

8-7-2020

## Research for Skeleton Tree Matching of Microscopic Image of Diatom Cells

Xiaoyan Qiao

*College of Mathematic and Information Science, Shandong Institute of Business and Technology, Yantai 264005, China;*

Follow this and additional works at: <https://dc-china-simulation.researchcommons.org/journal>



Part of the Artificial Intelligence and Robotics Commons, Computer Engineering Commons, Numerical Analysis and Scientific Computing Commons, Operations Research, Systems Engineering and Industrial Engineering Commons, and the Systems Science Commons

---

This Paper is brought to you for free and open access by Journal of System Simulation. It has been accepted for inclusion in Journal of System Simulation by an authorized editor of Journal of System Simulation.

---

## Research for Skeleton Tree Matching of Microscopic Image of Diatom Cells

### Abstract

**Abstract:** The image analysis technology based on morphological differences has become an important method of algae recognition in recent years. A skeleton similarity matching method was proposed to recognize microscopic images of diatom cells. The gray surface vector model of image was established to make segmentation by keeping obscure seta; *The skeleton was used to represent the Chaetoceros, and it was decomposed hierarchically by competition strategy. The Chaetoceros object was represented by skeleton tree by forming the rachis elements and branches into it. The similarity mode for microscopic images of Chaetoceros was established by defining the topological and geometric difference.*

Experimental results show that this algorithm can achieve the better recognition of several kinds of Chaetoceros.

### Keywords

microscopic image of diatom cell, orientation angle model of object, skeleton decomposition, skeleton tree

### Recommended Citation

Qiao Xiaoyan. Research for Skeleton Tree Matching of Microscopic Image of Diatom Cells[J]. Journal of System Simulation, 2015, 27(10): 2416-2421.

## 硅藻细胞显微图像骨架树匹配方法研究

乔小燕

(山东工商学院数学与信息科学学院, 烟台 264005)

**摘要:** 基于形态学差异的图像分析技术近年来成为藻种鉴定的一种重要手段。为了识别硅藻门内角毛藻属显微图像, 提出了一种骨架树相似度匹配方法。构建目标曲面矢量模型, 在保留微弱角毛信息的前提下精确分割角毛藻细胞; 利用骨架表征目标, 采用竞争式跟踪策略将目标骨架层次性分解, 根据拓扑关系将各基元映射至骨架树结构; 通过构建细胞拓扑和局部特征将角毛藻辨识任务转化为骨架树相似度匹配问题, 实验证明该方法对常见的若干种角毛藻有较高的识别准确率。

**关键词:** 硅藻显微图像; 目标曲面模型; 骨架分解; 骨架树

中图分类号: TP391.9

文献标识码: A

文章编号: 1004-731X (2015) 10-2416-06

## Research for Skeleton Tree Matching of Microscopic Image of Diatom Cells

Qiao Xiaoyan

(College of Mathematic and Information Science, Shandong Institute of Business and Technology, Yantai 264005, China)

**Abstract:** The image analysis technology based on morphological differences has become an important method of algae recognition in recent years. A skeleton similarity matching method was proposed to recognize microscopic images of diatom cells. The gray surface vector model of image was established to make segmentation by keeping obscure seta; The skeleton was used to represent the Chaetoceros, and it was decomposed hierarchically by competition strategy. The Chaetoceros object was represented by skeleton tree by forming the rachis elements and branches into it. The similarity mode for microscopic images of Chaetoceros was established by defining the topological and geometric difference. Experimental results show that this algorithm can achieve the better recognition of several kinds of Chaetoceros.

**Keywords:** microscopic image of diatom cell; orientation angle model of object; skeleton decomposition; skeleton tree

## 引言

硅藻是一种种类、数量繁多的, 对海洋环境十分重要的单细胞植物, 分布极其广泛, 是海洋生态环境系统中原始食物的生产者, 也是不可或缺的海

洋生物资源。硅藻在食物链物质循环、气候预测、能量流动等各个领域起着及其重要的作用; 另外, 有害藻类的过度繁殖(如赤潮)也给海洋生态环境、海洋经济和人类生活及健康造成了极大的威胁和危害<sup>[1]</sup>。因此, 硅藻等浮游植物藻种的生理、生态研究和自动鉴别具有不可忽视的科学和现实意义<sup>[2]</sup>。

