наочного порівняння якості розпізнавання окремих класів на рисунку 3.9 наведено діаграму середньої F1-міри для кожного класу з планками похибок за 4 запусками. F1-міра є гармонійним середнім між Precision та Recall, що робить її особливо інформативною для задач з нерівномірним розподілом класів, оскільки вона однаково враховує як хибнопозитивні, так і хибнонегативні класифікації. Порівняння F1-міри між класами дозволяє виявити категорії захворювань, для яких модель демонструє стабільно високу якість, а також ті, що потребують додаткового вдосконалення через візуальну подібність симптомів.

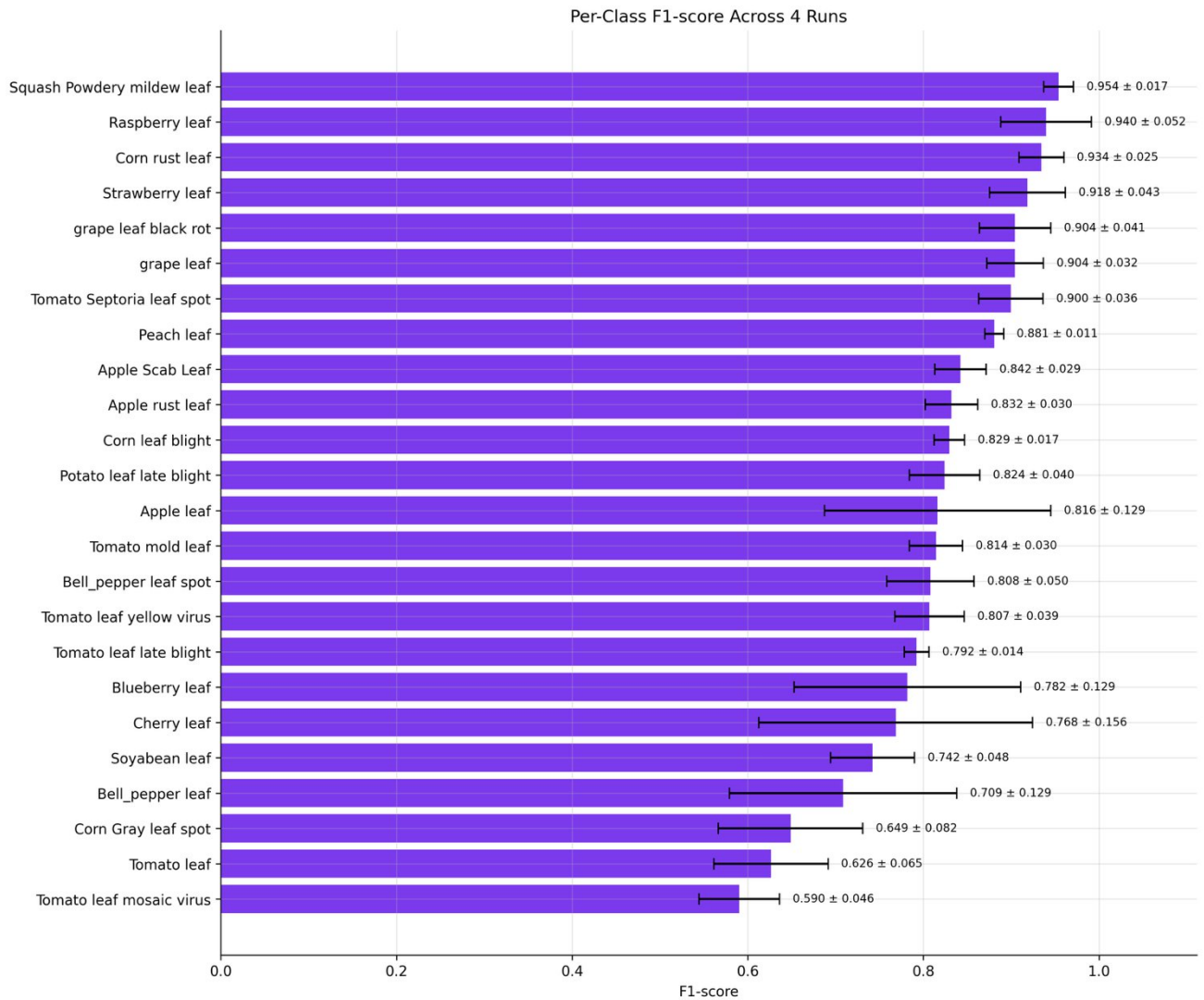


Рисунок 3.9 – F1-міра для кожного класу

Результати F1-міри підтверджують висновки, отримані з матриці помилок. Лідерами за якістю класифікації є класи Squash Powdery mildew leaf (0.954 ± 0.017), Raspberry leaf (0.940 ± 0.052), Corn rust leaf (0.934 ± 0.025) та Strawberry leaf (0.918 ± 0.043). Ці класи характеризуються яскраво вираженими візуальними патернами ураження, що сприяє їх надійному розпізнаванню. Також стабільно високі результати показують grape leaf black rot (0.904 ± 0.041), grape leaf (0.904 ± 0.032) та Tomato Septoria leaf spot (0.900 ± 0.036).

Найнижчі значення F1-міри зафіксовано для класів Tomato leaf mosaic virus (0.590 ± 0.046), Tomato leaf (0.626 ± 0.065), Corn Gray leaf spot (0.649 ± 0.082) та Bell_pepper leaf (0.709 ± 0.129). Низькі показники для групи томатних захворювань пояснюються високою внутрішньокласовою подібністю: різні патології томату на ранніх стадіях мають схожі прояви, що ускладнює їх

класифікацію навіть для досвідчених фахівців. Помітно, що класи Bell_pepper leaf та Blueberry leaf мають найвищі значення стандартного відхилення (0.129), що свідчить про нестабільність їх розпізнавання та чутливість до складу навчальної вибірки при різних розбиттях.

Для комплексної оцінки розділяючої здатності моделі побудовано ROC-криві для кожного класу, усереднені за 4 запусками (рисунок 3.10).

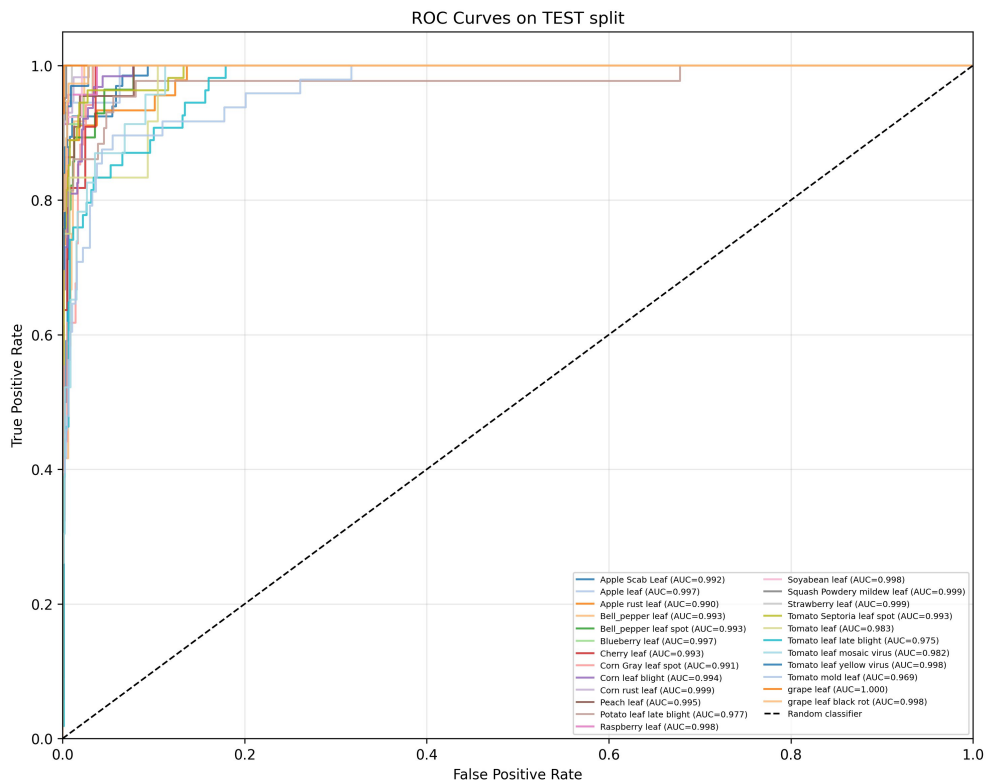


Рисунок 3.10 – ROC-криві для кожного класу

Усі ROC-криві розташовані значно вище діагональної лінії випадкового класифікатора, що підтверджує ефективність моделі для кожного класу. Значення AUC для переважної більшості класів перевищує 0.990. Найнижчі значення AUC спостерігаються для класів з найбільшою внутрішньокласовою подібністю, що корелює з результатами F1-міри.

Високе середнє значення Маєго $AUC = 0.990 \pm 0.003$ свідчить про те, що модель має відмінну здатність розрізняти кожен клас від решти, навіть у випадках, коли Top-1 Ассигасу для окремих класів є помірною. Це підтверджує, що ймовірнісні виходи моделі є добре каліброваними та можуть використовуватися для побудови систем з пороговим прийняттям рішень.

