병해 계측 정보 수집 및 분석 처리 시스템 고도화 연구

김태현, 이재수, 백정현, 김현종, 임동혁
농촌진흥청 국립농업과학원
thkim8205@korea.kr, butiman@korea.kr, butterfy@korea.kr, hyunjongnt@korea.kr, imdh1004@korea.kr

A Study on the Advancement system of Crop Disease Measurement and Analysis

Taehyun Kim, Jaesu Lee, Jeonghyun Baek, Hyunjong Kim, Donghyuk Im
National Institute of Agricultural Sciences

요 약

본 논문은 인공지능 기반의 병해영상 분류 시스템을 개선하기 위한 데이터 전처리와 후처리 과정을 거쳐 병해 데이터 전송 최적화 및 병해 분석 결과 시각화 후처리를 통해 데이터 분석 결과물과 응답속도를 개선하였다. 또한 응답 오류를 방지하기 위해 일정 시간 내에 피드백이 없을 경우 원본 데이터 재전송을 통해 사용자가 최종 분석 결과를 확인할 수 있도록 반응형 웹 UI를 활용한 병해 진단 시스템을 구축하였다.

Ⅰ. 서론

최근 인공지능 모델의 발전에 힘입어 온실 내의 작물의 생체정보와 환경 정보를 융합하여 병해 진단과 작물 관리에 적용하여 온실 운영 및 작물 생산의 효율성 증대와 관련한 연구가 많이 진행되고 있다[1,2]. 병해에 의한 농작물 피해를 최소화하기 위해선 작물 병해영상 분류 작업을 수행할 수 있는 진단 모델 및 이를 활용하기 위한 병해진단 시스템이 있어야 한다. 상기와 같은 이유로 기존 국립농업과학원 농업공학부와 전북대학교가 공동으로 수행한 "신경회로망 응용 토마토 주요 병충해 실시간 진단분석 기술 개발"에 의해 얻어진 인공지능 기반 병해영상 판독 추론엔진이 있었으나 현실적으로 병해진단 엔진을 컴퓨터공학 관련 지식이 없는 농민들이 활용하기에는 어려웠고 병해진단 서비스 접근성을 위해서 사용자 입장에서 개선이 필요한 부분들이 있었다.

본 연구에서는 이러한 부분에 착안하여 영상 변형 및 전송 최적화를 통해 통신 환경 영향을 최소화하고 영상기반 진단 분석의 실효성을 증가 시키고자 했으며, 둘째, 사용자 친화적/직관적 UI를 적용하여 농민의 서비스 활용 진입 장벽을 낮추려 하였다.

Ⅱ. 본론

본 연구에서는 병해진단 시스템 개선을 위해 전처리 및 후처리를 통해 3개 부분에서 진단 시스템을 개선하였다. 전처리 연구에서는 병해 영상 전처리를 통해 영상 전송 및 응답 반응 속도 이득을 위한 최적화를 수행하였다. 일반적으로 영상 데이터 리사이즈나 영상 압축률을 높일 경우 손실로 인해 병해 인식이 잘 안될 수도 있으나 본 연구에서는 영상 손실을 최소화하기 위해 일정 시간 동안 병해 검출이 안될 경우 전처리 작업을 다시 수행하여 정상 검출이 되도록 수행하는 피드백 방식을 사용하였다. 또한 TV, 데스크탑, 태블릿, 스마트폰 등 다중 환경에서 유사한 응답 반응 및 처리를 할 수 있도록 반응형 웹 리소스 자체를 최적화하였다. 일반적인 촬영 이미지 사이즈인 QHD ~ UHD는 5~10MP, 2~4MB 정도이며, 병해 이미지 전처리(리사이징) 후 전송 시 최소 1초 이상의 반응속도 이득이 발생하였으며, 실험결과 병해영상 크기가 2MB 이상일 경우 평균 1.5~2초 정도 이상의 반응 속도 이득이 발생하여 사용자에게 유의미한 수준의 시간 차이가 발생하는 것을 확인하였다. 영상 사이즈가 클수록 전처리 이득의 차이는 기하급수적으로 늘어나며 원본이 5~600KB 수준의 저해상도 일 경우에는 큰 이득은 없는 것으로 나타났다.