相对于物理、化学海洋学的藻种观测技术应用现状而言, 传统的藻种监测与诊断技术更多地依赖学识渊博的藻类学家借助显微镜等设备观测藻种



收稿日期: 2015-06-14 修回日期: 2015-07-24;  
基金项目: 国家自然科学基金(61401255); 山东省优秀中青年科学家科研奖励基金(BS2012DX025);  
作者简介: 乔小燕(1982-), 女, 山东莱阳, 博士, 副教授, 研究方向为图像处理与分析、模式识别。

<http://www.china-simulation.com>

• 2416 •

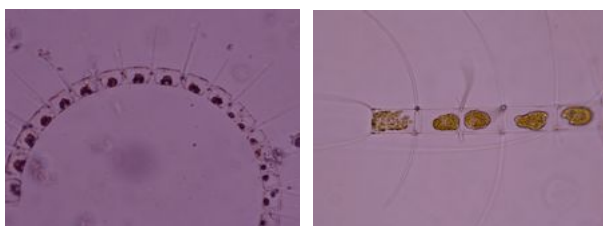
生理形态进行判别, 该技术存在对专业水平要求高、技术人员断层、实时性差、有害和无害藻种生理形态相似度高问题。在这一背景下, 以形态学分类专家知识库为标准, 基于图形学和计算机视觉的藻类参数测量和物种鉴定的新技术得到快速发展, 形成了一种藻种分类鉴定方便、高效的检测手段。

基于形态差异的海洋浮游微生物计数和分类研究迄今已进行了二十余年, 随着图像分析和计算机视觉等技术的发展, 国内外取得了大量的进展<sup>[3-6]</sup>。但就研究范围而言, 大都围绕甲藻内藻种或少数几个藻种展开, 因硅藻门内藻种形态复杂多变, 对其门内(特别是角毛藻)的识别研究非常有限; 就特征提取而言, 以往的藻种特征提取方法大都是对藻种形状、尺寸等参数的测量和计算, 而藻类的某些形态细节特征(如角毛、腹孔等)区别明显, 也是生物学家进行分类识别的关键依据, 这方面的分割技术和特征提取方法却鲜有报道。

本文将从硅藻门内角毛藻属的生理形态特征出发, 探讨其显微图像分割和骨架匹配识别的方法。

## 1 角毛藻属生物形态特征

角毛藻属是赤潮藻硅藻门下一类具有特殊形态的藻种, 很少单生, 一般为多细胞通过角毛联结而成或直、或弯、或螺旋状的链状群体。壳面上结构细微, 角毛以不同方式附着于壳体上, 依其生长位置不同, 分端角毛和内角毛两类<sup>[7-8]</sup>。角毛的长度、粗细、生长位置、角毛生长方向等都是鉴定角毛藻种的重要依据。图 1 是两类中国海域常见的角毛藻。



(a) 旋链角毛藻

(b) 洛氏角毛藻

图 1 我国海域常见角毛藻

## 2 显微图像分割

本文所用的硅藻样品均取自南海赤潮高发区, 实验中显微图像均是采用 Olympus SZX16-3111 光学显微镜连接 CCD 显微照相系统进行图像采集获取。但在成像过程中, 海水泥沙、未知悬浮物等沉积和细胞运动、气体流动都会给成像造成随机干扰, 为了不使此类噪声影响藻类分析和识别结果, 需要对采集的图像进行分割预处理, 仅保留有价值的目标信息。

角毛的特点有: (1) 角毛的灰度值与图像背景灰度值相近; (2) 角毛纤细且繁多, 易被处理为噪声; (3) 主链上的角毛生长具有方向性且富于变化。以上特点给目标分割增加了难度, 但细节区域分割的好坏直接影响后续藻种特征提取与分类, 本节使用目标曲面矢量模型<sup>[9]</sup>精细分割角毛藻细胞。

首先为角毛藻灰度显微图像建立目标曲面矢量模型, 图像中任意 4 个相邻像素  $(i, j)$ ,  $(i+1, j)$ ,  $(i, j+1)$ ,  $(i+1, j+1)$  在 Z 轴上的坐标分别为归一化后的灰度值  $I(i, j)$ ,  $I(i+1, j)$ ,  $I(i, j+1)$  和  $I(i+1, j+1)$ , 这些灰度值在空间坐标系中构成了  $A'B'C'D'$  这个灰度曲面, 该灰度曲面的法线方向可由  $A'B'C'$ ,  $A'C'D'$ ,  $A'B'D'$  和  $B'C'D'$  这 4 个三角形平面法线方向均值拟合, 即  $A'B'C'D'$  的矢量化表示(如图 2 所示):