Таким чином, результати експериментального дослідження, отримані як середнє за 4 незалежними запусками, підтверджують ефективність та стійкість розробленого методу ідентифікації захворювань рослин на основі моделі YOLOv11-cls. Модель досягає середньої загальної точності 0.836 ± 0.007 на тестовій вибірці, а Top-3 Accuracy на рівні 0.966 ± 0.006 забезпечує високу практичність системи. Низькі значення стандартного відхилення для всіх метрик підтверджують відтворюваність результатів. Аналіз усередненої матриці помилок та F1-міри дозволив виявити класи, що потребують подальшого вдосконалення, зокрема Tomato leaf mosaic virus, Tomato leaf та Corn Gray leaf spot, що може бути досягнуто через збільшення кількості навчальних зразків або застосування додаткових методів аугментації для візуально подібних категорій захворювань.

3.3. Результати роботи аграрного застосування

Для демонстрації практичного застосування розробленого методу ідентифікації захворювань рослин було створено веб-застосунок на базі фреймворку Streamlit. Інтерфейс застосунку забезпечує зручну взаємодію користувача з нейромережевою моделлю без необхідності технічних знань у галузі машинного навчання. Нижче наведено послідовність кроків роботи із застосунком та відповідні скріншоти інтерфейсу.

На рисунку 3.11 представлено початковий екран веб-застосунку, який бачить користувач при першому відкритті. Інтерфейс розділений на дві зони: ліворуч – блок завантаження зображення, праворуч – панель передбачень, яка на початковому етапі інформує користувача про необхідність завантаження зображення для початку ідентифікації. Такий поділ інтерфейсу забезпечує інтуїтивну навігацію, дозволяючи користувачу одночасно бачити вхідне зображення та результати аналізу без перемикання між вікнами. Кольорова схема та мінімалістичний дизайн відповідають сучасним стандартам UX-дизайну, що знижує когнітивне навантаження при взаємодії із системою.

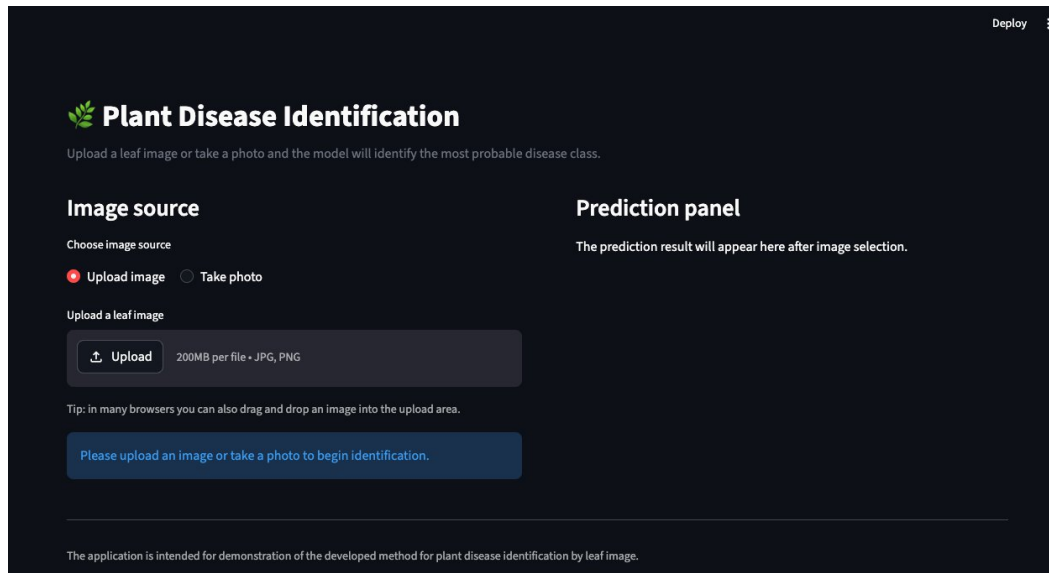


Рисунок 3.11 – Початковий екран веб-застосунку

Для завантаження зображення користувач натискає кнопку “Upload” (рисунок 3.12). Застосунок підтримує формати JPG, JPEG та PNG з максимальним розміром файлу до 200 МБ. Також передбачена можливість перетягування файлу безпосередньо у зону завантаження. Альтернативно, користувач може обрати опцію “Take photo” для створення фотографії безпосередньо з камери пристрою, що є зручним при використанні застосунку в польових умовах.

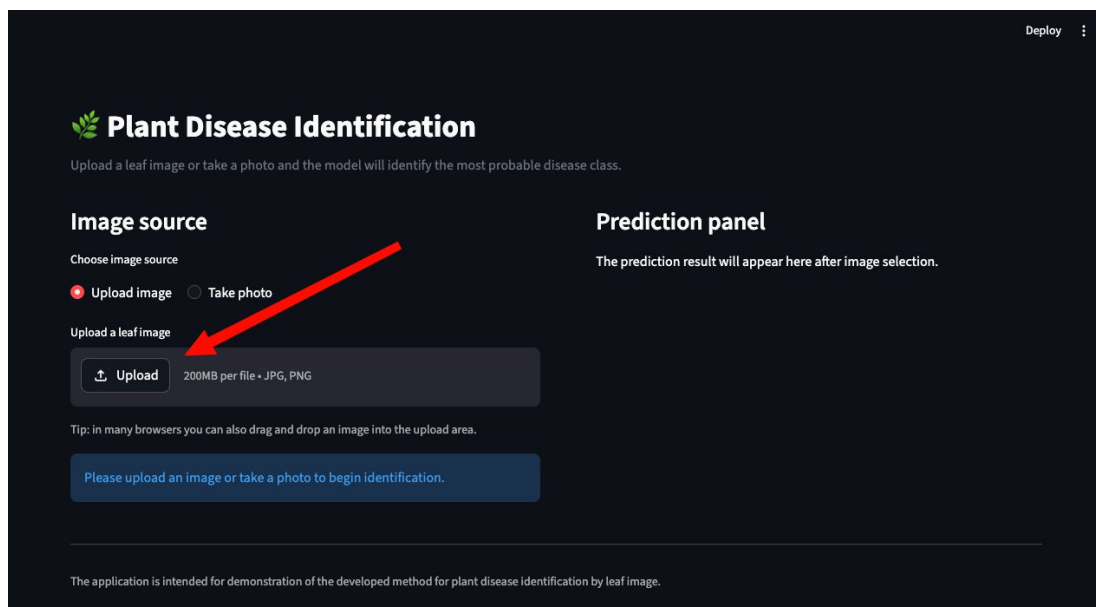


Рисунок 3.12 – Інтерфейс завантаження зображення листка

Після завантаження зображення воно відображається у центральній частині інтерфейсу, що дозволяє користувачу візуально підтвердити коректність обраного файлу. Для запуску процесу ідентифікації користувач має натиснути на

кнопку “Identify disease” на панелі передбачень, детальніше зображено на рисунку 3.13.

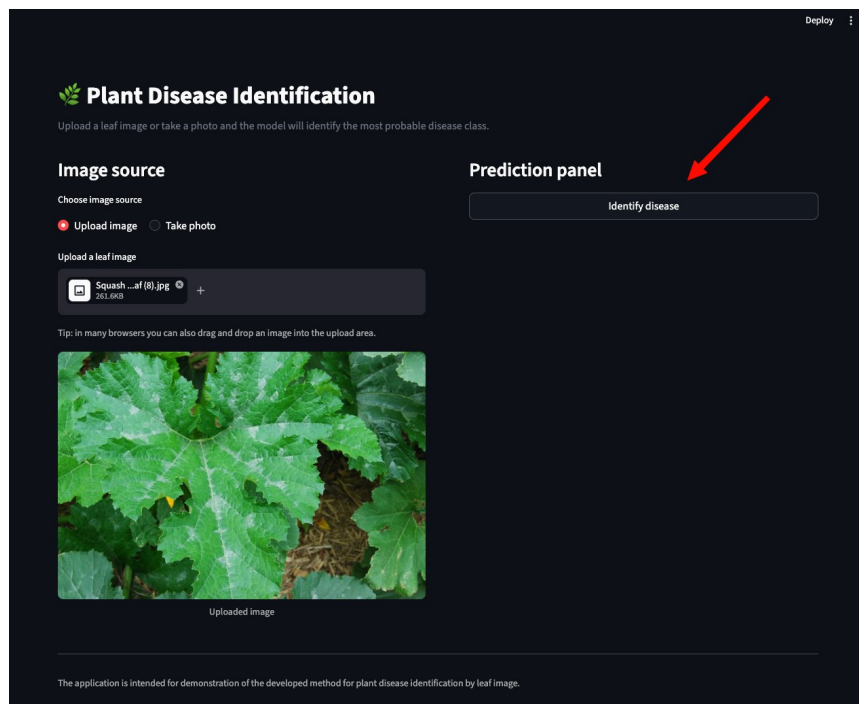


Рисунок 3.13 – Попередній перегляд завантаженого зображення та кнопка запуску ідентифікації

На рисунку 3.14 наведено результат ідентифікації захворювання. Панель передбачень відображає повідомлення про успішне завершення ідентифікації та індикатор “Disease detected”, що сигналізує про виявлення ознак захворювання. Результат містить назву рослини та передбачений клас захворювання з рівнем впевненості моделі, що свідчить про високу достовірність класифікації. Це дозволяє користувачу швидко оцінити основний результат аналізу без додаткової обробки даних.