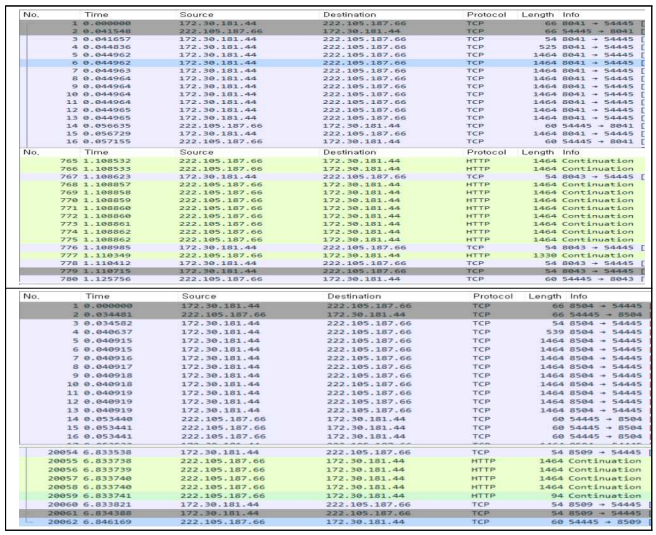

그림 1. 병해 응답데이터 분석

테스트 CASE	변환 사이즈 (MB -> KB)	기존 웹UI 시스템 응답 시간 (단위: 초)	신규 웹UI 시스템 응답 시간 (단위: 초)	응답시간 이득 (신규 웹 변환시간+응답시간 - 구 응답시간)
1	16.7MB -> 695KB	6.84	1.125	1.125+0.8-6.84 = -4.915
2	3.96MB -> 477KB	4.85	1.17	1.17+0.8-4.85 = -2.88
3	2.54MB -> 501KB	4.12	1.16	1.16+0.8-4.12 = -2.16
4	611KB -> 444KB	2.11	1.22	1.22+0.8-2.11 = -0.09

*변환시간은 영상 소스 별로 편차가 조금 있으나 대부분 0.8초 이내로 변환 완료

병해 분석 처리 및 진단 정보 시각화 개선을 위해 본 연구에서는 병해진단 시진단 프로세스 단계 표시를 통해 전송 단계에서의 오류인지 응답 환경이 문제

인지 확인할 수 있도록 개선하였으며, 병해 판별 부위를 명확하게 볼 수 있도록 시각화 부분을 개선하였다. 그림 2는 병해진단 프로세스가 표시된 UI를 그림 3은 상단의 기존 UI에 비해 시각화 부분이 개선된 UI를 보여주고 있다.

그림 2. 병해진단 프로세스 표시

그림 3. 토마토 병해 진단 모델

본 연구를 위해 병해진단 학습용 이미지 업로드 처리 및 농사로, NCPMS 등 외부 병해 관리 연계 시스템을 구축하였다. 업로드 이미지 1차 처리 후 병해로 판별되지 않았으나 증상이 의심되는 경우, 또한 미판별 영상 병해 판단 등을 외부 시스템인 농사로, NCPMS 등과 연계하도록 시스템을 구축하였다.

그림 4. 병해진단 검증 설계

검증결과로는 모든 플랫폼과 브라우저 환경에서 동일 데이터망 기준으로 호환성 및 신속성 등을 측정하였다. 그림 5은 잿빛곰팡이(graymold) 이미지 데이터 활용 검증(54KB size) 화면을 캡처해서 보여주고 있다.