$$f_{A'B'C'D'} = (f_{B'C'D'} + f_{A'B'C'} + f_{A'B'D'} + f_{A'C'D'}) / 4$$

由  $A'B'C'D'$  的矢量化方向可分别求出  $x$ ,  $y$  两方向上法线矢量的灰度映射图像:

$$\text{map}_x(i, j) = \left[ \frac{255 \times (\theta_x(x, y) - \min(\theta_x(x, y)))}{\max(\theta_x(x, y)) - \min(\theta_x(x, y))} \right] \quad (1)$$

$$\text{map}_y(i, j) = \left[ \frac{255 \times (\theta_y(x, y) - \min(\theta_y(x, y)))}{\max(\theta_y(x, y)) - \min(\theta_y(x, y))} \right] \quad (2)$$

其中,  $\theta_x(i, j)$  和  $\theta_y(i, j)$  分别为图像灰度法线矢量在  $x, y$  两方向上的矢量方向角。

在公式(1)和(2)中,  $\text{map}_x(i, j)$  表征了图像灰度值在水平方向上的变化趋势, 二值化后噪声在其中呈水平分布;  $\text{map}_y(i, j)$  表征了图像灰度值在垂直

方向的变化趋势，噪声在其中呈垂直分布。由于主链角毛生长具有方向性，将两类二值矢量映射图像相与，能够去除水平和垂直方向上显著噪声，保留微弱角毛。最后，采用双向、中值滤波可去除杂碎的噪声点，运用形态学变换弥合断裂的细胞边缘，标记图像中最大连通区域获取目标细胞候选位置模板，对原始图像运用位置模板即可提取细胞目标。图 3 为角毛藻细胞提取方法。

本节分别使用迭代法、大津法和目标曲面矢量模型对角毛藻细胞图像进行分割，图 4 是分割结果。结果(d)比(b)、(c)保留了更多的微弱角毛细节，分割后的细胞体无断裂和空隙，结构完整，更有利于后续特征提取。

