

Streszczenie

W ostatnim czasie obserwujemy znaczący wzrost znaczenia metod uczenia maszynowego (UM) i widzenia komputerowego (WK) w coraz większej liczbie obszarów badań podstawowych i problemów aplikacyjnych. Biorąc pod uwagę zrównoważony rozwój i dobrostan ludzi, rolnictwo jest jednym z kluczowych obszarów zastosowania metod UM/WK. Analiza biosystemów owadów, tematycznie związana z rolnictwem, jest ważnym obszarem badawczym dla metod UM/WK zarówno pod względem luk badawczych, jak i wysokiego potencjału aplikacyjnego. Zadaniem metod UM/WK w kontekście biosystemów jest ich fenotypowanie, czyli obliczanie wysokoinformatywnych współczynników charakteryzujących dany biosystem. W pracy doktorskiej skupiono się na biosystemach pszczoły miodnej i mącznika młynarka.

W literaturze możemy odnaleźć znaczącą liczbę prac rozwiązujących kolejne problemy aplikacyjne dla precyzyjnej hodowli owadów. Jednakże na poziomie opracowywania efektywnych i odpornych metod UM nadal odnajdziemy luki badawcze. Problem słabo reprezentowanych zbiorów danych [RG1] oraz gęstych scen [RG2] jest często spotykany przy rozwijaniu metod UM dla fenotypowania biosystemów owadów i wiąże się z trudnością uzyskania reprezentatywnego zbioru danych przy racjonalnym czasie spędzonym na etykietowanie. W większości prac badacze skupiali się tylko na procesie treningu i ewaluacji modeli UM przy założeniu posiadania reprezentatywnego zbioru danych, omijając bardzo istotny etap efektywnego opracowywania reprezentatywnego zbioru danych. Artykuły również nie uwzględniały metod nadzorowania działania modeli i ich adaptacji w czasie produkcji [RG3], co w kontekście występującej zmienności biosystemów w czasie jest zagadnieniem znaczącym. Należy również zwrócić uwagę na to, że spora liczba rozwiązań z obszaru fenotypowania biosystemów owadów opiera się na gotowych modelach i nadal zasadnym obszarem badań są metody dedykowane problemom fenotypowania biosystemów owadów łącznie z zagadnieniem uwzględniania wiedzy dziedzinowej [RG4]. Wymagania odnośnie czasu wnioskowania bliskiego rzeczywistego dla rozważanych problemów faworyzują rozwiązania o małej złożoności. Metody redukcji złożoności i czasu wnioskowania [RG5] są kolejnym ważnym zagadnieniem wymagającym badań. W literaturze przeważająca liczba prac opiera się na fenotypowaniu biosystemów owadów na poziomie populacji bez uwzględniania indywidualnej charakterystyki osobników. Fenotypowanie na poziomie osobników [RG6] stanowi kolejną lukę badawczą.

Jednocześnie w literaturze odnajdziemy również uniwersalne metody uczenia maszynowego, które mogą okazać się pomocne przy rozwijaniu dedykowanych rozwiązań dla fenotypowania biosystemów owadów. Generowane obrazy syntetyczne, stanowiące specjalny rodzaj augmentacji, umożliwiają skrócenie czasu spędzonego na adnotację. Uczenie częściowo-nadzorowane pozwala uwzględnić próbki nieetykietowane w treningu lub adaptacji modelu,

10. 08. 2024

Paweł Majewski

zwiększając ostateczną efektywność modelu. Technika transferu wiedzy daje podstawę do treningu nowego modelu na bazie predykcji innego modelu lub metody, redukując ostateczną złożoność rozwiązania. Architektury end-to-end stanowią skondensowane rozwiązania pod konkretne problemy aplikacyjne. Znaczne postępy w re-identyfikacji są zauważalne dla kolejnych rodzajów obiektów, również zwierząt.

