

GIẢI PHÁP NÂNG CAO KHẢ NĂNG PHÁT HIỆN BỆNH CÂY TRỒNG BẰNG PHƯƠNG PHÁP TỐI ƯU HOÁ THAM SỐ MÔ HÌNH HỌC SÂU

Trần Lam Quyền¹, Trần Thị Thuý^{1*}

TÓM TẮT

Nghiên cứu này giới thiệu một phương pháp tối ưu hóa các mô hình học sâu được thiết kế để nhận diện các bệnh trên hình ảnh cây trồng, chẳng hạn như bệnh tungro, bệnh rầy nâu và bệnh héo. Bằng cách sử dụng Keras Tuner với kỹ thuật Random Search, chúng tôi tinh chỉnh các siêu tham số của Mạng nơ-ron tích chập (CNN) để cải thiện hiệu suất phân loại bệnh. Mô hình tối ưu hóa đạt được độ chính xác kiểm tra 97.92% và độ chính xác xác nhận 98.61%, cho thấy hiệu quả của mô hình. Những kết quả này nhấn mạnh tiềm năng của mô hình trong nông nghiệp thông minh, cung cấp một công cụ hữu ích cho việc phát hiện sớm các bệnh trên cây lúa.

Từ khóa: Học sâu, Phân loại bệnh cây trồng, Tối ưu hóa siêu tham số, Thị giác máy tính, Keras Tuner.

ABSTRACT

This study introduces an optimization method for deep learning models designed to detect diseases in crop images, such as Tungro, Brown Planthopper, and Wilting diseases. By using Keras Tuner with the Random Search technique, we fine-tuned the hyperparameters of Convolutional Neural Networks (CNN) to improve disease classification performance. The optimized model achieved a test accuracy of 97.92% and a validation accuracy of 98.61%, demonstrating the effectiveness of the model. These results highlight the potential of deep learning models in smart agriculture, providing a useful tool for early disease detection in rice crops.

Keywords: Deep learning, Crop disease classification, Hyperparameter optimization, Computer vision, Keras Tuner.

1. Giới thiệu

Công nghệ học sâu đã có những tác động mạnh mẽ trong phân tích dữ liệu và ra quyết

định trong nhiều lĩnh vực, đặc biệt là công nghệ thông tin. Trong ngành nông nghiệp, những kỹ thuật này ngày càng được áp dụng để phát hiện bệnh cây, mang lại những giải pháp tự động hóa rất quan trọng cho việc đảm bảo an ninh lương thực và nâng cao năng suất nông nghiệp. Khác với các phương pháp phát hiện

¹ Trường ĐH Cửu Long

* Người chịu trách nhiệm bài viết: Trần Thị Thuý
(Email: tranthithuy@mku.edu.vn)

bệnh truyền thống, thường dựa vào kiến thức chuyên môn và tốn nhiều thời gian, học sâu cung cấp một phương pháp hiệu quả hơn, đặc biệt là trong các hoạt động canh tác quy mô lớn (Kumar *et al.*, 2021; Zhang *et al.*, 2022).

Lúa là cây trồng chủ yếu trên toàn cầu, đặc biệt là ở các quốc gia thu nhập thấp và trung bình, và đóng vai trò quan trọng trong việc đảm bảo an ninh lương thực. Một bộ phận lớn dân số phụ thuộc vào lúa như nguồn thực phẩm chính, do đó bất kỳ sự gián đoạn nào trong sản xuất lúa do bệnh tật có thể dẫn đến những khó khăn kinh tế nghiêm trọng. Với tầm quan trọng của việc phát hiện bệnh nhanh chóng và chính xác, các mô hình học sâu, chẳng hạn như Mạng nơ-ron tích chập, cung cấp một phương pháp hứa hẹn (Ferentinos *et al.*, 2018; Mohanty *et al.*, 2016).

Tuy nhiên, hiệu quả của các mô hình này phần lớn phụ thuộc vào việc chọn lựa siêu tham số. Việc tinh chỉnh siêu tham số đúng cách là yếu tố quan trọng để tối ưu hóa độ chính xác của mô hình và khả năng tổng quát hóa với dữ liệu mới (Hutter *et al.*, 2019). Trong bài viết này, chúng tôi sử dụng Keras Tuner, một thư viện nổi tiếng của TensorFlow, để tinh chỉnh mô hình CNN của chúng tôi cho nhiệm vụ phân loại bệnh cây trồng. Phần còn lại của bài báo này gồm các phần như sau: Phần 2, tổng quan các nghiên cứu trước đây, tập trung vào những tiến bộ trong việc ứng dụng học sâu để phát hiện bệnh cây trồng. Phần 3, mô tả phương pháp nghiên cứu, bao gồm kiến trúc của CNN. Phần 4, giải thích quá trình tinh chỉnh siêu tham số bằng Keras Tuner và phương pháp Random Search. Phần 5, trình bày thiết lập thí nghiệm, bao gồm bộ dữ liệu và các chỉ số đánh giá. Phần 6, trình bày kết quả, tập trung vào các chỉ số hiệu suất như độ chính

xác và lỗi. Cuối cùng, phần 7, thảo luận về các ứng dụng rộng rãi của kết quả nghiên cứu đối với thực tiễn nông nghiệp và đưa ra các hướng nghiên cứu trong tương lai.

2. Các nghiên cứu liên quan

Mạng nơ-ron tích chập đã được sử dụng hiệu quả để nhận diện chính xác các bệnh trên hình ảnh cây trồng. Mohanty và cộng sự là những người tiên phong trong lĩnh vực này, đạt được độ chính xác xuất sắc với bộ dữ liệu cây trồng quy mô lớn. Công trình đột phá của họ đã tạo tiền đề cho các nghiên cứu sau này, cho thấy các mô hình học sâu có thể vượt trội hơn so với các phương pháp học máy truyền thống trong các ứng dụng nông nghiệp.