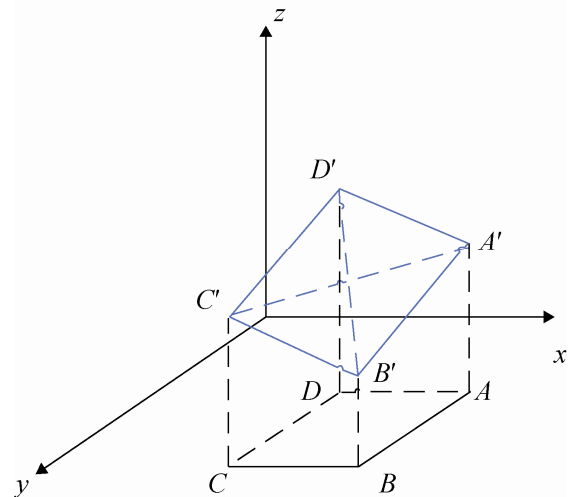


图 2 目标曲面矢量模型

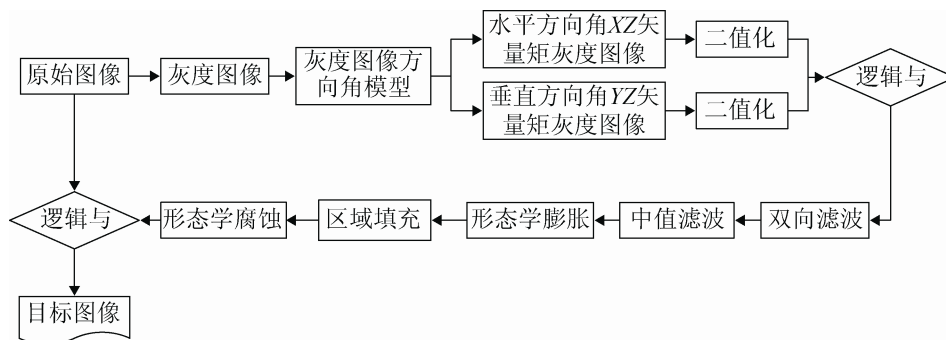


图 3 角毛藻细胞分割方法

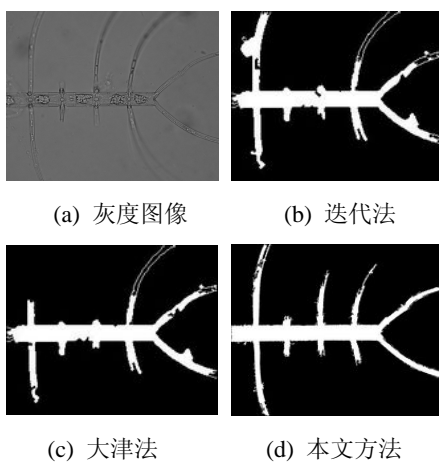


图 4 角毛藻细胞分割结果

### 3 目标表示与特征提取

#### 3.1 目标表示

角毛藻细胞具有不规则、富有变化的形状，它

们之间的差异大多数体现在主链和角毛，利用简单的形状参数计算很难准确反映此类特征。为了更高效地对目标进行辨识，本节采用一种新的角毛藻细胞目标表示方法，利用骨架对细胞目标进行表征，将角毛藻目标表示为一种具有稳定数学结构的骨架树模型中。

首先采用细化法提取目标骨架，并对骨架剪枝；运用竞争式分解策略<sup>[10]</sup>将骨架层次分解为若干结构单元：首先获取各离散点邻域矩阵，通过矩阵打分获取骨架的端点和分叉点，以骨架端点为当前点，对其邻接骨架点逐个跟踪，在遇到分叉点时，计算与该分叉点相连的所有分支基元的方向显著度，使其参与竞争，此时与上层基元有一致方向性的分支获胜并继续逐个跟踪，直至骨架分解完毕，从而保证了脊柱基元的中心性和分支基

元的完整性。对分解后得到的分支基元、脊柱基元采用不同的拟合函数进行编码, 分支基元像素集合做线性拟合  $y = a + bx$ , 脊柱基元像素集合做二次多项式拟合  $y = a + bx + cx^2$ 。基元编码后的骨架可以表示为:

$$T = \{R(s), B_1(s_1), \dots, B_n(s_n)\}$$

其中  $n$  为分解后中分支基元的数目,  $R(s)$ 、 $B_n(s_n)$  分别为脊柱基元和第  $n$  个分支基元的编码表达式,  $s$ 、 $s_n$  分别是它们编码后参数集合。

因此, 骨架的分支基元和脊柱基元作为节点, 它们之间的关系作为边, 每个基元在骨架树中的层次由它在分解过程中参与竞争的次数决定, 按照拓扑关系可构造为树——此数据结构可以柔性地表征骨架的真实拓扑结构。

### 3.2 全局特征差异

设  $T_1 = \{u_i | i=1, \dots, m\}$  和  $T_2 = \{v_j | j=1, \dots, n\}$  为待匹配的两棵骨架树,  $u_i, v_j$  分别表示它们基元的集合,  $m$  和  $n$  分别是其基元总数。骨架树中根节点(脊柱基元)的级别最高, 它的拓扑标记向量<sup>[1]</sup>(TCV)能够有效地表示树的拓扑结构, 对于两棵骨架树中根节点  $u_1$  和  $v_1$ , 骨架树的距离可定义为:

$$\delta(T_1, T_2) = d(u_1, v_1) = |\chi(u_1) - \chi(v_1)|$$

该距离表征了两棵骨架树全局的拓扑相似性。在本节中, 拓扑结构差异归一化为:

$$\hat{\delta}(T_1, T_2) = \delta(T_1, T_2) / \delta_{\max} \quad 0 \leq \hat{\delta}(T_1, T_2) \leq 1 \quad (3)$$

### 3.3 局部特征差异

依据藻体细胞链弯曲度和角毛生长方向这两类形态特征, 本文将骨架树的局部特征差异定义为根节点的曲率特征和一级分支节点与根节点的夹角特征。

(1) 根节点弯曲度  $\kappa$ : 脊柱基元节点基元码的曲率, 表征角毛藻主链的弯曲程度。已知脊柱基元上第  $i$  个离散点处的曲率:

$$k_i(x) = \frac{R'(s)}{\sqrt{1+R'(s)^2}} \frac{dx}{dx} = \left| \frac{R''(s)}{(1+R'(s)^2)^{3/2}} \right|$$

则两棵树弯曲度差异可记为  $\varepsilon_1(T_1, T_2)$ :

$$\varepsilon_1(T_1, T_2) = \left| \frac{1}{L_1} \int_1^{L_1} k_1(x) dx - \frac{1}{L_2} \int_1^{L_2} k_2(x) dx \right|$$