Biorąc pod uwagę omówione luki badawcze oraz stan wiedzy, sformułowano następującą hipotezę badawczą: 'Metody uczenia maszynowego wykorzystujące obrazy syntetyczne, uczenie częściowo-nadzorowane, transfer wiedzy oraz architektury end-to-end umożliwiają opracowywanie modeli dedykowanych dla fenotypowania biosystemów owadów, które są bardziej efektywne, łatwiejsze w rozwijaniu i utrzymaniu oraz charakteryzują się krótszym czasem wnioskowania w porównaniu do aktualnie wykorzystywanych metod uczenia maszynowego' oraz cele badań: [O1] opracowanie metody umożliwiającej szybsze rozwijanie metod UM do fenotypowania biosystemów owadów, włączając w to generowanie obrazów syntetycznych oraz uczenie częściowo nadzorowane, [O2] opracowanie metody umożliwiającej bardziej efektywne utrzymanie modeli UM w czasie produkcji dla fenotypowania biosystemów owadów, włączając w to metody detekcji efektu przesunięcia domeny (lub dryftu koncepcji) oraz metody adaptacji, [O3] opracowanie metody umożliwiającej redukcję złożoności (czasu wnioskowania) metod UM do fenotypowania biosystemów owadów, włączając w to transfer wiedzy oraz modele end-to-end, [O4] opracowanie metody umożliwiającej wprowadzanie wiedzy dziedzinowej (a priori) w proces opracowania, utrzymania oraz wnioskowania metod UM do fenotypowania biosystemów owadów oraz [O5] opracowanie metody umożliwiającej fenotypowanie biosystemów owadów na poziomie osobników (w przeciwieństwie do populacji), włączając w to re-identyfikację oraz wykrywanie wzorców zachowania.

Dysertacja doktorska jest w formie cyklu sześciu powiązanych tematycznie artykułów naukowych opublikowanych w czasopiśmie naukowych lub w recenzowanych materiałach z konferencji międzynarodowych oraz jednego artykułu, który aktualnie jest w trakcie recenzji. Zawarte artykuły w dysertacji obejmują wspólną problematykę fenotypowania biosystemów owadów.

Artykuł [A1] (*Multipurpose monitoring system for edible insect breeding based on machine learning*) zaproponował 3-modułowy system do monitoringu hodowli mącznika młynarka. Pierwszy moduł był oparty o model Mask-CNN i służył do segmentacji instancyjnej stadiów rozwojowych mącznika młynarka (larwa żywa, poczwarka, chrząszcz) oraz anomalii (larwa martwa, szkodnik). Drugi moduł był oparty o model U-Net i był związany z segmentacją semantyczną wyniki chitynowej oraz paszy. Trzeci moduł odpowiadał za obliczanie wskaźników wielkościowych larw (długość, objętość) na poziomie osobników oraz całej populacji. Do treningu modeli UM wykorzystano obrazy syntetyczne z automatycznie generowanymi etykietami, co znacznie zmniejszyło czas etykietowania [O1] obrazów reprezentujących gęste sceny [RG2].

W artykule [A2] (*Prediction of the remaining time of the foraging activity of honey bees using spatio-temporal correction and periodic model re-fitting*) opracowano model predykcji czasu pozostałego do końca dziennego oblotu pszczół na podstawie aktualnej i minionej aktywności na wejściu do ula (rozumianej jako ilość zarejestrowanych pszczół na kolejnych klatkach), czasu do zachodu słońca oraz parametrów środowiskowych (temperatura, wilgot-

ność). Dla utrzymania wysokiej dokładności modelu predykcji [RG3] zaproponowano metodę okresowego dopasowywania modelu na podstawie automatycznie generowanych wartości docelowych [O2]. Przy wyznaczaniu wartości docelowych uwzględniono wiedzę dziedzinową [RG4] poprzez metodę korekcji przestrzenno-czasowej [O4], co znacznie ograniczało progresję błędu podczas okresowego dopasowywania modelu. W artykule potwierdzono możliwość utrzymania wysokiej dokładności modelu predykcji, podczas występowania zjawiska dryftu koncepcji, przez cały sezon pszczelarski.

