

基于 U-net 和可见光谱图像的黄瓜褐斑病分割

王翔宇¹, 李海生¹, 吕丽君¹, 韩丹枫¹, 王梓强^{2*}

1. 长治学院电子信息与物理系, 山西 长治 046011

2. 承德石油高等专科学校工业技术中心, 河北 承德 067000

摘要 褐斑病是黄瓜主要真菌性病害之一, 适宜条件下, 特别是在昼夜温差大及饱和湿度条件下发病迅速, 病情加重, 导致黄瓜减产, 造成经济损失。对黄瓜褐斑病进行病斑分割与提取, 可以为后续的危害识别与诊断提供有效依据, 具有重要意义。结合黄瓜褐斑病可见光谱图像, 利用 U-net 深度学习网络构建黄瓜褐斑病语义分割模型, 实现了病斑分割。首先在采集到的黄瓜褐斑病可见光谱图像中截取病斑较为突出的区域作为样本, 共在 40 幅图像中截取到 135 个像素区域, 区域的像素分辨率为 200×200 , 利用 Matlab 的 Image Labeler 工具对样本进行像素标记, 分别标记出感病区域和健康区域。然后构建 U-net 网络, 该网络包含 46 层和 48 个连接, 通过卷积层和线性整流层以及最大池化法来完成病斑特征提取, 通过深度连接层以及上卷积层和上线性整流层完成上采样, 通过跳层连接来完成复制和剪裁操作, 并进行病斑特征融合。利用所构建的 U-net 网络进行学习训练得到语义分割模型, 在 135 个样本中, 随机选取其中 96 个作为训练样本, 剩余的 39 个作为测试样本, 设置迭代次数为 240 次, L2 正则化系数为 0.000 1, 初始学习率为 0.05, 动量参数为 0.9, 梯度阈值为 0.05, 进行样本训练和测试。经过 10 次重复训练和测试, 结果表明, 基于 U-net 和可见光谱图像的黄瓜褐斑病语义分割模型执行时间平均为 46.4 s, 内存占用平均为 6 665.8 MB, 执行效率较高; 模型准确率 PA 为 96.23%~97.98%, MPA 为 97.28%~97.87%, MIoU 为 86.10%~91.59%, FWIoU 为 93.33%~96.19%, 模型的稳定性较好、泛化能力较强。该研究方法利用较少的训练样本, 获得了准确率较高的分割模型, 为小样本机器学习提供了参考, 同时为其他蔬菜的病斑分割、病害识别与诊断提供了方法依据。

关键词 U-net 网络; 可见光谱; 黄瓜褐斑病; 深度学习; 语义分割

中图分类号: TP183 **文献标识码:** A **DOI:** 10.3964/j.issn.1000-0593(2021)05-1499-06

引言

黄瓜褐斑病, 又称靶斑病 (Target leaf spot), 是黄瓜主要的真菌性叶斑病之一^[1]。该病由多主棒孢霉 (*Corynespora cassicola*) 侵染引起, 发病初期在叶面出现黄色小斑点, 中期扩大为圆形或不规则形状的褐色病斑, 后期病斑面积扩大且颜色呈灰褐色, 发病率一般为 20%~40%, 严重时达 60%~70%, 导致落叶率提高, 造成黄瓜大面积减产, 给农户带来巨大的经济损失^[2-4]。植物病斑的准确分割为后续的危害识别与诊断提供了有效依据, 具有重要意义。

目前的病斑分割方法主要包括数字图像处理和深度学习两种方法^[5]。数字图像处理方法众多, 已经发展成熟。白雪

冰等^[6]利用小波降噪和分水岭算法提取目标叶片, 然后利用 Otsu 算法完成了黄瓜白粉病病斑分割。有研究结合可见光谱图像的 ExR, H 和 b^* 三种颜色特征, 利用 CVCF 方法和形态学操作, 获得了黄瓜霜霉病斑的分割结果。有报道结合黄瓜叶片 FTIR 光谱和聚类分析, 完成了褐斑病的检测。深度学习方法是一种新兴的机器学习算法, 近几年才逐步应用于实践中^[7-9]。深度学习能够自动提取图像特征, 已经在图像识别^[10-11]、故障诊断^[12-13]、遥感^[14]、医学^[15]等领域得到应用。任守纲等^[5]利用反卷积引导的 VGG 网络完成了番茄叶部病斑分割, 模型分割准确率达 94.66%。杨森等^[16]利用 Faster R 卷积神经网络完成了马铃薯早疫病、晚疫病、炭疽病的识别, 在特定光照条件下的平均识别准确率达 90.83%。薛勇等^[17]利用 GoogLeNet 深度迁移模型完成了苹果缺陷检

