

浮游动物识别

朱亚菲 王如晨 武斌 戴嘉伦

2015 年 6 月

目录

1 ZooScan 扫描仪	3
1.1 操作步骤	3
1.1.1 创建项目	3
1.1.2 扫描背景	3
1.1.3 准备样品	4
1.1.4 扫描样品	5
1.1.5 回收样品	6
1.2 注意事项	6
2 ZooProcess	8
2.1 安装	8
2.1.1 计算机规格	8
2.1.2 系统规格	8
2.1.3 操作系统区域设定	8
2.1.4 使用过程中用的文件	9
2.1.5 安装顺序	11
2.2 启动和使用 Zooprocess	14
2.2.1 建立测试项目	14
2.2.2 使用一个例子项目来了解 Zooprocess 的工作流程。	16
3 Plankton Identifier(PkID)	22
3.1 主窗口	22
3.2 Learning	23
3.3 Evaluation	26

3.4 Prediction	31
3.5 Validation	32
3.6 Compilation	33
4 评价方法	38
4.1 论文中采用的评价方法	38
4.2 怎样得到混淆矩阵	38
4.3 PkID 中的评价参数	39
4.4 混淆矩阵 Confusion matrix (CM)	39
4.5 交叉验证 Cross Validation (CV)	42
4.5.1 训练集和测试集	42
4.5.2 常见的交叉验证方法	43
5 特征 (PkID)	45
5.1 位置特征	45
5.2 尺寸特征	46
5.3 灰度值特征	46
5.4 形状特征	47
5.5 自定义特征	47
6 识别结果分析	49
7 优缺点分析	52

由法国国家科学研究院 Villefranche 海洋实验室的 Gorsky 等人发明 [1]、Hydroptic 公司生产的 ZooScan 浮游动物图像扫描分析系统是一种实验室成像系统(即针对的是已经采集并固定保存的浮游生物样品)，主要用于对液体中的浮游动物样品进行计数、大小测量、种类鉴定以及生物量测定。ZooScan 系统采用非破坏性技术对液体浮游动物样本进行分析，样品可重复使用。

ZooScan 系统是由 ZooScan、ZooProcess 和 Plankton Identifier(PkID) 等共同组成的，ZooScan 是硬件部分，主要进行浮游动物样品扫描，形成数字图像。ZooProcess 和 PkID 是软件部分，分别以标准化的程序处理原始图像、对不同个体的形态参数进行自动测量和对图像中的浮游动物进行自动分类和计数。

1. ZooScan 扫描仪

ZooScan 扫描仪完成的任务：

- 扫描空白背景
- 扫描样品，获得原始图片和元数据信息

1.1 操作步骤

1.1.1 创建项目

- 打开“Image J”，在软件界面中，选择项目选项表最后的“CREATE NEW PROJECT”，创建一个新的项目。如图 1。

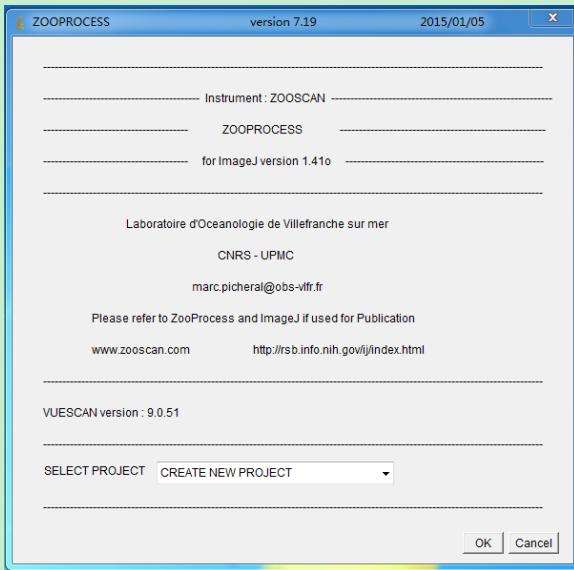


图 1: 创建项目

- 选择扫描选项。选择 2400dpi 分辨率和“Large”的扫描框 ($15cm \times 24cm$)。如图 2。
- 输入样品的元数据 (metadata)。在后面处理过程中，可以通过 ZooProcess 中的“EDIT and MODIFY metadata”工具来修改元数据。如图 3。

1.1.2 扫描背景

背景图像是一张空白图像，用于图像分析过程中。在与样品相同环境下 (自来水或是过滤海水)，先扫描背景再扫描样品。最好是在每个扫描任务开始时，都扫描一次背景图像。

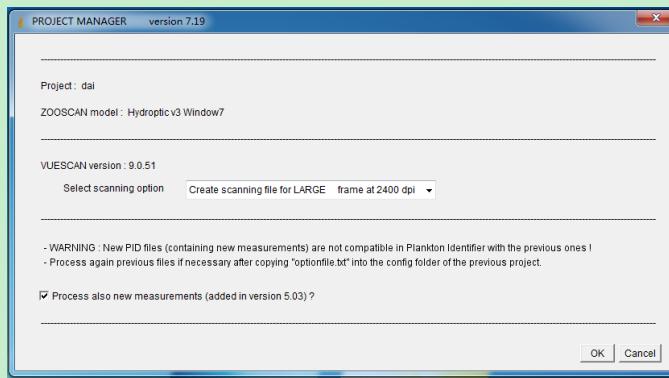


图 2: 选择分辨率和扫描框大小

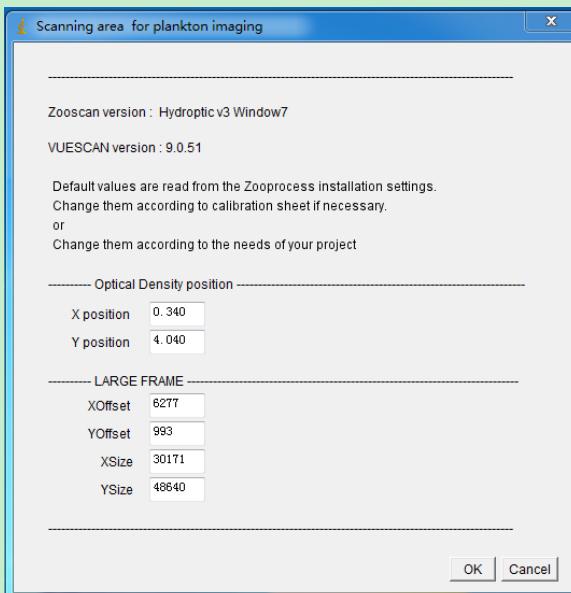


图 3: 输入扫描信息

- 用清水清洁和冲洗 ZooScan 托盘和表面玻璃，时不时地检查并清除在玻璃和扫描框上的污点。
- 倒一些清水（保持在室温）没过托盘，它可以防止扫描框刮擦托盘。
- 放置扫描框 ($15cm \times 24cm$)，这取决于之前 ZooProcess 中的“创建项目”中的选项。
- 在预扫描和实际扫描之间，等待 30 秒。

1.1.3 准备样品

- 存储几升清水，保持在室温，用来为 ZooScan 注水。
- 用筛子（网格间隙为 $100\mu m$ ）过滤掉防腐剂和海水中物质。样品通过间隙为 $1mm$ 和 $200\mu m$ 的两种网格，将浮游生物分成不同体型的两部分。

- 浮游生物被分为不同体型的两部分：一个为体型大的样品，另一个为体型小的样品。分别将分开后的样品，添加标签 $d1$ 和 $d2$ ，用于扫描后的数据处理过程中。如图 4。

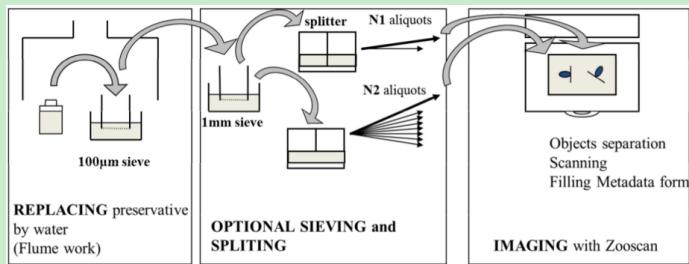


图 4: 准备样品

- 使上述两个分开后的样品中，保持只有 1000 – 1500 个浮游生物。

1.1.4 扫描样品

- 在扫描托盘中加入量水，放置扫描框 ($15cm \times 24cm$)，调整扫描框放置的位置（位置在扫描托盘中有标注）。
- 倒入样品，加入清水，直到没过扫描框的台阶。
- 将个体较大的浮游生物放在扫描框的中心，用木棒分离粘连浮游生物，避免浮游生物贴靠扫描框边缘。对于漂浮在水面的浮游生物，轻轻用木棒将浮游生物压入水中。如果存在无法没入水中的浮游动物，且数量不多，则将它们移出（[这一步是生成好的数据质量的关键步骤](#)）。如图 5。



图 5: 用木棒分离粘连浮游生物

- 检查托盘是否有气泡，顶盖玻璃的表面是否冷凝。
- 加载 ZooProcess，选择项目，点击扫描样品，选择两部分样品中的一个样品 (d_1 和 d_2)，写入相关元数据。

1.1.5 回收样品

- 清洁托盘，避免下次实验污染了样品。
- 移走并冲洗透明的扫描框，回收所有的标本。
- 清洁干燥扫描托盘。

1.2 注意事项

- 清水可以是自来水或过滤海水，保持在室温是为了避免在 ZooScan 的托盘中产生气泡或者顶盖玻璃上出现冷凝。因为自来水管中的自来水和房间的温度存在一定温差。
- ZooScan 提供 1200dpi 和 2400dpi 两种分辨率扫描。分辨率限制在 2400dpi，是由于 ZooScan 设计的光路需要空气入水和由水进入玻璃两次穿过界面，使成像分辨率收到限制。
- ZooScan 的扫描框有两个尺寸： $11\text{cm} \times 24\text{cm}$ 和 $15\text{cm} \times 24\text{cm}$ 。推荐使用 $15\text{cm} \times 24\text{cm}$ 的扫描框，具体使用哪个扫描框由 ZooProcess 中的选项决定。
- 扫描空白背景不仅可以去除灯光产生的异质性的斑点等，而且可以检验系统的稳定性。
- 在准备样品阶段，通常情况下，将样品分为两个或以上的小样品进行扫描。
- 在准备样品阶段，如何将浮游生物样品分成不同的小样品，取决于原样品中浮游生物的种类多少与体型大小。
- 扫描的浮游生物必须保持不动的状态，使用固定剂或将其麻醉。
- 扫描框上有 5mm 的小台阶，注入的水必须漫过这台阶的高度，避免在扫描后的图像边缘出现弯液面现象。如图 6。
- 在较大的框内 ($15\text{cm} \times 24\text{cm}$)，最多可以容纳 1000 – 1500 个浮游生物。
- 在 ZooProcess 中也可以对扫描图像中的粘连浮游生物进行分离，但是最好是在样品扫描之前用木棒进行分离。如图 7。

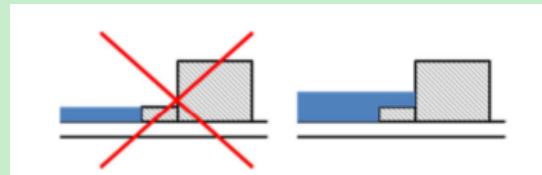


图 6: 框的台阶高度

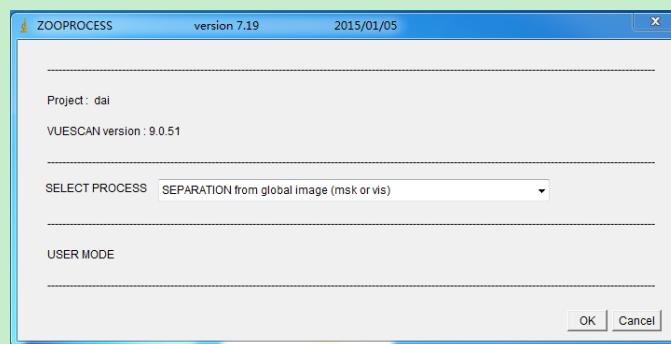


图 7: ZooProcess 的浮游生物分离

2. ZooProcess

ZooProcess 是基于 ImageJ 宏语言的一套程序。所以 Zooprocess 对用户来说是免费的，用户也可以用它来满足他们的需求。

Zooprocess 是由 Marc Picheral 开发出来并且为我们所使用的，然而他并不是一名程序员。Zooprocess 依旧在完善并且新的版本会在主页上发布出来。我们认为文件的格式和项目的结构是不允许被修改的。但是上行的兼容性是会保持的。

2.1 安装

2.1.1 计算机规格

- 不要使用双处理器的电脑，多核的电脑是支持的。
- 在 Windows Xp 32 操作系统上需要 2G 的内存来处理 Zooscan 2400 dpi 的图像。现在不再推荐这个已经被废弃的系统。
- 在 Windows7 64 位和 Windows8 操作系统需要最小 8G 的内存来处理 4800dpi 的图像。
- 对于 Zooscan 来说分辨率最小是 1280x1024，这里推荐 1680x1280 的分辨率，对查看图像来说是好的。对于 ZOOSCAN 工具来说最小的垂直分辨率是 1024dpi，因此建议不要使用笔记本电脑。
- 一个带有滚轮按钮的鼠标对于很多的手动图像工具来说是必须的。