Нижче наведено таблицю Top-3 передбачень, яка, окрім основного результату, включає альтернативні варіанти захворювань. Такий підхід є корисним у випадках, коли декілька захворювань мають схожі візуальні ознаки. У секції Interpretation застосунок надає текстову інтерпретацію результату, повідомляючи користувача про наявність видимих ознак захворювання на завантаженому зображенні.

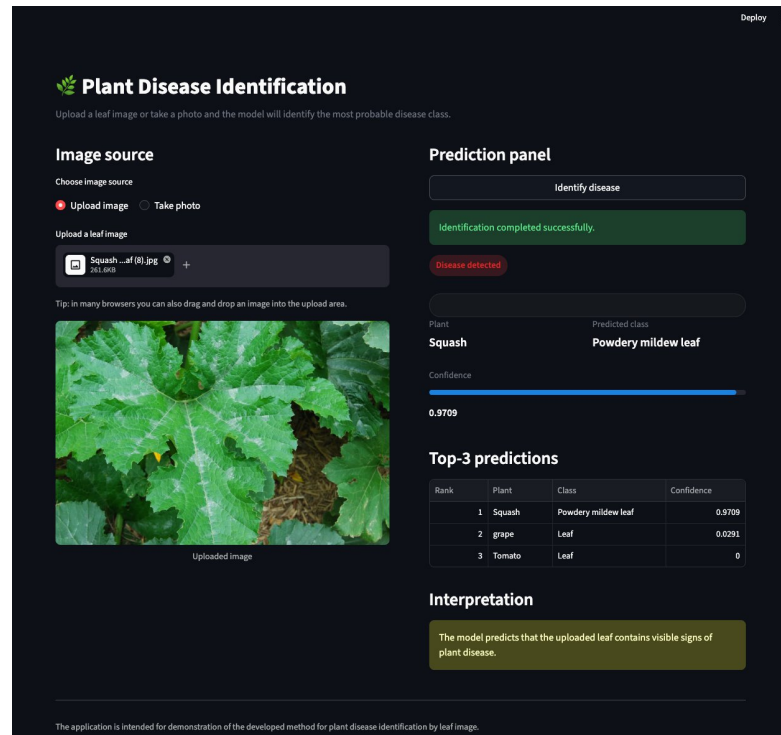


Рисунок 3.14 – Результати ідентифікації захворювання

Таким чином, розроблений веб-застосунок забезпечує повний цикл взаємодії користувача з неймережевою моделлю: від завантаження зображення до отримання результатів класифікації з рівнем впевненості та альтернативними варіантами діагнозу. Інтерфейс є інтуїтивно зрозумілим та не потребує спеціальних технічних знань, що робить його придатним для використання аграріями, садівниками та іншими фахівцями сільського господарства.

3.4. Висновки до розділу 3

У третьому розділі проведено експериментальне дослідження розробленого неймережевого методу ідентифікації захворювань рослин. Для валідації та тестування методу створено веб-застосунок на базі фреймворку Streamlit, який реалізує повний pipeline обробки зображень: від завантаження фотографії листка до формування результату класифікації з рівнем впевненості моделі.

Результати серії з 4 незалежних запусків навчання моделі YOLOv11-cls на об'єднаному датасеті PlantDoc та PlantWild (4088 зображень, 24 класи)

підтвердили ефективність запропонованого методу. Середні значення Accuracy становить 0.836 ± 0.007 , Precision – 0.829 ± 0.016 , Recall – 0.811 ± 0.012 , F1-міра – 0.815 ± 0.015 . Особливо високим є значення Top-3 Accuracy (0.966 ± 0.006), що забезпечує практичну цінність системи як інструменту підтримки прийняття рішень. Значення Macro AUC = 0.990 ± 0.003 свідчить про високу розділяючу здатність моделі між класами.

Аналіз матриці помилок дозволив виявити проблемні класи з високою візуальною подібністю: Corn Gray leaf spot та Corn leaf blight, а також групу томатних захворювань (Tomato leaf mosaic virus, Tomato leaf yellow virus). Систематична плутанина між цими класами зумовлена подібністю морфологічних проявів ураження на ранніх стадіях розвитку хвороби, що ускладнює диференціацію навіть для досвідчених фітопатологів. Для підвищення точності розпізнавання цих категорій рекомендовано збільшення обсягу навчальних зразків, застосування спеціалізованої аугментації.

Розроблений веб-застосунок продемонстрував зручність практичного використання методу: інтуїтивно зрозумілий інтерфейс, підтримку завантаження зображень та фотозйомки, відображення Top-3 передбачень з рівнями впевненості та текстову інтерпретацію результатів, що робить його придатним для використання аграріями без спеціальних технічних знань. Застосунок може функціонувати як на стаціонарних комп'ютерах, так і на мобільних пристроях через веб-браузер, що забезпечує доступність системи безпосередньо в польових умовах. Отримані результати підтверджують досягнення поставлених у роботі завдань та готовність розробленого рішення до практичного впровадження в аграрному секторі.

Загальні висновки

У кваліфікаційній роботі бакалавра досягнуто поставлену мету – підвищення точності та оперативності діагностики захворювань сільськогосподарських рослин шляхом розробки нейромережевого методу ідентифікації захворювань за зображеннями листя на основі глибокого навчання. Для досягнення мети було виконано всі поставлені завдання, а саме:

~ проаналізовано предметну область автоматизованої діагностики захворювань рослин за зображеннями, досліджено сучасні нейромережеві підходи до класифікації зображень (зокрема архітектури CNN, ResNet, MobileNet, YOLOv11) та виконано порівняльний огляд існуючих програмних рішень у цій сфері, що обґрунтувало вибір архітектури YOLOv11-cls як основи для розробки методу;

~ розроблено нейромережевий метод ідентифікації захворювань рослин, який включає формалізацію задачі як багатокласової класифікації, підготовку та об'єднання наборів даних PlantDoc і PlantWild, попередню обробку та аугментацію зображень, а також донавчання моделі YOLOv11-cls з використанням стратегії Transfer Learning;

~ розроблено програмний веб-застосунок на базі фреймворку Streamlit для тестування запропонованого методу, який реалізує повний pipeline обробки: від завантаження зображення або фотозйомки до відображення результатів класифікації з рівнем впевненості моделі та Top-3 передбаченнями;

~ проведено тестування розробленого методу за серією з 4 незалежних запусків навчання із визначенням метрик якості класифікації та їх статистичних характеристик.

Основні результати дослідження підтвердили ефективність запропонованого методу. Середнє значення загальної точності класифікації (Accuracy) становить 0.836 ± 0.007 , Precision – 0.829 ± 0.016 , Recall – 0.811 ± 0.012 , F1-міра – 0.815 ± 0.015 . Значення Top-3 Accuracy досягає 0.966 ± 0.006 , що свідчить про те, що у 96.6% випадків правильний клас входить до трійки найбільш

імовірних передбачень. Значення $\text{Macro AUC} = 0.990 \pm 0.003$ підтверджує високу розділяючу здатність моделі між класами. Низькі значення стандартного відхилення для всіх метрик свідчать про стійкість та відтворюваність результатів.

Практична цінність роботи полягає у створенні доступного інструменту діагностики захворювань рослин, який не потребує від користувача спеціальних технічних знань у галузі машинного навчання. Розроблений веб-застосунок може бути використаний аграріями, садівниками та фахівцями сільського господарства для оперативної ідентифікації захворювань безпосередньо в польових умовах за допомогою смартфона. Подальший розвиток дослідження може бути спрямований на збільшення обсягу навчальних даних для проблемних класів, впровадження ієрархічної класифікації та розширення кількості підтримуваних рослин і захворювань.

Перелік посилань

1. Ristaino J. B., Anderson P. K., Bebber D. P. et al. The persistent threat of emerging plant disease pandemics to global food security. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2021. Vol. 118, no. 23. Article e2022239118. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.2022239118>.
2. Harakannanavar S. S., Rudagi J. M., Puranikmath V. I. et al. Plant leaf disease detection using computer vision and machine learning algorithms. *Global Transitions Proceedings*. 2022. Vol. 3, no. 1. P. 305–310. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.gltip.2022.03.016>.
3. Shoaib M., Shah B., El-Sappagh S. et al. An advanced deep learning models-based plant disease detection: a review of recent research. *Frontiers in Plant Science*. 2023. Vol. 14. Article 1158933. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1158933>.
4. Wani J. A., Sharma S., Muzamil M. et al. Machine learning and deep learning based computational techniques in automatic agricultural diseases detection: methodologies, applications, and challenges. *Archives of Computational Methods in Engineering*. 2022. Vol. 29, no. 1. P. 641–677. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11831-021-09588-5>.
5. Vishnoi V. K., Kumar K., Kumar B. Plant disease detection using computational intelligence and image processing. *Journal of Plant Diseases and Protection*. 2021. Vol. 128, no. 6. P. 1623–1636. DOI: <https://doi.org/10.1007/s41348-021-00507-8>.
6. Jafar A., Bibi N., Naqvi R. A. et al. Revolutionizing agriculture with artificial intelligence: plant disease detection methods, applications, and their limitations. *Frontiers in Plant Science*. 2024. Vol. 15. Article 1356260. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1356260>.
7. Mohanty S. P., Hughes D. P., Salathé M. Using deep learning for image-based plant disease detection. *Frontiers in Plant Science*. 2016. Vol. 7. Article 1419. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.01419>.

