



# Elma Yaprak Hastalıklarının Sınıflandırılması için Genetik Algoritma ile Otomatik ESA Mimarisi Tasarımı

## Design of Automatic CNN Architecture with Genetic Algorithm for Apple Leaf Disease Classification

Özge Nur Özaras<sup>1\*</sup>, Asuman Günay Yılmaz<sup>2</sup>, Eyüp Gedikli<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Karadeniz Teknik Üniversitesi, Yazılım Mühendisliği Bölümü, ozgenur.ozaras@ktu.edu.tr  
ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6392-4049>

<sup>2</sup> Karadeniz Teknik Üniversitesi, Yapay Zeka ve Veri Mühendisliği Bölümü, gunaya@ktu.edu.tr  
ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3960-5085>

<sup>3</sup> Karadeniz Teknik Üniversitesi, Yazılım Mühendisliği Bölümü, gediklie@ktu.edu.tr  
ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-7212-5457>

### MAKALE BİLGİLERİ

### ÖZ

#### Makale Geçmişi:

Geliş 3 Ekim 2024  
Revizyon 27 Kasım 2024  
Kabul 16 Ocak 2025  
Online 26 Mart 2025

#### Ahtar Kelimeler:

Yaprak hastalığı sınıflandırma,  
Evrişimsel sinir ağları (ESA),  
Genetik algoritma(GA)

Bitki yaprak hastalıklarının erken teşhisi ürün verimi, kalitesi ve sürekliliği için çok önemlidir. Son yıllarda yaprak hastalıklarının teşhisinde evrişimsel sinir ağları (ESA) yüksek başarımlar göstermektedir. Fakat ESA modeli tasarım sürecinde, çok sayıda parametrenin belirlenmesi için çok fazla deney yapılması gerekmektedir ve bu işlem uzman bilgisi gerektirmektedir. Bu durum probleme uygun optimal bir ESA'nın tasarım sürecini zorlaştırmaktadır. Bu çalışmada, elma yaprağı hastalıklarının sınıflandırılması amacıyla genetik algoritma (GA) ile otomatik ESA mimarisi tasarımı önerilmiştir. Önerilen yöntemdeki mimari 3 bileşenden oluşmaktadır: evrişim bloğu, global ortalama havuzlama ve tam bağlantılı katman bloğu. Evrişim bloğu, 3x3 evrişim, aktivasyon fonksiyonu, yığın normalizasyonu ve maksimum havuzlama katmanlarından oluşmaktadır. Tam bağlantılı katman bloğu, tam bağlantılı katman, aktivasyon fonksiyonu ve budama katmanlarını içermektedir. Yöntemde GA ile evrişim bloğu sayısı, filtre sayısı, öğrenme oranı, tam bağlantılı katman ve birimi sayısı, budama oranı ve global ortalama havuzlama kullanımı parametrelerinin optimum değerleri araştırılmıştır. Bu optimum değerlerle ESA modeli otomatik olarak tasarlanmıştır. Üretilen mimari ile elma yaprağı hastalıklarının sınıflandırılmasında %98.58 doğruluk, %98.68 F1-skoru, %98.68 kesinlik ve %98.68 duyarlılık sonuçları elde edilmiştir. Tasarlanan mimarinin performansı SqueezeNet, ShuffleNet ve MobileNetV2 ön eğitilmiş ağlarıyla karşılaştırılmıştır. Otomatik tasarlanan ESA mimarisinin, daha az parametre sayısı ile, manuel tasarlanmış mimarilerden daha iyi ya da onlarla kıyaslanabilir başarımlar gösterdiği görülmüştür. Ayrıca önerilen yaklaşım farklı veriler için de otomatik olarak ESA modeli tasarımına uygundur.

### ARTICLE INFO

### ABSTRACT

#### Article history:

Received 3 October 2024  
Received in revised form 27 November 2024  
Accepted 16 January 2025  
Available online 26 March 2025

#### Keywords:

Leaf disease classification,  
Convolutional neural networks,  
Genetic algorithm

Early diagnosis of plant leaf diseases is very important for product yield, quality and continuity. In recent years, convolutional neural networks (CNNs) have shown high performance in the diagnosis of leaf diseases. However, many experiments are carried out in determining many parameters in the CNN model design process and this process requires expert knowledge. This situation complicates the design process of an optimal CNN suitable for the problem. In this study, automatic CNN architecture design with genetic algorithm (GA) is proposed for the classification of apple leaf diseases. The architecture in the proposed method consists of 3 components: convolution block, global average pooling and fully connected layer block. The convolution block consists of 3x3 convolution, activation function, batch normalization and maximum pooling layers. The fully connected layer block includes fully connected layer, activation function and dropout layers. In the method, the optimum values of the parameters of number of convolution blocks, number of filters, learning rate, number of fully connected layer and number of units, dropout rate and global average pooling usage were investigated with GA. The CNN model was automatically designed with these optimum values. With the generated architecture, %98.58 accuracy, %98.68 F1-score, %98.68 precision and %98.68 sensitivity results were obtained in the classification of apple leaf diseases. The performance of the designed architecture was compared with SqueezeNet, ShuffleNet and MobileNetV2 pre-trained networks. It was observed that the automatically designed CNN architecture, with fewer parameters, have been shown to perform better or comparable to manually designed architectures. In addition, the proposed approach is suitable for automatic CNN model design for different data.

Doi: 10.24012/dumf.1560599

\* Sorumlu Yazar

## Giriş

Uluslararası platformda "Green Deal" olarak bilinen "Yeşil Mutabakat", Avrupa Birliği tarafından 2019 yılında ortaya atılan bir çevre ve ekonomi önceliğidir. Temel amacı, Avrupa'nın 2050 yılına kadar ilk iklim nötr kıtası olmasını sağlamaktır. İklim değişikliği ile mücadele Yeşil Mutabakatın en büyük önceliklerindedir. Böylece küresel ısınmanın ve iklim değişikliğinin olumsuz etkileri azaltılacaktır. Yeşil Mutabakat çerçevesinde, dijital tarım, tarım ve gıda sektörü hedef odaklı Ar-Ge ve yenilik konuları, öncelikli alanlarda yerini almıştır. Tarım ve gıda sektöründe, zararlılarla mücadele verimli ve kaliteli ürün almak için çok önemlidir. Teknolojinin gelişmesiyle birlikte zararlılarla mücadele, uzaktan ve erkenden yapılabilir hale gelmiştir. Zararlıların erken belirlenmesinde bitki yapraklarının izlenmesi etkin bir çözümdür. Yaprak hastalıklarının erken teşhisi verimi ve kaliteyi önemli derecede artırmaktadır. Diğer bir avantaj ise erken önlemlerle daha az kimyasal tarım ilacı kullanımını sağlamaktır. Yaprak hastalıkları, bitkinin cinsine, türüne göre farklılıklar göstermektedir. Bu bağlamda, bitkinin cinsinin/türünün belirlenmesi ve yaprak hastalığının tanınması sınıflandırma problemi olarak karşımıza çıkmaktadır. Literatürde bu alandaki makine öğrenmesi ile sınıflandırma çalışmaları yerini derin öğrenme modelli sınıflandırıcılara bırakmaktadır.