Cùng với những nghiên cứu nền tảng này, nhiều nhà nghiên cứu đã tập trung vào việc cải tiến kiến trúc mô hình và chiến lược huấn luyện. Ferentinos đã cung cấp một bài đánh giá chi tiết về các mô hình học sâu trong chẩn đoán bệnh cây, nhấn mạnh lợi thế của CNN trong việc học các đặc trưng phân cấp trực tiếp từ hình ảnh, loại bỏ sự cần thiết phải thực hiện kỹ thuật kỹ lưỡng để tạo đặc trưng. Đây là một thách thức phổ biến trong học máy truyền thống. Nghiên cứu này cũng nhấn mạnh tầm quan trọng của việc sử dụng bộ dữ liệu lớn và các kỹ thuật học chuyển giao (*transfer learning*), đã chứng minh là có ích trong việc điều chỉnh các mô hình đã được huấn luyện trước cho các nhiệm vụ nông nghiệp cụ thể.

Một đóng góp đáng chú ý khác là nghiên cứu của Zhang và cộng sự, trong đó họ khám phá một phương pháp học sâu kết hợp CNN với mạng Long Short-Term Memory (LSTM). Mô hình này được thiết kế để nắm bắt các mô hình không gian và thời gian trong quá trình phát triển của bệnh cây, cải thiện độ chính xác dự báo. Kết quả cho thấy việc kết hợp các kiến

trúc mạng nơ-ron khác nhau có thể tăng cường độ ổn định và độ chính xác của các hệ thống phân loại bệnh.

Một lĩnh vực nghiên cứu quan trọng khác là tối ưu hóa siêu tham số, một yếu tố quan trọng trong việc cải thiện hiệu suất mô hình. Hutter và cộng sự đã cung cấp cái nhìn tổng quan về các kỹ thuật tối ưu hóa, bao gồm tìm kiếm theo lưới (*Grid Search*), tìm kiếm ngẫu nhiên (*Random Search*) và tối ưu hóa Bayes. Họ nhấn mạnh tầm quan trọng của việc tinh chỉnh siêu tham số có hệ thống, vì nó có thể ảnh hưởng đáng kể đến hiệu quả và độ chính xác của các mô hình học sâu. Keras Tuner đã trở thành một công cụ hàng đầu để tự động hóa quá trình này, giúp khám phá không gian siêu tham số hiệu quả (Gonzalez *et al.*, 2020).

Học chuyển giao cũng đã trở thành một điểm nhấn trong nghiên cứu học sâu, đặc biệt trong các trường hợp có ít dữ liệu được gán nhãn. Yosinski và cộng sự đã làm nổi bật lợi ích của học chuyển giao, trong đó kiến thức từ các bộ dữ liệu quy mô lớn được áp dụng để cải thiện hiệu suất mô hình trên các bộ dữ liệu nhỏ hơn, chuyên biệt cho từng nhiệm vụ. Phương pháp này đã được ứng dụng thành công trong nông nghiệp, cho phép các nhà nghiên cứu áp dụng các mô hình đã được huấn luyện trước như VGG16 và ResNet cho các nhiệm vụ phân loại bệnh cây trồng (Kumar *et al.*, 2021; Zhang *et al.*, 2022).

Những tiến bộ gần đây trong kỹ thuật tiền xử lý hình ảnh cũng đã nâng cao hiệu suất của các mô hình học sâu. Các nghiên cứu cho thấy việc tăng cường dữ liệu có thể cải thiện đáng kể tính ổn định của mô hình bằng cách tăng cường sự đa dạng của dữ liệu huấn luyện một cách nhân tạo. Các phương pháp như xoay, lật và thay đổi tỷ lệ đã chứng minh hiệu quả trong

việc cải thiện khả năng tổng quát của mô hình, đặc biệt trong các tình huống với bộ dữ liệu không cân bằng (Shorten *et al.*, 2019).

Tóm lại, nghiên cứu về học sâu trong phát hiện bệnh cây trồng đã phát triển mạnh mẽ, đưa ra một loạt các kỹ thuật nhằm nâng cao độ chính xác và độ tin cậy của mô hình. Nghiên cứu này xây dựng trên những tiến bộ này bằng cách sử dụng Keras Tuner để tối ưu hóa các siêu tham số, với mục tiêu cải thiện hiệu suất của CNN trong việc phân loại bệnh cây lúa.

3. Mạng nơ-ron tích chập

Mạng nơ-ron tích chập là một loại mô hình học sâu đặc biệt được thiết kế để xử lý các cấu trúc dữ liệu dạng lưới, đặc biệt là hình ảnh. Bằng cách sử dụng các hệ thống phân cấp không gian (*spatial hierarchies*) và mẫu hình (*patterns*), CNN giúp nhận diện các đặc điểm trong dữ liệu một cách hiệu quả, làm cho chúng rất hiệu quả trong các ứng dụng như phân loại hình ảnh và phát hiện đối tượng.

Cấu trúc chuẩn của CNN bao gồm nhiều lớp áp dụng các phép biến đổi khác nhau lên dữ liệu đầu vào. Các thành phần chính của CNN là:

- Lớp đầu vào (*Input Layer*): Lớp này nhận giá trị pixel thô từ hình ảnh, thường được biểu diễn dưới dạng một tensor với các kích thước tương ứng với chiều cao, chiều rộng và các kênh màu.