2.1.2 系统规格

Zooprocess 已经在这些系统上测试并且可以兼容他们：

- Windows XP pro 32bits, SP3。
- windows 7 pro 64 bits
- windows 8 pro 64 bits

2.1.3 操作系统区域设定

配置电脑使用点作为十进制的符号。如图 8

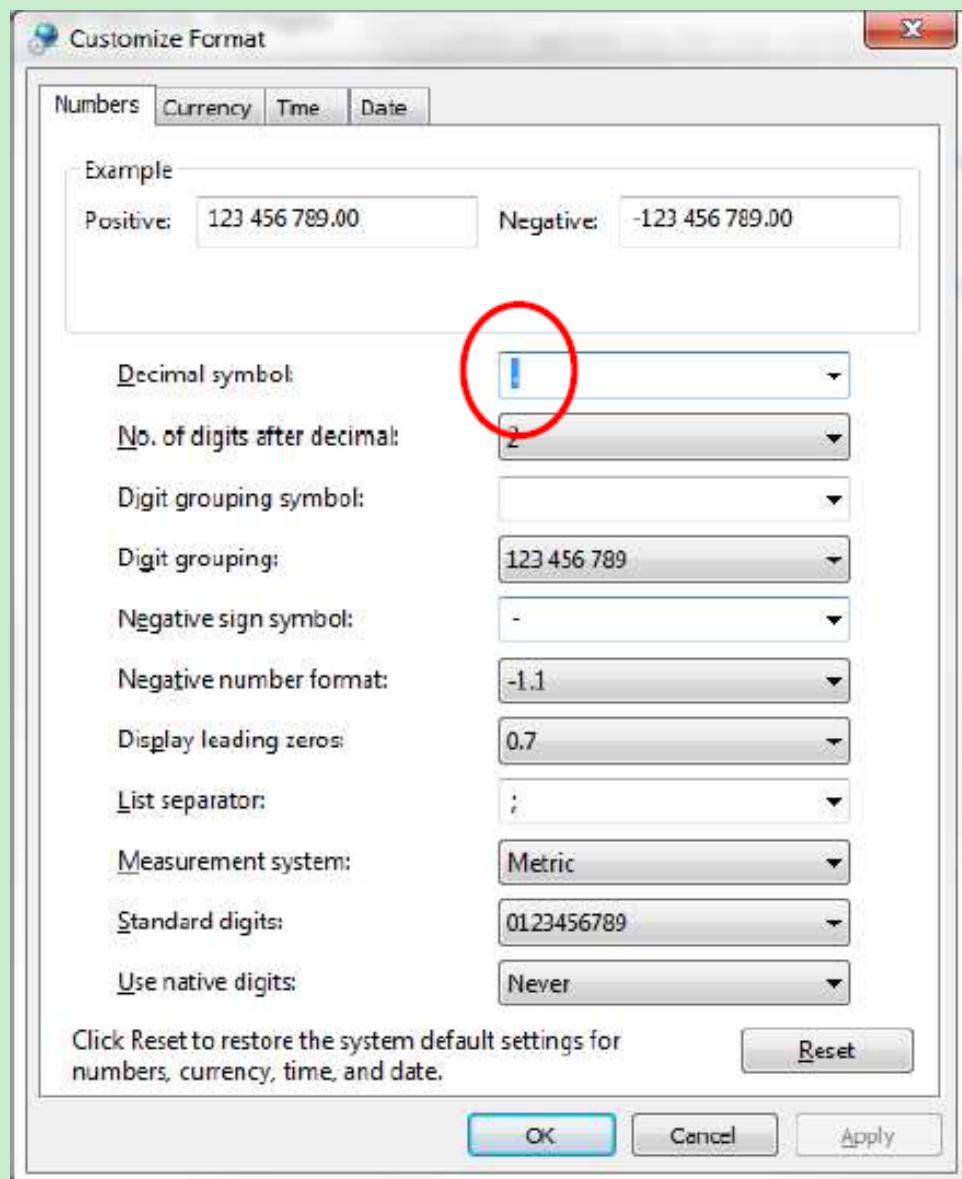


图 8: 配置电脑

2.1.4 使用过程中用的文件

提供的安装文件，可以到http://www.obs-vlfr.fr/LOV/ZooPart/ZooScan/article.php3?id_article=218下载安装文件，包含所有相关的文件及文档。

在使用过程中会用到的软件：

1. 使用 Zooscan 时相关的软件

- Zooscan Driver
- Vuescan

- Java machine
- ImageJ and Zooprocess
- First START of Zooprocess
- Tanagra
- Pid Viewer
- PKId
- Xnview

2. 处理 Zooscan 数据时相关的软件

- Vuescan
- Java machine
- ImageJ and Zooprocess
- First START of Zooprocess
- Tangara
- Pid Viewer
- PKId
- XnView

3. 运行 UVP 相关的软件 UVP (underwater vision profiler) 系统，被设计用于对直径大于 100um 的课件颗粒和浮游生物的垂直分布进行量化。参考来源

- Java machine
- ImageJ and Zooprocess
- RS232 piloting tools
- First START of Zooprocess
- Tangara
- Pid Viewer
- PKId

- XnView

4. 处理 UVP 数据时相关的软件

- Java machine
- ImageJ and Zooprocess
- First START of Zooprocess
- Tangara
- Pid Viewer
- PKId
- XnView

5. 其他软件

- Java machine
- ImageJ and Zooprocess
- First START of Zooprocess
- Tangara
- Pid Viewer
- PKId
- XnView

2.1.5 安装顺序

必须要按照说明的顺序去安装。

下表 9 说明了不同系统安装的文件：

1. 安装 Zooscan 驱动

- 根据上面列表，安装 win7 64 位对应的驱动 (epsonxxxx.exe)
- 连接 Zooscan
- 打开 Zooscan 并且检查是否安装成功
- 关闭 Zooscan

Operating System		Windows Xp pro 32bits	Windows 7 pro 64bits	Windows 8 pro 64bits
Install Archive (downloaded)		Zooscan_install_Xp.zip	Zooscan_install_7.zip	Zooscan_install_7.zip
RAM, minimum recommended		2Gb	8Gb	8Gb
Zooscan compatibility	Biotom	Biotom	Biotom	not tested
	Hydroptic V1	Hydroptic V1	Hydroptic V1	not tested
	Hydroptic V2	Hydroptic V2	Hydroptic V2	not tested
		Hydroptic V3	Hydroptic V3	Hydroptic V3
Vuescan installer		vuesca8457.exe	vuesca8457.exe / vuex6490.exe	vuex6490.exe
VUESCAN versions	Biotom	8.4.57 / 8.3.23	8.4.57 (vuesca8457.exe)	not tested
	Hydroptic V1	8.4.57 / 8.3.23	8.4.57 (vuesca8457.exe)	not tested
	Hydroptic V2	8.4.57 (vuesca8457.exe)	8.4.57 (vuesca8457.exe)	not tested
	Hydroptic V3	N/A	9.0.51 (vuex6490.exe)	9.0.51 (vuex6490.exe)
DRIVERS for ZOOSCAN	Biotom	epson12181.exe	epson12181.exe	not tested
	Hydroptic V1	epson12181.exe	epson12181.exe	not tested
	Hydroptic V2	epson13552.exe	epson13552.exe	not tested
	Hydroptic V3	N/A	epson13677.exe	epson15196.exe
ImageJ installer for V1.41o		ij141-nojre-setup.exe	ij141-nojre-setup.exe	ij141-nojre-setup.exe
JAVA machine installer		jre-6u29-windows-i586-s.exe	jre-6u29-windows-x64.exe	jre-6u29-windows-x64.exe
PkID Installer		PkID_Setup126.exe	PkID_Setup126.exe	PkID_Setup126.exe
Pid viewer installer		PID_viewer_Setup.exe	PID_viewer_Setup.exe	PID_viewer_Setup.exe
Tanagra installer		setup_tanagra.exe	setup_tanagra.exe	setup_tanagra.exe
RS232 for UVP5 piloting module		rs232_w32.zip	rs232_w64.zip	rs232_w64.zip

图 9: 不同系统安装的文件

2. 安装 Vuescan

- 从下载的文件夹中打开安装文件
- 注意不要选“安装旧版本的驱动”
- 运行 Vuescan 并且输入许可信息（相关信息可以上网找序列号）
- 关闭

3. 安装 JAVA 用户必须通过提供的 JAVA machines 运行 ImageJ。永远不要升级 JAVA。

- 在 32 位系统下只安装 jre-6u29-windows-i586-s.exe

- 在 64 位系统下只安装 jre-6u29-windows-x64.exe

在安装的时候保持默认的选项。

4. 安装 ImageJ

只有 1.41 版本的 ImageJ 会适用于 7.0 以上版本的 Zooprocess。

64 位系统下的安装过程：

64 位系统运行扫描和处理 2400 分辨率的大帧图像以及 4800 分辨率的窄帧图像需要在拥有 8Gb 的内存的前提下。对于更多的内存，并不会提高处理速度。

- 从提供的文件夹内安装 ImageJ (ij141-nojre-setup.exe)。ImageJ 必须安装到用户有写权限的文件夹，例如桌面 (Desktop/ImageJ)。
- 在弹出的窗口中定义已安装的 java 的路径 (一般在 C 盘的 program file 文件夹内)。
- 当计算机的防火墙提示 JAVA 时，允许其运行。
- 设置分配给 ImageJ 的内存空间为计算机内存的 2/3。
- 关闭并重启 ImageJ，查看设置是否生效。

5. 安装 Zooprocess

- 如果 ImageJ 启动的话先关闭它。
- 解压缩 Zooprocess_version_x.xx.zip 压缩包内的所有内容到 ImageJ 下面的 macros 文件夹，替换掉原有的文件。
- 把 free_memory.class 和 free_memory.java 以及所有的扩展名为 *.class 和 *.java 的文件从 ImageJ macros 文件夹移动到 ImageJ plugins 文件夹内。
 - Tangara
 - Pid Viewer
 - PKId
 - XnView

6. 安装 Tanagra、PID viewer、Plankton Identifier 和 Xnview。从提供的文件夹内安装前三个软件，Xnview 自己上网下载，任何版本都可以。

2.2 启动和使用 Zooprocess

注意：

- 在启动 Zooprocess 之前请关闭所有的应用程序。
- 在 Zooprocess 处理的过程中不要做其他任何事情。
- 第一次启动 Zooprocess 的时候，屏幕会提示你安装 Zooprocess 并且让你选择程序处理的根文件夹，选好后会自动的在你的选择的硬盘位置中创建适当的文件夹以及配置文件，只有一些配置文件和空目录，不会存储数据。
- 在安装的过程中会提示你选择 Hydroptic 版本，这里我选择的是 V3 版本，对应的 VuScan 版本是 9.0.51，所以在之前的安装中要选择这个版本。
- 安装完成后会要求你建立一个项目，并且选择对应的设备。

Zooprocess 在没有创建或者导入一个 first project 的情况下可能不会工作。所以在这里可以建立一个测试的项目，在以后也可以把它删掉。在这里我建立了一个名为 test 的项目，选择无扫描设备。

2.2.1 建立测试项目

建立一个名为 test 的项目，选择无扫描文件。

项目建立之后，会生成一系列的子目录对于不同的目的，如图 10 所示：

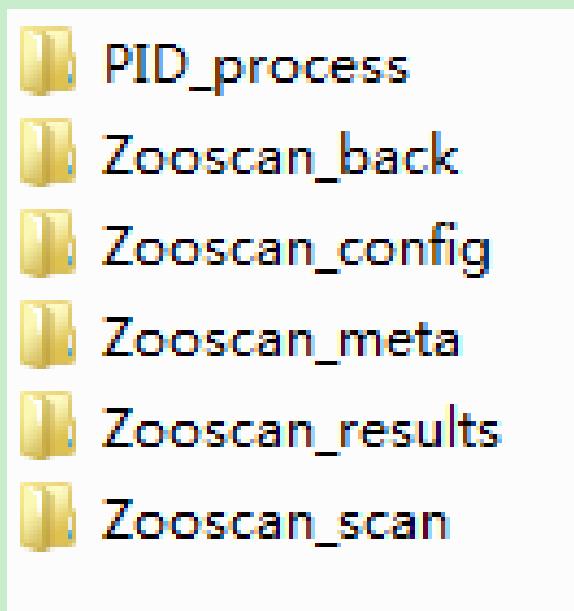


图 10：目录列表

enter sample ID: 例如 001

填充 metadata:

主要的内容如图 11 和 12 所示:

SAMPLE ID : 001
METADATA from sample "001" displayed below.

Ship	NaN
Scientific program	NaN
Station Id ("NaN" if unknown)	NaN
Sampling date (YYYYMMDD-HHMM)	NaN
CONVENTION at LOV => Latitude : (-12.06398 for 12°06.398 S) Longitude : (-135.05325 for 135°05.325 E)	
Latitude (DD.MM for North, -DD.MM for South)	NaN
Longitude (DDD.MM for West, -DDD.MM for Est)	NaN
Bottom Depth (m)	99999
CTD reference (filename)	NaN
Other reference	NaN
BARCODE	NaN
Number of tow in the same sample	99999
Tow type	0 : not documented
Net type (WP2, JB, Omori...)	NaN
Net mesh (μm)	99999
Net opening surface (m²)	99999
Maximum Depth, 9999 if unknown (m) : Z max	99999
Minimum Depth, 9999 if unknown (m) : Zmin	99999
Depth QC	(dropdown menu)
Filtered volume, sum of ALL nets jar if numberof tow > 1 (m³)	99999
Volume QC	(dropdown menu)
Add sample comment	NaN

图 11: 填充内容 1

在这里需要我们填充很多信息，包括采样的地点、经度、纬度、采样网格的大小等参数，这些会在以后的 log 文件和 meta 元数据文件中写入。具体的条目我就不再详细介绍，毕竟不是很明白。

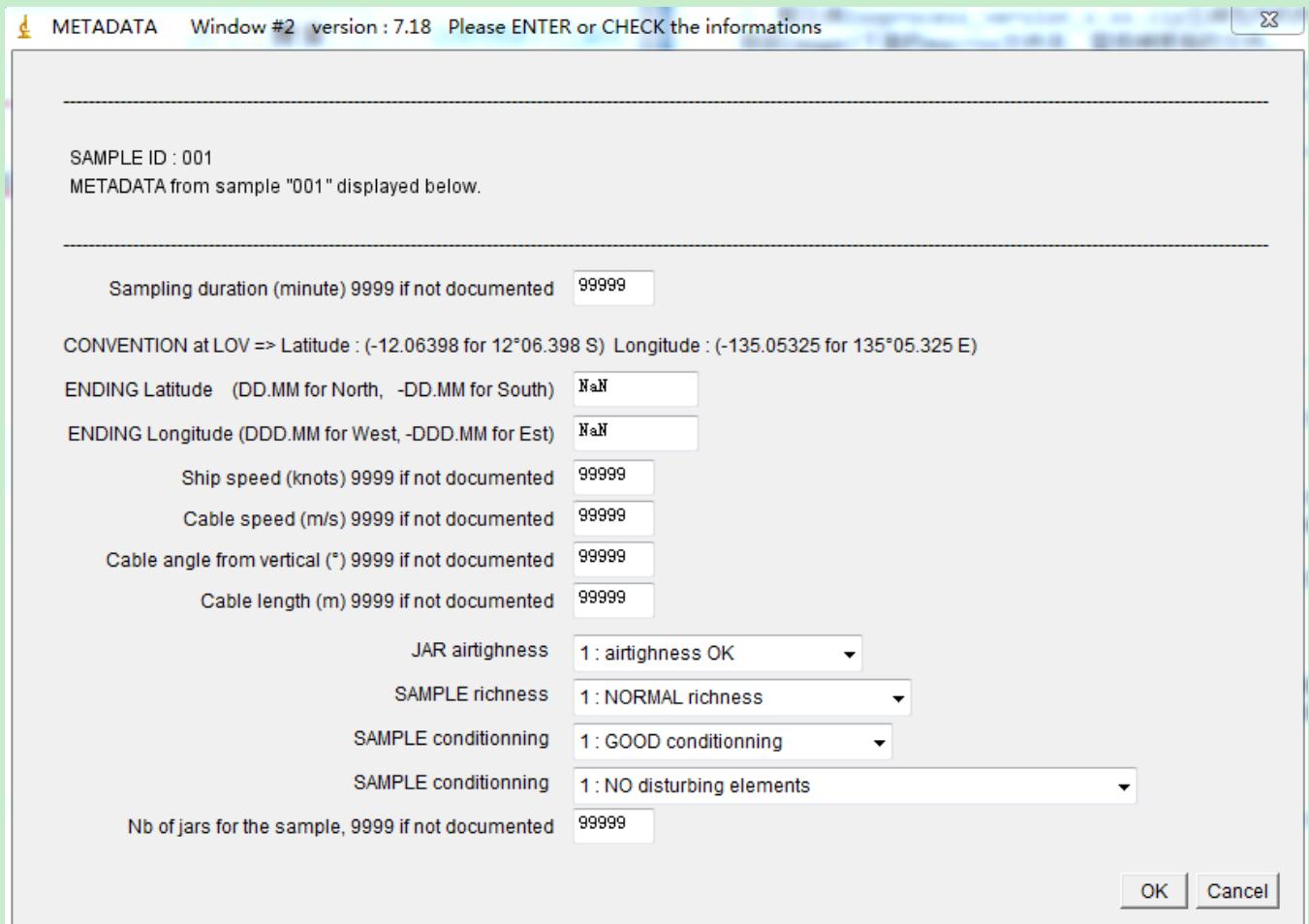


图 12: 填充内容 2

2.2.2 使用一个例子项目来了解 Zooprocess 的工作流程。

1. 下载例子, [下载地址](#), 下载 “the project to be utilized with Zooprocess” 这个条目对应的文件。
2. 将下载下来的文件拷贝到 Zooprocess 的工作目录下, 然后打开 ImageJ, 就可以选择我们下载下来的项目 Zooscan_rond_carre_zooprocess_tp 了。
3. 选择好项目后, 会进入到菜单选择窗口, 用户在这里可以选择要进行的工作, 在这里有两种工作模式 User 模式和 Advanced 模式, 一般情况下我们选择 User 模式就好了, 其他的选择默认。高级模式就是为用户提供了更多手动操作的步骤和功能, 让用户可以更加全面的参与参数的修改等工作。