Artykuł [A3] (*Monitoring the growth of insect larvae using a regression convolutional neural network and knowledge transfer*) skupia się na opracowaniu metody fenotypowania larw o zmniejszonej złożoności i czasie wnioskowania [RG5], w porównaniu do metody zaproponowanej w [A1]. Opracowane rozwiązanie to regresyjna wielowyjściowa sieć konwolucyjna trenowana z wykorzystaniem transferu wiedzy [O3]. Do treningu modelu wykorzystano wskaźniki wielkościowe larw uzyskane w procesie wieloetapowego fenotypowania z wykorzystaniem klasycznych metod WK oraz modelu segmentacji larw (trenowanego na obrazach syntetycznych), jednocześnie automatyzując proces etykietowania [O1] obrazów reprezentujących gęste sceny [RG2]. Dla celów kalibracyjnych wykorzystano jedynie parę etykietowanych próbek.

Artykuł [A4] (*Mixing Augmentation and Knowledge-Based Techniques in Unsupervised Domain Adaptation for Segmentation of Edible Insect States*) podejmuje problem adaptacji domeny [RG3] dla problemów fenotypowania biosystemów owadów na przykładzie segmentacji wybranych stanów mącznika młynarka (larwa żywa, larwa martwa, poczwarka). Zaproponowano 2-etapową metodę adaptacji domeny [O2], gdzie po każdym z etapów przeprowadzano trening modelu na nowym zbiorze przygotowanych próbek. Pierwszy etap opracowanej metody bazował na generowaniu obrazów syntetycznych z wykorzystaniem puli obiektów z domeny źródłowej rozszerzonej o augmentowane obiekty. W drugim etapie, korzystając z predykcji modelu z etapu pierwszego, zaproponowano pulę obiektów pochodzących z domeny docelowej. Obiekty z puli docelowej poddano filtracji opartej na wiedzy dziedzinowej [RG4] a następnie wykorzystano do generowania obrazów syntetycznych [O4].

Artykuł [A5] (*Improved Pest Detection in Insect Larvae Rearing with Pseudo-Labeling and Spatio-Temporal Masking*) skupia się na problemie słabo reprezentowanych zbiorów danych [RG1] w kontekście detekcji szkodników. W artykule zaproponowano metodę rozwijania modelu detekcji szkodników przy założeniu małego początkowego zbioru etykietowanych próbek [O1]. Opracowana metoda bazowała na generowaniu pseudoetykiet na podstawie predykcji uprzednio wytrenowanego modelu. Za zmniejszenie błędów przy generowaniu pseudoetykiet odpowiadała metoda maskowania przestrzenno-czasowego [O4] bazująca na wiedzy dziedzinowej [RG4]. Zaproponowane rozwiązanie obejmowało również identyfikację pozytywnych próbek (obrazów z pasożytem) do dalszego etykietowania spośród dużej ilości próbek pozyskiwanych dziennie.

Artykuł [A6] (*End-to-end Solution for Tenebrio Molitor Rearing Monitoring with Uncertainty Estimation and Domain Shift Detection*) skupiał się na opracowaniu skondensowanej architektury end-to-end [RG5] do fenotypowania biosystemu mącznika młynarka, obejmującej funkcjonalności oddzielnych modułów zaproponowanych w [A1]. Zaproponowane rozwiązanie polegało na rozszerzeniu architektury YOLOv8 o dodatkowe głowy (gałęzie) związane

z odpowiednimi zadaniami (estymacja współczynników pokrycia obrazu paszą i wylinką chitynową, fenotypowanie larw) [O3]. W artykule zaproponowano również metodę estymacji niepewności predykcji wraz z detekcją zjawiska przesunięcia domeny [RG3], wykorzystując zespół modeli oraz bootstrapping [O2]. Trening kolejnych gałęzi modelu wykonywano z wykorzystaniem osobnych zbiorów danych przygotowanych pod konkretny problem [O1], skutecznie redukując czas potrzebny na etykietowanie obrazów reprezentujących gęste sceny [RG2].