8. Upadhyay A., Chandel N. S., Singh K. P. et al. Deep learning and computer vision in plant disease detection: a comprehensive review of techniques, models, and trends in precision agriculture. *Artificial Intelligence Review*. 2025. Vol. 58, no. 3. Article 92. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10462-024-11100-x>.
9. Albahar M. A survey on deep learning and its impact on agriculture: challenges and opportunities. *Agriculture*. 2023. Vol. 13, no. 3. Article 540. DOI: <https://doi.org/10.3390/agriculture13030540>.
10. Xu M., Yoon S., Jeong Y., Park D. S. Transfer learning for versatile plant disease recognition with limited data. *Frontiers in Plant Science*. 2022. Vol. 13. Article 1010981. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1010981>.
11. Atila Ü., Uçar M., Akyol K., Uçar E. Plant leaf disease classification using EfficientNet deep learning model. *Ecological Informatics*. 2021. Vol. 61. Article 101182. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ecoinf.2020.101182>.
12. Xu M., Kim H., Yang J. et al. Embracing limited and imperfect training datasets: opportunities and challenges in plant disease recognition using deep learning. *Frontiers in Plant Science*. 2023. Vol. 14. Article 1225409. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1225409>.
13. Shafik W., Tufail A., Namoun A. et al. A systematic literature review on plant disease detection: motivations, classification techniques, datasets, challenges, and future trends. *IEEE Access*. 2023. Vol. 11. P. 59174–59203. DOI: <https://doi.org/10.1109/ACCESS.2023.3284760>.
14. Al Sahili Z., Awad M. The power of transfer learning in agricultural applications: AgriNet. *Frontiers in Plant Science*. 2022. Vol. 13. Article 992700. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.992700>.
15. Trivedi N. K., Gautam V., Anand A. et al. Early detection and classification of tomato leaf disease using high-performance deep neural network. *Sensors*. 2021. Vol. 21, no. 23. Article 7987. DOI: <https://doi.org/10.3390/s21237987>.
16. Ahmad M., Abdullah M., Moon H., Han D. Plant disease detection in imbalanced datasets using efficient convolutional neural networks with stepwise transfer

- learning. *IEEE Access*. 2021. Vol. 9. P. 140565–140580. DOI: <https://doi.org/10.1109/ACCESS.2021.3119655>.
17. LeCun Y., Bengio Y., Hinton G. Deep learning. *Nature*. 2015. Vol. 521, no. 7553. P. 436–444. DOI: <https://doi.org/10.1038/nature14539>.
18. Vasdev D., Mittal M. Detection of plant leaf disease using advanced deep learning architectures. *International Journal of Information Technology*. 2024. Vol. 16, no. 6. P. 3475–3487. DOI: <https://doi.org/10.1007/s41870-024-01937-4>.
19. Li Z., Liu F., Yang W., Peng S., Zhou J. A survey of convolutional neural networks: analysis, applications, and prospects. *IEEE Transactions on Neural Networks and Learning Systems*. 2022. Vol. 33. P. 6999–7019. DOI: <https://doi.org/10.1109/TNNLS.2021.3084827>.
20. Krizhevsky A., Sutskever I., Hinton G. E. ImageNet classification with deep convolutional neural networks. *Communications of the ACM*. 2017. Vol. 60, no. 6. P. 84–90. DOI: <https://doi.org/10.1145/3065386>.
21. Sunil C. K., Jaidhar C. D., Patil N. Systematic study on deep learning-based plant disease detection or classification. *Artificial Intelligence Review*. 2023. Vol. 56, no. 12. P. 14955–15052. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10462-023-10517-0>.
22. Bangar S. VGG-Net architecture explained. *Medium*. 2022. URL: <https://medium.com/@siddheshb008/vgg-net-architecture-explained-71179310050f> (дата звернення: 10.05.2025).
23. He K., Zhang X., Ren S., Sun J. Deep residual learning for image recognition. 2015. URL: <https://arxiv.org/abs/1512.03385> (дата звернення: 10.05.2025).
24. Azeem I. Understanding ResNet architecture: a deep dive into residual neural network. *Medium*. 2023. URL: <https://medium.com/@ibtedaazeem/understanding-resnet-architecture-a-deep-dive-into-residual-neural-network-2c792e6537a9> (дата звернення: 10.05.2025).
25. Cai J., Pan R., Lin J. et al. Improved EfficientNet for corn disease identification. *Frontiers in Plant Science*. 2023. Vol. 14. Article 1224385. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1224385>.

26. Howard A. G., Zhu M., Chen B. et al. MobileNets: efficient convolutional neural networks for mobile vision applications. 2017. URL: <https://arxiv.org/abs/1704.04861> (дата звернення: 10.05.2025).
27. Nnamdi U. V., Abolghasemi V. Optimised MobileNet for very lightweight and accurate plant leaf disease detection. *Scientific Reports*. 2025. Vol. 15. Article 11069. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-025-27393-z>.
28. Siddiqua A., Kabir M. A., Ferdous T. et al. Evaluating plant disease detection mobile applications: quality and limitations. *Agronomy*. 2022. Vol. 12, no. 8. Article 1869. DOI: <https://doi.org/10.3390/agronomy12081869>.
29. Ahmed A. A., Reddy G. H. A mobile-based system for detecting plant leaf diseases using deep learning. *AgriEngineering*. 2021. Vol. 3, no. 3. P. 478–493. DOI: <https://doi.org/10.3390/agriengineering3030032>.
30. Asani E. O., Osadeyi Y. P., Adegun A. A. et al. mPD-APP: a mobile-enabled plant diseases diagnosis application using convolutional neural network toward the attainment of a food secure world. *Frontiers in Artificial Intelligence*. 2023. Vol. 6. Article 1227950. DOI: <https://doi.org/10.3389/frai.2023.1227950>.
31. Siddiqua A., Kabir M. A., Ferdous T. et al. Evaluating plant disease detection mobile applications: quality and limitations. *Agronomy*. 2022. Vol. 12, no. 8. Article 1869. DOI: <https://doi.org/10.3390/agronomy12081869>.
32. About us. AgroVision. URL: <https://agrovision.com/about-us/> (дата звернення: 10.05.2025).
33. Kanani G., Pawaskar S. AgroVision AI. *International Journal of Advanced Research in Science, Communication and Technology*. 2025. Vol. 1. P. 11. DOI: <https://doi.org/10.48175/IJARST-25173>.
34. Plantin case study. EverHelp. URL: <https://www.ever-help.com/case-studies/plantin> (дата звернення: 10.05.2025).
35. Plantin vs PictureThis apps review. Plantin Blog. URL: <https://myplantin.com/blog/plantin-vs-picturethis> (дата звернення: 10.05.2025).
36. Plant.health – AI Plant Disease Diagnosis API. Kindwise. URL: <https://www.kindwise.com/plant-health> (дата звернення: 10.05.2025).

- 37.Sahu S. K., Pandey M. An optimal hybrid multiclass SVM for plant leaf disease detection using spatial fuzzy C-means model. *Expert Systems with Applications*. 2023. Vol. 214. Article 118989. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.eswa.2022.118989>.
- 38.Shoaib M., Hussain T., Shah B. et al. Deep learning-based segmentation and classification of leaf images for detection of tomato plant disease. *Frontiers in Plant Science*. 2022. Vol. 13. Article 1031748. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1031748>.
- 39.Rao N. YOLOv11 architecture explained: next-level object detection with enhanced speed and accuracy. *Medium*. 2024. URL: <https://medium.com/@nikhil-rao-20/yolov11-explained-next-level-object-detection-with-enhanced-speed-and-accuracy-2dbe2d376f71> (дата звернення: 10.05.2025).
- 40.Noel B. What are C3K2, C2F, & C3K blocks? *Medium*. 2025. URL: <https://medium.com/@noel.benji/inside-yolo-what-are-c3k2-c2f-c3k-blocks-806ae4cd486f> (дата звернення: 10.05.2025).
- 41.Khanam R., Hussain M. YOLOv11: an overview of the key architectural enhancements. 2024. URL: <https://arxiv.org/abs/2410.17725> (дата звернення: 10.05.2025).
- 42.Duhan S., Gulia P., Gill N. S. et al. Investigating attention mechanisms for plant disease identification in challenging environments. *Heliyon*. 2024. Vol. 10, no. 9. Article e29802. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2024.e29802>.
- 43.Yang F., Jiang Y. PSA module architecture. *ResearchGate*. 2022. URL: https://www.researchgate.net/figure/C3k2-RA-module-architecture-and-Self-Attention-mechanism-breakdown_fig3_388687252 (дата звернення: 10.05.2025).
- 44.Sanjana S. What is fine-tuning. *GeeksforGeeks*. 2025. URL: <https://www.geeksforgeeks.org/deep-learning/what-is-fine-tuning/> (дата звернення: 10.05.2025).