收稿日期: 2020-09-06, 修订日期: 2020-12-27

基金项目: 山西省高等学校科技创新项目 (2019L0907), 国家自然科学基金项目 (31271618) 资助

作者简介: 王翔宇, 1989 年生, 长治学院电子信息与物理系讲师 e-mail: wangxiangyu8@126.com

* 通讯作者 e-mail: cdpc_wzq@cdpc.edu.cn

测,为苹果自动分级提供了方法。

利用数字图像处理完成目标分割需要人为提取大量的特征集,当手动为一个复杂任务设计特征集时需要耗费大量的时间和精力,而且这些特征的确定还需要依赖一定的经验,且具有一定的不确定性,如果特征集选取不当,会导致图像分割结果准确度差^[18]。而深度学习,不需要人为确定特征集,机器可以通过自我学习来实现像素级的特征提取并完成语义分割,对于同等复杂度的任务,其提取特征集的效率更高,且不依赖人为经验,可以节约大量人力和时间^[19-21]。

黄瓜常见病害中,霜霉病、白粉病研究最为多见,而褐斑病研究较少。本研究以黄瓜褐斑病可见光谱图像为研究对象,利用 U-net 深度学习网络提取病斑像素特征,完成病斑的语义分割,为黄瓜褐斑病的识别与诊断提供了有效方法。

1 实验部分

1.1 数据采集

研究所使用的黄瓜褐斑病图像由天津市植物保护研究所提供,采集设备为 Canon PowerShot G15,拍摄参数光圈值 F3.2,曝光时间 1/800 s,ISO-1600,焦距 6 mm,关闭闪光灯。图像分辨率为 2 816×1 880 像素,位深度 24 bit,色彩标准为 sRGB,3 通道。所需图像在实验室条件下完成拍摄,为了更加全面地获取褐斑病病斑特征,图像采取完整叶面和局部叶面相结合、叶正面和叶背面相结合的方法进行拍摄。拍摄图像共计 40 幅,其中包括全叶图像 28 幅(叶正面 14 幅,叶背面 14 幅)和叶片局部图像 12 幅(叶正面 7 幅,叶背面 5 幅)。部分图像如图 1 所示。



图 1 黄瓜褐斑病图像

Fig. 1 Image of cucumber target leaf spot

1.2 图像样本制备

利用 U-net 完成图像语义分割,需要预先进行深度学习样本标记。本研究采用 Matlab 的 Image Labeler 工具进行样本标记。为便于计算机进行深度学习训练,需对 40 幅黄瓜褐斑病原始图像进行预处理。首先在原始图像中截取病斑较为突出的区域作为目标区域,由于目标区域分辨率较大严重影响机器学习速率,因此目标区域的分辨率选定为 200×200 像素以提高学习速率,共在 40 幅原始图像中截取到 135 个像素区域,将这些区域另存为 JPEG 格式的图像。然后对截

取到的 135 个图像进行图像像素标注,给定两个标签集合 Health_area 和 Affected_area。其中,Health_area 代表健康叶片区域,用蓝色进行标注;Affected_area 代表褐斑病区域,用紫色进行标注。标注后导出图像样本,部分样本如图 2 所示。

