VISÃO COMPUTACIONAL APLICADA AO REFLORESTAMENTO: CLASSIFICAÇÃO DE ESPÉCIES VEGETAIS COM A ARQUITETURA YOLO26

ANDRESSA VON AHNT[1]; MARILTON SANCHOTENE DE AGUIAR[1]

[1]*Universidade Federal de Pelotas – {abvahnt, marilton}@inf.ufpel.edu.br*

1. INTRODUÇÃO

Monitorar a diversidade de espécies plantadas em áreas de reflorestamento é tarefa que ganha complexidade à medida que a escala do plantio aumenta, mas que segue central para o sucesso dessas iniciativas. Elas respondem pela recuperação de áreas degradadas, pela conservação da biodiversidade e pela captura de carbono, frentes que, combinadas, ajudam a enfrentar as mudanças climáticas (Suganuma, 2013), e dependem de identificação precisa das espécies para que o monitoramento seja confiável. O reconhecimento botânico, porém, costuma exigir conhecimento técnico especializado e nem sempre é um processo simples (Peres, 2012); soluções genéricas de identificação de plantas, voltadas a uso doméstico ou de jardinagem, não cobrem o conjunto específico de espécies nativas empregado em cada projeto de reflorestamento, o que limita sua aplicação nesse contexto. Técnicas de Visão Computacional despontam, nesse cenário, como alternativa para automatizar e facilitar a identificação de plantas.

Este trabalho, desenvolvido em parceria com uma empresa voltada ao reflorestamento, integra a Ciência da Computação aplicada ao meio ambiente. O problema central da pesquisa é a dificuldade de monitorar, de forma ágil e em larga escala, a diversidade da flora em campo, desafio enfrentado pela parceira ao longo de seus projetos de plantio.

Como resposta a essa barreira, propõe-se um modelo de classificação de imagens integrável a um aplicativo móvel, em que o usuário fotografa a planta e o sistema retorna, em poucos instantes, a espécie identificada. O objetivo principal do estudo é treinar e otimizar esse modelo para classificar 17 espécies vegetais empregadas no reflorestamento, adotando a arquitetura YOLO26 (*You Only Look Once*), cuja família foi concebida para visão computacional em tempo real, característica relevante para aplicações em dispositivos móveis. A principal contribuição do trabalho está no ajuste do modelo ao conjunto específico de espécies nativas utilizado pela parceira, indo além das soluções genéricas de identificação botânica disponíveis atualmente.

O restante deste artigo está organizado da seguinte forma: a Seção 2 detalha o *pipeline* metodológico, do pré-processamento dos dados ao ajuste dos hiperparâmetros; a Seção 3 apresenta os resultados do modelo de referência e discute seus principais acertos e limitações; a Seção 4, por fim, reúne as conclusões da pesquisa e delineia direções para trabalhos futuros.

2. METODOLOGIA

O desenvolvimento do modelo seguiu um *pipeline* estruturado em etapas sucessivas: pré-processamento e balanceamento dos dados, seleção do *baseline*, ajuste dos hiperparâmetros de perda, busca automatizada de configurações com Optuna e validação do modelo final. Os dados utilizados neste projeto provêm do dataset BioTrove (Yang et al., 2024), composto por imagens curadas da plataforma colaborativa iNaturalist, distribuídas de forma desigual entre as 17

espécies, com volume variando de 68 a 3.860 imagens por classe. A arquitetura escolhida foi a YOLO26, que se destaca pelo compromisso entre precisão e latência (Jocher et al., 2026). O pré-processamento das imagens envolveu a remoção de arquivos duplicados, borrados, corrompidos ou sem sentido visual, seguida da aplicação do algoritmo CLAHE (*Contrast Limited Adaptive Histogram Equalization*), testado nos valores 0,0, 1,0, 2,0 e 3,0 para o limite de contraste, com o objetivo de equalizar a iluminação e destacar características morfológicas vitais das folhas sem incorrer em super-exposição. Concluído o tratamento, os dados foram separados por um *split* estratificado: 70% para treino, 15% para validação e 15% para teste. Para lidar com o desbalanceamento intrínseco aos dados biológicos, combinaram-se duas abordagens. No conjunto de treino, aplicou-se *undersampling* inteligente *offline*: as classes com maior número de imagens passaram por clusterização via K-Means, que identificou grupos de imagens visualmente semelhantes e selecionou representantes de cada grupo, reduzindo a redundância. As classes minoritárias, por sua vez, receberam *data augmentation offline* massivo.