Son yıllarda derin öğrenme yöntemlerinin yüksek başarıları nedeniyle, evrimsel sinir ağlarının (ESA) görüntü işleme alanında kullanımı yaygınlaşmıştır. Fakat ESA modeli tasarım süreci çok sayıda kapsamlı deney gerektirmektedir. Örneğin, evrişim (convolution) katmanları için, evrişim filtresinin boyutu, filtre sayısı, adım sayısı, budama oranı, havuzlama katmanları için havuzlama boyutu ve havuzlama işlemi (maksimum, ortalama havuzlama) araştırılmalıdır. Bu parametrelerin belirlenmesi zaman alıcıdır ve model oluşturma sürecini kolaylaştırmak için sistematik olarak yapılmalıdır [1]. ESA tasarımında zaman, girdi sayısı, model derinliği, maksimum nöron sayısı ve filtre sayısı gibi faktörlerin optimal şekilde seçilmesi sınıflandırma yeteneğini artırır. Tüm bu değerleri tanımlamak için uzman bilgisine sahip olmanın zorluğu nedeniyle, optimal bir ESA'nın yapılandırılması zordur [2]. Diğer yandan tasarlanan mimarinin parametre sayısının da göz önünde bulundurulması gerekir [3]. Bütün bu zorluklar ESA tasarımını otomatikleştirmeyi amaçlayan, sinir ağı mimarisi arama (Neural Architecture Search-NAS) konusundaki çalışmaların artmasına neden olmuştur [4]. NAS'ın amacı elle tasarlanmış mimarilerle aynı seviyede veya onlardan daha iyi performans gösteren ağlar tasarlamaktır.

ESA modelleri, verilerden hiyerarşik özellikleri öğrenme yetenekleri nedeniyle çeşitli uygulamalarda başarılı olmaktadır [5]. Uzmanlar geleneksel yöntemlerle başarılı ağ mimarileri tasarlamış olsalar da, yüksek performanslı mimarileri otomatik olarak öğrenmek için NAS tekniklerinin kullanımına yönelik çalışmalar artmaktadır. Ağ mimarilerini geliştirmek için yaygın olarak kullanılan bazı NAS algoritmaları şunlardır: ızgara araması, rastgele arama [6], takviyeli öğrenme [7], Bayes optimizasyonu [8] ve evrimsel algoritmalar [9].

Bu çalışmada elma yaprağı hastalıklarının sınıflandırılması amacıyla genetik algoritma (GA) ile otomatik ESA mimarisi tasarımı yöntemi önerilmiştir. Çalışmada yüksek başarılı, düşük parametrelili hafif mimariler oluşturmak hedeflenmiştir. Bu nedenle mimari peş peşe gelen evrişim blokları, global ortalama havuzlama katmanı ve tam bağlantılı katmanlardan oluşturulmuştur. Önerilen çerçevede elma yaprağı veri kümesine en iyi uyum sağlayan hafif ESA mimarisi GA ile tasarlanmıştır. Önerilen modelin performansı düşük parametrelili SqueezeNet, ShuffleNet ve MobileNetV2 ağlarıyla kıyaslanmıştır. Çalışmanın ana katkıları aşağıda maddeler halinde verilmiştir.

1. GA'ya dayalı otomatik ESA mimarisi tasarlanmış ve elma yaprağından hastalık sınıflandırma probleminin çözümüne uygulanmıştır.
2. Hafif evrişim blokları kullanılarak düşük parametre sayısı ile yüksek sınıflandırma doğruluğuna ulaşan bir mimari geliştirilmiştir.
3. SqueezeNet, ShuffleNet, MobileNetV2 ön eğitilmiş ağlarının ve önerilen mimarinin elma yaprağından hastalık sınıflandırma problemindeki başarımları kıyaslanmıştır.

Çalışmanın yapısı aşağıdaki şekildedir. İkinci bölümde literatürde otomatik ESA mimarisi tasarımı ve elma yaprak hastalıklarının sınıflandırılması konularında yapılan çalışmalar özetlenmiştir. Üçüncü bölümde çalışmada önerilen yöntem detaylı bir şekilde açıklanmıştır. Elde edilen deneysel bulgular dördüncü bölümde, sonuçlar ise beşinci bölümde verilmiştir.

## İlişkili Çalışmalar

Sinir ağı mimarisi arama, NAS, belirli bir görev için en uygun mimarinin otomatik olarak bulunmasına odaklanır. ESA mimarisinin göreve özel otomatik tasarımı ve optimizasyonu, model performansının iyileştirilmesine önemli katkılar sağlar. Dufourq ve arkadaşları, GA ile derin sinir ağlarının güçlü yönlerini birleştirerek sinir ağı mimarilerinin arama alanını, ilişkili hiper parametrelerini ve uygulanacak dönem sayısını araştıran bir model önermiştir [10]. Bu model, 7 farklı veri seti üzerinde eğitilerek performans değerlendirilmesi yapılmıştır. Zoph ve arkadaşları, sinir ağı mimarilerini bulmak için NASNet adı verilen yeni bir arama modeli tasarlamıştır [11]. CIFAR-10 veri seti üzerinde en iyi evrişim katmanı aranarak, bu katmanın birden fazla kopyası ImageNet veri setine uygulanmıştır. Üretilen mimarilerle, CIFAR-10 ve ImageNet veri setlerinde, manuel olarak tasarlanmış mimarilerden daha düşük hesaplama maliyetiyle kıyaslanabilir başarımlar elde edilmiştir. Gülcü ve Kuş, ESA için hiper parametre optimizasyonunu detaylı bir şekilde incelemiştir [12]. Farklı veri kümeleri üzerinde yapılan deneylerde, Bayes optimizasyonu, parçacık sürü optimizasyonu ve GA gibi çeşitli yöntemlerin avantajları, dezavantajları ve performansları detaylı olarak analiz edilmiştir. Ancak, hiper parametre optimizasyonunun probleme özgü farklılıklar gösterdiği sonucuna ulaşılmıştır. Sun ve arkadaşları, probleme özel en iyi ESA mimarisini otomatik olarak tasarlamak için GA'yı kullanmıştır [13]. CIFAR10 ve CIFAR100 veri setleri üzerinde, dokuz manuel tasarlanmış, dört yarı otomatik ve beş tam otomatik ESA mimarisi ile

kiyaslama yapılmıştır. Önerilen model, diğer modellerden daha yüksek performans göstermiştir. Ahmed ve Darwish, belirli bir problem için düşük hesaplama maliyetli ve yüksek performanslı en iyi CNN mimarisini GA'ya dayalı olarak tasarlamayı hedeflemiştir [3]. Önerilen algoritma, benzer dört veri seti üzerinde otomatik ve elle tasarlanmış hafif CNN mimarileri ile karşılaştırılmış ve kıyaslanabilir sonuçlar elde edilmiştir. Chantrapornchai ve arkadaşları, otomatik ESA tasarımı için bir çerçeve önermiştir [1]. Önerilen modelde, kalıntı blok kombinasyonlarıyla birleştirilmiş sıkıştırma-uyarma blokları SqueezeNet'e uygulanmıştır. Farklı arama stratejileri kullanılarak, geleneksel mimarilerden daha yüksek doğruluk verebilen mimarilerin tasarlanması amaçlanmıştır. Bataineh ve arkadaşları, görüntü sınıflandırma görevleri için NAS tabanlı bir çerçeve önermiştir [5]. Önerilen yöntem, EMNIST veri kümesi üzerinde değerlendirilmiş, az parametre ile yüksek sınıflandırma doğruluğu elde edilmiştir. Liang ve arkadaşları, GA kullanarak iki yeni evrimsel NAS yöntemi geliştirmiştir [4]. Bu yöntemler, CIFAR-10 veri seti için mevcut NAS yöntemlerinden daha kısa sürede daha iyi performans gösteren ESA'lar üretmiştir. Meena ve arkadaşları, GA kullanarak ESA mimarisini üretmiştir [14]. DoubledMNIST veri seti üzerinde uygulanan algoritma, kısa eğitim süresinde yüksek performans göstermiştir. Rogers ve arkadaşları, GA ile beş farklı ESA mimarisini optimize ederek performans analizi yapmıştır [15]. Deneyler, iki farklı değerlendirme metriği ve on veri seti üzerinde gerçekleştirilmiştir. Optimize edilmiş mimariler, eğitim parametrelerindeki büyük farklara rağmen mevcut en iyi yöntemlerle kıyaslanabilir performans göstermiştir.