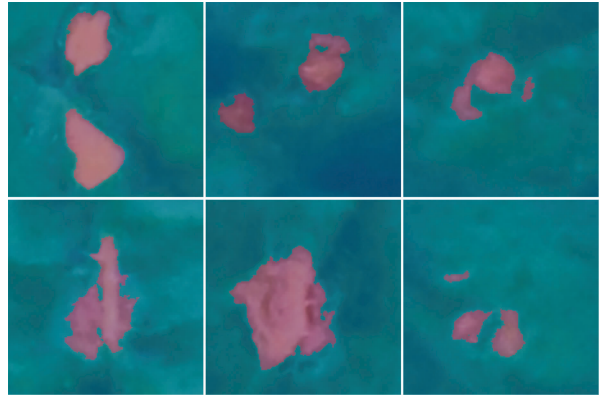


图 2 黄瓜褐斑病图像训练样本标注

Fig. 2 The sample labeling of cucumber target leaf spot

1.3 U-net 网络

U-net 由 Ronneberger 等于 2015 在 MICCAI 上提出,是深度学习网络的一种,U-net 网络是对 FCN 网络的改进。与 FCN 网络相比,U-net 网络加入了跳层连接(Skip connection),使得分割结果可以保留更多的局部细节。U-net 网络结构示意图如图 3 所示。

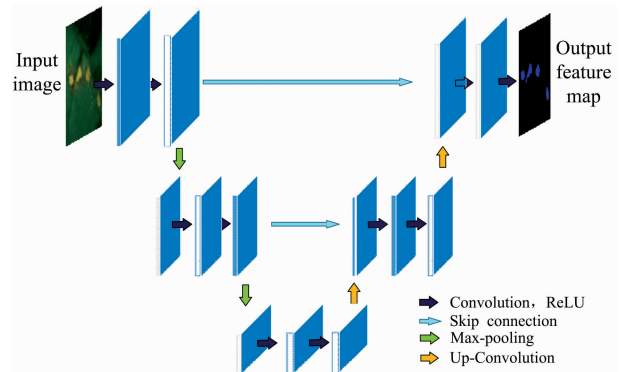


图 3 U-net 网络结构示意图

Fig. 3 U-net architecture diagram

U-net 网络的工作流程主要包括下采样和上采样两部分,如图 3 所示,左侧为下采样过程,右侧为上采样过程。U-net 网络通过最大池化(Max-pooling)来增大感受视野,提取图像最明显的特征,即完成下采样;通过上卷积(Up-convolution)来使图像进行由小分辨率到大分辨率的映射以恢复图像尺寸,即完成上采样。整个网络利用卷积(Convolution)和线性整流函数(ReLU)来完成输入图像(Input image)的采样,并输出特征图(Output feature map)。其中,卷积主要完成图像局部特征的提取,线性整流函数主要完成相关特征的保留,并去掉不相关特征。U-net 网络中引入跳层连接(Skip connection),可以把较浅的卷积层特征引过来,使得网络在

每一级的上采样过程中, 将编码器对应位置的特征图在通道上进行融合, 从而保证了最后恢复出来的图像融合了更多的底层特征和不同规模的特征, 使分割图像保留更多细节信息, 提高了分割精度。

2 结果与讨论

2.1 网络构建

构建的 U-net 网络如图 4 所示。该 U-net 网络总共包含 46 层和 48 个连接。输入层为 200×200 像素的 3 通道可见光谱图像。该网络通过池化操作完成下采样, 池化操作分为平均池化 (Mean-pooling) 和最大池化 (Max-pooling) 两种, 平均池化即对邻域内特征点求平均, 最大池化即对邻域内特征点取最大。在叶片中, 由于病斑区域的像素特征与健康区域的像素特征区别较大, 为了更加显著地提取病斑特征, 采用最大池化来保留病斑区域的纹理特征。下采样过程中, 每一级之间包括 Conv-1 和 Conv-2 两个卷积层以及 ReLU-1 和 ReLU-2 两个线性整流层, 通过卷积层来提取叶片病斑的高层次特征, 通过线性整流层来增加各层之间的非线性关系并缓解过拟合发生。上采样通过深度连接 (depth concatenation) 操作完成, 上采样过程中, 每一级包括 Conv-1 和 Conv-2 两个卷积层, ReLU-1 和 ReLU-2 两个线性整流层, 以及一个 Up Conv 层和一个 Up ReLU 层。同一级的上采样和下采样使用跳层连接来完成复制和剪裁 (Copy&Crop) 操作, 将深层和浅层的特征进行融合, 使叶片病斑的分割图像更加精细, 从而获得更加准确的分割结果。