45. Jain N. PlantDoc Dataset. GitHub. 2021. URL: <https://github.com/pratikkayal/PlantDoc-Dataset> (дата звернення: 10.05.2025).
46. Wei T. PlantWild dataset. 2024. URL: <https://tqwei05.github.io/PlantWild/> (дата звернення: 10.05.2025).
47. PlantVillage dataset. *OpenML*. URL: <https://www.openml.org/search?type=data&sort=runs&id=44286&status=active> (дата звернення: 10.05.2025).

ДОДАТКИ

Додаток А

Програмна реалізація системи ідентифікації захворювань рослин

З метою забезпечення доступності результатів роботи, демонстрації практичної реалізації розробленої системи та можливості перегляду вихідного коду програмний проєкт було розміщено у відкритому репозиторії на платформі GitHub.

Посилання на публічний репозиторій:

<https://github.com/oppfuego/plant-disease-identification>

Інтерфейс головної сторінки репозиторію наведено на рисунку А.1.

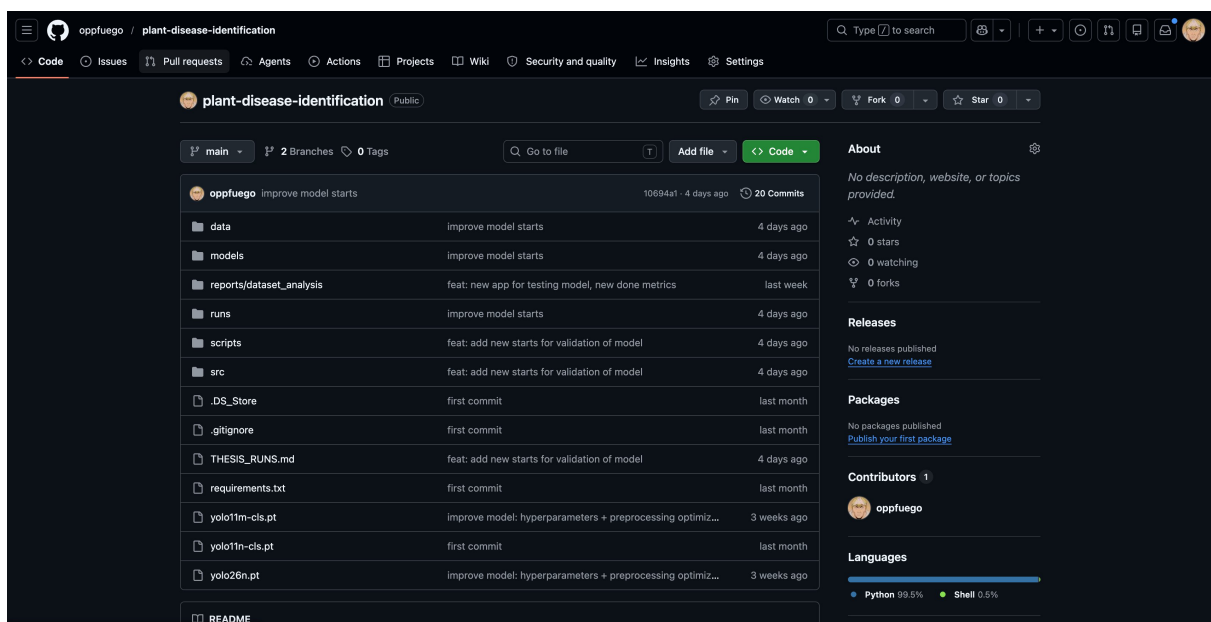


Рисунок А.1 – Головна сторінка репозиторію проєкту на платформі GitHub

Назва проєкту: Plant Disease Identification

Короткий опис: розроблена система призначена для автоматичної ідентифікації захворювань рослин за зображенням листка. Основною частиною програмної реалізації є веб-додаток на базі Streamlit, через який користувач може завантажити фотографію листка або зробити фото за допомогою камери пристрою. Після обробки зображення система виводить передбачений клас, рівень впевненості моделі та Топ-3 найбільш імовірні варіанти класифікації. У репозиторії також містяться допоміжні модулі для підготовки даних, оцінювання моделі, формування метрик і збереження результатів експериментів.

1. Функціональні можливості програмної системи

Розроблений веб-додаток надає користувачу можливість виконувати ідентифікацію захворювань рослин без необхідності працювати з кодом або запускати окремі скрипти. Основний сценарій використання полягає у завантаженні зображення листка, автоматичній обробці цього зображення моделлю та отриманні результату класифікації у зрозумілому вигляді.

Основні функціональні можливості системи:

- ~ завантаження зображення листка з локального пристрою у форматах JPG, JPEG або PNG;
- ~ отримання зображення безпосередньо з камери пристрою через веб-інтерфейс;
- ~ автоматична класифікація зображення за допомогою навченої моделі YOLO11m-cls;
- ~ відображення основного передбаченого класу рослини або захворювання;
- ~ виведення рівня впевненості моделі для отриманого результату;
- ~ формування таблиці Top-3 найбільш імовірних передбачень із відповідними ймовірностями;

Таким чином, користувач взаємодіє не з програмним кодом, а з готовим веб-інтерфейсом, який забезпечує просте завантаження зображення та отримання результату аналізу.

2. Структура репозиторію

- ~ src/ – основна директорія з програмним кодом проєкту. У якій розміщено веб-додаток, модулі передбачення, оцінювання, підготовки даних та допоміжні утиліти;
- ~ src/app.py – головний файл веб-додатку Streamlit. Файл запускає користувацький інтерфейс, через який здійснюється завантаження зображення, запуск класифікації та відображення результату;
- ~ src/train.py – скрипт для навчання моделі. Він належить до експериментальної частини проєкту й використовується для отримання ваг моделі;

- ~ src/data/ – директорія з кодом для підготовки та розбиття набору даних на навчальну, валідаційну та тестову частини;
- ~ src/utils/ – допоміжні модулі з конфігурацією, шляхами, параметрами моделі та функціями для обчислення метрик;
- ~ scripts/ – допоміжні скрипти для автоматизації окремих етапів роботи з даними та результатами;
- ~ models/ – директорія з файлом, який містить перелік класів, що розпізнаються системою;
- ~ runs/ – директорія з результатами роботи моделі: вагами, метриками, графіками, таблицями та підсумковими результатами експериментів;
- ~ reports/ – директорія для збереження звітів, статистики та візуалізацій, пов'язаних з аналізом набору даних;
- ~ requirements.txt – файл із переліком необхідних Python-залежностей для запуску проєкту;
- ~ THESIS_RUNS.md – документація з описом workflow для проведення серії запусків і формування результатів для дипломної роботи;

3. Технологічний стек

- ~ мова програмування: Python 3.10;
- ~ веб-інтерфейс: Streamlit;
- ~ модель класифікації: YOLO11m-cls;
- ~ глибоке навчання: PyTorch, torchvision;
- ~ обробка зображень: Pillow, OpenCV;
- ~ обчислення метрик: scikit-learn;
- ~ робота з даними: pandas, NumPy;
- ~ побудова графіків і візуалізацій: Matplotlib.

4. Інструкція із локального запуску веб-додатку

Послідовність запуску:

1. Клонувати репозиторій на локальний комп'ютер:
<https://github.com/oppfuego/plant-disease-identification.git>

2. Створити та активувати віртуальне середовище Python командами: `python3 -m venv .venv` та `source .venv/bin/activate`
3. Встановити необхідні залежності: `pip install -r requirements.txt`
4. Запустити веб-додаток: `streamlit run src/app.py`

Після виконання команди запуску в терміналі буде сформовано локальну адресу веб-додатку. Відкривши цю адресу у браузері, користувач отримує доступ до інтерфейсу системи.

Для коректної роботи веб-додатку у репозиторії мають бути наявні навчені ваги моделі.