Nagaraju ve arkadaşları, elma ve üzüm yapraklarındaki bitki hastalıklarını erken teşhis etmek ve sınıflandırmak için transfer öğrenme yöntemini kullanmıştır [16]. Çalışmada VGG16 ön eğitilmiş ağı ile üzüm ve elma yaprak görüntülerinden oluşan veri seti üzerinde %97.87 doğruluk elde edilmiştir. Çetiner, elma yaprağı hastalıklarını, çeşitli ön eğitilmiş ESA modellerini kullanarak sınıflandırmıştır [17]. Veri setindeki sınıflar arası veri dağılımı dengesizliği probleminin çözümünde, SMOTE (Sentetik Azınlık Aşırı Örneklemme Tekniği) yöntemi ile veri artırma işlemi uygulanmıştır. Çalışmada ResNet50V2 ağı ile diğer ağlardan daha yüksek bir sınıflandırma başarımı (%99.00) elde edilmiştir. Reddy ve Neeraja, elma, üzüm, patates ve çilek bitkilerindeki yaprak hastalıklarının tespiti için ESA kullanmıştır [18]. Önerilen model ile %97.00 doğruluk elde edilmiştir. Farklı bir çalışmada elma yaprak hastalıklarının tespit edilmesi amacıyla farklı ön eğitilmiş ESA'lar üzerinde deneyler yapılmıştır [19]. DenseNet201'in kıyaslanan diğer ağlara göre daha yüksek doğruluk (%98.75) gösterdiği gözlemlenmiştir. Babalola ve arkadaşları, elma yaprağından hastalık sınıflandırılmasında AlexNet modelinin kullanımını önermiştir [20]. Bu model ile %99.56 doğruluk elde edilmiştir. Upadhyay ve Gupta, elma bitkisinde mantar hastalığının erken teşhisinde ResNeXt modelinin kullanımını önermiştir [21]. ResNet mimarisine dayalı olarak tasarlanan bu model ile %98.94 başarımla elde edilmiştir. Rawat ve arkadaşları, elma yapraklarındaki hastalıkları sınıflandırmak için, ResNet50V2 modeline dayalı TransferNet modelini önermiştir [22]. Bu model FGVC8 veri setindeki elma yaprağı görüntüleri üzerinde

uygulanmış ve %91.63 sınıflandırma başarımı elde edilmiştir.

Bitki yaprak hastalığı sınıflandırma konusundaki çalışmalar daha çok arka planı karmaşık olmayan görüntüler üzerinde model geliştirmektedir. Fakat son yıllarda doğal ortamda çekilmiş arka planı karmaşık görüntüler üzerinde yaprak hastalık sınıflandırma çalışmaları çoğalmaya başlamıştır [23-25].

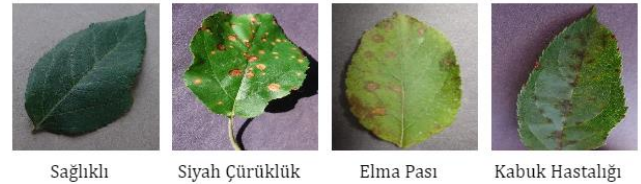
Literatürdeki çalışmalar incelendiğinde bitki yaprak hastalıklarının sınıflandırılması için otomatik ESA modeli oluşturan bir çalışmaya rastlanmamıştır. Bu çalışmada ilk kez elma yaprağı hastalıklarının teşhisinde GA'ya dayalı ESA mimarisini tasarımı gerçekleştirilmiştir.

## Materyal ve Metot

Bu çalışmada, model performansını artırmak ve hesaplama maliyetlerini düşürmek amacıyla göreve özel ESA tasarımı gerçekleştirilmiştir. Elma yaprağı hastalıklarının sınıflandırılması probleminin çözümü için GA ile ESA mimarisini tasarlanmıştır. Çalışmada kullanılan veri seti ve yöntem, alt bölümlerde ayrıntılı bir şekilde açıklanmıştır.

### Veri seti

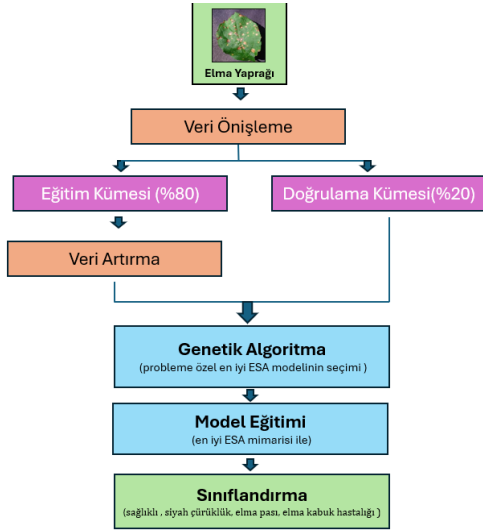
Çalışmada elma hastalıklarının tespit edilmesi ve sınıflandırılması için kullanılan görüntüler Plant Village veri setinden alınmıştır [26]. Plant Village veri setinde 14 farklı bitki türü (Elma, Yaban Mersini, Kiraz, Mısır, Üzüm, Portakal, Şeftali, Dolmalık Biber, Patates, Ahududu, Soya Fasulyesi, Kabak, Çilek, Domates) için 54.309 yaprak görüntüsü bulunmaktadır. Elma türüne ait yaprak görüntüleri, 1 sağlıklı, 3 hastalıklı olmak üzere 4 sınıftan oluşmaktadır. Bu veri seti 1.645 sağlıklı, 621 siyah çürüklük, 275 elma pası ve 630 elma kabuk hastalığı olmak üzere 3172 yaprak görüntüsü içermektedir. Şekil 1'de sağlıklı ve hastalıklı elma yaprağı görüntülerinden örnekler verilmiştir.



Şekil 1. Sağlıklı ve hastalıklı elma yaprağı görüntüleri

### Yöntem

Bu çalışmada elma yaprak hastalıklarının sınıflandırılması amacıyla GA ile otomatik CNN mimarisini tasarımı gerçekleştirilmiştir. Çalışmada önerilen yöntemin akış diyagramı Şekil 2'de görülmektedir. Yöntemde öncelikle giriş görüntülerine yeniden boyutlandırma (224x224) ve normalizasyon ön işlemleri uygulanmış, daha sonra veri seti %80 eğitim ve %20 doğrulama verisi olacak şekilde ayrılmıştır. Eğitim verilerinin çeşitliliğini artırmak amacıyla rastgele dönüşümlerle veri artırma işlemi uygulanmıştır. Sonraki aşamada GA ile model tasarımı gerçekleştirilmiş ve modelin başarımı çeşitli performans metrikleri ile değerlendirilmiştir.