其中,  $L_1$  和  $L_2$  为脊柱基元的像素个数。

(2) 夹角  $e$ : 一级分支节点基元码与父节点基元码在分叉点处切线之间的夹角, 表征角毛的生长方向。已知树中第  $i$  个分支节点与父节点的夹角:

$$e_i = \arctg \left| \frac{R'(s) - B'(s_i)}{1 + R'(s)B'(s_i)} \right|$$

则分支节点夹角差异可记为  $\varepsilon_2(T_1, T_2)$ :

$$\varepsilon_2(T_1, T_2) = \left| \frac{\sum_{i=1}^{n_1} e_i}{n_1} - \frac{\sum_{i=1}^{n_2} e_i}{n_2} \right|$$

上式中  $n_1$ ,  $n_2$  分别为两棵骨架树中分支节点的数目。

两棵骨架树  $T_1 = (V_1, E_1, \alpha)$  和  $T_2 = (V_2, E_2, \alpha)$  的局部特征差异为两类局部特征加权求和的归一化结果:

$$\hat{\varepsilon}(T_1, T_2) = \sum_{t=1}^2 \omega_t \varepsilon_t(T_1, T_2) / \varepsilon_{\max} \quad (4)$$

式中  $\omega_t$  为权重,  $0 \leq \omega_t \leq 1$ , 描述了角毛藻链体弯曲度与角毛与链体夹角在该相似性模型中的显著程度。因此, 综合公式(3)和(4), 待识别目标骨架的距离可记为  $D(T_1, T_2)$ :

$$D(T_1, T_2) = \hat{\delta}(T_1, T_2) \hat{\varepsilon}(T_1, T_2) = (|\chi(u_1) - \chi(v_1)| / \delta_{\max}) \times \left( \sum_{t=1}^2 \omega_t \varepsilon_t(T_1, T_2) / \varepsilon_{\max} \right) \quad (5)$$

## 4 实验结果

(1) 实验选取北方角毛藻、聚生角毛藻等共 5 种角毛藻显微图像进行了实验, 测试图像及骨架提

取结果如图 5 所示。根据公式(5)求取综合相似度(选取  $\omega_1 = 0.6$ ,  $\omega_2 = 0.4$ ), 表 1 中带下划线的数值是该目标与其他目标匹配的最大相似度。





















编号	1	2	3	4	5
二值图像					
骨架					
种属	北方角毛藻		聚生角毛藻		并基角毛藻
编号	6	7	8	9	10
二值图像					
骨架					
种属	并基角毛藻	洛氏角毛藻		旋链角毛藻	

图 5 实验(1)测试图像

表 1 相似度计算结果

编号	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	1.000	<u>0.835</u>	0.368	0.521	0.046	0.102	0.571	0.691	0.044	0.075
2	<u>0.835</u>	1.000	0.451	0.490	0.139	0.108	0.348	0.469	0.037	0.055
3	0.368	0.451	1.000	<u>0.791</u>	0.037	0.013	0.244	0.281	0.096	0.084
4	0.521	0.490	<u>0.791</u>	1.000	0.052	0.058	0.200	0.206	0.042	0.059
5	0.046	0.139	0.037	0.052	1.000	<u>0.648</u>	0.039	0.031	0.065	0.072
6	0.102	0.108	0.013	0.058	<u>0.648</u>	1.000	0.122	0.171	0.125	0.125
7	0.571	0.348	0.244	0.200	0.039	0.122	1.000	<u>0.599</u>	0.056	0.099
8	0.691	0.469	0.281	0.206	0.031	0.171	<u>0.599</u>	1.000	0.072	0.058
9	0.044	0.037	0.096	0.042	0.065	0.125	0.056	0.072	1.000	<u>0.853</u>
10	0.075	0.055	0.084	0.059	0.072	0.125	0.099	0.058	<u>0.853</u>	1.000

(2) 本节选取以上 5 类角毛藻各 200 幅不同拍摄条件下的显微图像样本。将测试样本逐个与其他样本进行匹配, 计算两两骨架树的相似度距离(选取  $\omega_1 = 0.6$ ,  $\omega_2 = 0.4$ ), 由相似度最大值确定分类种属, 识别率结果如表 2 所示。