两种模式包含的功能分别如图 13 和 14 所示:

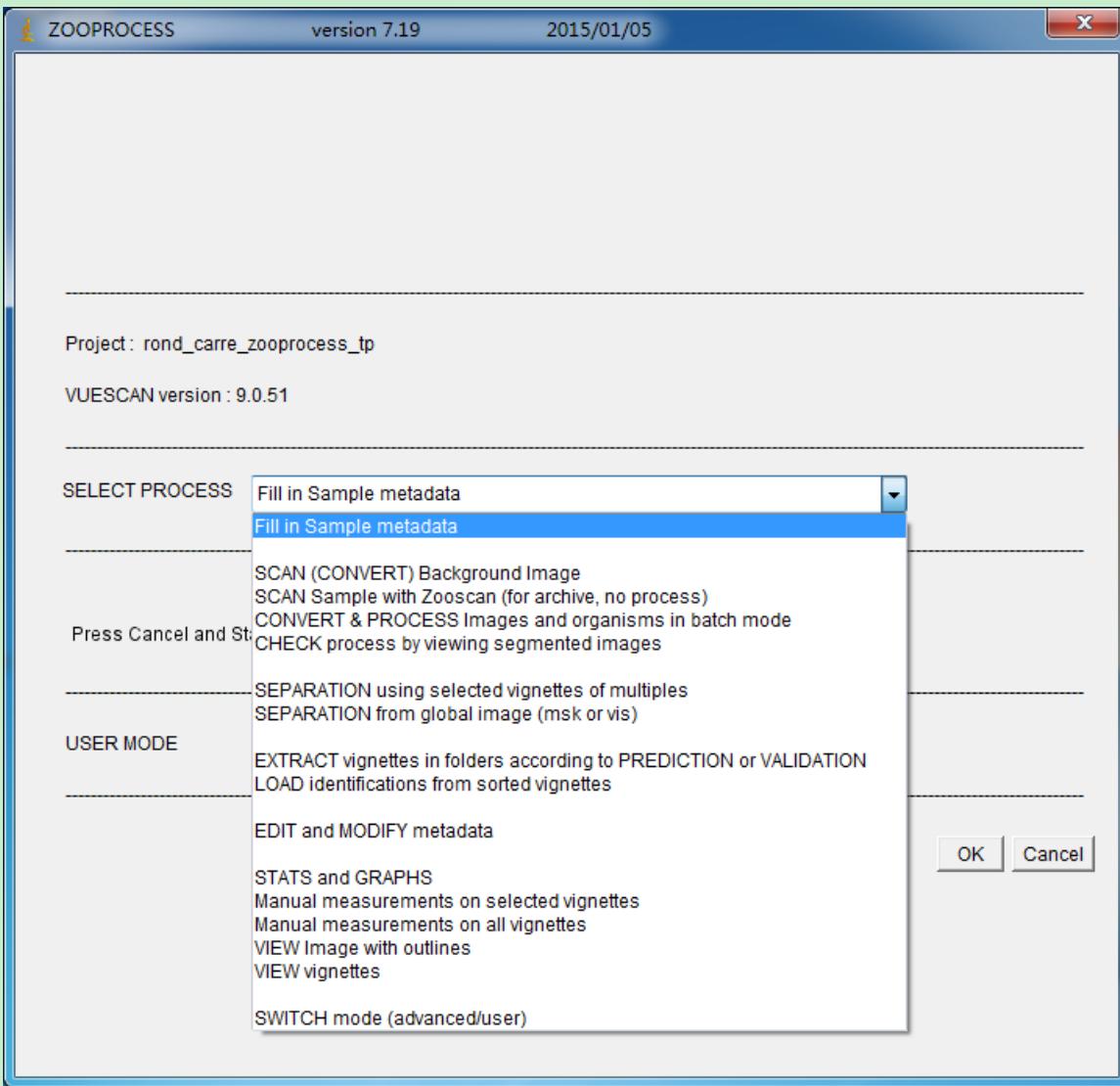


图 13: 普通模式

4. 进行处理的第一步就是需要扫描背景图像和扫描样本图像两项工作，在这里由于没有实际的 ZooScan 仪器，所以就跳过，直接进行下面的步骤，在下载的实例文件中已经为我们提供了示例的扫描后的样本图像和空白图像。分别保存在项目目录下面的 Zooscan_back 和 Zooscan_scan 目录下面。

扫描后的样本的原始的.tif 图像文件和 log.txt 记录文件和 meta.txt 元数据文件都会在 path \to \project \Zooscan_scan _raw 目录下建立并存储。

- log 文件记录了扫描方法（参数）的信息。
- meta 文件给出了采样方法（网格大小、质量）和 ZooSCAN 的准备（前置筛选和二次抽样率等）信息。

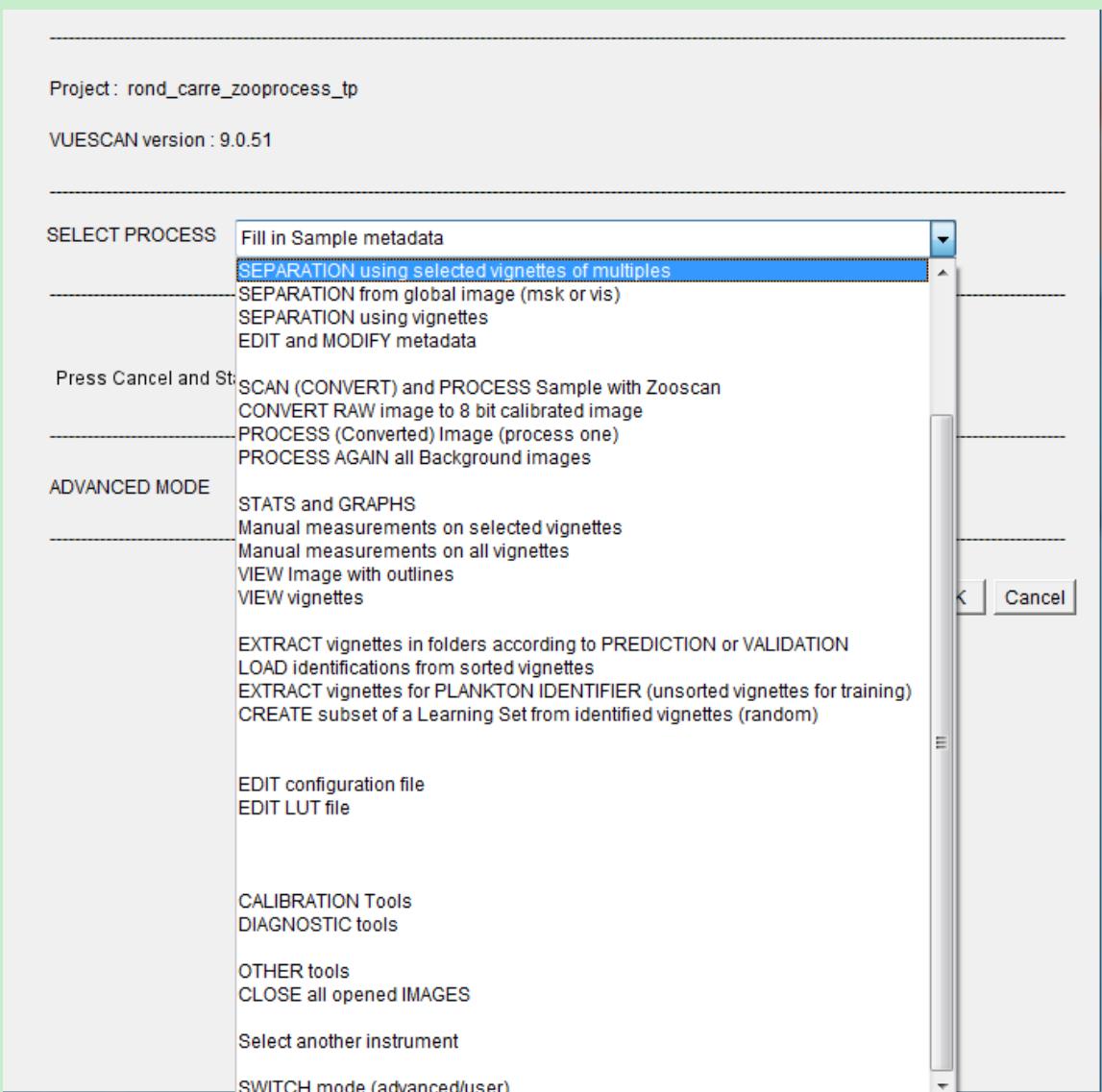


图 14: 高级模式

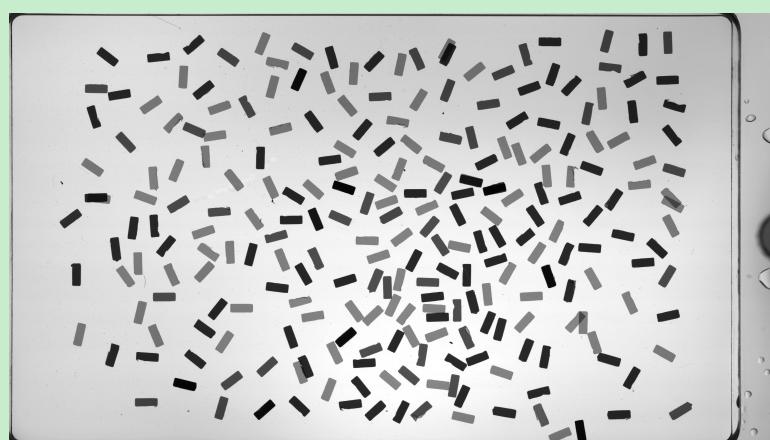


图 15: 样本图片



图 16: 背景图片

C:\Zooscan_rond_carre_zooprocess_tp\Zooscan_scan_raw

包含到库中	共享		刻录	新建文件夹
夹	名称	修改日期	类型	大小
裁	test_01_tot_1_log.txt	2014/10/3 18:09	文本文档	2 KB
面	test_01_tot_1_meta.txt	2014/10/3 18:09	文本文档	1 KB
丘访问的位置	test_01_tot_raw_1.tif	2014/10/3 18:05	Kankan TIFF 图像	11,467 KB
凡影视库	test_02_tot_1_log.txt	2014/10/3 19:57	文本文档	2 KB
须	test_02_tot_1_meta.txt	2014/10/21 21:57	文本文档	1 KB
十	test_02_tot_raw_1.tif	2014/10/3 19:53	Kankan TIFF 图像	11,467 KB
当	test_14_tot_1_log.txt	2014/10/3 21:57	文本文档	2 KB
雷下载	test_14_tot_1_meta.txt	2014/10/3 21:57	文本文档	1 KB
天	test_14_tot_raw_1.tif	2014/10/3 21:53	Kankan TIFF 图像	11,467 KB
	test_15_tot_1_log.txt	2014/10/3 22:04	文本文档	2 KB
	test_15_tot_1_meta.txt	2014/10/3 22:04	文本文档	1 KB
	test_15_tot_raw_1.tif	2014/10/3 21:59	Kankan TIFF 图像	11,467 KB

图 17: 文件列表

5. 在 Zooprocess 的主菜单中选择”Convert and process image in batch mode”选项来使用批处理的方法进行样本的处理和转换。

这个过程会持续很长时间，做了很多的工作，从原图像中检测并且识别个体，并且把识别后的单个个体片段提取出来，以 jpg 的格式存储在 \path\to\project\Zooscan_scan_work 目录下。存储的文件除了每一个识别出来的个体片段外还包括原图像以及去掉背景后样本图和本次处理后对应的 pid 文件。这个.PID 文件是后面数据分析的主要文件，它是一个连接了 log.txt 文件、meta.txt 文件、应用的处理功能和 meas.txt（一个包含所有目标（列）和测量值（行）的表格）文件的单一文件。测量值中可能会用于数据分析的计算值有 Area, Major 和 Minor（同测量的目标拥有相同区域的椭圆的长轴和短轴）。其他测量值是用于自动识别目标的形状和结构的参数以及他们在托盘中的位置。除了 work 目录内，PID 文件也被自动的复制到项目目录下

的”PID_Result”目录下。PID 文件可以通过“PID Viewer”程序来查看。图 18 和 19 是 PID 文件的基本格式。

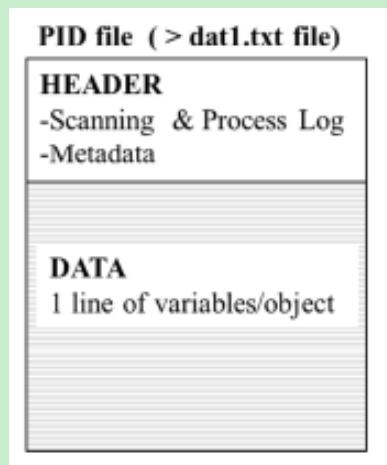


图 18: PID 文件 1

6. 检查图像质量

图像处理过后，必须检查背景是否是通过专用的工具从样本图像中被完全减去了。

选择 Zooprocess 菜单中的“CHECK process by viewing segmented images”功能，手动检查每一张处理后的原图像。检查完后会给出一个 checked 的标识。