Şekil 2. Önerilen yöntemin akış diyagramı

### Veri artırma

Veri artırma, var olan veri örneklerini kullanarak yeni veri örnekleri oluşturma işlemidir. Veri artırma, bir derin öğrenme modelini eğitirken ortaya çıkabilecek sınırlı/dengesiz veri, aşırı uyum, çeşitlilik ve karmaşıklık gibi problemlerin çözümünde kullanılmaktadır. Bu teknikte, farklı dönüşümler uygulanarak veri kümesinin boyutu artırılabilir ve sınıflar dengelenebilir. En yaygın uygulama, veri artırmanın yalnızca eğitim örneklerine uygulanmasıdır. Bunun nedeni, eğitim kümesindeki veri çeşitliliğini zenginleştirmek ve böylece modelin genelleme kapasitesini artırmaktır. Çalışmada da veri çeşitliliğini artırmak amacıyla eğitim kümesindeki yaprak görüntüleri üzerinde genişlik kaydırma (0.1), yükseklik kaydırma (0.1), yakınlaştırma (0.2), kesme (0.1), döndürme (0-10 derece) yöntemleri ile veri artırma işlemi uygulanmıştır. Şekil 3'te, veri artırma işlemi ile elde edilmiş örnek yaprak görüntüleri verilmiştir.

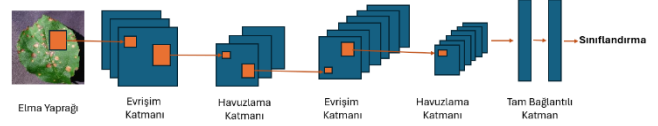


Şekil 3. Veri artırma ile üretilmiş yaprak görüntüleri

### Evrişimsel Sinir Ağları

ESA'lar, görüntü ve video işleme görevlerinde sıkça kullanılan derin öğrenme modelleridir. Bu ağlar genellikle evrişim katmanı, havuzlama katmanı ve tam bağlantılı katmandan oluşmaktadır (Şekil 4). Evrişim katmanında, giriş görüntülerine çok sayıda filtre uygulanarak özellik haritaları çıkarılmaktadır. Bu katmanı takip eden havuzlama

katmanında, özellik haritalarının boyutu küçültülerek işlem yükü azaltılmaktadır. Ağın sonunda bulunan tam bağlantılı katmanda ise sınıflandırma işlemi yapılmaktadır. Bu çalışmada az parametreye sahip SqueezeNet, ShuffleNet ve MobileNetV2 ön eğitilmiş ESA mimarileri ile elma yaprak görüntülerinden hastalık sınıflandırma gerçekleştirilmiştir. Daha sonra GA ile göreve özel ESA mimarisi tasarlanmıştır. Bu ağlar sonraki bölümlerde açıklanmaktadır.



Şekil 4. ESA'ların genel mimarisi

### SqueezeNet

SqueezeNet, az parametrelili ve küçük bir ağ olarak tasarlanmıştır. Yüksek doğruluk ve düşük karmaşıklık arasında bir denge kurması, bu ağı mobil cihazlar ve gömülü sistemler gibi sınırlı kaynaklara sahip cihazlar için ideal bir seçim haline getirmektedir. SqueezeNet mimarisi, filtre küçültme, giriş kanallarını küçültme ve ağ sonunda alt örnekleme olmak üzere üç strateji ile tasarlanmıştır [27]. Bu ağda parametre sayısını azaltmak amacıyla 1x1 ve 3x3 filtreleri birleştiren ateşleme (Fire) modülü kullanılmıştır. Ateşleme modülü iki temel katmandan oluşmaktadır: sıkıştırma (Squeeze) ve genişletme (Expand). Sıkıştırma katmanında 1x1 evrişim filtreleri ile özellik haritasının derinliği azaltılırken genişletme katmanında 1x1 ve 3x3 evrişim filtreleri kullanılarak sıkıştırılmış olan özellik haritası genişletilmektedir. Bu ağ mimarisi, bir evrişim katmanı ile başlamakta, ardından 8 ateşleme modülü ile devam etmekte ve bir evrişim katmanı ile sona ermektedir [27].

### ShuffleNet

ShuffleNet düşük maliyetli hafif modellerin oluşturulması amacıyla 2017 yılında önerilmiştir. Bu ağ, üç aşamalı gruplanmış ShuffleNet birimlerinden (grup evrişim, kanal karıştırma ve derinlik tabanlı evrişim) oluşmaktadır [28]. Giriş kanalı ile çıkış kanalı arasındaki ilişkiyi kurmak için kanal karıştırma ve grup evrişim kullanılmaktadır. Kanal karıştırma, farklı kanal grupları arasında bilgi alışverişini artırırken özellik haritalarının hesaplama yükünü azaltmaktadır. Derinlik tabanlı evrişim her kanala ayrı ayrı evrişim uygularken, nokta evrişim ise 1x1 filtre kullanarak kanal sayısını artırır veya azaltır. Böylece standart konvolüsyonlara göre çok daha az parametre ile işlem yapılır. ShuffleNetV2, ShuffleNetV1 tasarımındaki eksikliklerin analiz edilerek iyileştirilmesiyle geliştirilmiştir [29]. Yapılan literatür taraması sonucunda ShuffleNetV2 mimarisinin düşük maliyet ve yüksek doğruluk sağladığı görülmüş, bu nedenle bu çalışmada ShuffleNetV2 kullanılmıştır.

### MobileNetV2

MobileNet mimarisi, mobil cihazlarda hızlı ve verimli çalışabilen derin öğrenme modellerinin geliştirilmesi amacıyla önerilmiştir [30]. Bu mimari derinlik tabanlı ayrıştırılmış evrişim temeline dayanmaktadır. MobileNetV1 modeline doğrusal darboğaz modülleri ve tersine



döndürülmüş kalıntı blokları eklenerek MobileNetV2 modeli geliştirilmiştir [31]. Bu model, evrişim, tersine döndürülmüş kalıntı darboğaz ve noktasal evrişim katmanlarından oluşmaktadır. MobileNetV2'de, her katmanın girişi için  $1 \times 1$  derinlik bazlı konvolüsyon filtresi kullanılarak girişler iki ayrı yola ayrılır. Bu yollardan birinde daraltma işlemi uygulanırken, diğer yolda ise özellikler korunur. Ardından, bu yolların çıktıları birleştirilerek yeni bir katman oluşturulur.