- Các lớp tích chập (*Convolutional Layers*): Các lớp này sử dụng một tập hợp các bộ lọc (hay còn gọi là *kernel*) để xử lý hình ảnh đầu vào. Mỗi bộ lọc (*filter*) là một ma trận nhỏ di chuyển qua hình ảnh để thực hiện phép toán tích chập. Phép toán này có thể được biểu diễn toán học như sau:

$$Z^l = W^l * A^{l-1} + b^l \quad (1)$$

trong đó, Z^l đại diện cho đầu ra của lớp tích chập thứ l , W^l là trọng số của bộ lọc, $*$ chỉ ra phép toán tích chập, A^{l-1} là kích hoạt từ lớp trước đó, và b^l là hằng số sai số (bias) của lớp l .

- Hàm kích hoạt (*Activation Function*):

Sau bước tích chập, một hàm kích hoạt (thường là *ReLU*) được áp dụng để đưa vào mô hình tính chất phi tuyến. Việc đưa vào tính phi tuyến này giúp mạng có khả năng nắm bắt các mẫu phức tạp trong dữ liệu.

$$A^l = \text{ReLU}(Z^l) = \max(0, Z^l) \quad (2)$$

- Các lớp gộp (*Pooling Layer*): Các lớp này giúp giảm kích thước không gian của các bản đồ đặc trưng, đồng thời giữ lại các đặc trưng quan trọng nhất.

$$P^l = (A[i:i+2, j:j+2]) \quad (3)$$

trong ngữ cảnh này, P^l đại diện cho kết quả của phép toán pooling ở lớp thứ l .

- Lớp phẳng (*Flattening Layer*): Sau một số lớp tích chập và gộp, các bản đồ đặc trưng được chuyển thành một vector một chiều, sẵn sàng để đưa vào các lớp kết nối đầy đủ.

$$F = \text{Flatten}(P^L) \quad (4)$$

trong đó, P^L đại diện cho đầu ra từ lớp pooling cuối cùng.

- Các lớp kết nối đầy đủ (*Fully Connected (Dense) Layers*): Vector một chiều này được đưa vào một hoặc nhiều lớp kết nối đầy đủ, học các biểu diễn trừu tượng dựa trên các đặc trưng đã được trích xuất từ các lớp tích chập.

$$D^k = W^k \cdot F + b^k \quad (5)$$

trong đó, D^k đại diện cho đầu ra của lớp dense thứ k , W^k là trọng số, b^k là bias.

- Lớp đầu ra (*Output Layer*): Lớp cuối cùng sử dụng hàm kích hoạt softmax để phân loại đa lớp, tạo ra các giá trị xác suất cho mỗi lớp.

$$O = \text{softmax}(D^k) \quad (6)$$

trong đó, D^k là đầu ra từ lớp dense cuối cùng.

4. Tối ưu hóa siêu tham số bằng Keras Tuner và Random Search

Tối ưu hóa siêu tham số đóng vai trò quan trọng trong việc huấn luyện các mô hình học máy, đặc biệt là trong các khuôn khổ học sâu như Mạng nơ-ron tích chập. Hiệu quả của các mô hình này phụ thuộc nhiều vào việc lựa chọn siêu tham số, và việc thiết lập chính xác các siêu tham số này là cần thiết trước khi quá trình huấn luyện bắt đầu. Keras Tuner là một công cụ mạnh mẽ giúp đơn giản hóa quá trình tối ưu hóa này, cung cấp các kỹ thuật khác nhau, bao gồm cả phương pháp Tìm kiếm ngẫu nhiên.

Keras Tuner được thiết kế đặc biệt để hỗ trợ việc điều chỉnh siêu tham số cho các mô hình dựa trên Keras, giúp dễ dàng tìm ra các cấu hình cải thiện hiệu suất mô hình. Công cụ này cung cấp nhiều thuật toán tìm kiếm để hỗ trợ các chiến lược tối ưu hóa khác nhau.

Một trong những phương pháp chính là Tìm kiếm ngẫu nhiên, trong đó ngẫu nhiên lấy mẫu từ không gian siêu tham số. Phương pháp này cho phép kiểm tra nhiều cấu hình khác nhau mà không phải thử tất cả các kết hợp như trong phương pháp Tìm kiếm theo lưới. Một phương pháp khác là Tối ưu hóa Bayes (*Bayesian Optimization*), xây dựng một mô hình xác suất của hàm mục tiêu, từ đó giúp lựa chọn siêu tham số có khả năng mang lại hiệu suất tốt hơn. Cuối cùng, Hyperband kết hợp tìm kiếm ngẫu nhiên với việc dừng sớm (*early stopping*), phân bổ tài nguyên linh hoạt hơn cho các cấu hình triển vọng dựa trên hiệu suất của chúng. Các thuật toán này cung cấp một khuôn khổ mạnh mẽ để tối ưu hóa siêu tham số một cách hiệu quả.

4.1. Phương pháp tìm kiếm ngẫu nhiên

Tìm kiếm ngẫu nhiên là một phương pháp tối ưu hóa siêu tham số hiệu quả và tiết kiệm tài nguyên tính toán. Nó có thể được biểu diễn toán học như sau:

$$\theta^* = f(\theta) \quad (7)$$

trong đó, θ^* là tập hợp siêu tham số tối ưu, Θ là không gian tìm kiếm siêu tham số, và $f(\theta)$ là chỉ số hiệu suất (ví dụ: độ chính xác thực) được tối đa hóa trong quá trình tìm kiếm.