如果对于图像质量依旧有疑问的话，可以继续通过“view image with outlines”和“view vignettes”两个工具来检查。这些工具可以让系统通过用户点击来手动的判断是否是有很多个生物体被检测成了一个单一的个体。

7. 检查“接触问题”并且通过点击物体来分离图片上的物体。

如果你对放在扫描托盘手动分离效果（很多个体在图像上接触在一起）不满意的话，还有如果你注意到很多的小片段上包含接触的目标或者很白图像上显示出很多接触的目标的话，你应该在图像上手动的添加分割。

使用“SEPARATION from global image (msk or vis)”功能来分离接触在一起的生物体通过在他们之间用鼠标划线的方法。

8. 分离后重新处理。

完成了上面的分离之后，必须重新进行“CONVERT and PROCESS”步骤来使上面的分离方法生效并且得到新的结果。

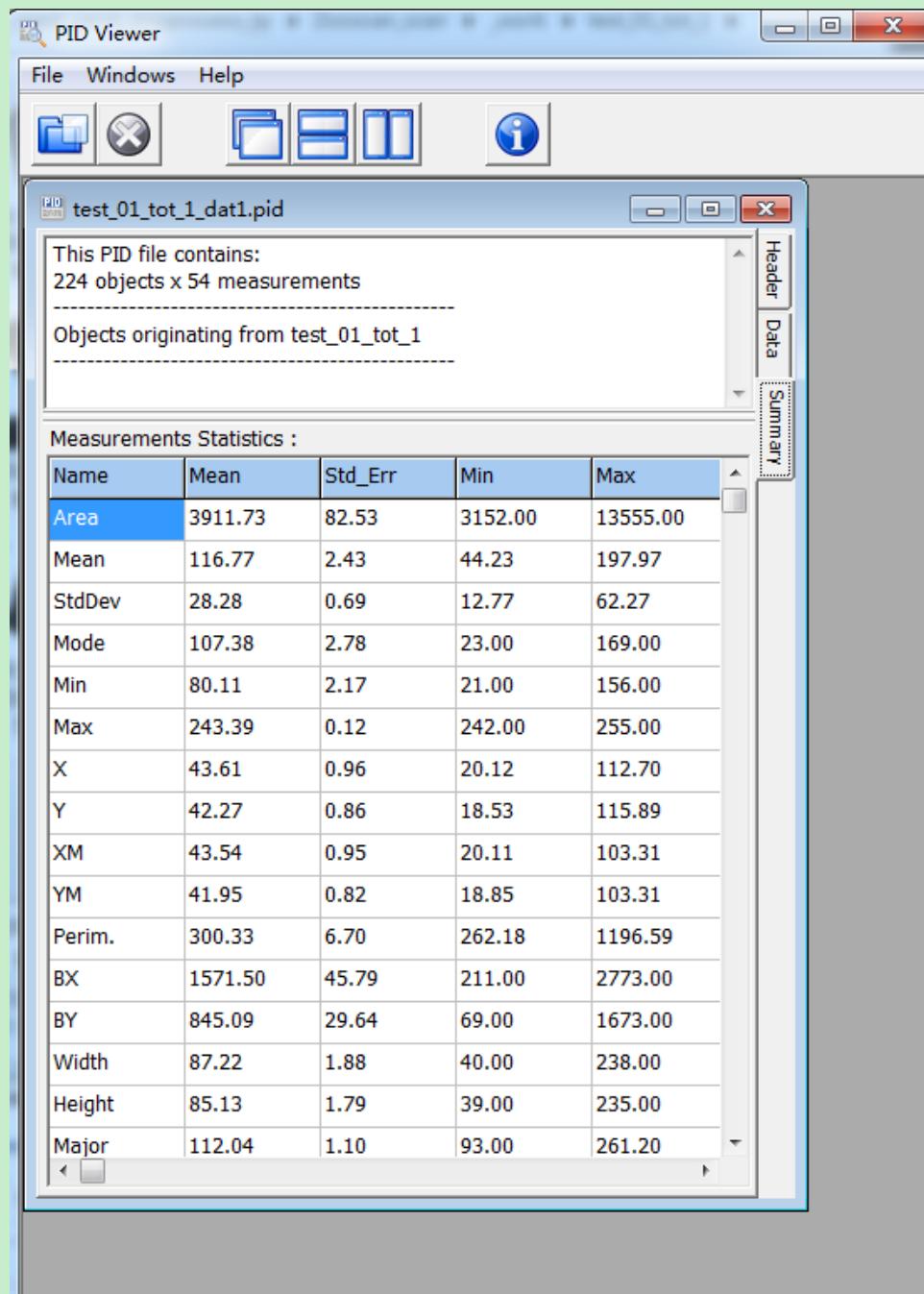


图 19: PID 文件 2

3. Plankton Identifier(PkID)

3.1 主窗口

打开 PkID 应用程序，显示的界面上共有 5 个按钮：“Learning”、“Evaluation”、“Prediction”、“Validation” 和 “Compilation”（图 20）。这 5 个部分可以相互独立地运行，但是会有运行的先后顺序。比如“Evaluation”和“Prediction”会用到“Learning”生成的文件，“Validation”用到“Prediction”生成的文件，“Compilation”用到“Validation”所生成的文件。因此，当你第一次使用 PkID 时你应该首先运行“Learning”。

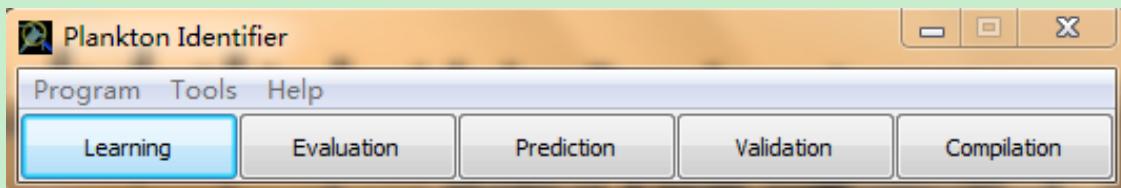


图 20: 主窗口

其他菜单：

Program > Settings 定义 Tanagra.exe 所在的路径以及存放缩略图、PID 文件和结果的默认文件夹路径。

Tanagra Path：如果你安装了两个以上的 Tanagra 版本，你可以选择想要使用的版本。点击 **Browse**，浏览硬盘文件夹，找到 Tanagra.exe，点击 **OK**。

注：如果你的 Tanagra 没有安装在 \Program Files\Tanagra 路径下，或者你就根本没有安装 Tanagra，这时当你运行 PkID 时就会自动弹出这个窗口（图 21）。

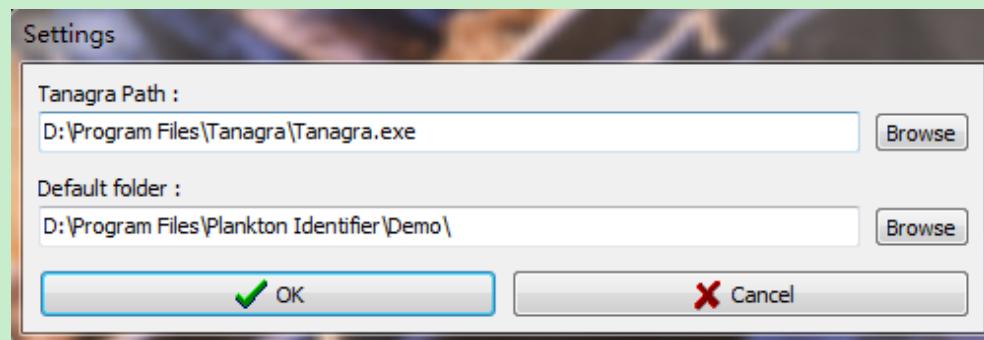


图 21: 设置窗口

Default folder：默认文件夹是你第一次使用 PkID 执行一些步骤产生的文件所存放的地方。

Program > Exit 关闭 PkID。

3.2 Learning

这一步会生成一个学习文件以用作后续的自动识别。它对应于经专家鉴定的具有代表性的一些物体的子样本并且可以作为将来分析的参考。

1、文件夹选择窗口

当点击 Learning 按钮时，会出现如图 22 所示的文件夹选择窗口。

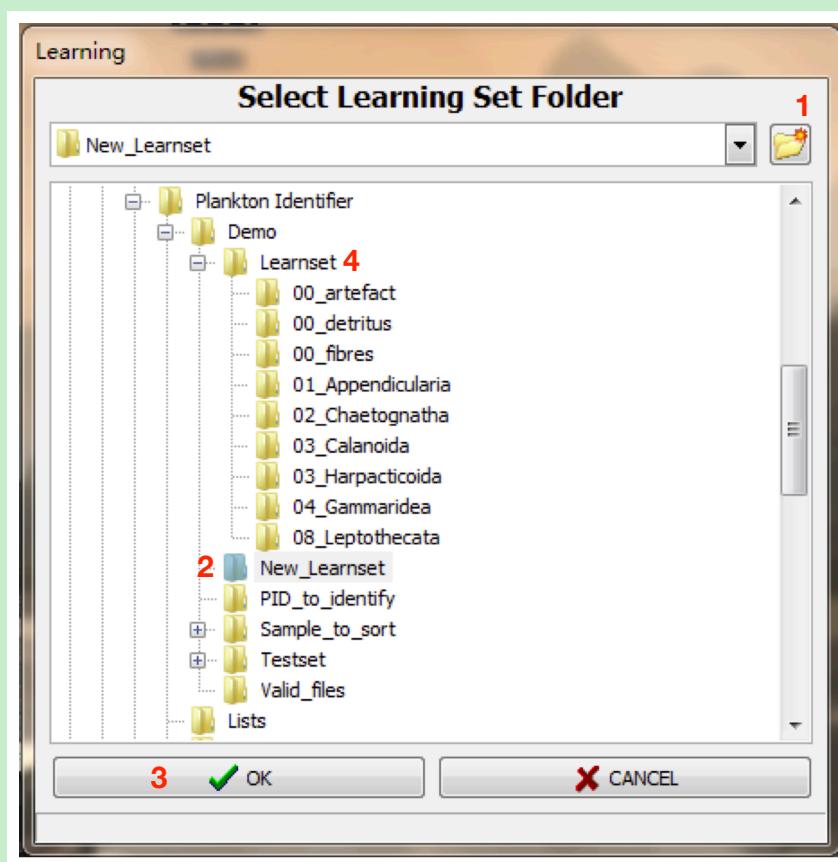


图 22: 训练集文件夹选择窗口

选择一个空的文件夹以用来创建新的训练数据集，你也可以通过点击右上角的按钮（图 22: 1）来创建一个新的文件夹然后给它命名（图 22: 2），最后点击 OK 按钮（图 22: 3）。

你也可以选择一个已有的训练数据集（其中包含已分类好的子文件夹以及包含物体元数据的一些 PID 格式的文件，每个子文件夹代表一个种类，其中存放属于该类的 jpg 格式的缩略图），如图 22: 4。

注：如果此处选择的文件夹结构不符，或者包含了无效的数据，那么将会无法打开，并且在窗口的最下方会出现一行红色的警告信息以说明原因。

2、学习窗口

当选择了一个可以用来对缩略图进行分类的有效文件夹之后，点击 OK，会出现一个新的窗口（图 23）。其中左边部分（“Sample Set”）是要通过浏览硬盘文件夹来选择未被分类的样本。右边部分

(“Learning Ser”) 是要将左边未被分类的样本拖到右边以完成分类 (创建子文件夹)。

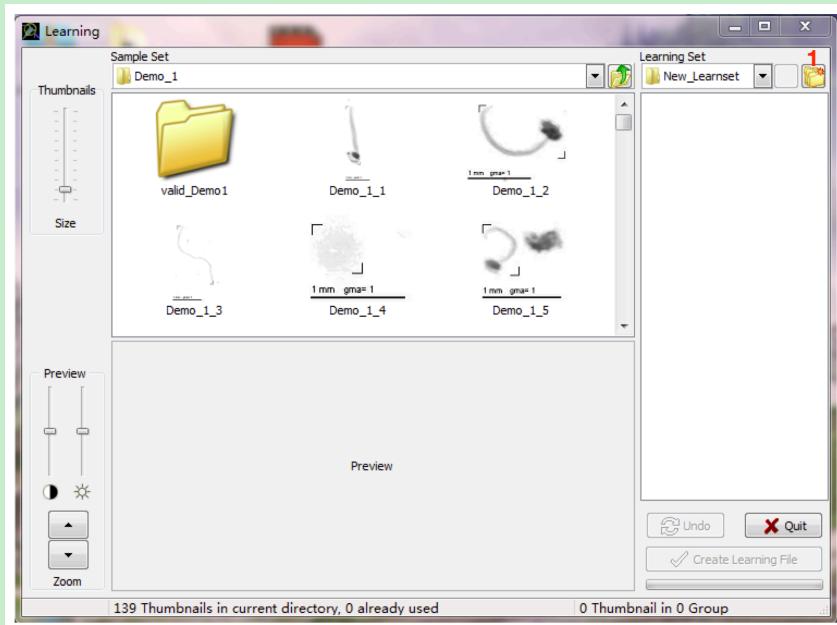


图 23: Learning 窗口

Sample Set

在窗口左边栏 “Sample Set” 处，浏览硬盘文件夹以打开一个包含未分类的缩略图和相应 PID 文件的文件夹。只有有有效名字 (<Sample Name>_<Item Number>.jpg) 的缩略图才会在左边栏中显示出来。如果名字是有效的但是 PID 文件中并没有包含该幅图像的一些数据，这时就会这个缩略图上方会出现一个问号并且当把鼠标放在问号上时会有相应的原因为解释，这幅图也是无法使用的。

注：如果此处选择的文件夹结构不符，或者包含了无效的数据，那么将会无法打开，并且在窗口的最下方会出现一行红色的警告信息以说明原因。

类别（子文件夹）创建

在窗口右边栏 “Learning Set” 处，为了把缩略图归到对应的类别，需要在步骤 1 所选择的文件夹中创建一些子文件夹，每个文件夹代表一类。点击右上角的按钮 (图 23: 1) 创建新的文件夹，这时会出现一个新的窗口，可以给新创建的文件夹从给定的种类名字中选择一个 (图 24)。如果给定的这些名字中没有合适的，你还可以选择另一个 “Predefined Lists” 或者先选择 “New” 作为名字，之后再在 “Learning Set” 这一栏中重新编辑命名。