Додаток Б

Презентаційний матеріал

КВАЛІФІКАЦІЙНА РОБОТА БАКАЛАВРА

НЕЙРОМЕРЕЖЕВИЙ МЕТОД ІДЕНТИФІКАЦІЇ ЗАХВОРЮВАНЬ РОСЛИН ЗА ЗОБРАЖЕННЯМИ



Виконав:

студент 4 курсу, група КН-22-1

Ілля **ЗАХАРЕНКО**



Керівник:

д.т.н., зав. кафедри КН

Олександр **БАРМАК**

Актуальність

За даними ООН, хвороби рослин знищують 20–40% врожаю щороку, завдаючи значних економічних збитків та загрожуючи продовольчій безпеці. Традиційна діагностика на основі візуального аналізу є трудомісткою, суб'єктивною і практично не масштабується в умовах великих аграрних підприємств. Існуючі автоматизовані підходи на базі класичних алгоритмів машинного навчання суттєво втрачають точність за умов змінного освітлення, складного фону та різноманітності типів уражень. Це створює потребу у розробці надійного автоматизованого інструменту класифікації хвороб рослин за зображеннями листя

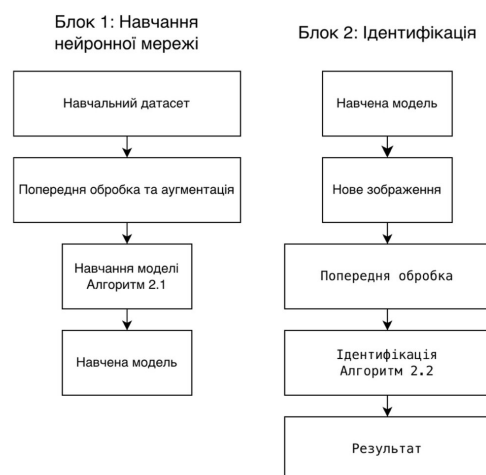
Мета і задачі дослідження

Мета: Підвищення точності та оперативності діагностики захворювань сільськогосподарських рослин шляхом розробки нейромережевого методу ідентифікації захворювань за зображеннями листя на основі глибокого навчання.

Задачі дослідження:

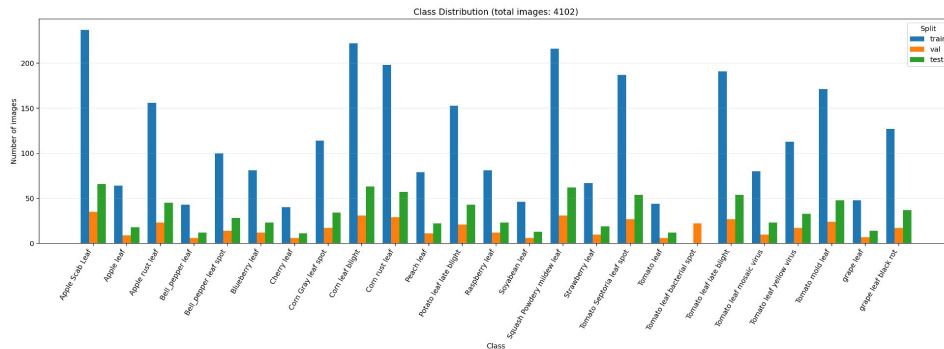
1. Проаналізувати предметну область автоматизованої діагностики захворювань рослин, сучасні нейромережеві підходи до класифікації зображень та існуючі програмні рішення;
2. Розробити нейромережевий метод ідентифікації захворювань рослин на основі донавчання моделі YOLOv11;
3. Реалізувати веб-застосунок для тестування запропонованого методу з використанням фреймворку Streamlit;
4. Провести тестування моделі та оцінити її ефективність за метриками класифікації.

Схема методу ідентифікації

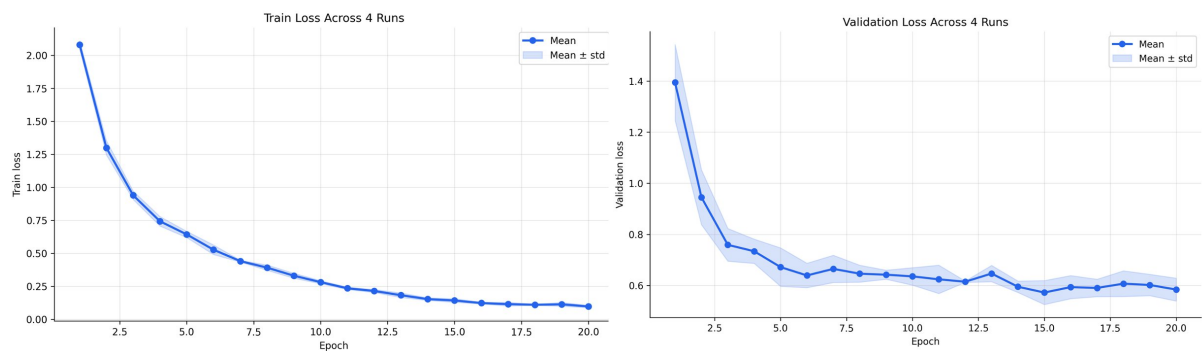


Набір даних

Сформовано власний об'єднаний датасет на основі двох відкритих наборів даних: PlantDoc та PlantWild. Об'єднаний датасет налічує 4102 зображення та 24 класи хвороб рослин. На відміну від популярного лабораторного датасету PlantVillage, обрані набори містять зображення у природних умовах: різний фон, неоднорідне освітлення, змінний масштаб та різні ракурси зйомки. Це забезпечує кращу здатність моделі до узагальнення при роботі з реальними фотографіями з поля або теплиці.



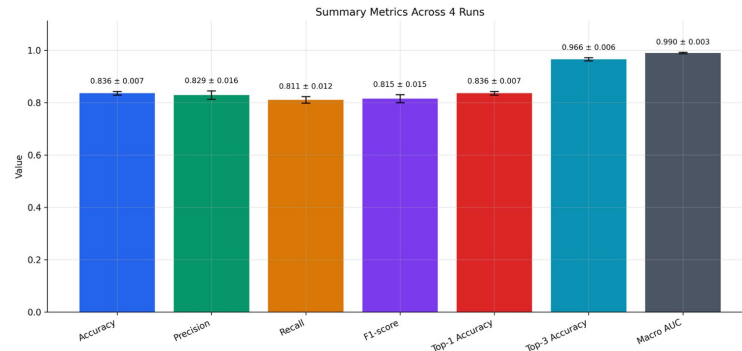
Навчання неймережі



Навчання проведено протягом 20 епох. Результати усереднено за 4 незалежними запусками з випадковим розбиттям даних 80%/20%.

Train loss зменшується від 2.08 до 0.10. Validation loss знижується від 1.40 до 0.59 та стабілізується після 10-ї епохи. Вузька зона стандартного відхилення підтверджує високу відтворюваність між запусками. Помірний розрив між train loss та validation loss свідчить про контрольований рівень перенавчання та достатню здатність моделі до роботи на нових даних.

Зведені метрики якості

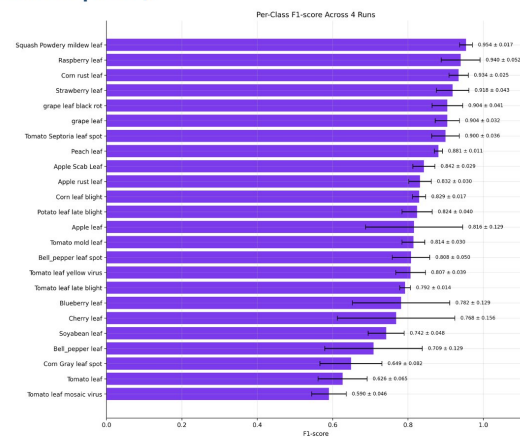
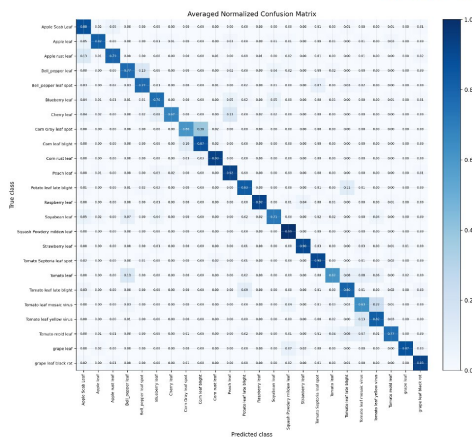


Модель правильно класифікує 83.6% тестових зображень. Збалансованість між Precision (0.829) та Recall (0.811) підтверджує F1-score з значенням 0.815.

Тор-3 Ассигасу показує що у 96.6% випадків правильний клас входить до трійки найімовірніших передбачень, що є практично важливим для системи підтримки прийняття рішень.

Macro AUC = 0.990 – висока розділяюча здатність моделі між усіма 24 класами. Низькі значення стандартного відхилення для всіх метрик підтверджують стійкість результатів.