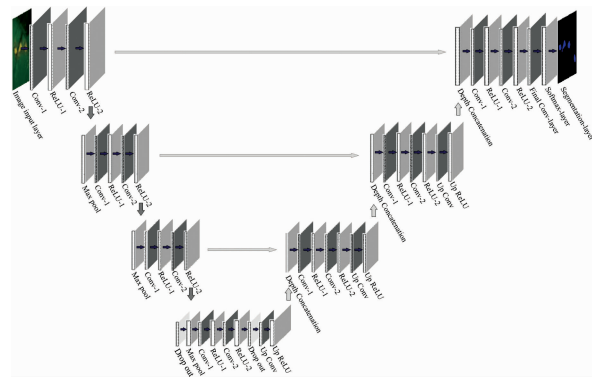


图 4 本研究中使用的 U-net 网络结构

Fig. 4 U-net architecture in this research

2.2 模型训练

利用所构建的 U-net 网络进行训练得到训练模型, U-net 模型具有小样本学习的优势, 能够利用更少的训练样本进行学习, 实现更快速、更有效地分割。训练和测试使用的样本为 1.2 节中所述的 135 个样本, 样本图像大小为 200×200 像素, 3 通道。随机选取其中 96 个作为训练样本, 用于模型训练, 剩余的 39 个作为测试样本, 用于模型测试。模型训练所使用的 GPU 型号为 Nvidia GeForce GTX 1070, 显存 8 GB, 内存带宽 $256.26 \text{ GB} \cdot \text{s}^{-1}$, CUDA 核心 1 920 个, 基础频率 1 506 MHz, 算力 6.1。

为避免产生过学习的情况, 设置最大训练周期 (max epochs) 为 10 轮, 小批量规模 (mini-batch size) 为 4, 则 96 个样本每轮迭代为 24 次, 共计迭代 240 次。设置 L2 正则化系数为 0.000 1, 初始学习率 (initial learning rate) 为 0.05, 动量参数 (momentum) 为 0.9, 梯度阈值 (gradient threshold) 为 0.05。设定好以上参数后, 利用 U-net 网络完成训练, 模型的训练时间、准确度与损失如表 1 所示。

表 1 U-net 模型训练时间、准确度与损失

Table 1 Training time, accuracy and loss of U-net

轮数	迭代次数	训练时间 /s	小批量准确度/%	小批量损失
1	1	2	59.72	2.460 8
1	20	6	98.21	0.106 2
2	40	10	91.00	0.514 9
3	60	14	96.26	0.203 2
4	80	18	98.63	0.039 4
5	100	22	97.13	0.072 7
5	120	25	97.05	0.067 2
6	140	29	97.80	0.055 0
7	160	33	99.27	0.017 9
8	180	37	98.81	0.031 9
9	200	41	98.84	0.031 4
10	220	45	97.96	0.051 2
10	240	48	98.23	0.042 5

由表 1 结果知, 模型训练时间较短, 仅需 48 s 就可以完成 240 次迭代, 且训练完成后, 模型的小批量准确度可达 98.23%, 小批量损失为 0.042 5, 模型准确度较高, 可以用于黄瓜褐斑病的病斑分割。

2.3 分割结果评价

语义分割的评价指标主要包括执行时间、内存占用和准确率三个指标。为更客观地反映出分割模型的效率和泛化能力, 本研究共重复进行 10 次训练来统计模型的运行结果。分割模型的执行时间和内存占用情况如表 2 所示。

表 2 分割模型的执行时间和内存占用

Table 2 Execution time and memory footprint of the segmentation model

序号	执行时间/s	内存占用/MB	序号	执行时间/s	内存占用/MB
1	48	6 704	6	46	6 636
2	46	6 631	7	46	6 636
3	46	6 638	8	46	6 684
4	46	6 694	9	46	6 641
5	47	6 696	10	47	6 698

由表 2 知, 分割模型的执行时间为 46~48 s, 平均执行时间为 46.4 s, 内存占用为 6 631~6 704 MB, 平均内存占用为 6 665.8 MB。模型的执行时间较短, 占用内存较少, 执行效率较高。