호환성 검증에 쓰인 데이터 셋은 6O개 병해 데이터(Canker, Graymold, Powdery mildew, yellow curl virus)이며, 응답 반응 속도 및 안정성 검증 도구로는 Wireshark(네트워크 데이터 및 트래픽 분석 프로그램)를 사용하였고, 응답 시간 계산 방법은 시작과 종료 timestamp의 차이(종료 Timestamp - 시작 Timestamp)이다. 응답시간은 79.948465(sec) - 79.106948(sec) = 0.841502 (sec)였다.

병해 판별 결과를 활용한 성능 평가에서는 6O개의 병해 데이터 처리 속도 계산 보정(이미지 크기에 비례)을 수행하였으며, 54KB 기준 병해 데이터 크기 순서에 비례하여 6O개 데이터 응답 반응 속도 예측 결과±5% 이내의 경우 성공으로 판별하였으며, 예측 결과 범위 내의 반응속도를 반영한 호환성 및 신속성 등을 종합하여 편의성을 검증하였다.

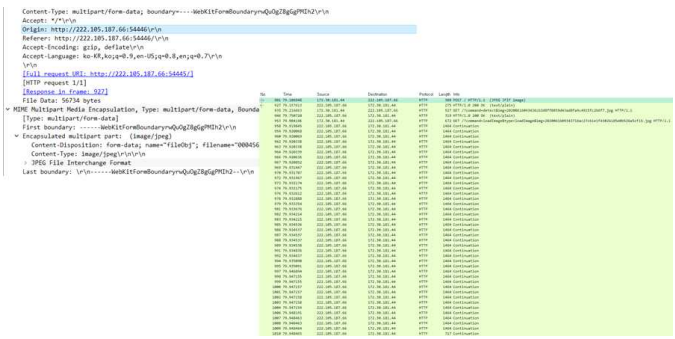

그림 5. 잿빛곰팡이(graymold) 이미지 데이터 활용 검증(54KB size)

Ⅲ. 결론

본 연구를 통해 TV, 데스크탑, 태블릿, 스마트폰 등 다중 환경에서 유사한 응답 반응 및 처리를 할 수 있도록 반응형 웹 리소스 최적화 하였다. 실험 결과 병해영상 크기가 2MB 이상일 경우 평균 1.5초 정도의 반응 속도 이득이 발생했으며 이는 사용자에게 유의미한 수준의 시간 차이이다. 이는 영상이 갈수록 고해상도, 고용량으로 되어가기 때문에 전처리를 통해 다음과 같은 이점을 얻을 수 있다. 이는 데이터 해상도 및 양식 표준화를 통해 데이터 분석 및 응답 시간 균일화를 통해 서비스의 안정화로 이어진다. 또한 망 사용량 및 저장공간 부하 감소로 저장공간 및 트래픽 비용 절감 가능하여, 동일한 클라우드 자원으로 더 많은 대상에게 서비스가 가능해 진다. 또한 사용이 가능하다. 향후 반응형 웹 기반 뿐만이 아닌 네이티브 앱 또는 하이브리드 앱 형태로 구현하여 모바일 장치를 전처리 서버로 사용하고 바로 분석할 수 있는 Tensor JS 형식으로 엔진 최적화 연구를 수행하고자 한다.

ACKNOWLEDGMENT

본 연구는 농림식품기술기획평가원과 스마트팜연구개발사업단의 스마트팜 다부처 패키지 혁신기술개발사업의 지원을 받아 연구되었음 (과제번호421005-04)

참 고 문 헌

[1] A. F. Fuentes, S. Yoon, J. Lee, and D. S. Park, “High-performance deep neural network based tomato plant diseases and pests diagnosis system with refinement filter bank,” Frontiers in Plant Sci. , vol. 9, Aug. 2018.

[2] F. Fiorani and U. Schurr, “Future scenarios for plant phenotyping,” Annu. Rev. Plant Biology , vol. 64, pp. 267-291, Apr. 2013.