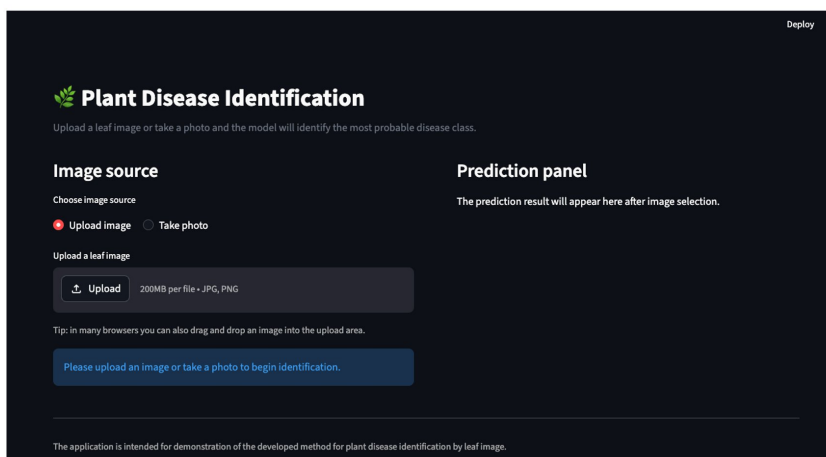
Аналіз помилок класифікації



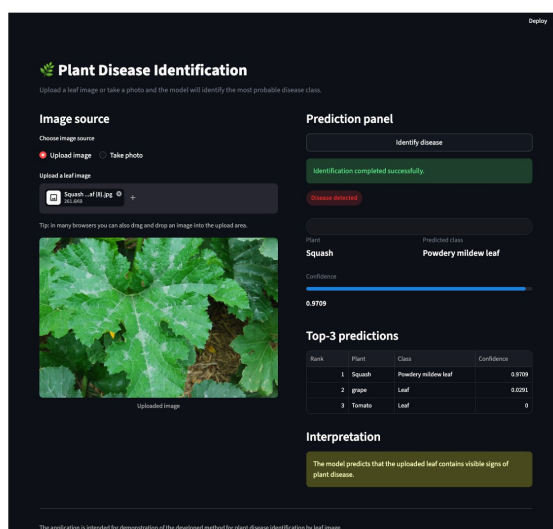
Найкращі результати: Squash Powdery mildew (0.954), Raspberry leaf (0.940), Corn rust leaf (0.934), Strawberry leaf (0.918).

Найбільші труднощі: Tomato leaf mosaic virus (0.590), Tomato leaf (0.626), Corn Gray leaf spot (0.649) — модель плутає візуально схожі ураження однієї рослини між собою.

Програмна реалізація, головний екран веб-застосунку



Візуалізація ідентифікованого захворювання



Висновки

У кваліфікаційній роботі бакалавра досягнуто поставлену мету — підвищення точності та оперативності діагностики захворювань рослин. Виконано всі поставлені завдання, а саме:

- ✓ Проаналізовано предметну область, нейромережеві підходи та існуючі програмні рішення
- ✓ Розроблено нейромережевий метод ідентифікації захворювань: формалізовано задачу як багатокласову класифікацію, сформовано об'єднаний датасет, реалізовано Transfer Learning та Fine-tuning.
- ✓ Створено веб-застосунок на Streamlit з підтримкою завантаження фото та камери, відображенням Top-3 передбачень з рівнем впевненості.
- ✓ Проведено тестування за 4 незалежними запусками: Accuracy = 0.836, Top-3 Accuracy = 0.966, Macro AUC = 0.99

Напрямки подальшого розвитку:

- Розширення датасету для проблемних класів
- Ієрархічна класифікація: рослина → хвороба (дворівнева модель)
- Інтеграція Grad-CAM для візуальної інтерпретації рішень моделі
- Додавання нових видів рослин та захворювань

ДЯКУЮ ЗА УВАГУ!

08.06.26, 12:51

Anti-Plagiarism (http://ap.km.ua) v-16.718

Mon Jun 08 12:50:55 EEST 2026, Петровський Сергій Степанович, Хмельницький національний університет, ХНУ

Anti-Plagiarism (http://ap.km.ua) v-16.718**Максимальне співпадіння з одним документом 15.0%****Словники перевірки: UA, US, RU. Помилки в документах: 13%**

ID: 274092 Назва: КВАЛІФІКАЦІЙНА РОБОТА БАКАЛАВРА на тему: Нейромережевий метод ідентифікації захворювань рослин за зображеннями листя Додано в БД: 2026-06-08 Автора: Ілля ЗАХАРЕНКО Керівники: Олександр БАРМАК Консультанти: Опоненти:	Документ		Сумарний збіг по Базі Даних	
	Символи	Лексеми	Символи	Лексеми
	79276	640	16030 (20%)	134 (21%)

Джерело плагіату

ID	Опис	Наявність плагіату в документі	
		Символи	Лексеми
269563	Назва: ЗВІТ з професійної практики база практики ТОВ «ЖАЛО» м. Хмельницький Додано в БД: 2026-02-26 Автора: Захаренко І.С Керівники: Скрипник Тетяна Казимирівна Консультанти: Опоненти:	11593 (15.0%)	78 (12.0%)

Протокол аналізу звіту подібності науковим керівником

Заявляю, що я ознайомився (-лась) з Повним звітом подібності, який був згенерований Системою виявлення і запобігання плагіату щодо роботи:

Автор: Ілля ЗАХАРЕНКО

Співавтор:

Назва: КВАЛІФІКАЦІЙНА РОБОТА БАКАЛАВРА на тему: Нейромережевий метод ідентифікації захворювань рослин за зображеннями листя

Науковий керівник: Олександр БАРМАК, д.т.н., проф.

Підрозділ: Кафедра комп'ютерних наук

Коефіцієнт подібності 1: 5.22%

Коефіцієнт подібності 2: 2.43%

Мікропробіли: 0

Заміна букв: 12

Інтервали: 0

Білі знаки: 190

Дата створення звіту: 2026-06-09 02:15:09.0

Після аналізу Звіту подібності констатую наступне:

Запозичення, виявлені в роботі є законними і не є плагіатом. Рівень подібності не перевищує допустимої межі. Таким чином робота незалежна і приймається.

Запозичення не є плагіатом, але перевищено граничне значення рівня подібностей. Таким чином робота повертається на доопрацювання.

Виявлено запозичення і плагіат або навмисні текстові спотворення (маніпуляції), як передбачувані спроби укриття плагіату, які роблять роботу невідповідною вимогам законодавства (Ст. 32. ЗУ Про вищу освіту, пункт 3.1, Ст. 42. ЗУ Про освіту) та вимог НАЗЯВО (Критерій 5), а також кодексу етики і процедур. Таким чином робота не приймається.

Обґрунтування:

2026-06-09

Дата

експерт

Петровський Р.Р. *Р.Р.*

**РІШЕННЯ ЕКСПЕРТНОЇ КОМІСІЇ КАФЕДРИ КОМП'ЮТЕРНИХ НАУК
ПРО ДОПУСК КВАЛІФІКАЦІЙНОЇ РОБОТИ ДО ЗАХИСТУ**

Назва кваліфікаційної роботи Нейромержевий метод ідентифікації захворювань рослин за зображеннями листя

Автор студент групи КН-22-1 Ілля Захаренко

Освітня програма Комп'ютерні науки

Рівень вищої освіти перший (бакалаврський)

Спеціальність 122 – Комп'ютерні науки

Науковий керівник: д.т.н., проф. зав.каф. комп'ютерних наук Олександр БАРМАК

На основі аналізу кваліфікаційної роботи на дотримання вимог академічної доброчесності (у т.ч. відсутності ознак академічного плагіату) з урахуванням результатів перевірки роботи спеціалізованим програмним засобом комісія зробила такий висновок:

№	Висновок	Позначка про відповідність
1	Ознаки академічного плагіату	
1.1	Запозичення, виявлені в роботі, є законними і не є академічним плагіатом (далі – зазначаються підстави віднесення запозичень до правомірних, якщо потрібно). Робота приймається до захисту.	<i>відповідає</i>
1.2	Виявлені запозичення не є академічним плагіатом, розміщені в розділах, які не описують безпосередньо авторське дослідження, але кількість цитат перевищує обсяг, виправданий поставленою метою роботи (далі – зазначаються детальні та аргументовані підстави віднесення запозичень до правомірних). Робота приймається до захисту, але має бути відкоригована.	
1.3	Виявлені запозичення не є академічним плагіатом, але частково розміщені в розділах, які описують безпосередньо авторське дослідження, а кількість цитат перевищує обсяг, виправданий поставленою метою роботи. Робота може бути допущена до захисту після того як буде відкоригована та доопрацьована і успішно пройде повторну перевірку на академічний плагіат.	
1.4	Робота містить навмисні текстові спотворення, передбачувані спроби укріття текстових запозичень або інші прояви академічного плагіату. Робота містить фабрикацію або фальсифікацію даних. Робота не допускається до захисту.	
2	Інші види порушень академічної доброчесності	<i>відсутні</i>

Підтвердження:

Запозичення, виявлені в роботі Іллі Захаренка, не є плагіатом, оскільки: запозичення розміщені в розділі огляду існуючих підходів, не описують безпосередньо авторську роботу і не стосуються її результатів; усі запозичення фрагментарні; до запозичень входять фрагменти, які не мають авторства і містять поширені конструкції та загальновідомі терміни, скорочення. Показник системи Anti-Plagiarism (15%) пояснюється збігом з 1 документом – звітом з професійної практики того ж автора (Захаренко І.С.), що не є плагіатом. Рівень подібності не перевищує допустимої межі. Таким чином, робота є законною та приймається до захисту.

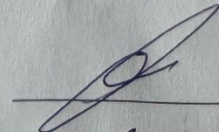
Обсяг запозичень, визначений системами виявлення збігів/ідентичності/схожості:

- за системою Anti-Plagiarism: 15%;

- за системою StrikePlagiarism КП1: 5.22%, КП2: 2.43%.