除了执行时间和内存占用两个评价指标外, 本研究还利

用 4 种语义分割准确率评价指标进行了分割模型的评价。这 4 种准确率评价指标分别为 PA(pixel accuracy, 像素准确率)、MPA(mean pixel accuracy, 平均像素准确率)、MIoU (mean intersection over union, 平均交并比) 和 FWIoU (frequency weighted intersection over union, 频率加权交并比)。

PA 为像素准确率, 即分类正确的像素点数量和所有像素点数量的比值, 见式(1)

$$PA = \frac{\sum_{i=0}^k p_{ii}}{\sum_{i=0}^k \sum_{j=0}^k p_{ij}} \quad (1)$$

MPA 为平均像素准确率, 即每一类分类正确的像素点数量和该类的所有像素点数量的比值的均值, 见式(2)

$$MPA = \frac{1}{k} \sum_{i=0}^k \frac{p_{ii}}{\sum_{j=0}^k p_{ij}} \quad (2)$$

MIoU 为平均交并比, 即每一类的 IoU 的均值, 见式(3)

$$MIoU = \frac{1}{k+1} \sum_{i=0}^k \frac{p_{ii}}{\sum_{j=0}^k p_{ij} + \sum_{j=0}^k p_{ji} - p_{ii}} \quad (3)$$

FWIoU 为频率加权交并比, 即根据每一类出现的频率对各个类的 IoU 进行加权求和, 见式(4)

$$FWIoU = \frac{1}{\sum_{i=0}^k \sum_{j=0}^k p_{ij}} \sum_{i=0}^k \frac{p_{ii} \sum_{j=0}^k p_{ij}}{\sum_{j=0}^k p_{ij} + \sum_{j=0}^k p_{ji} - p_{ii}} \quad (4)$$

式(1)~式(4)中, p_{ii} 表示本属于 i 类且预测为 i 类的像素点总数; p_{ij} 表示本属于 i 类却预测为 j 类的像素点总数; p_{ji} 表示本属于 j 类却预测为 i 类的像素点总数。

本研究重复进行 10 次训练, 得到的模型准确率统计结果如表 3 所示。

表 3 分割模型的准确率评价

Table 3 Accuracy of the segmentation model

序号	PA/%	MPA/%	MIoU/%	FWIoU/%
1	96.23	97.50	86.10	93.33
2	97.25	97.75	89.21	94.97
3	97.26	97.82	89.26	94.99
4	96.90	97.58	88.07	94.39
5	96.51	97.72	86.96	93.78
6	97.98	97.28	91.59	96.19
7	96.53	97.58	86.97	93.80
8	97.02	97.87	88.51	94.60
9	97.37	97.65	89.57	95.16
10	97.19	97.35	88.95	94.86

由表 3 知, 经过 10 次重复训练, 模型的像素准确率 PA 为 96.23%~97.98%, 平均像素准确率 MPA 为 97.28%~

97.87%, 平均交并比 MIoU 为 86.10%~91.59%, 频率加权交并比 FWIoU 为 93.33%~96.19%, 可知模型的稳定性较好、泛化能力较强。

通过综合比较 10 次训练结果, 第 6 次的训练结果准确率更高, 因此将第 6 次训练的 U-net 网络结构进行存储, 以备后续直接调用。利用训练好的模型进行黄瓜褐斑病图像分割, 结果如图 5 所示。