Khác với tìm kiếm lưới, phương pháp này không đánh giá tất cả các kết hợp khả thi của siêu tham số mà thay vào đó tìm kiếm các kết hợp ngẫu nhiên, điều này giúp phát hiện các cấu hình hiệu quả nhanh chóng hơn. Các nghiên cứu thực nghiệm cho thấy tìm kiếm ngẫu nhiên có thể vượt trội hơn so với tìm kiếm theo lưới, đặc biệt khi không gian siêu tham số có độ phức tạp cao.

4.2 Triển khai trong Keras Tuner

Trong khuôn khổ Keras Tuner (Oktay *et al.*, 2018), phương pháp tìm kiếm ngẫu nhiên theo một quy trình hệ thống để tối ưu hóa siêu tham số cho các mô hình học máy. Quy trình này bắt đầu bằng việc định nghĩa Hypermodel, mô hình xác định kiến trúc và các siêu tham số cần tối ưu. Tiếp theo, không gian tìm kiếm (*Search Space*) được thiết lập, trong đó phạm vi hoặc phân phối cho từng siêu tham số được xác định. Ví dụ, số lượng bộ lọc trong các lớp tích chập có thể dao động từ 32 đến 128, trong khi tỷ lệ học (*learning rate*) cho bộ tối ưu có thể theo thang logarit, thay đổi từ 10^{-4} đến 10^{-1} .

Khi không gian tìm kiếm đã được xác định, quá trình tìm kiếm được tiến hành, bao gồm việc thực hiện một số thử nghiệm đã định sẵn. Mỗi thử nghiệm đánh giá một sự kết hợp duy nhất của siêu tham số, và kết quả được

đo lường bằng chỉ số hiệu suất đã chọn. Cuối cùng, sau khi hoàn tất quá trình tìm kiếm, Keras Tuner sẽ xác định cấu hình tốt nhất, cung cấp các siêu tham số tối ưu cùng với các chỉ số hiệu suất của mô hình tương ứng. Quá trình tổng thể này có thể được tóm tắt bằng hàm mục tiêu:

$$Accuracy_{vat} = f(filters, dense_{units}, learning_{rate})(8)$$

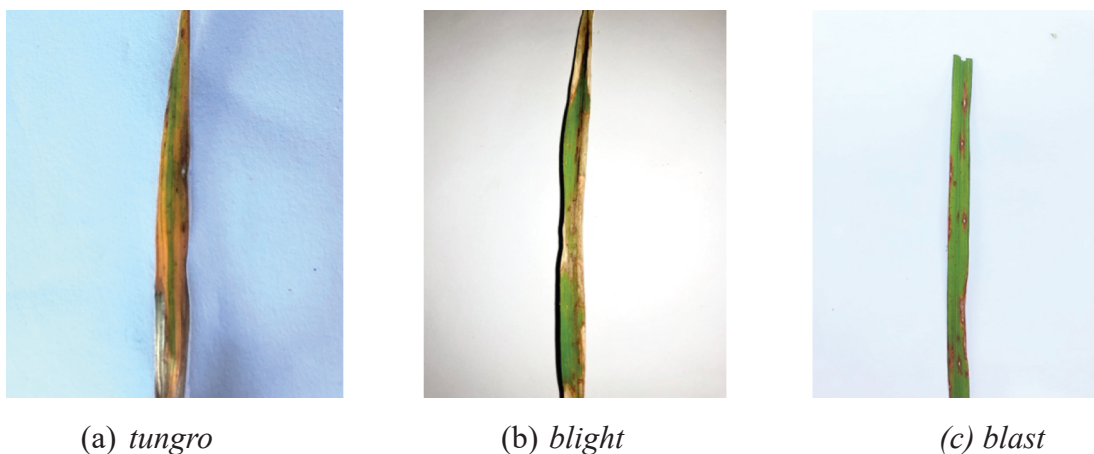
Trong đó, $Accuracy_{vat}$ là độ chính xác xác thực, và các biến đại diện cho các siêu tham số tương ứng được điều chỉnh. Cách tiếp cận có cấu trúc này đảm bảo rằng cấu hình mô hình tốt nhất được xác định một cách có hệ thống, nâng cao hiệu suất tổng thể.

5. Thực nghiệm

Phần thực nghiệm mô tả phương pháp được sử dụng để đánh giá hiệu suất của mô hình CNN được đề xuất trong việc phân loại các bệnh trên lá lúa. Phần này cung cấp thông tin về bộ dữ liệu sử dụng, quy trình huấn luyện, các chỉ số đánh giá, và việc triển khai các kỹ thuật tối ưu hóa siêu tham số.

5.1 Dữ liệu sử dụng

Bộ dữ liệu trong nghiên cứu này là Rice Leaf Disease bao gồm 120 ảnh JPEG của lá lúa, được chia thành ba nhóm bệnh: tungro, blast và blight (RiceLeafDisease Dataset, 2024). Mỗi nhóm bao gồm 40 ảnh, đảm bảo sự phân bố cân bằng giữa các bệnh. Các hình ảnh được chụp dưới nhiều điều kiện khác nhau, điều này giúp tăng cường khả năng tổng quát của mô hình và làm cho mô hình hoạt động tốt hơn trong các tình huống khác nhau. Sự đa dạng này giúp mô hình CNN học được những đặc điểm phân biệt cho mỗi loại bệnh, từ đó cải thiện hiệu suất của mô hình trong các ứng dụng thực tế.