注 1：所创建的子文件夹名字不能重复。已经用过的名字在 “Create Group Folders” 窗口中将不再显示。

注 2：可以通过 *Tools>Import Name List* 菜单来自定义你自己的种类名字清单。

对缩略图进行归类

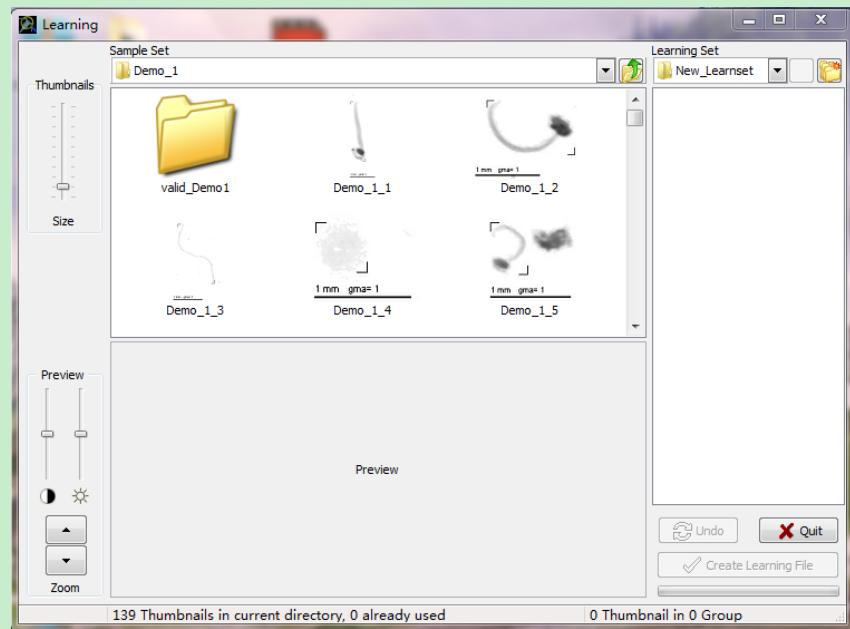


图 24: 创建训练集中分类类别的窗口

选中一个缩略图，下方会显示它的预览，如图 25: 1。你可以通过左侧的 zoom 按钮（图 25: 2）将预览结果放大，还可以通过调节左侧对比度和亮度的状态条来显示更多细节。

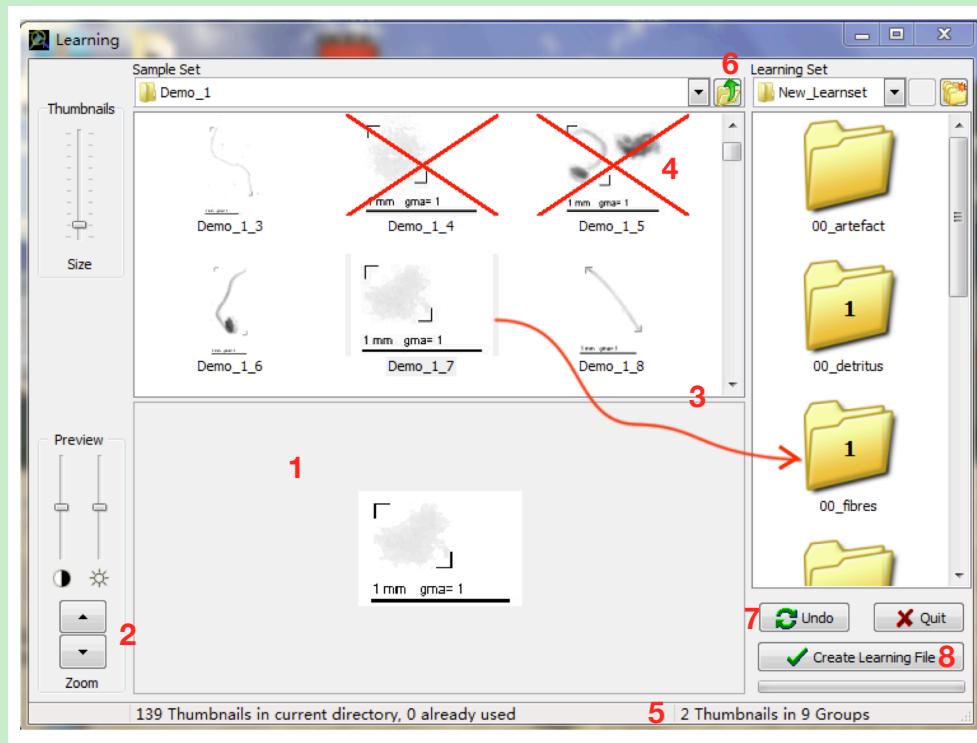


图 25: 对样本文件中的缩略图进行分类

把缩略图拖到相应的子文件夹中（图 25: 3），这时缩略图会被复制到那个子文件夹中，而不是被

剪切过去了。对应的 PID 文件也被复制到了右边文件夹中，但在这个窗口中是看不见的，以免视觉上的混淆。一旦一个缩略图已经用在了所创建的数据集中，上面就会出现一个红色的叉（图 25: 4），表示它不能再被使用了。

一次选中多个缩略图也是可以的，可以通过按住 Ctrl 键来完成。在选中多个缩略图的时候，如果你想看每一个缩略图的预览效果，可以从右下角往左上角选择。

每一个子文件夹中缩略图的数目会显示在这个子文件夹上，并且随着你的操作而更新。已经被归类了的缩略图数目以及还没有完成归类的缩略图数目都被显示在了窗口的最下方（图 25: 5）。

你可以对多个样本集中的缩略图进行归类以创建自己的训练数据集。点击上面的一个按钮（图 25: 6）转到你想要操作的文件夹路径下。

Cancel action

当你在训练数据集的创建过程中执行了一些误操作之后，可以有以下两个办法取消：(1) 用 Undo 按钮（图 25: 7）(2) 打开右侧的子文件夹，选中缩略图然后用 DEL 键删除。其中 Undo 键可以用来取消删除操作或子文件夹删除操作，DEL 键可以用来删除一个所有缩略图都被清除了的空子文件夹。

创建学习文件

一旦你觉得你创建的每一个类别中已经归类了足够多的样本，你就可以点击“Create Learning File”按钮（图 25: 8）了，点击之后会出现一个保存对话框，上面显示了所要保存的目标文件夹路径以及学习文件的名字，默认的名字为 Learn_<number> 格式。点击“Save”按钮，所有的学习工作就完成了。这时又会出来一个对话框询问你是否要继续分类，如果你选择“No”，这个学习窗口就会被关闭回到主窗口。

3.3 Evaluation

这一步是要帮助你评估一下基于上一步中创建的训练数据集所建立的预测模型对训练数据集中的物体的识别率有多高。最后会生成一个包含识别结果的文本文件以及一个包含了数据分析信息的 html 报告。点击主窗口中的 Evaluation 按钮，会出现如下的界面（图 26）。

1、选取学习文件（图 26: 1）

浏览硬盘文件夹，选择你想要用来进行数据分析的学习文件。

注 1：选择学习文件后才能激活其它部分。

注 2：双击 PID 文件，将会自动在 PID viewer（如果已安装）或者文本编辑器（例如 Windows 下的 Notepad）中打开，从而可以校正文件内容。

2、初始变量（图 26: 2）

这里展示的是所选择的学习文件中的一些变量，你可以任意选取一些变量以用作分析，没有被选

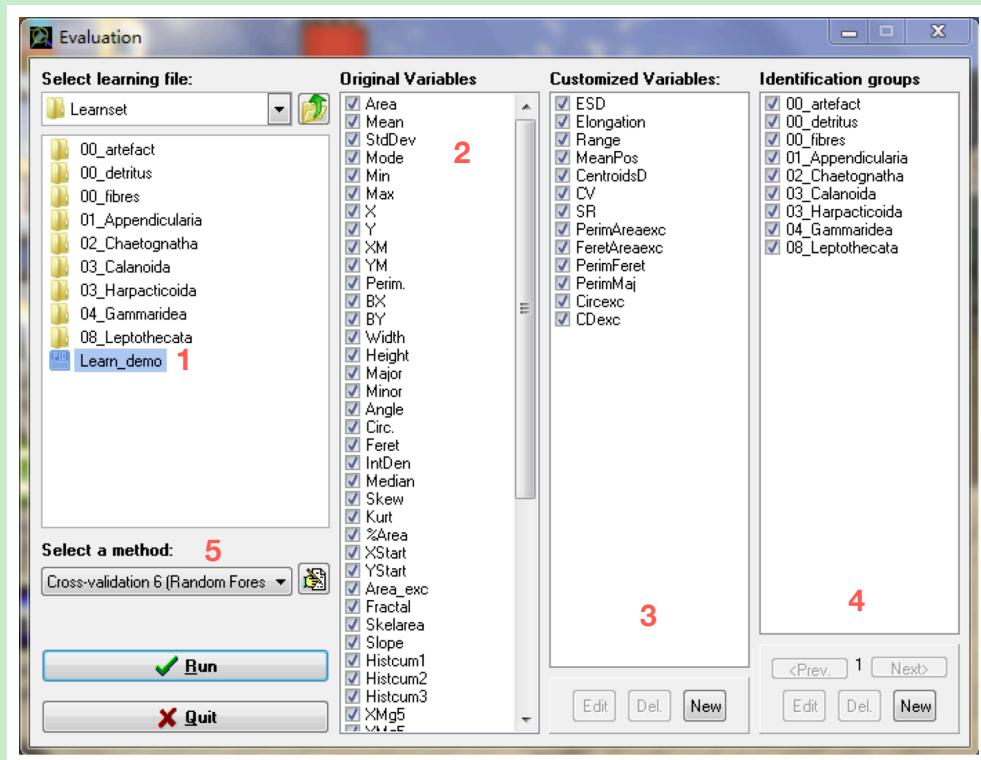


图 26: Evaluation 窗口

选取的初始变量在计算时会被忽略，但不会从结果文件中移除。

注：对于那些用 *ZooProcess* 软件生成的 *PID* 文件，在计算时要被忽略的初始变量可以在附件中找到。

3. 自定义变量（图 26: 3）

这一步是要根据已有的初始变量创建自定义变量。在你安装 PkID 之后会有 13 个自定义变量可供你选择是否要用它。没有被选取的初始变量在计算时会被忽略，并且不会在结果文件中显示。如果定义的某个变量不能从已经选取的初始变量计算，那么它会自动变成不可选取状态，并且显示成灰色。

要编辑一个已经存在的自定义变量，选中它，点击 **Edit** 以打开一个新窗口（27）。

选中已存在的自定义变量，点击 **Del** 可以将其删除。

要新建一个自定义变量，点击 **New**，出现如图 27 的变量自定义窗口。

1. 对新建的变量命名（命名必须与已有变量不同）
2. 在“Operation”下面一栏中输入计算公式
3. 按“OK”键

注：在编写公式时，一些基本的运算符（例如 +, -, \, *, ^）、括号、数字都是跟平常在键盘上敲的一样。要插入一个初始变量的话，可以在“Original Variables”下面一栏选中它，然后点击“Insert”。在

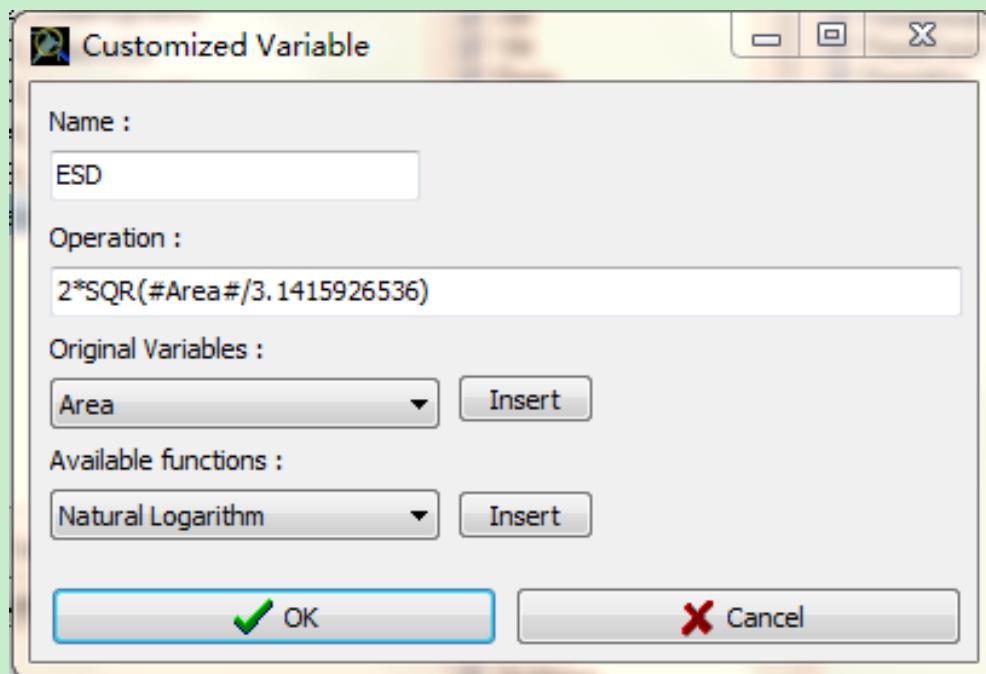


图 27: 自定义变量窗口

公式中用到初始变量时，需要在这个初始变量前后加上“#”号。在“Available functions”一栏中，可以选择一个函数进行插入。建议可以先看看已有的一些自定义变量是如何定义的，然后再编辑自己需要的公式。

4、Identification Groups（图 26: 4）

这里显示了在选取的学习文件中所定义的分类种类。默认的种类是不能被删除或编辑的，但是你可以通过将已有的类别合并来创建新的类别。

点击 New 可以创建新的类别，打开如图 28 所示的类别编辑窗口。

修改初始类别名字（图 28: 1）：

1. 在“Modified Group Names”一栏下方选择一个需要修改的名字（图 28: 2）
2. 给这个类别重新编辑命名，或者点击如图（图 28: 3）所示按钮，在名字列表中选择一个
3. 完成对类别的重新命名后，点击 Done

注：你可以创建很多的分类种类的列表，后续数据分析中用到的只会是当前这个列表（在 Evaluation 窗口点击 Run 时所看见的那个列表）。你可以用 Prev. 和 Next> 按钮来选择你想要的进行分析那个列表。在生成的结果文件中，初始名字会显示在“Ident1”这一列中，新的名字显示在“Ident2”这一列中。