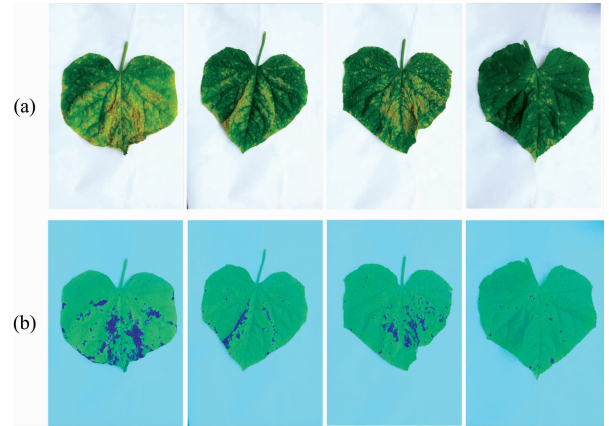


图 5 黄瓜褐斑病分割结果

(a): 原始图像; (b): 病斑分割图像

Fig. 5 Segmentation results of cucumber target leaf spot

(a): Original images; (b): Segmentation images of target leaf spot

根据黄瓜褐斑病的分割结果, 可以得知本研究构建的基于 U-net 的病斑分割模型对于黄瓜褐斑病的分割具有较好的效果。无论是褐斑病早期发生时的面积较小的圆形黄色病斑斑点, 还是晚期感病面积扩大后的不规则形状的褐色病斑, 该模型均能实现准确分割, 因此该分割模型可以适用于黄瓜褐斑病发生初期以及中后期, 且均能起到良好的分割效果。

3 结 论

利用 U-net 深度学习网络, 并结合黄瓜叶片可见光谱图像, 完成了黄瓜褐斑病的像素特征提取与病斑分割, 为黄瓜褐斑病的识别与诊断提供了依据。构建 U-net 网络, 对标定好的黄瓜褐斑病图像样本进行学习训练, 得到分割模型, 然后利用测试样本对模型测试。本研究经过 10 次重复训练和测试并综合分析, 基于 U-net 和可见光谱图像的黄瓜褐斑病分割模型执行时间较短, 平均 46.4 s, 内存占用较少, 平均 6 665.8 MB, 总体执行效率较高; 模型准确率 PA 为 96.23%~97.98%, MPA 为 97.28%~97.87%, MIoU 为 86.10%~91.59%, FWIoU 为 93.33%~96.19%, 结果表明, 模型具有较好的稳定性和较强的泛化能力。本研究通过较少的训练样本, 获得了准确率较高的分割模型, 为小样本机器学习算法提供了参考, 同时为蔬菜病害识别提供了方法依据。

References

- [1] Yu G, Yu Y, Fan H, et al. *Biochemistry Biokhimia*, 2019, 84(8): 963.
- [2] Duan Yabing, Xin Wenjing, Lu Fei, et al. *Pesticide Biochemistry and Physiology*, 2019, 153: 95.
- [3] LI Xiao-hong(李晓红). *China Vegetables (中国蔬菜)*, 2016(3): 66.
- [4] LAN Guo-bing, TAN Yao-hua, HE Zi-fu, et al(蓝国兵, 谭耀华, 何自福, 等). *Plant Protection(植物保护)*, 2012, 38(5): 197.
- [5] REN Shou-gang, JIA Fu-wei, GU Xing-jian, et al(任守纲, 贾馥玮, 顾兴健, 等). *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering(农业工程学报)*, 2020, 36(12): 186.
- [6] BAI Xue-bing, YU Jian-shu, FU Ze-tian, et al(白雪冰, 余建树, 傅泽田, 等). *Spectroscopy and Spectral Analysis(光谱学与光谱分析)*, 2019, 39(11): 3592.
- [7] Zahra Ebrahimi, Mohammad Loni, Masoud Daneshlab, et al. *Expert Systems with Applications: X*, 2020, 7: 1.
- [8] Nicholas Polson, Vadim Sokolov. *Wiley Interdisciplinary Reviews: Computational Statistics*, 2020, 12(5): 1.
- [9] HU Yue, LUO Dong-yang, HUA Kui, et al(胡越, 罗东阳, 花奎, 等). *CAAI Transactions on Intelligent Systems(智能系统学报)*, 2019, 14(1): 1.
- [10] ZHAO Xin-yang, CAI Chao-peng, WANG Si, et al(赵欣洋, 蔡超鹏, 王思, 等). *Light Industry Machinery(轻工机械)*, 2019, 37(3): 60.
- [11] Long J, Shelhamer E, Darrell T. *IEEE Transactions on Pattern Analysis & Machine Intelligence*, 2014, 39(4): 640.
- [12] XU Wen-bo, REN Ya-feng, HAN Bing(徐文博, 任亚峰, 韩冰). *Journal of Mechanical Transmission(机械传动)*, 2020, 44(8): 78.
- [13] LI Xiao-juan, XU Zeng-bing, XIONG Wen, et al(李小娟, 徐增丙, 熊文, 等). *Journal of Vibration and Shock(振动与冲击)*, 2020, 39(15): 25.
- [14] GUO Lin, QIN Shi-yin(郭琳, 秦世引). *Journal of Beijing University of Aeronautics and Astronautics(北京航空航天大学学报)*, 2019, 45(1): 159.
- [15] Paul H Yi, Jinchi Wei, Tae Kyung Kim, et al. *The Knee*, 2019, 27(2): 535.
- [16] YANG Sen, FENG Quan, ZHANG Jian-hua, et al(杨森, 冯全, 张建华, 等). *Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery(农业机械学报)*, 2020, 51(7): 22.
- [17] XUE Yong, WANG Li-yang, ZHANG Yu, et al(薛勇, 王立扬, 张瑜, 等). *Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery(农业机械学报)*, 2020, 51(7): 30.
- [18] Nikos Petrellis. *Symmetry-basel*, 2018, 10(7): 270.
- [19] Ruihui Mu, Xiaoqin Zeng. *KSI Transactions on Internet and Information Systems*, 2019, 13(4): 1738.
- [20] Yi Zhike, Chang Tao, Li Shuai, et al. *IEEE Access*, 2019, 7: 69184.
- [21] Zhang Sanxing, Ma Zhenhuan, Zhang Gang, et al. *Symmetry-basel*, 2019, 12(3): 427.