### GA ile Otomatik ESA Tasarımı

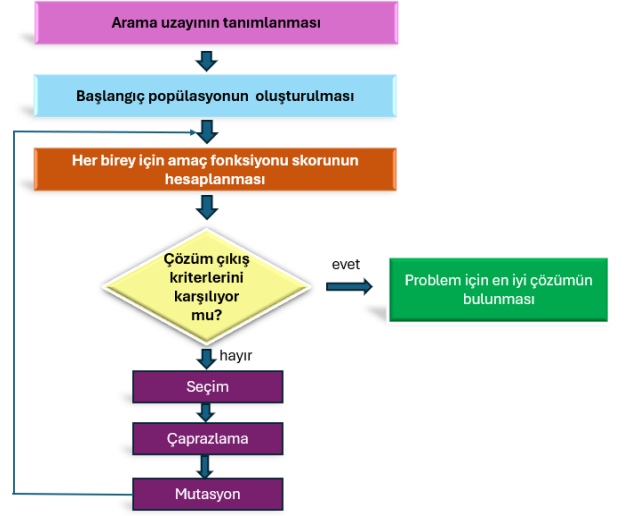
GA'lar, Darwin'in evrimsel prensiplerine dayanan sezgisel arama yöntemleridir [2]. Bu yöntemlerin amacı, belirli bir probleme yönelik optimal (en iyi) çözümleri üretmektir [14]. Bu amaçla GA'lar arama uzayında belirli bir maliyet fonksiyonuna göre iterasyonlar yapar ve her iterasyonda en iyi sonucu üreten kromozomun hayatta kalmasını sağlar.

GA'da, biyolojideki evrim teorisinde kullanılan kavramlar kullanılır. Algoritmanın temel çalışma birimi popülasyondur. Popülasyon problem için olası pek çok aday çözümü içeren bir çözüm kümesidir. Probleme uygun şekilde kodlanmış diziler halinde tutulan aday çözümlerin her birine birey denir. Her birey arama uzayında belirli bir bölgeyi temsil eder. GA'da ilk popülasyondaki bireyler genellikle rastgele üretilir. Sonraki popülasyondaki bireyler evrimsel süreç içinde GA mekanizmaları tarafından oluşturulur. GA bir aday çözümün en iyi çözüme ne kadar yaklaştığını değerlendirmek için amaç (fitness) fonksiyonu kullanır. Amaç fonksiyonu, bireyin kalitesini belirten sayısal bir değer olan amaç (fitness) skorunu hesaplamaktadır [10]. Amaç skoru değeri yüksek olan bireyler seçilerek, çaprazlama işlemi ile yeni bireyler üretir. Böylece yeni popülasyon önceki popülasyonun amaç değeri yüksek bireylerinin sahip olduğu özelliklerin büyük bir kısmını içerir. Seçim işleminde var olan birey genetik yapısında herhangi bir değişiklik yapılmadan yeni popülasyona kopyalanır. Çaprazlama işlemi, genetik çeşitliliğin artırılması ve yeni çözüm kombinasyonlarının üretilmesi amacıyla uygulanır. İki bireyin yapısı rastlantısal olarak birleştirilerek (ikili dizi parçalarının değiş tokuş edilmesi) yeni bireyler oluşturulur. Mutasyonda ise var olan bir bireyin genlerinin bir ya da birkaçının yerleri değiştirilir. Mutasyon arama alanında yeni bir yön keşfetmek için kullanılır [2].

GA akış diyagramını Şekil 5'te verilmiştir. Şekilde görüldüğü gibi GA'da önce arama uzayı tanımlanır, başlangıç popülasyonu oluşturulur ve her birey için amaç skoru değeri hesaplanır. Daha sonra amaç skor değeri yüksek olan bireyler seçilir. Seçilenler, yeni bireylerin oluşturulmasında ebeveyn olarak kullanılır. Çaprazlama ve mutasyon ile genetik çeşitlilik sağlanarak yeni popülasyon oluşturulur. Bu adımlar, belirli bir çıkış kriteri sağlanıncaya kadar tekrarlanır.

Bir problemin çözümü için en uygun ESA mimarisinin manuel tasarımı hem zaman alıcı hem de uzmanlık gerektiren bir iştir. Buna alternatif çözüm mimarinin otomatik olarak tasarlanmasıdır. Bu çalışmada elma yaprağı hastalıklarının sınıflandırılmasında, otomatik ESA mimarisi tasarımı için GA kullanılmıştır. Yöntemde popülasyonu oluşturan bireyler, ESA'daki konvolüsyon katman sayısı, filtre sayısı, aktivasyon fonksiyonu, havuzlama türü, budama

oranı vb. parametreleri içermektedir. Diğer bir ifade ile her birey kodlanmış bir ESA mimarisini temsil etmektedir. İlk popülasyondaki bireyler rastgele üretildikten sonra,



Şekil 5. GA akış diyagramı

bireylerin amaç fonksiyonu skorları Algoritma 1 kullanılarak hesaplanır. Burada amaç fonksiyonu skoru, bireylerle oluşturulan ESA mimarilerinin elma yaprağı hastalığı sınıflandırma doğruluğudur. Amaç fonksiyonu sonucuna göre sınıflandırma doğruluğu daha yüksek olan bireyler (ESA mimarileri) seçilir.

#### Algoritma 1: Bireye ait amaç fonksiyonu skorunun hesaplanması

- Girdi:** Birey (ESA mimarisi), eğitim verisi, doğrulama verisi, eğitim\_tur\_sayısı  
**Çıktı:** Bireyin amaç fonksiyonu skoru (V\_eniye)
- Verilen hiper parametreler ile ESA mimarisi oluştur.  $adım \leftarrow 0, V_{eniye} \leftarrow 0$
  - While** adım < eğitim\_tur\_sayısı **do**  
 eğitim verisi ile ağı eğit  
 doğrulama verisi üzerinde sınıflandırma doğruluğu (V) hesapla  
**if**  $V > V_{eniye}$  **then**  
 $V_{eniye} \leftarrow V$   
 adım  $\leftarrow$  adım +1
  - Bireyin amaç fonksiyonu skorunu  $V_{eniye}$  olarak döndür

Seçme işlemi, yeni bireylerin üretilmesinde popülasyon içindeki bireylerden en iyilerin alınmasıdır. Seçim yöntemleri arasında rulet tekerleği, turnuva seçimi ve elitizm bulunmaktadır. Bu çalışmada turnuva seçimi yöntemi kullanılmıştır. Bu yöntemde popülasyondan turnuva boyutu kadar birey seçilerek her bireyin amaç fonksiyon skoru değerlendirilmektedir. Daha yüksek performans gösteren birey genetik operatör tarafından kullanılmak üzere ebeveyn olarak döndürülmektedir. Algoritma 2'de turnuva seçimi sözde kodu verilmiştir.

#### Algoritma 2: Turnuva Seçimi

- Girdi:** turnuva boyutu  
**Çıktı:** en iyi birey seçimi

for  $i \leftarrow 1$ 'den popülasyon boyutuna kadar  
 rastgele birey  $\leftarrow$  popülasyondan rastgele birey seçimi  
 seçilen bireyin amaç fonksiyon skorunu karşılaştır  
 en yüksek olanı seç  
 seçilen bireyi döndür

Seçme, çaprazlama ve mutasyon işlemleri uygulanarak tanımlanan ESA mimarisi, amaç fonksiyonu sonucuna göre iyileştirilir. Üretilen bireyler arasında değişiklik yapılarak genetik çeşitlilik sağlanır. Çaprazlama ve mutasyon ile elde edilen bireylerin mevcut popülasyondaki bireylerle yer değiştirmesi sonucunda yeni popülasyon oluşturulur.