Hình 1. Một số ảnh trong tập dữ liệu RiceLeafDisease

Trước khi huấn luyện mô hình CNN, các bước tiền xử lý đã được thực hiện để tối ưu hóa bộ dữ liệu. Đầu tiên, tất cả các ảnh được thay đổi kích thước thành một kích thước đồng nhất là 224×224 pixel, đảm bảo tính nhất quán về kích thước đầu vào cho mô hình. Sau đó, giá trị các pixel được chuẩn hóa về phạm vi $[0, 1]$, giúp tăng tốc quá trình huấn luyện và ổn định số học. Hơn nữa, các kỹ thuật tăng cường dữ liệu như xoay, lật và phóng to đã được áp dụng để mở rộng kích thước hiệu quả của bộ dữ liệu. Những phương pháp này không chỉ làm tăng số lượng dữ liệu huấn luyện mà còn giúp mô hình học được các đặc điểm tổng quát hơn, từ đó nâng cao hiệu suất của nó khi làm việc với dữ liệu chưa thấy.

5.2 Kịch bản 1: Mô hình CNN mặc định

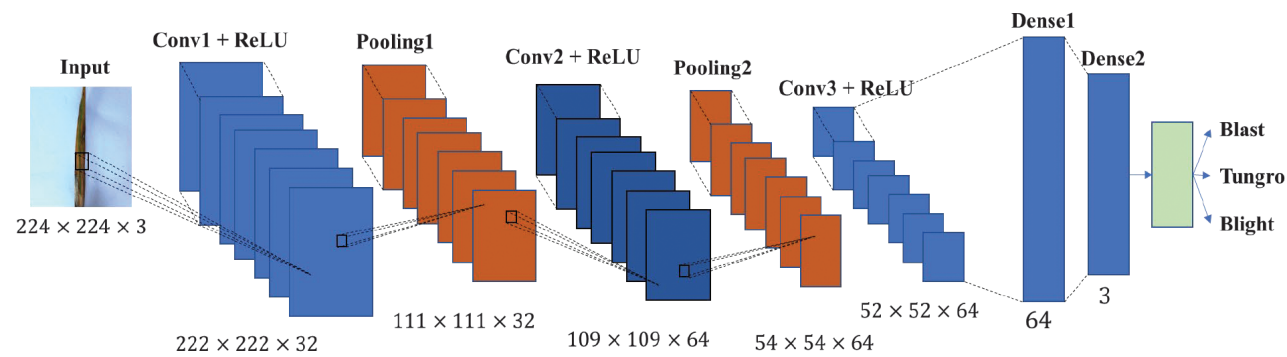
Mô hình CNN được huấn luyện sử dụng một bộ tham số có cấu trúc tốt nhằm tối đa hóa hiệu suất của nó. Ban đầu, bộ dữ liệu được chia thành một bộ dữ liệu huấn luyện (80%) và bộ dữ liệu xác nhận (20%) thông qua phương pháp lấy mẫu phân tầng, đảm bảo rằng mỗi lớp bệnh được đại diện một cách tỷ lệ. Phương pháp này giúp duy trì sự cân bằng, điều này rất quan trọng để huấn luyện mô hình hiệu quả. Kích thước lô (*batch size*) được chọn là

32, cung cấp sự cân bằng tối ưu giữa việc sử dụng bộ nhớ và tốc độ huấn luyện. Mô hình được huấn luyện trong 100 epoch, với việc áp dụng kỹ thuật dừng sớm để tránh quá khớp (*overfitting*), dựa trên việc theo dõi mất mát trên bộ dữ liệu xác nhận. Phương pháp này không chỉ cải thiện khả năng tổng quát của mô hình mà còn tăng cường độ bền khi áp dụng cho dữ liệu chưa thấy.

Trong thí nghiệm này, một Mạng nơ-ron chập được thiết kế đặc biệt để phân loại các hình ảnh lá lúa bị ảnh hưởng bởi các bệnh như tungro, blast và blight. Kiến trúc mô hình theo dạng tuần tự, bắt đầu với lớp đầu vào nhận các hình ảnh có kích thước 224×224 pixel với ba kênh màu (RGB). Lớp chập đầu tiên (*Convolutional Layer*) sử dụng 32 bộ lọc kích thước 3×3 với hàm kích hoạt ReLU. Sau đó là một lớp giảm kích thước tối đa (*Max Pooling Layer*) giúp giảm một nửa kích thước bản đồ đặc trưng (*feature map*). Lớp chập thứ hai sử dụng 64 bộ lọc kích thước 3×3 và hàm kích hoạt ReLU, tiếp theo là một lớp giảm kích thước tối đa khác để tiếp tục giảm kích thước. Lớp chập thứ ba, cũng với 64 bộ lọc và kích thước 3×3 , tiếp tục quá trình với hàm kích hoạt ReLU. Kết quả đầu ra sau đó được làm phẳng thành một vector 1 chiều thông qua lớp làm

phẳng (*Flatten Layer*), và được đưa qua một lớp kết nối đầy đủ (*Dense Layer*) với 64 đơn vị và hàm kích hoạt ReLU. Cuối cùng, đầu ra

của mô hình được tạo ra bởi lớp đầu ra với 3 đơn vị và hàm kích hoạt softmax, cho ra xác suất của các lớp bệnh tương ứng.



Hình 2. Kiến trúc mô hình CNN

Mô hình được tối ưu hóa sử dụng *Adam optimizer* và sử dụng *sparse categorical cross-entropy* làm hàm mất mát (*loss function*). Việc lựa chọn Adam optimizer giúp cải thiện tốc độ hội tụ và điều chỉnh tốc độ học trong suốt quá trình huấn luyện, trong khi *sparse categorical cross-entropy* là sự lựa chọn phổ biến trong các bài toán phân loại đa lớp, đặc biệt khi các lớp

là rời rạc và không có mã hóa *one-hot*.