Artykuł [A7] (*Phenotyping with dynamic characteristics determination for Tenebrio Molitor beetles in selective breeding using re-identification*) podejmował problem fenotypowania chrząszczy mącznika młynarka na poziomie pojedynczych osobników [RG6]. W pracy zaproponowano procedurę opracowania modeli re-identyfikacji chrząszczy niewymagającą ręcznego etykietowania próbek opartą o pozyskiwanie próbek osobników w fazie treningowej, gdy chrząszcze były odizolowane od siebie w stanowiskach [O1]. Wykorzystując model re-identyfikacji w fazie testowej wyznaczano dynamiczne charakterystyki osobników, w tym wykrywano wzorce zachowania w postaci krycia [O5]. W artykule zaproponowano również metodę wstępnego wyboru osobników do fenotypowania na podstawie opracowanej hybrydowej metryki. Dla redukcji zjawiska przesunięcia domeny [RG3], występującej pomiędzy etapem treningowym i testowym, opracowano metodę adaptacji domeny bazującą na uzupełnianiu zbioru treningowego o próbki z domeny docelowej z automatycznie wyznaczanymi pseudoetykietami [O2].

Podsumowując, przeprowadzone badania, w ramach w pracy doktorskiej, potwierdziły postawioną hipotezę badawczą, czyli metody uczenia maszynowego wykorzystujące obrazy syntetyczne, uczenie częściowo-nadzorowane, transfer wiedzy oraz architektury end-to-end umożliwiają opracowywanie modeli dedykowanych dla fenotypowania biosystemów owadów, które są bardziej efektywne, łatwiejsze w rozwijaniu i utrzymaniu oraz charakteryzują się krótszym czasem wnioskowania w porównaniu do aktualnie wykorzystywanych metod uczenia maszynowego. Ponadto zaproponowane techniki wprowadzania wiedzy dziedzinowej oraz re-identyfikacji utwierdziły stwierdzenie o możliwości opracowywania dedykowanych metod do fenotypowania biosystemów owadów. Wszystkie postawione cele badawcze (O1-O5) zostały zrealizowane a zdefiniowane luki badawcze (RG1 - RG6) uzupełnione.

Abstract

Recently, we have observed a significant increase in the importance of machine learning (ML) and computer vision (CV) methods in more areas of fundamental research and application problems. Considering sustainable development and human well-being, agriculture is one of the essential fields for applying ML/CV methods. The analysis of insect biosystems, thematically associated with agriculture, is an important research area for ML/CV methods both in terms of research gaps and high application potential. The task of ML/CV methods in the context of biosystems is to phenotype them, i.e. to calculate highly informative indicators that characterize a given biosystem. This dissertation focuses on the honeybee and mealworm biosystems.

There are numerous papers in the literature solving successive application problems for precision insect farming. However, we still can find research gaps at the level of developing efficient and robust ML methods. The problems of weakly represented datasets [RG1] and dense scenes [RG2] are common in developing ML methods for phenotyping insect biosystems and involve the difficulty of obtaining a representative dataset with reasonable time spent on labelling. In most papers, researchers focused only on training and evaluating ML models under the assumption of having a representative dataset, omitting the critical step of efficiently developing a representative dataset. The articles also did not consider methods for supervising the performance of models and their adaptation during production [RG3], which, in the context of the occurring changeability of biosystems over time, is a significant issue. It should also be noted that a considerable number of solutions in the area of phenotyping insect biosystems are based on off-the-shelf models, so still a reasonable area of research is dedicated methods to the problems of phenotyping insect biosystems, including the issue of taking into account domain knowledge [RG4]. Near-real-time inference requirements for the problems under consideration favour low-complexity solutions. Methods for reducing complexity and inference time [RG5] are another important research issue. Most work in the literature is based on phenotyping insect biosystems at the population level without considering the characteristics of individuals. Phenotyping at the individual level [RG6] represents another research gap.