A modelagem começou pela avaliação de um *baseline* com quatro variantes de rede (YOLO26n, YOLO26s, YOLO26m e YOLO26l), da qual as versões média (m) e grande (l) emergiram como as melhores candidatas, com a escolha apoiada no desempenho na métrica Macro-F1, sem descartar a acurácia global e o custo computacional. A resolução de entrada das imagens também foi avaliada em três configurações: 448, 512 e 640 *pixels*. Na otimização das redes, avaliaram-se os hiperparâmetros *Gamma* e *Class Balanced*. A combinação entre o filtro CLAHE, o parâmetro *Gamma* e o uso do *Class Balanced* foi definida por ajuste manual e empírico, conduzido antes da etapa de busca automatizada com Optuna. O *Class Balanced* atribui pesos maiores às categorias minoritárias na função de perda, forçando a rede a penalizar com mais rigor os erros cometidos nas classes com menos exemplos (Cui et al., 2019). Já o *Gamma*, ligado à formulação matemática da *Focal Loss*, reduz o peso dos exemplos fáceis e concentra o aprendizado nos casos mais difíceis de classificar (Lin et al., 2018). A busca refinada por arquitetura e configurações ideais recorreu à biblioteca Optuna, com 50 *trials* variando taxas de aprendizado e transformações visuais de *augmentation online*, mantidos fixos o *Gamma* e os pesos de classe. A consistência estrutural dos candidatos otimizados foi validada por *cross-validation*. O treinamento do modelo definitivo uniu a totalidade dos dados de treino e validação, com o desempenho final aferido por uma única avaliação, exclusiva, no conjunto de teste.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Sobre o *dataset* completo, a fase de experimentação produziu resultados notáveis para a tarefa de visão botânica. Do cruzamento de parâmetros no framework de busca, a configuração de máxima performance geral operou sobre a arquitetura YOLO26l, com tamanho de entrada em 512 *pixels*, *augmentation offline* restrito às classes sub-representadas, *undersampling* baseado em K-Means para conter as espécies super-representadas e aplicação paralela de *augmentation online*. O modelo extraiu suas melhores características fixando a *Focal Loss* (*Gamma* = 1,5), mas dispensando o filtro CLAHE (limite = 0) e a penalização rígida por classes (*Class Balanced*). Esse modelo de referência alcançou Acurácia Top-1 de 0,904 e Macro F1-*Score* de 0,826. A acurácia superior a 90% mostra o potencial do modelo para auxiliar na identificação automatizada das espécies; o desempenho desigual entre classes, no entanto,

indica a necessidade de ajustes antes de uma aplicação em campo. A Figura 1 traz a matriz de confusão normalizada do modelo definitivo, útil para uma análise mais granular dos acertos e erros taxonômicos.

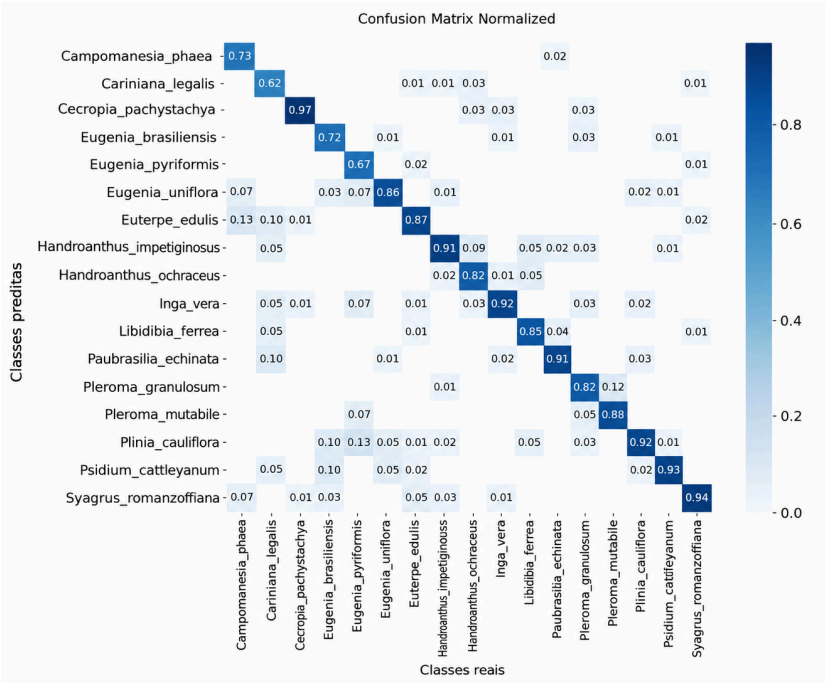


Figura 1 - Matriz de Confusão Normalizada do modelo YOLO26l.