5、选择一种方法（图 26: 5）

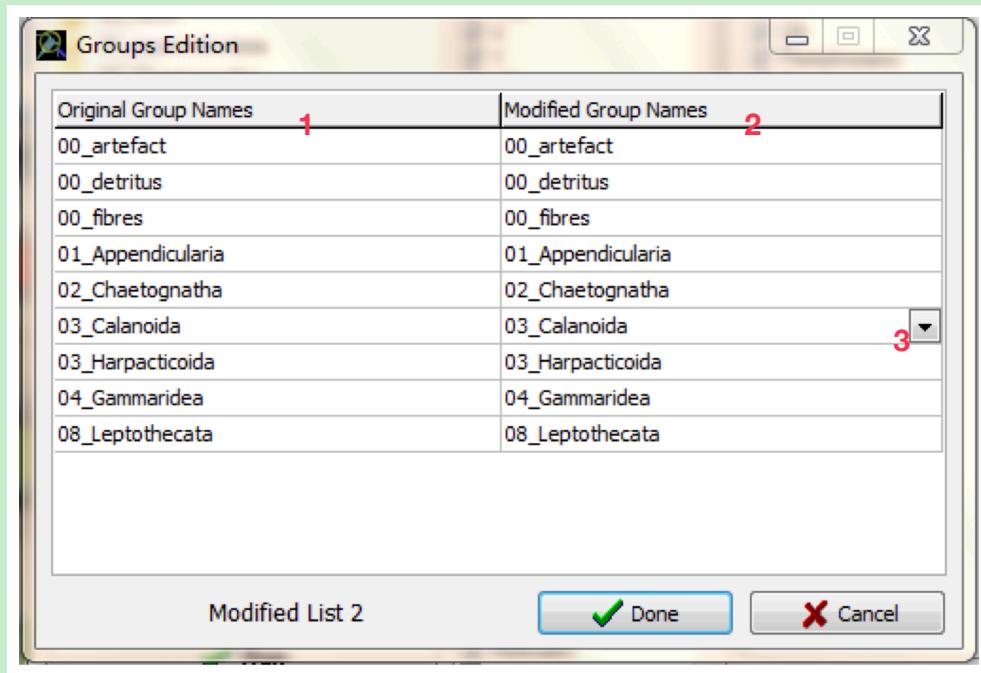


图 28: 分类类别编辑窗口

这里是要选择一种评价方法，用来检测用有监督学习方法和所选择的学习文件学习的模型的识别能力。PkID 中一共提供了两种评价方法。

k-fold cross-validation method: 用重采样技术来评价学习算法在学习文件上的识别准确率。初始的训练数据集被随机分为 k 个相同大小的子集。每一次循环过程中，将 $k - 1$ 个子集放在一起形成训练集，并且构造出预测模型，剩下的那 1 个子集被当成测试集来评价模型预测能力。一共循环 k 次。这样下来，每个子集都会有 1 次机会作为测试集， $k - 1$ 次机会作为训练集。将 k 次预测结果取平均，可以得到这个模型的最终预测能力。交叉验证过程会重复 n 次， n 次交叉验证的平均错误率在一个混淆矩阵中被计算得到。

PkID 一共实现了 8 种交叉验证方法，每一个都采用了不同的学习算法。

所有的交叉验证方法中所用的参数都是 $k = 2, n = 5$ 。要想改变这两个值：

1. 点击编辑按钮（图 29: 1），打开相应的 tdm 文件
2. 在交叉验证部分修改 k 和 n 值图 29: 2
3. 在关闭 tdm 文件前保存修改

Test method: 在一个预先定义好的、独立的测试文件上对模型的准确率进行评价。在使用这个测试方法之前，需要创建一个特殊的文件，可以通过主窗口菜单中的 **Concatenate Learning Files** 来

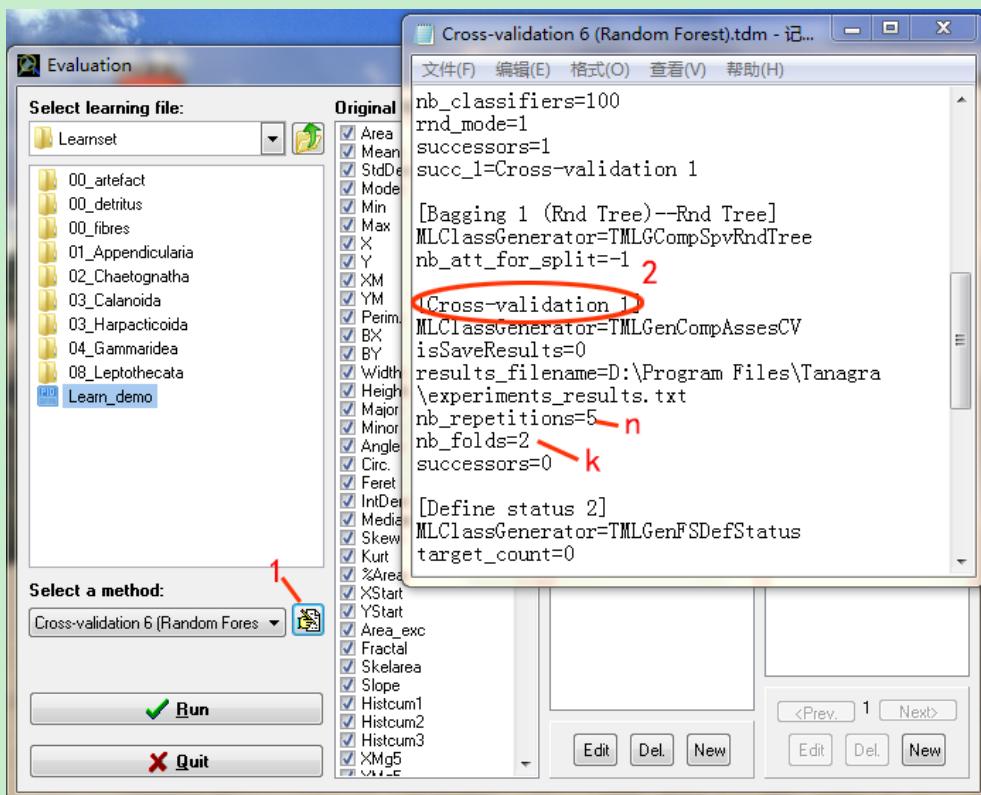


图 29: 分类类别编辑窗口

创建。相比于用两个不同的文件来作为训练集和测试集，我们更倾向于用一个文件来把它们联系起来，并且通过状态来表示所要扮演的角色，状态有“学习”和“测试”两种。

PkID 提供了两种测试方法。Test 1 可以通过在预先定义的测试文件上比较 8 个算法的准确率来选择最好的学习方法。Test 2 只用到随机森林算法。

注：通常来讲，训练集越大，所构造的分类模型越好，测试集越大，预测准确率越高。

Export to text file (no analysis)：生成一个文本文件，包含了所选的学习文件中所有初始变量和自定义变量，而不包含预测结果。这个文件还可以输入到任意的数据挖掘软件站进行分析。

6、开始分析

当所有文件、变量、类别都选择好之后，点击 Run 按钮，将会出现一个保存页面，选择要保存的文件夹、文件名，点击 Save。

分析完成后（可能需要几分钟，这取决于样本大小和所选方法），结果和 html 报告被保存在了所选择的文件夹中，并且 html 报告会自动在网页中打开。这时会有一个对话框询问你是否要退出 Evaluation 窗口，如果你选择“Yes”，Evaluation 窗口就会被关闭并返回主窗口。

与初始 PID 文件相比，评价文件包含了以下新的列：

1. 对应于自定义变量的列

2. 包含了学习文件中分类类别的一列 (Ident)
3. 包含了修改后的类别名字的一列 (Ident2)
4. 用来表示状态的一列 (Learning 或 Test)

3.4 Prediction

这一步是要根据选择的学习文件中的种类对样本进行自动识别。结束后也会生成一个包含了自动识别结果的文本文件和一个包含了数据分析信息 html 报告。点击主窗口中的 Prediction 按钮，会打开一个新的窗口（图 30）：

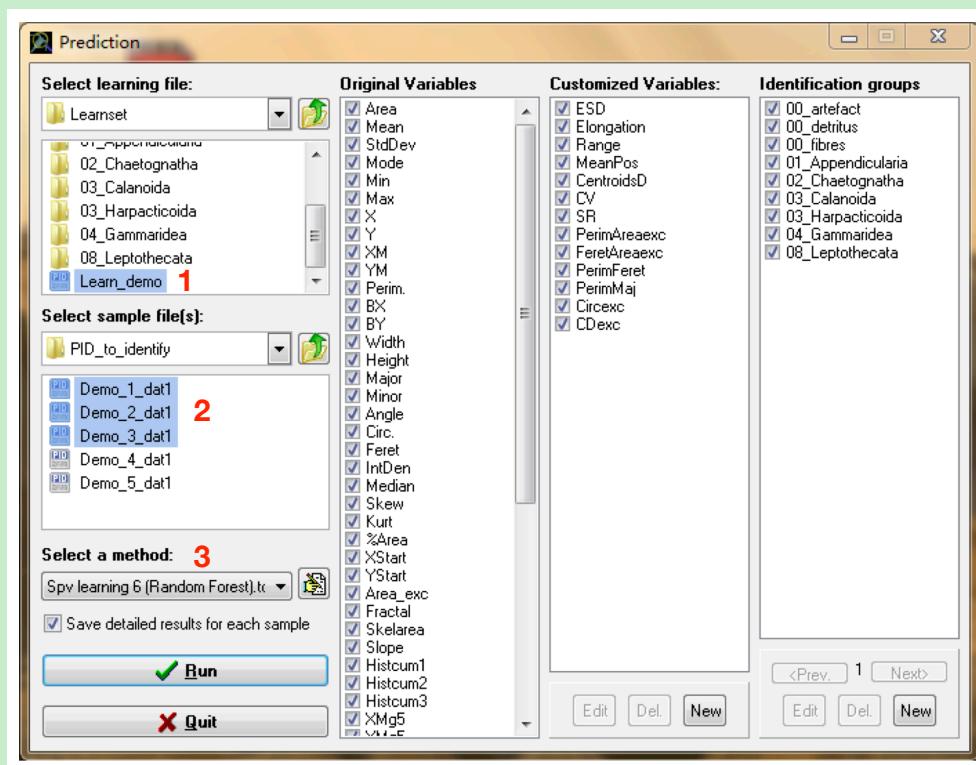


图 30: Prediction 窗口

- 1、选择学习文件（图 30: 1）
- 2、选择样本文件（图 30: 2）
- 3、选择学习算法（图 30: 3）

从 PkID 提供的 8 个学习算法中选择一个。

- Spv learning 1 (5-NN)
- Spv learning 2 (C-SVC linear)

- Spv learning 3 (C-SVC RBF)
- Spv learning 4 (BVM)
- Spv learning 5 (C4.5)
- Spv learning 6 (Random Forest)
- Spv learning 7 (PLS)
- Spv learning 8 (Multilayer Perceptron)

4、开始分析

当所有文件、变量和分类类别都选好之后，点击 **Run** 按钮，会出现一个保存会话框。

3.5 Validation

这一步是将上一步生成的预测文件可视化，并且人为地对识别结果进行校正。这里可以有两个选择（图 31）：1) 用 Prediction 那一步生成的 Pred_.txt 文件来将预测结果可视化，真正实现缩略图的自动分类，你还可以对自动识别的结果进行进一步检查和校正。2) 打开一个已有的校正集来继续一个校正或进行二次校正。

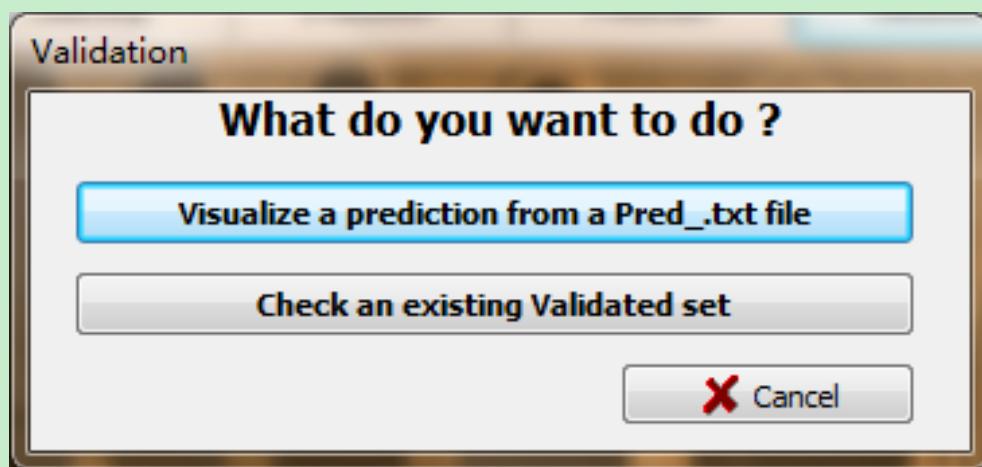


图 31: Validation 窗口：What do you want to do?

Visualize a prediction from a Pred_.txt file

1. 选择一个要用来校正的 Pred_.txt 文件（图 32: 1）
2. 选择一个包含未分类缩略图的文件夹作为“Sample Set”（图 32: 2）

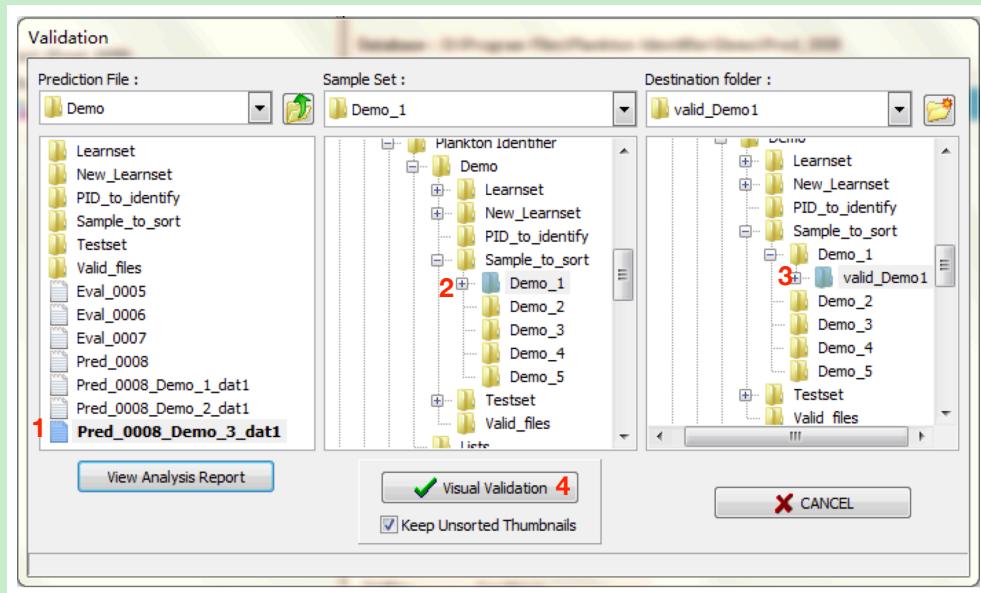


图 32: 校正选择窗口 1

3. 选择用来存放分类好了的缩略图的目标文件夹 (图 32: 3)

4. 点击 “Visual Validation” (图 32: 4)

注：在分类过程中，缩略图是被复制而不是剪切到了目标文件夹中。如果你不想保留未分类的缩略图，可以在图 ?? 处取消勾选 *Keep Unsorted Thumbnails*。

Check an existing Validated set

1. 选择你想要检查的 Valid_.txt 文件 (图 33: 1)

2. 选择一个包含已分类好的校正后的缩略图的文件夹 (图 33: 2)

3. 点击 “Visual Validation” 按钮 (图 33: 3)