ESA tasarımında, problemin çözümü için üretilecek ağdaki parametrelerin değer aralıklarının belirlenmesi ile arama uzayı oluşturulur. Bu çalışmada arama uzayı evrişim (convolution) bloğu sayısı, filtre sayısı, budama oranı, öğrenme oranı (learning rate), tam bağlantılı katman (dense) bloğu ve birimi sayısı, global ortalama havuzlama katmanını kullanımı içerir. Oluşturulan arama uzayında kullanılan parametreler ve olası değerleri Tablo 1'de verilmiştir. Buna göre örnek bir birey yapısı [1, 64, 0.5, 0.01, 2, 256, 1] şeklindedir. Bu bireydeki ESA mimarisi 64 filtreli 1 evrişim bloğunun ardından global ortalama havuzlama katmanı ve sonrasında 256 ve 128 birimli iki tam bağlantılı katman bloğundan oluşmaktadır. Tam bağlantılı katman bloklarındaki budama oranı 0.5, ağ için öğrenme oranı 0.01'dir. Tablo 1'deki parametreler ve değer aralıkları değerlendirildiğinde çalışmada 432 olası ESA mimarisinden en başarılı olan GA ile belirlenmeye çalışılmaktadır.

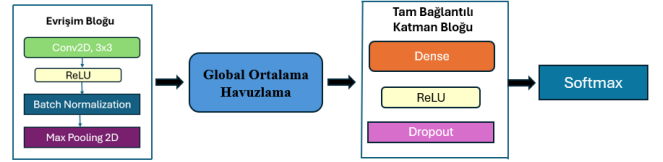
Çalışmada elma yaprağı hastalıklarının sınıflandırılması probleminin çözümünde en başarılı ESA mimarisini oluşturacak parametrelerin GA ile belirlenmesi hedeflenmiştir. Küçük arama uzayı, maliyeti azaltmakta fakat sınırlı mimari seçenekleri sunmaktadır. Geniş arama uzayı ise daha fazla zaman ve hesaplama gücü gerektirmektedir. Çalışmada elde edilen donanım imkanları ölçüsünde geniş bir arama uzayı oluşturulmaya çalışılmıştır.

Tablo 1. Arama uzayı parametre ve değerleri

Arama Uzayı	
Evrişim Bloğu Sayısı	[1, 2, 3]
Filtre Sayısı	[16, 32, 64]
Budama Oranı	[0.0, 0.5, 0.8]
Öğrenme Oranı	[1e-3, 1e-2]
Tam Bağlantılı Katman Bloğu Sayısı	[1, 2]
Tam Bağlantılı Katmandaki Birim Sayısı	[128, 256]
Global Ortalama Havuzlama Katmanı Kullanımı	[0, 1]

Çalışmada ESA mimarisi, evrişim ve tam bağlantılı katman bloklarının art arda sıralanması ile oluşturulmaktadır. Bir evrişim bloğu, 3x3 filtreleme, ReLu aktivasyon fonksiyonu, yığın normalizasyonu (batch normalization) ve 2x2 maksimum ortalama havuzlama katmanlarından oluşmaktadır. İlk evrişim bloğunda filtre sayısı kadar filtre uygulanır. Blok sayısı arttıkça filtre sayısı önceki bloğun iki katına çıkarılır. Evrişim bloklarından sonra ilgili parametre

değerine göre global ortalama havuzlama katmanı eklenir. Mimarinin son kısmında ise tam bağlantılı katman bloğu/blokları yer alır. Bir tam bağlantılı katman bloğunda, tam bağlantılı katman, ReLu aktivasyon fonksiyonu ve budama oranı kullanılır. İlk tam bağlantılı katman bloğunda birim sayısı kadar bağlantı bulunur. Tam bağlantılı katman blok sayısı arttıkça birim sayısı yarıya düşürülür. Yöntemle üretilen örnek bir ESA mimarisi Şekil 6'da gösterilmiştir.



Şekil 6. Örnek bir ESA mimarisi

## Deneysel Bulgular

Bu çalışmada elma yaprağı hastalıklarının sınıflandırılması amacıyla GA ile otomatik ESA tasarımı yöntemi önerilmiştir. Elma yaprağı görüntüleri PlantVillage veri setinden alınmıştır. Veri setindeki görüntülerin %80'i eğitim, %20'si doğrulama verisi olacak şekilde düzenlenmiştir. Veri kümesinin çeşitliliğini artırmak amacıyla, rastgele dönüşümler kullanılarak eğitim verilerine veri artırma işlemi uygulanmıştır. GA ile optimum parametrelerin keşfedilmesi amacıyla evrişim bloğu sayısı, filtre sayısı, budama (dropout) oranı, öğrenme (learning) oranı, tam bağlantılı katman bloğu sayısı, tam bağlantılı katman birimi ve global ortalama havuzlama katmanının kullanımı araştırılmıştır. Önerilen yöntemle tasarlanan ESA mimarisi, SqueezeNet, ShuffleNet, MobilNetV2 ağları ile kıyaslanmıştır. Modeller, Google Colab ortamında A100 GPU kullanılarak eğitilmiş ve test edilmiştir. Modellerin performansını ölçmek için Doğruluk (accuracy), Kesinlik (precision), Duyarlılık (recall) ve F1-skoru metrikleri kullanılmıştır. Bu metrikler Şekil 7'de görülen karmaşıklık matrisi kullanılarak sırasıyla Denklem 1-4'e göre hesaplanmaktadır. Denklemlerde DP (Doğru Pozitif) doğru sınıflandırılan pozitif örnek sayısını, DN (Doğru Negatif) doğru sınıflandırılan negatif örnek sayısını, YP (Yanlış Pozitif) yanlış sınıflandırılan pozitif örnek sayısını ve YN (Yanlış Negatif) ise yanlış sınıflandırılan negatif örnek sayısını ifade etmektedir.

		Tahmini Değer	
		Pozitif	Negatif
Gerçek Değer	Pozitif	DP	YN
	Negatif	YP	DN

Şekil 7. Karmaşıklık matrisi

$$\text{Doğruluk} = \frac{DP+DN}{DP+DN+YP+YN} \quad (1)$$

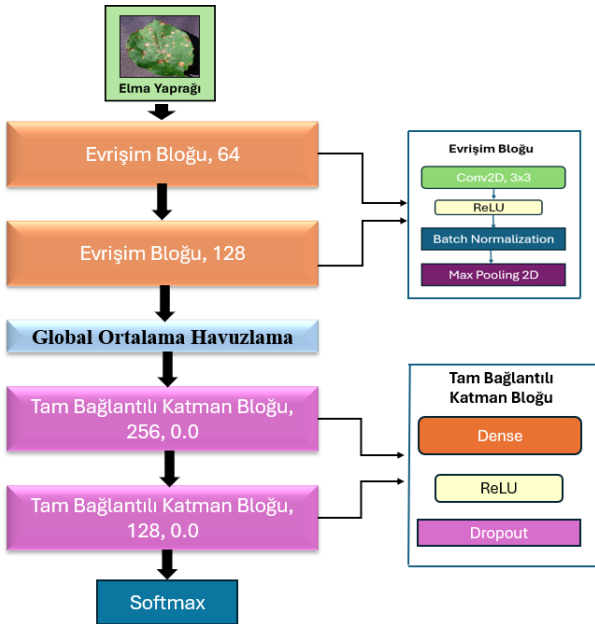
$$\text{Kesinlik} = \frac{DP}{DP+YP} \quad (2)$$

$$\text{Duyarlılık} = \frac{DP}{DP+YN} \quad (3)$$

$$F1 \text{ Skor} = \frac{2 * (\text{Kesinlik} * \text{Duyarluluk})}{(\text{Kesinlik} + \text{Duyarluluk})}$$