A matriz evidencia forte correlação entre volume de dados e desempenho preditivo. Consideradas as 17 classes, a acurácia por espécie variou de 62% a 97%, com média de 84%; quatro classes ficaram abaixo de 80% de acerto, o que confirma que os erros se concentram em um subconjunto específico de espécies, e não de forma disseminada por todo o *dataset*. Para espécies com maior disponibilidade de amostras, a distinção foi excelente, com índices de acerto altíssimos: 97% para *Cecropia pachystachya* (749 imagens), 94% para *Syagrus romanzoffiana* (1.932 imagens) e 93% para *Psidium cattleyanum*, a classe mais representativa, com 3.860 imagens. As principais limitações da rede, por outro lado, estão ligadas à classificação de grão fino, nos casos de extrema semelhança visual entre espécies do mesmo gênero ou família botânica. Há confusões diretas dentro do mesmo gênero: 9% das amostras reais de *Handroanthus ochraceus* (228 imagens) foram classificadas como *Handroanthus impetiginosus* (715 imagens), e 12% das imagens de *Pleroma mutabile* (114 imagens) foram preditas incorretamente como *Pleroma granulosum* (257 imagens). Em ambos os casos, o erro é predominantemente unidirecional: o caminho inverso (*Handroanthus impetiginosus* confundido como *ochraceus*, ou *Pleroma granulosum* confundido como *mutabile*) ocorre em apenas 2% e 5% das amostras, respectivamente. Essa assimetria indica que a semelhança visual, isoladamente, não explica os erros; o desbalanceamento entre as classes parece empurrar a rede a favorecer a espécie mais representada nos casos de dúvida.

Um padrão de confusão cruzada também aparece entre espécies da família *Myrtaceae*. A *Eugenia pyriformis* foi predita erroneamente como *Plinia cauliflora* em 13% das amostras, e a *Eugenia brasiliensis* (193 imagens) foi classificada como *Plinia cauliflora* (428 imagens) em 10% dos casos; a mesma *Eugenia brasiliensis* ainda registrou mais 10% de confusão ao ser predita como *Psidium cattleyanum*. Espécies com alta semelhança cruzada e escassez extrema

de dados originais, como *Cariniana legalis* (apenas 143 imagens e 62% de acerto) e *Eugenia pyriformis*, a menor classe do *dataset*, com 68 imagens e 67% de acerto, representam os maiores gargalos do sistema atual. A diferença entre a Acurácia (0,904) e o Macro F1-*Score* (0,826) está diretamente associada à distribuição de cauda longa do *dataset*, que varia de 68 a 3.860 imagens por espécie. Como o Macro F1-*Score* confere o mesmo peso a todas as classes, ele expõe o que a acurácia global esconde: o modelo reconhece com precisão as espécies dominantes, mas tem a sensibilidade severamente penalizada nas classes minoritárias ou filogeneticamente próximas, que exigem maior volume de exemplos para um aprendizado completo.

4. CONCLUSÕES

A pesquisa demonstrou a viabilidade do uso de *Deep Learning* na classificação de 17 espécies de flora relevantes para o setor ambiental, com o modelo de referência alcançando Acurácia *Top*-1 de 0,904 e Macro F1-*Score* de 0,826. Os resultados apontam potencial de aplicação do modelo no aplicativo móvel de identificação de espécies proposto em parceria com a empresa de reflorestamento, embora o desempenho desigual entre classes reforce a necessidade dos ajustes discutidos na Seção 3 antes de uma aplicação em campo. Como trabalhos futuros, sugere-se a experimentação de estratégias em cascata, por meio de um sistema de duas camadas: a primeira agruparia dinamicamente as espécies escassas numa classe nomeada "Outros", transferindo a decisão fina para um modelo especialista subjacente. Essa abordagem responde diretamente ao gargalo identificado na Seção 3, em que espécies com forte semelhança visual e escassez extrema de dados, como *Cariniana legalis* e *Eugenia pyriformis*, concentram os maiores erros do sistema atual. Cabe também validar metodologias de *Thresholding* em tempo de inferência, nas quais predições cuja confiança matemática não atinja um valor preestabelecido seriam convertidas de imediato em "Desconhecido" ou "Outros". Essa segunda estratégia reduziria falsos positivos nocivos ao inventário florestal. O projeto segue em desenvolvimento, com essas etapas e o tratamento do desbalanceamento de classes a serem aprofundados na continuidade do trabalho.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

CUI, Y. et al. Class-Balanced Loss Based on Effective Number of Samples. In: IEEE/CVF CONF. ON COMPUTER VISION AND PATTERN RECOGNITION, Long Beach, 2019. **Proceedings...** Long Beach: IEEE, 2019. p. 9268-9277.

JOCHER, G.; et al. Ultralytics YOLO26: Unified Real-Time End-to-End Vision Models. **arXiv**, 2026.

LIN, T.-Y.; et al. Focal Loss for Dense Object Detection. **IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence**, p. 2980-2988, 2018.

PERES, M. K. Chaves interativas do Lucid na identificação botânica. **Heringeriana**, Brasília, v. 6, n. 1, p. 59-61, 2012.

SUGANUMA, M. S.; TOREZAN, J. M. D. Evolução dos processos ecossistêmicos em reflorestamentos da Floresta Estacional Semidecídua. **Hoehnea**, 2013.

YANG, C.-H. et al. BioTrove: A Large Curated Image Dataset Enabling AI for Biodiversity. In: CONF. ON NEURAL INF. PROC. SYS. DATASETS AND BENCHMARKS, 38., 2024. **Proceedings...** 2024.