At the same time, universal machine learning methods can also be found in the literature, which can be useful in developing dedicated solutions for phenotyping insect biosystems. Generated synthetic images, which are a special type of augmentation, make it possible to reduce the time spent on annotation. Semi-supervised learning allows unlabeled samples to be included in model training or adaptation, increasing the final model efficiency. Knowledge transfer techniques provide a basis for training a new model based on the prediction of another model or method, reducing the final complexity of the solution. End-to-end architectures provide condensed solutions under specific application problems. Significant advances in

re-identification are seen for more types of objects, including animals.

Taking into account the research gaps and state-of-the-art discussed, the following research hypothesis was formulated: 'Machine learning methods using synthetic images, semi-supervised learning, knowledge transfer and end-to-end architectures enable the development of dedicated models for phenotyping insect biosystems that are more efficient, easier to develop and maintain and characterized by shorter inference times than currently used machine learning methods' and research objectives: [O1] development of method enabling faster development of ML methods for phenotyping insect biosystems, involving synthetic image generation and semi-supervised learning (pseudo-labeling), [O2] development of method enabling more efficient maintenance during the production of ML methods for phenotyping insect biosystems, involving detecting domain shift (or concept drift) effect and adaptation technique, [O3] development of method enabling reduction of complexity (inference time) of ML methods for phenotyping insect biosystems, involving knowledge transfer and end-to-end model, [O4] development of method enabling the incorporation of domain knowledge (a priori) in the development, maintenance, and inference of ML methods for phenotyping insect biosystems, and [O5] development of method enabling phenotyping insect biosystems at the level of individuals (rather than population), involving re-identification and detection of behavioural patterns.

The doctoral dissertation is in the form of a collection of six thematically related scientific articles published in scientific journals or in peer-reviewed proceedings of international conferences, and one article that is currently under review. The articles included in the dissertation address the common problem of phenotyping insect biosystems.

The article [A1] (*Multipurpose monitoring system for edible insect breeding based on machine learning*) proposed a 3-module system for monitoring the rearing of the mealworm. The first module was based on the Mask-CNN model and was used for instance segmentation of the growth stages of the mealworm (live larva, pupa, beetle) and anomalies (dead larva, pest). The second module was based on the U-Net model and was related to the semantic segmentation of chitinous moults and feed. The third module was responsible for calculating size indices of larvae (length, volume) at the level of individuals and the entire population. Synthetic images with automatically generated labels were used to train the ML models, significantly reducing the labelling time [O1] of images representing dense scenes [RG2].

In the article [A2] (*Prediction of the remaining time of the foraging activity of honey bees using spatio-temporal correction and periodic model re-fitting*), a model was developed to predict the remaining time of the daily foraging activity of bees based on the current and past activity at the entrance of the hive (understood as the number of registered bees on consecutive frames), the time until sunset and environmental factors (temperature, humidity). To maintain the high accuracy of the prediction model [RG3], a method of periodic re-fitting of the model based on automatically generated target values was proposed [O2]. In determining the target values, domain knowledge [RG4] was taken into account through the spatio-temporal correction method [O4], which significantly reduced the error progression during periodic model re-fitting. The article confirms the possibility of maintaining high accuracy of the prediction model, when concept drift occurs, throughout the beekeeping season.