Visual Validation

前面的两个选择最终都会打开如图 34 所示的校正窗口：

利用预测模型已经将每幅缩略图放到了其对应的类别文件夹中，你可以打开每个文件夹查看是否被正确分类了。

Thumbnails moving

3.6 Compilation

这一步是用来将上一步的生成的多个校正文件连起来，并且计算每个类别中的物体数目。在主窗口中点击 Compilation，会出现如下窗口 (图 35)：

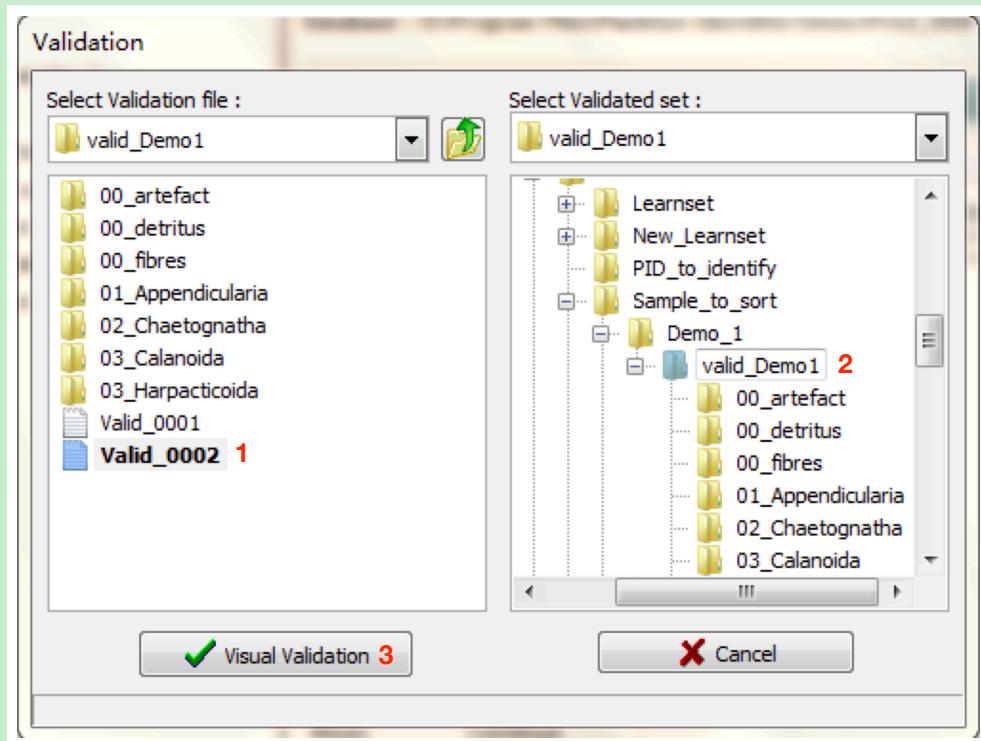


图 33: 校正选择窗口 2

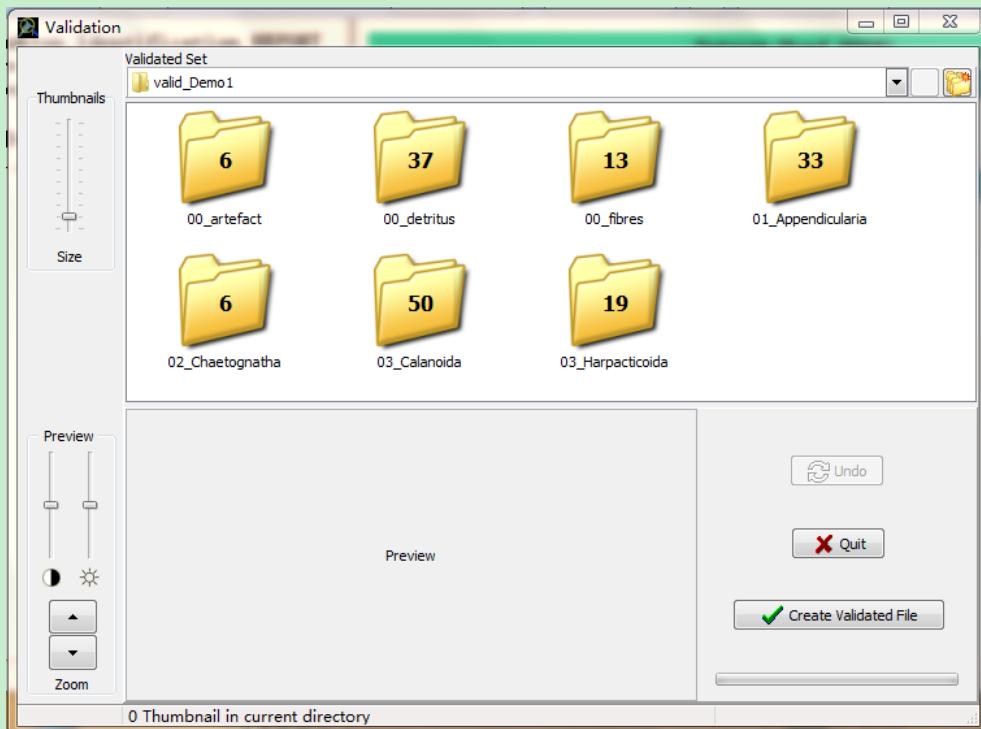


图 34: 校正窗口

1、Create a concatenation file

1. 浏览硬盘文件夹，找到包含你所要连接的 Valid_.txt 文件的文件夹（图 35: 1）

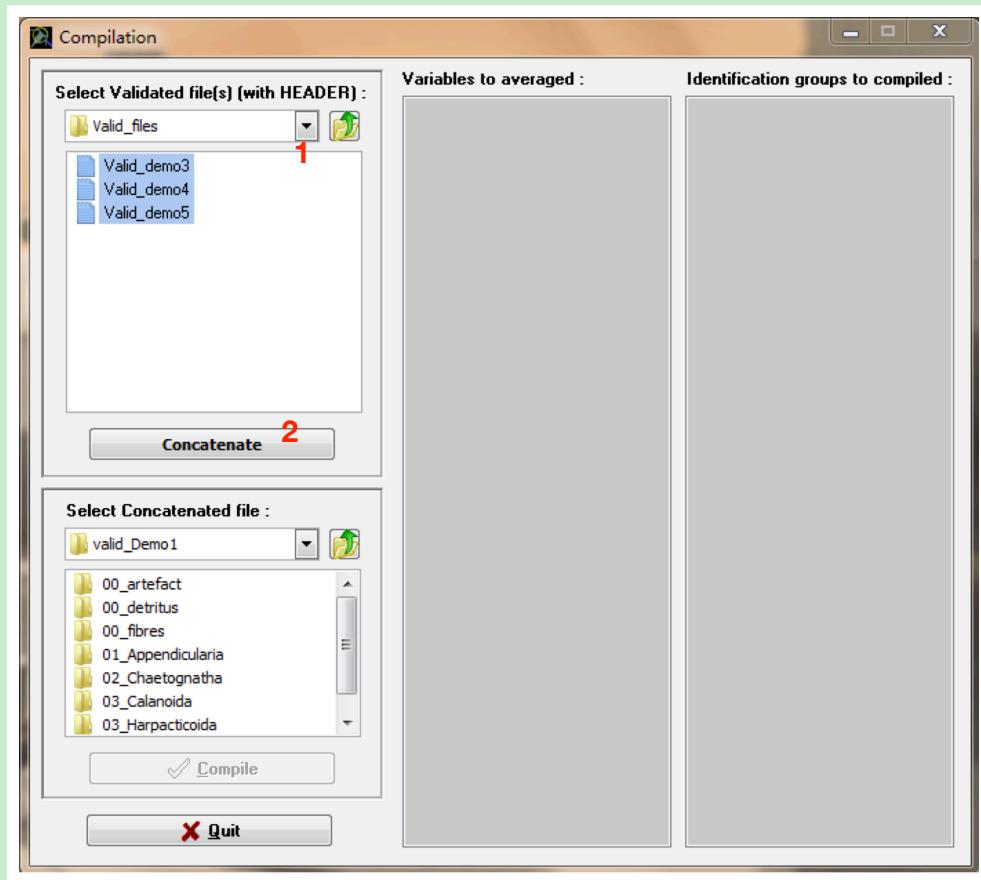


图 35: Compilation 窗口：连接

2. 点击 **Concatenate** (图 35: 2), 会出现一个保存会话框
3. 给连接后的文件进行命名, 选择将其保存的文件夹路径
4. 点击 **Save** 按钮, 连接就开始了 (这可能需要几分钟, 取决于你想要连接的文件数目)

注：要一次连接很多 *Valid_.txt* 文件, 需要把它们放在同一个文件夹中, 然后按“*Ctrl*”键同时选中它们。

Create a compilation file

1. 选择一个已经连接好的 *Concat_.txt* 文件。最终的连接文件会以粗体显示 (图 36: 1)。
2. “Variables to averaged”一栏中可以勾选也可以不勾选相应的变量 (图 36: 2), 被打上勾的变量在编译文件中会被平均, 没有打勾的会被去除。
3. “Identification groups to compiled”一栏也可以挑选相应的类别打上勾 (图 36: 3), 只有打上勾的类别才会计算出它所包含的物体数目。

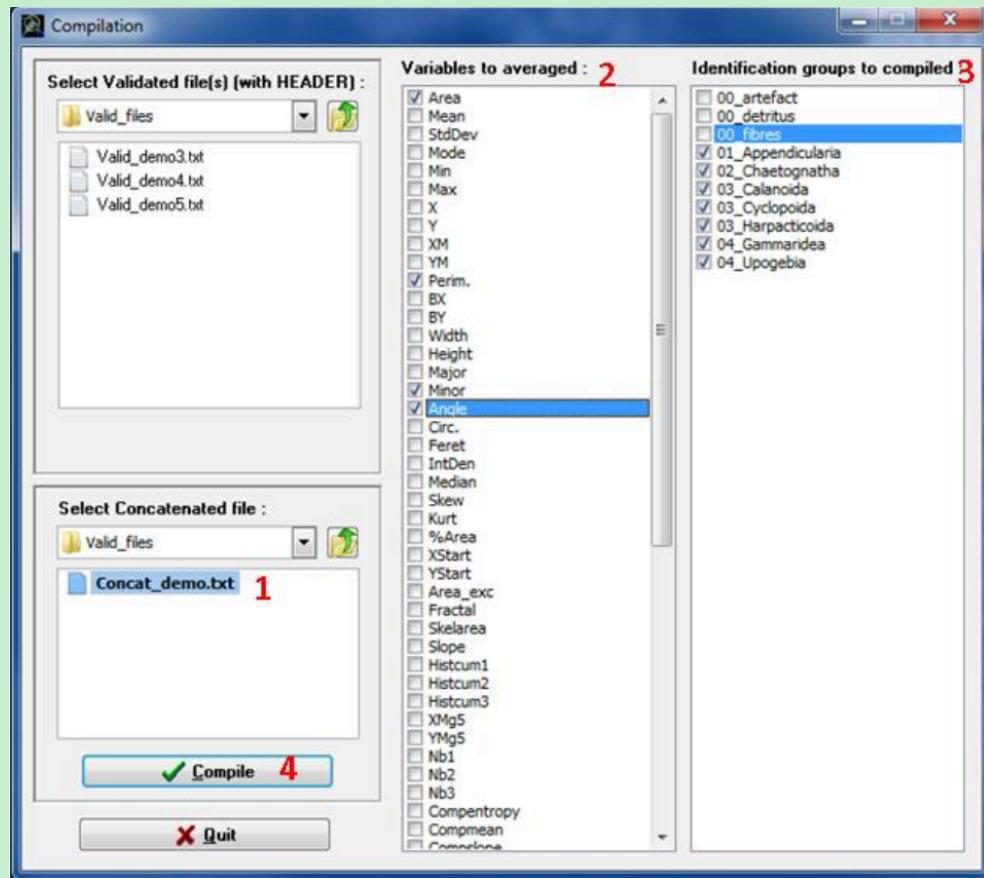


图 36: Compilation 窗口：编译

4. 点击 Compile 按钮（图 36: 4），出现一个保存会话框
5. 给编译后的文件进行命名，选择将其保存的文件夹路径
6. 点击 Save，编译就开始了

编译后生成的文件如图 37。

COMPILED FILE												
Label	GroupName	FracId	SubPart	Count	Area	Perim.	Minor	Angle	ESD	Elongation		
Demo_3	00_detritus	F1		128	55	1936.4	240.064	31.888	90.373	44.96	2.349	
Demo_3	03_Harpacticoida	F1		128	11	1284.364	177.813	27.623	88.205	40.362	2.155	
Demo_3	03_Calanoida	F1		128	45	2233.889	315.354	37.825	82.176	52.158	1.992	
Demo_3	02_Chaetognatha	F1		128	6	5797.167	747.159	31.192	83.094	84.364	7.822	
Demo_3	00_fibres	F1		128	10	1789.4	420.543	15.493	65.26	45.885	9.942	
Demo_3	03_Cyclopoida	F1		128	1	1544	243.078	28.343	42.376	44.338	2.447	
Demo_3	00_artefact	F1		128	6	1263.5	270.969	35.605	74.971	39.386	1.239	
Demo_3	01_Appendicularia	F1		128	30	3211.9	468.046	30.148	83.982	62.01	4.562	
Demo_4	00_artefact	F1		128	5	1873.6	319.886	38.802	50.847	47.521	1.667	
Demo_4	03_Calanoida	F1		128	65	3063.2	348.628	42.982	81.698	61.048	2.052	
Demo_4	04_Gammaridea	F1		128	4	7820	583.645	80.585	62.359	97.558	1.47	
Demo_4	00_detritus	F1		128	43	2168.86	237.041	37.311	86.007	48.898	2.085	
Demo_4	01_Appendicularia	F1		128	26	5943.577	660.8	42.251	76.959	83.938	4.445	
Demo_4	03_Harpacticoida	F1		128	4	1370.75	186.223	28.762	102.387	41.719	2.179	
Demo_4	04_Upogebia	F1		128	2	12262	906.794	57.27	41.864	124.772	4.771	
Demo_4	03_Cyclopoida	F1		128	7	2078.429	252.343	30.891	100.26	50.725	2.69	
Demo_4	00_fibres	F1		128	3	1744.667	518.907	11.963	85.451	47.033	18.579	
Demo_5	00_detritus	F1		256	48	1575.125	202.747	31.077	85.253	42.98	2.194	
Demo_5	00_fibres	F1		256	15	1171.333	383.601	14.173	99.428	37.625	9.063	
Demo_5	00_artefact	F1		256	11	1304.182	353.829	29.674	62.284	39.575	2.066	
Demo_5	01_Appendicularia	F1		256	13	3227.846	471.515	32.683	73.519	63.513	4.298	
Demo_5	03_Harpacticoida	F1		256	13	1535.308	215.014	30.055	102.575	44.162	2.188	
Demo_5	03_Calanoida	F1		256	41	2562.976	351.819	39.317	90.851	55.844	2.089	
Demo_5	03_Cyclopoida	F1		256	2	2413	270.877	35.866	44.807	54.734	2.334	

图 37: 编译文件

4. 评价方法

4.1 论文中采用的评价方法

文中采用混淆矩阵 (CM) (混淆矩阵介绍见 4.4) 对分类器的分类效果进行评价。评价时计算的是 CM 的召回率 (recall 即 the rate of true positives) 和 1-precision (low contamination 即 the rate of false positives)。

论文中的具体介绍：

Evaluation of classifier performance requires the examination of a Confusion matrix (CM), which is a contingency table crossing true (manually validated) and predicted (assigned by the classifier) identification of objects. Correct interpretation of the CM requires the examination of each category separately, including the rate of true positives as well as false positives.