Một bản tóm tắt về kiến trúc của mô hình CNN được tạo ra và lưu lại dưới dạng hình ảnh để tham khảo và tài liệu hóa sau này. Điều này giúp dễ dàng theo dõi các thay đổi trong cấu trúc của mô hình trong các thí nghiệm sau và làm tài liệu tham khảo cho việc cải tiến mô hình.

Bảng 1. Tóm tắt về Kiến trúc mô hình CNN mặc định

Layer (type)	Output Shape	Param #
conv2d_3 (Conv2D)	(None, 222, 222, 32)	896
max_pooling2d_2 (MaxPooling2D)	(None, 111, 111, 32)	0
conv2d_4 (Conv2D)	(None, 109, 109, 64)	18,496
max_pooling2d_3 (MaxPooling2D)	(None, 54, 54, 64)	0
conv2d_5 (Conv2D)	(None, 52, 52, 64)	36,928
flatten_1 (Flatten)	(None, 173056)	0
dense_2 (Dense)	(None, 64)	11,075,648
dense_3 (Dense)	(None, 3)	195

5.3 Kịch bản 2: Tối ưu hóa siêu tham số

Để nâng cao hiệu suất của mô hình CNN, chúng tôi đã sử dụng Keras Tuner với phương

pháp Tìm kiếm ngẫu nhiên, tập trung vào việc tinh chỉnh các siêu tham số quan trọng. Những yếu tố này bao gồm số lượng bộ lọc trong các

lớp tích chập, số lượng đơn vị trong lớp được kết nối đầy đủ và tốc độ học của trình tối ưu hóa. Thông qua tìm kiếm có hệ thống trên nhiều kết hợp siêu tham số khác nhau, mục tiêu là xác định cấu hình tối đa hóa độ chính xác xác thực, do đó cải thiện hiệu quả phân loại của mô hình đối với các bệnh về lá lúa.

Trong Kịch bản 2, chúng tôi đã phát triển một mô hình CNN có thể tùy chỉnh bằng cách sử dụng Keras Tuner để tối ưu hóa các siêu tham số chính. Kiến trúc bao gồm ba lớp tích chập, với số lượng bộ lọc thay đổi từ 32 đến 128, cho phép trích xuất tính năng linh hoạt. Mỗi phép tích chập được theo sau bởi một lớp gộp tối đa

để giảm kích thước không gian. Mô hình cũng bao gồm một lớp được kết nối đầy đủ, với số lượng đơn vị dày đặc có thể điều chỉnh giữa 32 và 128, và một lớp đầu ra được thiết kế riêng cho ba loại: tungro, blast và blight.

Mô hình được biên dịch với trình tối ưu hóa Adam và entropy chéo phân loại thừa thớt làm hàm mất mát, khiến nó phù hợp với phân loại đa lớp. Phương pháp Tìm kiếm ngẫu nhiên được sử dụng để điều chỉnh siêu tham số, với mục đích tối đa hóa độ chính xác xác thực. Phương pháp này cho phép chúng tôi khám phá nhiều cấu hình khác nhau thông qua 10 lần thử nghiệm, tối ưu hóa hiệu suất của mô hình.

Bảng 2. Tóm tắt về Kiến trúc Mô hình CNN được tối ưu hoá siêu tham số

Layer (type)	Output Shape	Param #
conv2d (Conv2D)	(None, 222, 222, 64)	1,792
max_pooling2d (MaxPooling2D)	(None, 111, 111, 64)	0
conv2d_1 (Conv2D)	(None, 109, 109, 128)	73,856
max_pooling2d_1 (MaxPooling2D)	(None, 54, 54, 128)	0
conv2d_2 (Conv2D)	(None, 52, 52, 32)	36,896
flatten (Flatten)	(None, 86528)	0
dense (Dense)	(None, 128)	11,075,712
dense_1 (Dense)	(None, 3)	387

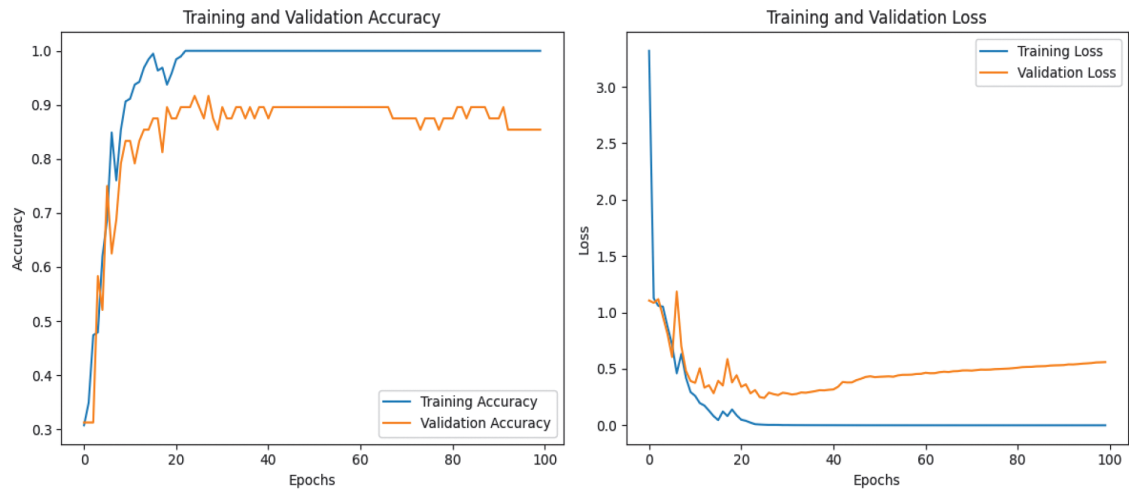
Mô hình CNN được cấu trúc với nhiều lớp được tối ưu hóa cho phân loại hình ảnh. Nó bắt đầu với một lớp tích chập (Conv2D) chứa 32 bộ lọc, theo sau là một lớp gộp tối đa để giảm kích thước không gian của bản đồ đặc điểm. Sau đó, một lớp tích chập khác với 64 bộ lọc được áp dụng, theo sau là một lớp gộp tối đa khác và một lớp tích chập thứ ba, cũng với 64 bộ lọc. Các bản đồ đặc điểm