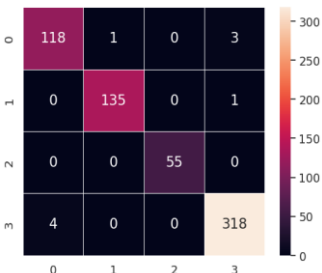
(4)

Çalışmada GA ile otomatik ESA tasarımında popülasyon boyutu 5, nesil sayısı 10 olarak belirlenmiştir. Nesil sayısı GA durdurma kriteri olarak ayarlanmıştır. Bunun dışında aktivasyon fonksiyonu ReLu, optimize edici Adam, çekirdek boyutu (3,3) ve yığın boyutu 64 olarak kullanılmıştır. Arama uzayındaki arama süreci sonunda, önerilen yöntem ile elma yaprağı hastalığı sınıflandırma problemi için elde edilen en iyi mimari Şekil 8’de verilmiştir. Şekilde görüldüğü gibi en iyi mimari 64 ve 128 filtrelili 2 evrişim bloğu, global ortalama havuzlama katmanı, 256 ve 128 birimli tam bağlantılı katman bloğundan oluşmaktadır. En iyi mimaride, budama oranı değeri 0.0, öğrenme (learning) oranı değeri ise 0.01’dir.

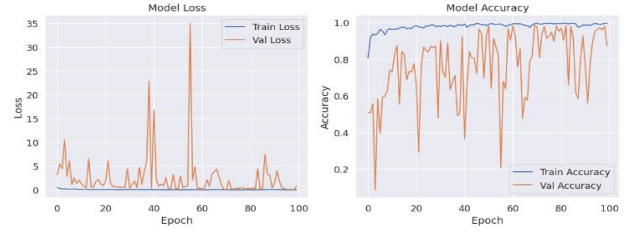


Şekil 8. GA ile oluşturulan en iyi mimari

Bulunan en iyi mimari daha sonra aynı parametreler kullanılarak eğitim kümesi üzerinde 100 dönem eğitilmiş ve doğrulama kümesi üzerindeki başarımları elde edilmiştir. Buna göre otomatik üretilen mimari ile elma yaprağı hastalıklarının sınıflandırılmasında %98.58 doğruluk, %98.68 F1-skoru, %98.68 kesinlik ve %98.68 duyarlılık sonuçlarına ulaşılmıştır. Doğrulama kümesi üzerinde elde edilen karmaşıklık matrisi Şekil 9’da modelin doğruluk ve kayıp grafikleri Şekil 10’da görülmektedir.



Şekil 9. Önerilen model ile doğrulama kümesinden elde edilen karmaşıklık matrisi



Şekil 10. Önerilen modelin doğruluk ve kayıp grafikleri

Her bir hastalığın sınıflandırma doğruluğu Tablo 2’de verilmiştir. Karmaşıklık matrisi ve Tablo 2 incelendiğinde modelin “elma pası” sınıfını 100% doğruluk ile sınıflandırdığı görülmektedir. “sağlıklı” ve “siyah çürüklük” hastalığı sırasıyla %98.75 ve %99.26 başarımları ile sınıflandırılmaktadır. Önerilen model “elma kabuk hastalığı” hastalığının sınıflandırılmasında diğerlerine göre %96.72 doğruluk ile daha düşük bir performansa sahiptir.

Tablo 2. Önerilen yöntem ile elde edilen sınıf başarımları değerleri

Sınıf Adı	Başarımları (%)
Kabuk Hastalığı (0)	96.72
Siyah Çürük (1)	99.26
Elma Pası (2)	100
Sağlıklı (3)	98.75

Önerilen modelin SqueezeNet, ShuffleNet ve MobileNetV2 ağları ile performans karşılaştırılması Tablo 3’te verilmiştir. Önerilen yöntem SqueezeNet ve ShuffleNet ön eğitilmiş modellerinden daha yüksek doğruluk (98.58%), F1-skoru (98.68%), kesinlik (98.68%) ve duyarlılık (98.68) performansı göstermiştir. Tablo incelendiğinde önerilen yöntemin diğer ön eğitilmiş ağlarla kıyaslanabilir performans gösterdiği görülmektedir.

Tablo 3. Önerilen model, SqueezeNet, ShuffleNet ve MobileNetV2 ile elde edilen başarımları sonuçları

Yöntem	Doğ. (%)	F1 (%)	Kes. (%)	Duy. (%)	Parametre Sayısı
SqueezeNet	98.42	98.22	97.99	98.46	724.560
ShuffleNet	97.00	96.89	96.28	97.61	4.022.840
MobileNetV2	99.05	99.10	98.92	99.30	18.316.696
Önerilen Yöntem	<b>98.58</b>	98.68	98.68	98.68	427.790

Önerilen GA ile otomatik ESA tasarımı yönteminin sonuçları, literatürdeki elma yaprak hastalığı çalışmalarıyla Tablo 4’te kıyaslanmıştır. Tabloda yer alan çalışmalarda yüksek parametre sayısına sahip karmaşık yapıları ağlar (VGG, ResNet, AlexNet, DenseNet vb.) kullanılmıştır. Önerilen GA modeli, daha az karmaşıklığa sahip olmasına rağmen, bu yöntemlerle kıyaslanabilir bir başarı elde etmiştir.

Tablo 4. Önerilen modelin literatürle karşılaştırılması

Yöntem	Veri Seti	Doğruluk (%)
--------	-----------	--------------

[16]	Google'dan toplanan veriler	97.87
[17]	Araştırmacıların verileri	99.00
[18]	Plant Village	97.00
[19]	Plant Village	98.75
[20]	Plant Village	99.56
[21]	Plant Village	98.94
[22]	FGCV-8	91.63
<b>Önerilen Model</b>	Plant Village	<b>98.58</b>

## Sonuçlar

ESA modeli tasarım süreci çok sayıda kapsamlı deney ve uzman bilgisi gerektirmektedir. Bu durum probleme uygun optimal bir ESA'nın tasarım sürecini zorlaştırmaktadır. Bu çalışmada, elma yaprağı hastalıklarının sınıflandırılması amacıyla GA ile otomatik ESA mimarisi tasarımı önerilmiştir. Problemin çözümü için en iyi ESA mimarisinin tasarımında, evrişim bloğu sayısı, filtre sayısı, budama oranı, öğrenme oranı, tam bağlantılı katman bloğu sayısı, tam bağlantılı katman birimi sayısı ve global ortalama havuzlama katmanının kullanımı parametrelerinin GA ile belirlenmesi sağlanmıştır. Otomatik üretilen mimari ile elma yaprağı hastalıklarının sınıflandırılmasında %98.58 doğruluk, %98.68 F1-skoru, %98.68 kesinlik ve %98.68 duyarlılık sonuçları elde edilmiştir. Tasarlanan mimarinin performansı SqueezeNet, ShuffleNet ve MobileNetV2 ön eğitilmiş ağlarıyla karşılaştırılmıştır. Elde edilen sonuçlar, otomatik üretilen ESA mimarisinin, daha az karmaşıklıkla kıyaslanabilir bir başarıya sahip olduğunu göstermiştir. Gelecek çalışmalarda otomatik ESA tasarımında farklı arama algoritmalarının kullanımı ile, mimari arama sürecinin daha kısa sürede gerçekleştirilmesi hedeflenmektedir. Ayrıca farklı bitki türleri için de önerilen model uygulanarak düşük karmaşıklığa yüksek başarıya sahip ESA mimarileri tasarlanabilir.