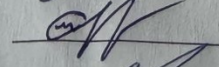
09.06.2026

Завідувач кафедри



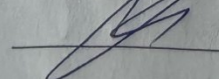
Олександр БАРМАК

Гарант освітньої програми



Олександр МАЗУРЕЦЬ

Керівник кваліфікаційної роботи



Олександр БАРМАК



ХМЕЛЬНИЦЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ УНІВЕРСИТЕТ
МОН УКРАЇНИ

Кафедра комп'ютерних наук



**ВІДГУК НАУКОВОГО КЕРІВНИКА
на кваліфікаційну роботу бакалавра**

студента гр. КН-22-1 Захаренка Іллі Сергійовича

за темою Нейромережевий метод ідентифікації захворювань рослин за зображеннями
листя

1. Актуальність теми

Актуальним завданням, яке потребує аналізу і реалізується у роботі, є розробка нейромережевого методу ідентифікації захворювань рослин за зображеннями листя на основі глибокого навчання. Актуальність завдання зумовлена значними втратами врожаю від хвороб рослин, які за оцінками ФАО сягають 20–40 % від загального обсягу виробництва, та обмеженістю традиційних методів візуальної діагностики, що є суб'єктивними і не масштабуються. Розробка такого методу, який використовує модель YOLOv11-cls для класифікації захворювань за зображеннями листя, сприяє підвищенню точності та оперативності діагностики в агропромисловому секторі, що є важливим завданням комп'ютерних наук.

**2. Відповідність роботи предметній області Стандарту спеціальності
122 Комп'ютерні науки**

Згідно зі стандартом, зокрема описом предметної області, об'єктами дослідження та діяльності є математичні, інформаційні та імітаційні моделі реальних явищ, об'єктів, систем і процесів, а також методи й технології для збирання, зберігання, обробки, передачі та застосування інформації. У роботі використано методи глибокого навчання, зокрема модель YOLOv11-cls, для класифікації зображень листя рослин та ідентифікації їх захворювань. Мета роботи – підвищення точності та оперативності діагностики захворювань сільськогосподарських рослин, досягнута через розробку нейромережевого методу на основі глибокого навчання. Таким чином, робота відповідає стандарту спеціальності 122 - Комп'ютерні науки.

3. Професійні та особистісні якості бакалавра

Під час виконання кваліфікаційної роботи Захаренко Ілля проявив себе як відповідальний та дисциплінований студент, своєчасно виконуючи всі етапи дослідження. Він продемонстрував високий рівень професійних компетентностей у галузі комп'ютерних наук, зокрема в роботі з технологіями глибокого навчання та

комп'ютерного зору, а також розвинені soft skills, що сприяло успішному завершенню роботи.

4. Ступінь самостійності під час виконання кваліфікаційної роботи

Результати, наведені у роботі, були отримані в результаті самостійної роботи студента, який виконав усі поставлені завдання без сторонньої допомоги.

5. Ступінь оволодіння методами дослідження

У процесі виконання кваліфікаційної роботи студент продемонстрував належний рівень професійних компетентностей, а також впевнене володіння інструментами, методами, технологіями та засобами, що використовуються в галузі комп'ютерних наук.

6. Повнота та якість розкриття теми роботи

Тема роботи розкрита в повному обсязі: проведено аналіз актуальності, досліджено сучасні нейромережеві підходи до класифікації зображень, поставлено завдання та реалізовано їх. Розроблено нейромережевий метод та створений веб-застосунок. Експерименти підтвердили високу ефективність моделі YOLOv11-cls, а програмне забезпечення пройшло валідацію.

7. Логічність, послідовність, аргументованість, літературна грамотність викладення матеріалу

Робота має логічну структуру, послідовне викладення матеріалу, аргументовані висновки та літературно грамотний текст, що відповідає вимогам до кваліфікаційних робіт.

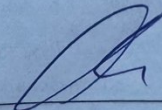
8. Можливість практичного застосування кваліфікаційної роботи бакалавра, окремих її частин

Створений, за розробленим методом, веб-застосунок може слугувати аграріям та фермерським господарствам для оперативної діагностики захворювань рослин та використовуватися фітопатологами як допоміжний інструмент аналізу. Окрім цього, його можна інтегрувати в системи моніторингу стану посівів для великих аграрних підприємств або адаптувати для тепличних господарств, допомагаючи садівникам та агрономам швидко виявляти ознаки захворювань на ранніх стадіях.

9. Висновок про можливість допуску кваліфікаційної роботи бакалавра до захисту, на яку оцінку заслуговує робота

З огляду на високий рівень виконання роботи та дотримання всіх встановлених вимог, кваліфікаційна робота заслуговує на допуск до захисту. Рекомендована оцінка «відмінно».

Керівник



д.т.н., проф. зав. каф. КН Олександр БАРМАК



ХМЕЛЬНИЦЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ УНІВЕРСИТЕТ
МОН УКРАЇНИ

Кафедра комп'ютерних наук



РЕЦЕНЗІЯ

на кваліфікаційну роботу бакалавра

студента гр. КН-22-1 Захаренко Ілля Сергійович

за темою: Нейромережевий метод ідентифікації захворювань рослин за зображеннями листя

1. Актуальність обраної теми

Обрана студентом тема є надзвичайно актуальною, оскільки щорічні втрати врожаю від хвороб рослин сягають 20–40 % від загального обсягу виробництва, що спричиняє значні економічні збитки та загрозу продовольчій безпеці. Традиційні методи діагностики, що ґрунтуються на візуальному аналізі агрономами, є трудомісткими, суб'єктивними та не масштабуються в умовах великих аграрних підприємств. Розробка нейромережевого методу ідентифікації захворювань рослин за зображеннями листя на основі глибокого навчання сприяє автоматизації діагностики, підвищенню її точності та оперативності, що є важливим завданням у галузі комп'ютерних наук та інформаційних технологій.

2. Повнота розкриття мети та завдань роботи

Під час виконання кваліфікаційної роботи студент Захаренко Ілля повністю розкрив мету – підвищення точності та оперативності діагностики захворювань сільськогосподарських рослин шляхом розробки нейромережевого методу на основі глибокого навчання. Проведені експерименти з навчання моделі YOLOv11-cls на об'єднаному датасеті обсягом 4088 зображень підтвердили досягнення мети: середня точність класифікації (Accurasy) склала 0.836, а Top-3 Accurasy досягла 0.966. Усі завдання роботи, зокрема аналіз предметної області, розробка методу, створення веб-застосунку та тестування, виконано в повному обсязі.

3. Зміст кожного розділу роботи

У першому розділі проведено аналіз предметної області, огляд підходів від класичних алгоритмів до моделей глибокого навчання та існуючих програмних засобів. Другий розділ присвячено розробці методу: формалізовано задачу як багатокласову класифікацію з 24 категоріями, обґрунтовано вибір YOLOv11-cls із Transfer Learning, сформовано об'єднаний датасет PlantDoc та PlantWild. У третьому розділі проведено експериментальне дослідження: серію з 4 запусків навчання, аналіз метрик та побудову веб-застосунку на базі Streamlit. Усі розділи структуровані та послідовно розкривають тему дослідження.

4. Оцінка розробленого методу та його практична цінність

Розроблений нейромережевий метод має високу практичну цінність, оскільки дозволяє автоматизувати процес діагностики захворювань рослин, мінімізувати суб'єктивність візуального аналізу та прискорити виявлення патологій. Реалізація методу у вигляді веб-застосунку на базі Streamlit забезпечує доступність, зручність та можливість використання як на стаціонарних комп'ютерах, так і на мобільних

пристроях через веб-браузер. Застосунок має інтуїтивно зрозумілий інтерфейс, підтримує завантаження зображень та фотозйомку, відображає Top-3 передбачення з рівнями впевненості моделі, що робить його придатним для використання фахівцями агросектору безпосередньо в польових умовах.

5. Якість оформлення кваліфікаційної роботи бакалавра

Кваліфікаційна робота відповідає всім вимогам оформлення, чітко розкриває тему та мету дослідження. Робота містить математичну формалізацію задачі, алгоритми навчання та ідентифікації, наочні графіки та діаграми результатів експериментів. Структура логічна, викладення матеріалу послідовне, аргументоване та літературно грамотне. Перелік посилань налічує достатню кількість актуальних джерел.

6. Недоліки кваліфікаційної роботи бакалавра

До роботи студента Захаренка Іллі Сергійовича можна поставити наступне зауваження: аналіз матриці помилок показав систематичну плутанину між візуально подібними класами (зокрема Corn Gray leaf spot та Corn leaf blight), тому було б доцільно розглянути впровадження ієрархічної класифікації або спеціалізованої аугментації для підвищення точності розпізнавання проблемних категорій. Проте наведене зауваження не впливає на позитивну оцінку роботи.

7. Загальний висновок (допускається чи не допускається до захисту), та оцінка на яку заслуговує кваліфікаційна робота.

Враховуючи високий рівень виконання та відповідність усім вимогам, робота допускається до захисту. Рекомендована оцінка «відмінно».

Рецензент зав.кадр. АКТР, к.т.н., доцент Олесь Андрійович Кривенько