由表 2 结果可以看出, 旋链角毛藻因其主链弯曲度较其他藻种有很大差异获得了最高的识别率。

另外, 样本目标在不同取样环境和拍照角度下, 经过多姿态变化, 目标形态均会发生不同程度的变形, 这会直接影响到骨架提取和识别的结果。但是, 虽然骨架的主体形态和分支基元的数目会发生变化, 这种局部变动仅仅影响骨架结构的有限部分, 目标的全局拓扑结构不会受很大影响。可见, 骨架树相似度匹配的方法较好地保持了骨架中节点间



这种稳定结构关系, 本文定义的两类局部特征对于复杂和空间中多变形态具有较好的识别效果。

表 2 实验(2)识别率

种属	北方角 毛藻	聚生角 毛藻	洛氏角 毛藻	并基角 毛藻	旋链角 毛藻
识别率 %	77.78	82.71	81.42	72.22	88.75

## 5 结论

本文介绍了一种基于骨架对硅藻显微图像进行形态差异识别的方法。首先采用目标曲面矢量模型精细分割角毛藻目标, 保留微弱角毛细节; 运用竞争式策略将骨架层次分解为若干结构单元, 以两种不同基元作为节点, 将目标骨架映射至骨架树获取目标的拓扑级联结构。针对角毛藻主链弯曲程度和角毛生长方向这两类生物形态特征, 综合骨架树的整体结构差异和局部细节差异建立硅藻生物形态特征集, 将硅藻目标辨识任务转化为骨架树相似度匹配过程, 建立了对分类硅藻显微图像有效的相似性模型。

## 参考文献:

- [1] 张青田. 中国海域赤潮发生趋势的年际变化 [J]. 中国环境监测, 2013, 29(5): 98-102.
- [2] 主卢健, 谷金钰. 藻类监测及治理技术的发展 [J]. 中国水利, 2012, 20: 70-72.
- [3] 王雨, 林茂, 林更铭, 等. 流式影像术在海洋浮游植物分类研究中的应用 [J]. 海洋科学进展, 2010, 28(2): 266-274.
- [4] 洪炎峰, 陈耀武. 实时浮游生物图像目标智能识别系统设计 [J]. 计算机工程, 2012, 38(15): 183-186.
- [5] Jeffrey S Erickson, Nastaran Hashemi, James M Sullivan, *et al.* In situ phytoplankton analysis: there's plenty of room at the bottom [J]. Analytical Chemistry (S0003-2700), 2012, 84(2): 839-850.
- [6] Cabell S Davis, Fredrik T Thwaites, Scott M Gallager, *et al.* A three-axis fast-tow digital Video Plankton Recorder for rapid surveys of plankton taxa and hydrography [J]. Limnology and Oceanography: Methods (S1541-5856), 2005, 3: 59-74.
- [7] 齐雨藻. 中国沿海赤潮 [M]. 北京: 科学出版社, 2003.
- [8] 郭皓, 王健国, 易晓蕾, 等. 中国近海赤潮生物图谱 [M]. 北京: 海洋出版社, 2004.
- [9] Xiaoyan Qiao, Guangrong Ji. Microscopic Image Segmentation of Chaetoceros based on Orientation Angle Model of Gray Image [C]// The Third International Conference on Computer and Network Technology. Newyork: IEEE, 2011, 2: 114-117.
- [10] 姬光荣, 乔小燕, 郑海永, 等. 基于骨架的角毛藻显微图像特征提取 [J]. 中国海洋大学学报(自然科学版), 2010, 40(11): 129-133.
- [11] K Siddiqi, A Shokoufandeh, SJ Dickinson, *et al.* Shock Graphs and Shape Matching [J]. International Journal of Computer Vision (S0920-5691), 1999, 35(1): 13-32.
- [9] Mikolajczyk K, Tuytelaars T, Schmid C, *et al.* Gool. A comparison of affine region detectors [J]. International Journal of Computer Vision (S0920-5691), 2005, 65(1/2): 43-72.
- [10] D Nister. An efficient solution to the five-point relative pose problem [J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence (S0162-8828), 2004, 26(6): 756-770.
- [11] M A Fischler, R C Bolles. Random sample consensus: a paradigm for model fitting with application to image analysis and automated cartography [J]. Communication Association and Computing Machine (S0001-0782), 1981, 24(6): 381-395.
- [12] Martinec D, Pajdla T. Robust Rotation, Translation Estimation in Multiview Reconstruction [C]// IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition. USA: IEEE, 2007: 1-8.
- [13] Peter N Belhumeur. A bayesian approach to binocular stereopsis [J]. International Journal of Computer Vision (S0920-5691), 1996, 19(3): 237-260.

(上接第 2415 页)