## Etik kurul onayı ve çıkar çatışması beyanı

Hazırlanan makalede etik kurul izni alınmasına gerek yoktur.

Hazırlanan makalede herhangi bir kişi/kurum ile çıkar çatışması bulunmamaktadır.

## Kaynaklar

- [1] C. Chantrapornchai, S. Kajkamhaeng, P. Romphet, "Micro-architecture design exploration template for AutoML case study on SqueezeSEMAuto," Scientific Reports 13(1), 2023, 10642.
- [2] W. N. Ismail, H. A. Alsalamah, M. M. Hassan, E. Mohamed, "AUTO-HAR: An adaptive human activity recognition framework using an automated CNN architecture design," Heliyon 9(2), 2023.
- [3] A. A. Ahmed, S. M. Darwish, "A meta-heuristic automatic CNN architecture design approach based on ensemble learning," IEEE Access, 9, 2021, pp. 16975-16987.

[4] J. Liang, H. Cao, Y. Lu, M. Su, "Architecture search of accurate and lightweight CNNs using genetic algorithm," Genetic Programming and Evolvable Machines, 25(1), 2024, 13.

[5] A. Al Bataineh, D. Kaur, M. Al-khassaweneh, E. Al-sharoha, "Automated CNN architectural design: A simple and efficient methodology for computer vision tasks," Mathematics, 11(5), 2023, 1141.

[6] P. Liashchynskiy, P. Liashchynskiy, "Grid search, random search, genetic algorithm: a big comparison for NAS," arXiv preprint arXiv:1912.06059, 2019.

[7] B. Zoph, "Neural Architecture Search with Reinforcement Learning," arXiv preprint arXiv:1611.01578, 2016.

[8] V. Lopes, L. A. Alexandre, "HMCNAS: Neural architecture search using hidden Markov chains and Bayesian optimization." arXiv preprint arXiv:2007.16149, 2020.

[9] X. Yao, Y. Liu, "A new evolutionary system for evolving artificial neural networks," IEEE transactions on neural networks 8(3), 1997, pp. 694-713.

[10] E. Dufourq, B. A. Bassett, "Eden: Evolutionary deep networks for efficient machine learning," In 2017 Pattern Recognition Association of South Africa and Robotics and Mechatronics (PRASA-RobMech) IEEE, 2017 November, pp. 110-115.

[11] B. Zoph, V. Vasudevan, J. Shlens, Q. V. Le, "Learning transferable architectures for scalable image recognition," In Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition, 2018, pp. 8697-8710.

[12] A. Gülcü, Z. Kuş, "A survey of hyper-parameter optimization methods in Convolutional neural networks," Gazi Üniversitesi Fen Bilimleri Dergisi, 7(2), 2019, 503-522.

[13] Y. Sun, B. Xue, M. Zhang, G. G. Yen, "Completely automated CNN architecture design based on blocks," IEEE transactions on neural networks and learning systems, 31(4), 2019, pp. 1242-1254.

[14] A. Meena, G. V. Reddy, D. P. Chavali, "Accelerated CNN Training with Genetic Algorithm," In 2024 IEEE International Conference on Interdisciplinary Approaches in Technology and Management for Social Innovation (IATMSI) Vol. 2 IEEE, 2024, March, pp. 1-6.

[15] B. Rogers, N. Noman, S. Chalup, P. Moscato, "A comparative analysis of deep neural network architectures for sentence classification using genetic algorithm," Evolutionary Intelligence, 17(3), 2024, 1933-1952.

[16] Y. Nagaraju, S. Swetha, S. Stalin, "Apple and grape leaf diseases classification using transfer learning via fine-tuned classifier," IEEE International Conference on Machine Learning and Applied Network Technologies, 2020, December, pp. 1-6.

[17] H. Çetiner, "Classification of Apple Leaf Diseases Using Convolutional Neural Network Approach,"



Mühendislik Bilimleri ve Tasarım Dergisi , 2021, s. 1130 – 1140.

[18] S. B. Reddy, S. Neeraja, “Plant leaf disease classification and damage detection system using deep learning models,” *Multimedia Tools and Applications*, 2022, pp. 24021-24040.

[19] P. K. Pradhan, “Comparison of various deep convolutional neural network models to discriminate apple leaf diseases using transfer learning,” *Journal of Plant Diseases and Protection* 129(6), 2022, pp. 1461-1473.

[20] F. O. Babalola, N. I Kpai, Ö. Toygar, “Deep Learning Based Classification of Apple Leaf Diseases Using AlexNet,” *Computer Science IDAP-2023*, 2023, pp. 67-74.

[21] N. Upadhyay, “Diagnosis of fungi affected apple crop disease using improved ResNeXt deep learning model,” *Multimedia Tools and Applications*, 2024, pp. 1-20.

[22] P. Rawat, S. K. Singh, “Apple Leaf Disease Detection Using Transfer Learning,” In *2024 International Conference on Integrated Circuits and Communication Systems (ICICACS) IEEE*, 2024, pp. 1-6.

[23] Acar, E., Ertugrul, O. F., Aldemir, E., & Oztekin, A. (2022). Automatic identification of cassava leaf diseases utilizing morphological hidden patterns and multi-feature textures with a distributed structure-based classification approach. *Journal of Plant Diseases and Protection*, 129(3), 605-621.

[24] Mahum, R., Munir, H., Mughal, Z. U. N., Awais, M., Sher Khan, F., Saqlain, M., ... & Tlili, I. (2023). A novel framework for potato leaf disease detection using an efficient deep learning model. *Human and Ecological Risk Assessment: An International Journal*, 29(2), 303-326.

[25] Singh, P., Singh, P., Farooq, U., Khurana, S. S., Verma, J. K., & Kumar, M. (2023). CottonLeafNet: cotton plant leaf disease detection using deep neural networks. *Multim. Tools Appl.*, 82(24), 37151-37176.

[26] D. P Hughes, M Salathe , “An open-access repository of images on plant health to enable the development of mobile disease diagnostics,”, arXiv preprint arXiv:1511.08060, 2015.

[27] F. N. Iandola, “SqueezeNet: AlexNet-level accuracy with 50x fewer parameters and<0.5 MB model size,” arXiv preprint arXiv:1602.07360, 2016.

[28] X. Z. Zhang, “Shufflenet: An extremely efficient convolutional neural network for mobile devices,” In *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition*, 2018, pp. 6848-6856.

[29] H. Jin, Y. Yang, “L-Net: lightweight and fast object detector-based ShuffleNetV2,” *J Real-Time Image Proc*, 2021.

[30] M. Sandler, A. Howard, M. Zhu, A. Zhmoginov, L. C. Chen, “Mobilenetv2: Inverted residuals and linear bottlenecks,”. In *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition*, 2018, pp. 4510-4520.

[31] R. R. Indraswari, “Melanoma image classification based on MobileNetV2 network,” *Procedia computer science* 197, 2022, pp. 198-207.