Segmentation of Cucumber Target Leaf Spot Based on U-Net and Visible Spectral Images

WANG Xiang-yu¹, LI Hai-sheng¹, LÜ Li-jun¹, HAN Dan-feng¹, WANG Zi-qiang^{2*}

1. Department of Electronic Information and Physics, Changzhi University, Changzhi 046011, China

2. Industrial Technology Center, Chengde Petroleum College, Chengde 067000, China

Abstract Target leaf spot is one of the main fungous diseases of cucumber. Under suitable conditions, especially under the conditions of the large temperature difference between day and night or saturated humidity, the disease develops rapidly, leads to the reduction of cucumber yield and brings economic losses. The cucumber target leaf spot segmentation can provide an effective basis for the identification and diagnosis of cucumber disease, which has great significance. In this study, a cucumber spectral image was taken as the research object, and U-net deep learning network was utilized to construct the semantic segmentation model for cucumber target leaf spot segmentation. Firstly, the regions with more prominent lesions in the visible spectrum images were selected for training and testing. We captured 135 regions out of 40 images as samples, and each region was 200×200 pixel. The Image labeler tool of Matlab was used to label the samples to mark the affected area and the healthy area. Then, the U-net network was constructed, which contains 46 layers and 48 connections. The cucumber target leaf spots' feature extraction is completed by convolution layer, ReLU layer and max-pooling. The upsampling is completed by deep connection layer, up convolution layer and up-ReLU. The copy and crop operations and feature fusion are completed by skip connection.

The U-net was used for training to get the semantic segmentation model. From 135 samples, 96 were randomly selected as training samples and the remaining 39 as test samples. Set the iterations 240, L2 regularization coefficient 0.000 1, initial learning rate 0.05, momentum parameter 0.9, gradient threshold 0.05, and then utilize the samples for training and testing. After 10 repeated training and testing, the results showed that the average execution time of the semantic segmentation model based on U-net and visible spectrum images was 46.4 s. The average memory occupation was 6 665.8 MB, and it shows that the model has a high execution efficiency. The pixel accuracy of the model was 96.23% ~ 97.98%, mean pixel accuracy was 97.28% ~ 97.87%, mean intersection over union was 86.10% ~ 91.59%, frequency weighted intersection over union was 93.33% ~ 96.19%. It shows that the model has good stability and strong generalization ability. This research used less training samples to obtain a segmentation model with high accuracy, which provides a reference for small sample machine learning and provides a method basis for other vegetable disease spot segmentation, disease identification and diagnosis.

Keywords U-net work; Visible spectrum; Cucumber target leaf spot; Deep learning; Semantic segmentation

(Received Sep. 6, 2020; accepted Dec. 27, 2020)

* Corresponding author