do các lớp tích chập tạo ra sau đó được làm phẳng thành một vector một chiều, được truyền qua một lớp dày đặc với 64 đơn vị. Cuối cùng, mô hình kết thúc bằng một lớp đầu ra phân loại hình ảnh thành một trong ba loại: tungro, blast hoặc blight. Mô hình có tổng cộng 11.132.163 tham số, phản ánh độ phức tạp và khả năng trích xuất các đặc điểm chi tiết để phân loại chính xác.

6. Kết quả

Trong Kịch bản 1, mô hình đạt được độ chính xác xác thực là 85,42%, với mức mất xác thực tương ứng là 56%. Khi được đánh giá trên bộ kiểm tra, độ chính xác kiểm tra

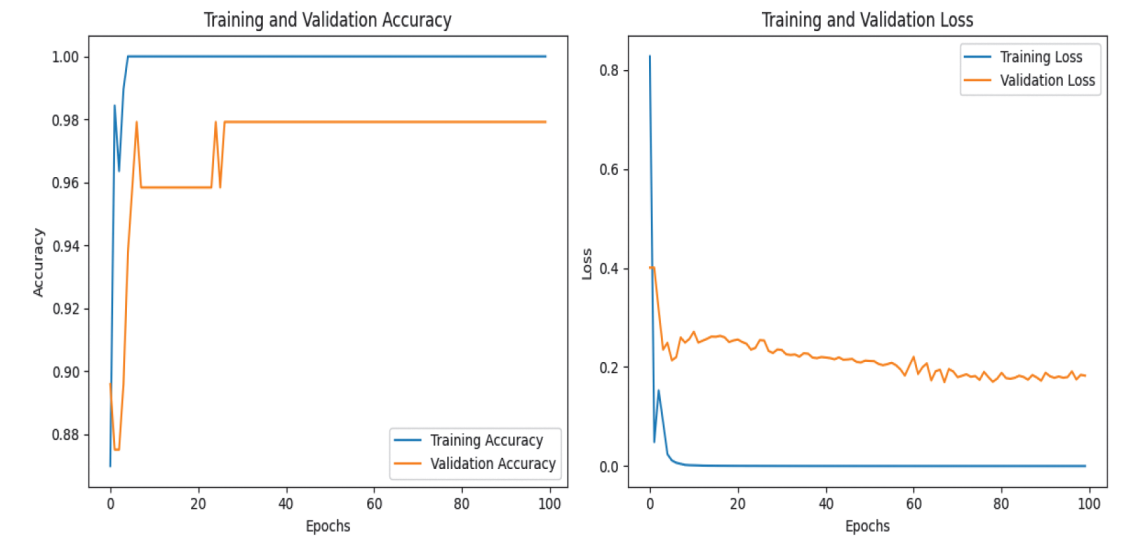
vẫn nhất quán ở mức 85,42%. Hiệu suất này làm nổi bật khả năng phân loại hình ảnh hiệu quả của mô hình, mặc dù có một sự sụt giảm nhỏ về độ chính xác trong các giai đoạn xác thực và kiểm tra.



Hình 3. Độ chính xác/Mất mát trong quá trình đào tạo và xác thực - Kịch bản 1: Mô hình CNN mặc định

Trong Kịch bản 2, mô hình được tối ưu hóa đạt được độ chính xác xác thực là 97,92% trong lần thử nghiệm thứ 5, cho thấy hiệu suất mạnh mẽ của nó trong phân loại bệnh thực vật. Các siêu tham số tốt nhất được xác định là 96 bộ lọc cho lớp tích chập đầu tiên, 128 bộ

lọc cho cả lớp tích chập thứ hai và thứ ba và 64 đơn vị trong lớp được kết nối đầy đủ. Độ chính xác kiểm tra của mô hình là 92%, xác nhận thêm tính mạnh mẽ và độ tin cậy của nó trong nhiệm vụ phân loại này.



Hình 4. Độ chính xác/Mất mát của đào tạo và xác thực - Kịch bản 2: Tối ưu hóa siêu tham số

7. Thảo luận và kết luận

Những phát hiện của nghiên cứu này làm nổi bật hiệu quả đáng kể của các mô hình Mạng nơ-ron tích chập được tối ưu hóa trong việc phân loại chính xác hình ảnh bệnh thực vật, đặc biệt là các bệnh trên lá lúa. Các kết quả thu được từ việc áp dụng các kỹ thuật tối ưu hóa siêu tham số cho mô hình CNN cho thấy sự cải thiện rõ rệt về độ chính xác khi so với các mô hình chưa được tối ưu hóa. Những số liệu hiệu suất thu được trong nghiên cứu này phù hợp với những kết quả được quan sát trong các nghiên cứu trước đây, điều này càng củng cố thêm tầm quan trọng của việc điều chỉnh và tối ưu hóa các siêu tham số trong quá trình huấn luyện mô hình học sâu. Đặc biệt, các tham số như số lượng lớp tích chập, kích thước của bộ lọc, tỷ lệ học, và số lượng đơn vị trong lớp kết nối đầy đủ đã đóng góp rất lớn vào việc cải thiện độ chính xác của mô hình.