The article [A3] (*Monitoring the growth of insect larvae using a regression convolutional neural*

network and knowledge transfer) focused on developing a method for phenotyping larvae with reduced complexity and inference time [RG5], compared to the method proposed in [A1]. The developed solution was a multioutput regression convolutional neural network trained using knowledge transfer [O3]. To train the model, the size indices of the larvae obtained in the multistage phenotyping procedure using classical CV methods and the larvae segmentation model (trained on synthetic images) were used while automating the labelling process [O1] of images representing dense scenes [RG2]. For calibration purposes, only a few labelled samples were used.

The article [A4] (*Mixing Augmentation and Knowledge-Based Techniques in Unsupervised Domain Adaptation for Segmentation of Edible Insect States*) addressed the task of domain adaptation [RG3] for insect biosystem phenotyping problems using the example of segmentation of selected states of the mealworm (live larva, dead larva, pupa). A 2-stage domain adaptation method was proposed [O2], where after each stage model training was carried out on a new set of prepared samples. The first stage of the developed method was based on generating synthetic images using a pool of objects from the source domain extended with augmented objects. In the second stage, a pool of objects from the target domain was proposed using the model prediction from stage one. The objects from the target pool were filtered based on domain knowledge [RG4] and then used to generate synthetic images [O4].

The article [A5] (*Improved Pest Detection in Insect Larvae Rearing with Pseudo-Labeling and Spatio-Temporal Masking*) focused on the problem of weakly represented datasets [RG1] in the context of pest detection. The paper proposed a method for developing a pest detection model assuming a small initial set of labelled samples [O1]. The developed method was based on generating pseudo-labels based on the prediction of a previously trained model. A spatio-temporal masking method [O4] based on domain knowledge [RG4] was responsible for reducing errors in pseudo-label generation. The proposed solution also included identifying positive samples (images with pests) for further labelling from many samples acquired daily.

The article [A6] (*End-to-end Solution for Tenebrio Molitor Rearing Monitoring with Uncertainty Estimation and Domain Shift Detection*) focused on the development of a condensed end-to-end architecture [RG5] for phenotyping the mealworm biosystem incorporating the functionalities of the separate modules proposed in [A1]. The proposed solution extended the YOLOv8 architecture with additional heads (branches) related to the corresponding tasks (estimation of image coverage coefficients of feed and chitinous moults, phenotyping of larvae) [O3]. The paper also proposed a method for estimating prediction uncertainty with the detection of the domain shift phenomenon [RG3], using model ensemble and bootstrapping [O2]. Training of successive branches of the model was performed using separate datasets prepared for a specific problem [O1], effectively reducing the time needed to label images representing dense scenes [RG2].

The article [A7] (*Phenotyping with dynamic characteristics determination for Tenebrio Molitor beetles in selective breeding using re-identification*) addressed the problem of phenotyping mealworm beetles at the level of individuals [RG6]. The paper proposed a procedure for developing beetle re-identification models that did not require manual labelling of samples based on obtaining samples of individuals during the training stage when the beetles were isolated from each other in stations [O1]. Using the re-identification model in the testing stage, the dynamic

characteristics of individuals were determined, including the detection of mating behaviour pattern [O5]. The paper also proposed a method for the initial selection of individuals for phenotyping based on the designed hybrid metric. A domain adaptation [RG3] method based on supplementing the training set with samples from the target domain with automatically determined pseudo-labels was developed to reduce the domain shift phenomenon occurring between the training and testing stages [O2].

In summary, the research carried out, as part of the dissertation, confirmed the formulated research hypothesis, i.e. machine learning methods using synthetic images, semi-supervised learning, knowledge transfer and end-to-end architectures enable the development of dedicated models for phenotyping insect biosystems that are more efficient, easier to develop and maintain and characterized by shorter inference times than currently used machine learning methods. Furthermore, the proposed techniques for the introduction of domain knowledge and re-identification strengthened the statement that dedicated methods could be developed for phenotyping insect biosystems. All set research objectives (O1-O5) were met and defined research gaps (RG1 - RG6) were filled.