Việc tối ưu hóa siêu tham số không chỉ giúp nâng cao hiệu suất của mô hình mà còn giúp giảm thiểu hiện tượng quá khớp, vốn là một vấn đề thường gặp khi huấn luyện các mô hình học sâu với các bộ dữ liệu nhỏ. Những kết quả này càng trở nên quan trọng trong bối cảnh nông nghiệp chính xác, nơi việc phát hiện sớm và chính xác các bệnh trên cây trồng có thể giúp nông dân thực hiện các biện pháp can thiệp kịp thời, từ đó giảm thiểu tổn thất do bệnh tật và nâng cao năng suất cây trồng. Ví dụ, việc phát hiện bệnh như Tungro, Blast, và Blight trên lá lúa có thể giúp đưa ra các biện pháp phòng ngừa hoặc điều trị sớm, tránh sự lây lan và giúp bảo vệ mùa màng hiệu quả hơn.

Nghiên cứu cũng chỉ ra rằng mô hình CNN có thể là một công cụ mạnh mẽ trong việc phân loại bệnh thực vật, đặc biệt khi được tối ưu hóa với các kỹ thuật như Keras Tuner và

các phương pháp tìm kiếm siêu tham số như Random Search. Điều này mở ra cơ hội lớn để triển khai các hệ thống tự động hỗ trợ nông dân trong việc giám sát sức khỏe cây trồng và phát hiện bệnh một cách nhanh chóng và chính xác hơn.

Trong tương lai, các nghiên cứu tiếp theo có thể mở rộng tập dữ liệu để bao gồm nhiều loại bệnh thực vật khác nhau, nhằm gia tăng tính đa dạng và phong phú của dữ liệu huấn luyện, từ đó nâng cao khả năng tổng quát của mô hình. Việc kết hợp các phương pháp học chuyển giao cũng là một hướng đi đầy hứa hẹn, khi các mô hình đã được huấn luyện trên các tập dữ liệu lớn và đa dạng có thể giúp cải thiện hiệu suất phân loại trên các bộ dữ liệu nhỏ hơn, chẳng hạn như bộ dữ liệu các bệnh thực vật trên cây lúa. Bằng cách này, mô hình có thể học được các đặc trưng chung và đặc trưng riêng biệt từ các nguồn dữ liệu khác nhau, từ đó cải thiện khả năng phân loại chính xác các bệnh trên cây trồng trong môi trường thực tế.

Ngoài ra, việc tích hợp các kỹ thuật học sâu tiên tiến như học sâu đa nhiệm (*multi-task learning*) hoặc học tự giám sát (*self-supervised learning*) cũng có thể là một hướng nghiên cứu thú vị để cải thiện chất lượng và độ chính xác của các mô hình phân loại bệnh thực vật, đặc biệt là khi số lượng hình ảnh bệnh là hạn chế hoặc không đầy đủ. Những cải tiến này có thể giúp mô hình phân loại không chỉ chính xác hơn mà còn có thể áp dụng cho nhiều loại cây trồng khác nhau, mở rộng phạm vi ứng dụng của các hệ thống phát hiện bệnh trong nông nghiệp chính xác.

Những kết quả của nghiên cứu này không chỉ khẳng định vai trò quan trọng của việc tối ưu hóa mô hình trong phân loại bệnh thực vật mà còn mở ra nhiều hướng nghiên cứu và ứng

dụng mới trong tương lai, từ đó tạo điều kiện thuận lợi cho việc phát triển các công cụ hỗ trợ nông nghiệp thông minh và hiệu quả hơn.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- [1] Ferentinos, K. P. (2018). Deep Learning Models for Plant Disease Detection and Diagnosis. *Computers and Electronics in Agriculture*, 145, 311-318.
- [2] Gonzalez, J. A., Sola, I., & Gonzalez, F. (2020). A Guide to Hyperparameter Optimization with Keras Tuner. *Journal of Machine Learning Research*, 21(1), 1-4.
- [3] Hutter, F., Hoos, H. H., & Leyton-Brown, K. (2019). Automated Configuration in Machine Learning: A Comprehensive Review. *Artificial Intelligence*, 276, 1-38.
- [4] Kumar, A., Singh, A., & Verma, S. (2021). A Review on Machine Learning Approaches for Plant Disease Detection. *International Journal of Computer Applications*, 182(14), 10-15.
- [5] Mohanty, S. P., Hughes, D. P., & Salathé, M. (2016). Using Deep Learning for Image-Based Plant Disease Detection. *Frontiers in Plant Science*, 7, 1419.
- [6] Oktay, O., Schlemper, J., Le Folgoc, L., Lee, M., & et al. (2018). Keras Tuner: A Python Library for Hyperparameter Optimization of Keras Models. *arXiv preprint arXiv:1807.01699*.
- [7] Shorten, C., & Khoshgoftaar, T. M. (2019). A Survey on Image Data Augmentation for Deep Learning. *Journal of Big Data*, 6(1), 60.
- [8] Yosinski, J., Clune, J., Nguyen, A., Fuchs, T., & Lipson, H. (2014). Transfer Learning by Adaptation in Deep Learning. *Advances in Neural Information Processing Systems*, 27.
- [9] Zhang, S., Zhang, D., & Guo, Y. (2022). Deep Learning in Agriculture: A Review. *Computers and Electronics in Agriculture*, 194, 106632.
- [10] RiceLeafDisease Dataset. (2024). Rice leaf disease classification dataset. Available at: <https://www.kaggle.com/dataset-url>