- the rate of true positives (recall)

$$\text{true positives} = \frac{\text{number of objects correctly predicted}}{\text{total number actual objects}}$$

- the rate of false positives (low contamination)

$$\text{false positives} = \frac{\text{number of objects falsely assigned to a category}}{\text{total number of predicted objects}}$$

论文中的评价结果如图 38：

4.2 怎样得到混淆矩阵

论文中提到三种得到 CM 的方法 (即采用什么训练集和测试集来生成)：

1. Re-substitution CM

这个方法是采用的测试集和训练集为同一个数据集。在这个过程中，用产生的分类器对测试集进分类时，得到的分类结果错误较少甚至可能没有错误，采用 CM 进行评价时就会低估分类器的错误率。

2. Cross-validation CM

这个方法是采用交叉验证 (交叉验证介绍见 4.5) 的方法。在这个过程中，将一个数据集分成 n 个

浮游生物的种类 Percentage in learning set	实际每种浮游 生物的数量																							
	Aggregates	Aggregates_dark	Appendicularia	Bad focus	Bubbles	Chaetognatha	Cladocera	Copepoda_other	Oithona	Copepoda_small	Decapoda_large	Egg-like	Fibers	Medusae	Nectophores	Thaliacea	Limacina	Scratch	Pteropoda_other	Radiolaria	Total	Recall	1-Precision	
Aggregates	7.2	683	27	80	67	0	0	77	99	53	134	8	16	26	9	37	1	1	12	0	25	1355	0.50	0.42
Aggregates_dark	5.7	3	671	0	0	39	0	18	38	0	4	0	27	0	0	0	0	193	0	8	43	1064	0.63	0.40
Appendicularia	7.7	85	0	1243	0	0	22	0	2	2	0	5	0	73	0	18	1	0	0	2	2	1455	0.85	0.20
Bad focus	7.5	44	0	5	1230	0	0	5	27	2	12	0	1	5	0	47	0	0	20	0	12	1410	0.87	0.10
Bubbles	4.5	2	30	0	0	786	0	2	0	0	0	0	7	0	0	0	0	10	0	0	3	840	0.94	0.06
Chaetognatha	2.3	0	0	51	0	0	356	0	0	0	0	1	0	20	0	0	0	0	0	0	0	428	0.83	0.11
Cladocera	6.2	27	19	2	1	0	0	1028	22	0	2	0	5	0	0	1	0	1	0	0	62	1170	0.88	0.16
Copepoda_other	11.3	74	32	4	8	0	0	14	1608	119	237	24	1	0	4	0	0	0	0	6	2	2133	0.75	0.24
Oithona	7.5	24	0	28	0	0	0	0	61	1256	38	0	0	9	0	0	0	0	0	4	0	1420	0.88	0.17
Copepoda_small	7.8	130	3	0	6	0	0	3	139	43	1141	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1465	0.78	0.28
Decapoda_large	2.4	2	0	7	0	0	0	0	23	0	410	0	0	0	1	0	0	0	2	0	0	445	0.92	0.12
Egg-like	1.9	12	26	3	7	4	0	12	3	0	0	259	0	1	0	0	8	0	0	15	0	350	0.74	0.20
Fibers	6.4	10	0	84	0	0	21	0	7	14	0	0	1034	0	0	0	12	28	0	0	0	1210	0.85	0.13
Medusae	0.7	16	0	0	2	0	0	0	2	0	0	0	2	100	18	0	0	0	0	0	0	140	0.71	0.19
Nectophores	6.1	26	0	21	32	0	1	3	5	0	0	0	1	1	1029	20	0	1	0	5	0	1155	0.89	0.19
Thaliacea	1.4	8	0	5	6	0	2	0	0	0	0	0	0	3	105	123	0	0	0	0	0	255	0.48	0.17
Limacina	4.5	2	267	0	0	8	0	9	0	0	0	4	0	0	0	558	0	0	7	0	0	855	0.65	0.28
Scratch	1.6	2	0	0	5	0	0	0	1	0	0	0	6	0	2	4	285	0	0	0	0	305	0.93	0.14
Pteropoda_other	2.3	9	0	2	1	0	0	3	55	23	23	20	0	11	0	0	0	0	291	2	0	440	0.66	0.15
Radiolaria	5.1	23	45	11	8	0	0	45	12	1	3	0	1	0	0	3	0	3	0	0	800	955	0.84	0.18
Total	100	1182	1120	1546	1373	837	402	1219	2124	1513	1594	468	324	1185	123	1268	149	774	330	341	978	18850	0.78	0.19

Corresponding correct identifications (in bold) are in the diagonal.

检测到的每种浮游生物的数量

分类正确的数量 true positives rate(TPR)

图 38: Confusion matrix for the 20 categories in the learning set

相等的子集，用其中 $n-1$ 个子集来训练产生分类器，用剩下的 1 个子集来进行测试，重复进行 n 次来构建 CM。

- Uses two equivalent and independent learning files describing the same categories with different objects

这种方法是用两个相等且相互独立的数据集分别作为训练集和测试集，根据测试结果建立 CM。两个相等的数据集即在两个集合中浮游生物的种类相同，但是每种浮游生物中的个体是不同的。

4.3 PkID 中的评价参数

PkID 中通过 5-折交叉验证 (介绍见4.5.2) 得到混淆矩阵，对分类器进行评价。5-折交叉验证将数据集分为 5 份，轮流将其中 4 份作为训练数据,1 份作为测试数据，进行试验。每次试验都会得出相应的误分类率 (error rate 介绍见4.5.2) 如图39。

交叉验证得到的分类器总混淆矩阵 (五次分类的累计结果) 和误分类率 (五次分类误分类率的平均值) 如图40。

4.4 混淆矩阵 Confusion matrix (CM)

在机器学习中，混淆矩阵 (CM) 是一种比较简单的对学习算法性能进行评价的评估准则，而且是大多数指标的基础。常用的算法评估准则有：Confusion Matrix、ROC、Lift、Gini、K-S 等等。

CV error rate	
Range	
MIN	0.2044
MAX	0.2416
Trial Err rate	
1	0.2416
2	0.2159
3	0.2044
4	0.2068
5	0.2088

图 39: 5 次的误分类率

Error rate			0.2155															
Values prediction			Confusion matrix															
Value	Recall	1-Precision		Appendicularia	Bubble	Chaetognatha	CladoceraPenilia	Copepoda	Decapoda	Doliolida	Egg	Fiber	Gelatinous	Multiple	Nonbio	Pteropoda	Sum	
Appendicularia	0.8051	0.2039	Appendicularia	2194	0	111	8	1	19	0	0	57	1	157	177	0	2725	
Bubble	0.8359	0.1049	Bubble	0	606	0	0	0	0	0	29	0	0	3	87	0	725	
Chaetognatha	0.8934	0.0983	Chaetognatha	137	0	1559	0	5	2	0	0	7	1	18	14	2	1745	
CladoceraPenilia	0.8830	0.1044	CladoceraPenilia	0	0	0	4084	22	0	7	0	0	7	19	486	0	4625	
Copepoda	0.8419	0.2108	Copepoda	3	0	0	9	6205	145	0	0	0	1	234	745	28	7370	
Decapoda	0.7989	0.2157	Decapoda	4	0	0	0	339	2225	0	0	0	0	87	126	4	2785	
Doliolida	0.7474	0.1418	Doliolida	0	0	0	2	1	0	1065	0	0	156	7	194	0	1425	
Egg	0.7424	0.1401	Egg	0	66	0	13	2	1	1	1277	0	28	3	320	9	1720	
Fiber	0.7414	0.2069	Fiber	59	0	18	0	0	0	0	0	1127	0	62	254	0	1520	
Gelatinous	0.6914	0.2042	Gelatinous	6	0	0	72	10	5	93	39	0	2081	79	624	1	3010	
Multiple	0.3238	0.5093	Multiple	267	0	23	51	491	202	9	23	45	91	1028	941	4	3175	
Nonbio	0.8406	0.2452	Nonbio	86	5	17	321	716	189	66	117	185	246	390	12937	115	15390	
Pteropoda	0.6627	0.1848	Pteropoda	0	0	1	0	70	49	0	0	0	3	8	235	719	1085	
			Sum	2756	677	1729	4560	7862	2837	1241	1485	1421	2615	2095	17140	882	47300	

图 40: 交叉验证得到的总混淆矩阵和误分类率

混淆矩阵 (CM)¹²: 混淆矩阵是一种评估分类器可信度的方法。在图像精度评价中，主要用于比较分类结果和实际测得值，可以把分类结果的精度显示在一个混淆矩阵里面。特别用于监督学习，在无监督学习一般叫做匹配矩阵。

混淆矩阵是一个 n 行 n 列的矩阵，n 代表类别的数量。矩阵的每一列代表预测的每一类的数量，每一行代表实际的每一类的数量。对角线上表示分类正确的每一类的数量。

例如：有 150 个样本数据，这些数据实际分为 3 类，每类 50 个。分类结束后得到的混淆矩阵如图41。例如：第一行说明类 1 的 50 个样本有 43 个样本分类正确，5 个错分为类 2，2 个错分为类 3；第一列说明类 1 有 43 个样本分类正确，类 2 的 2 个样本被错分为类 1，类 3 没有样本被错分为类 1；对角线上的数据表示，类 1、2、3 分别有 43、45、49 个样本被分类正确。

¹<http://baike.baidu.com/view/2781781.htm>

²http://en.wikipedia.org/wiki/Confusion_matrix

	类1	类2	类3
类1	43	5	2
类2	2	45	3
类3	0	1	49

图 41: 混淆矩阵例子

根据混淆矩阵可以导出以下几个参数³:

- true positives (TP): 正样本被识别出的数量
- true negatives (TN): 负样本被识别出的数量
- false positives (FP): 负样本被错误分为正样本的数量
- false negatives (FN): 正样本被错误分为负样本的数量
- Accuracy: 准确率, 针对分类器的整个预测情况。

$$\text{Accuracy} = \frac{TP + TN}{TP + TN + FP + FN}$$

- Error rate: 误分类率, 针对分类器的整体预测情况。 (PkID 中使用的评价参数)

$$\text{Errorrate} = \frac{FP + FN}{TP + TN + FP + FN}$$

- The true positive rate (TPR) : 召回率, 就是正样本被识别出的概率。 (文中和 PkID 中使用的评价参数)

$$TPR = \frac{TP}{TP + FN}$$

- The false positive rate (FPR): 虚警率, 负样本被错误分为正样本的概率。

$$FPR = \frac{FP}{FP + TN}$$

³http://www2.cs.uregina.ca/~dbd/cs831/notes/confusion_matrix/confusion_matrix.html

- The true negative rate (TNR)：负样本被识别出的概率

$$TNR = \frac{TN}{FP + TN}$$

- The false negative rate (FNR) : 漏警率，正样本被错误分为负样本的概率。

$$FNR = \frac{FN}{FN + TP}$$

- False discovery rate (FDR): 1-precision。 (文中和 PkID 中使用的评价参数)

$$FDR = \frac{FP}{FP + TP}$$

- Positive predictive value (PPV)

$$PPV = \frac{TP}{TP + FP}$$

- Negative predictive value (NPV)

$$NPV = \frac{TN}{TN + FN}$$

4.5 交叉验证 Cross Validation (CV)

交叉验证是用来验证分类器的性能一种统计分析方法，基本思想是把在某种意义上将原始数据进行分组，一部分做为训练集 (training set)，另一部分做为验证集 (validation set)，首先用训练集对分类器进行训练，在利用验证集来测试训练得到的模型，以此来做为评价分类器的性能指标。

4.5.1 训练集和测试集

在模式识别与机器学习的相关研究中，经常会将数据集分为训练集跟测试集这两个子集，前者用以建立模型，后者则用来评估该模型对未知样本进行预测时的精确度，正规的说法是泛化能力。怎么将完整的数据集分为训练集跟测试集，必须遵守如下要点：

1. 只有训练集才可以在模型的训练过程中，测试集则必须在模型完成之后才被用来评估模型优劣的依据。
2. 训练集中样本数量必须够多，一般至少大于总样本数的 50%。

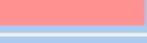
Attribute	Gini	Distribution			
		Values	Count	Percent	Histogram
Ident	0.8396	Appendicularia	545	5.76 %	
		Bubble	145	1.53 %	
		Chaetognatha	349	3.69 %	
		CladoceraPenilia	925	9.78 %	
		Copepoda	1474	15.58 %	
		Decapoda	557	5.89 %	
		Doliolida	285	3.01 %	
		Egg	344	3.64 %	
		Fiber	304	3.21 %	
		Gelatinous	602	6.36 %	
		Multiple	635	6.71 %	
		Nonbio	3078	32.54 %	
		Pteropoda	217	2.29 %	

图 42: 数据集中每种类别的数目及所占比例

3. 两组子集必须从完整集合中均匀取样。

注：其中最后一点特别重要，均匀取样的目的是希望减少训练集和测试集与完整集合之间的偏差，但却也不易做到。一般的作法是随机取样，当样本数量足够时，便可达到均匀取样的效果，然而随机也正是此作法的盲点，也是经常是在数据上做手脚的地方。举例来说，当辨识率不理想时，便重新取样一组训练集和测试集，直到测试集的识别率满意为止，但严格来说这样便算是作弊了。

在 MATLAB 中使用 cvpartition 对数据集进行随机拆分，完成交叉验证。

4.5.2 常见的交叉验证方法

- Hold-Out Method

将原始数据随机分为两组，一组做为训练集，一组做为验证集。

- Double Cross Validation (2-fold Cross Validation, 记为 2-CV)

将数据集分成两个相等大小的子集，进行两回合的分类器训练。在第一回合中，一个子集作为 training set，另一个便作为 testing set；在第二回合中，则将 training set 与 testing set 对换后，

再次训练分类器。

- K-fold Cross Validation (K-折交叉验证, 记为 K-CV) (实验中采用的交叉验证方法) 将原始数据分成 K 组, 将每个子集数据分别做一次验证集, 其余的 K-1 组子集数据作为训练集, 这样会得到 K 个模型, 用这 K 个模型最终的验证集的分类准确率的平均数作为此 K-CV 下分类器的性能指标。K 一般大于等于 2, 实际操作时一般从 3 开始取。
- Leave-One-Out Cross Validation (记为 LOO-CV)

将每个样本单独作为验证集, 其余的 N-1 个样本作为训练集, 所以 LOO-CV 会得到 N 个模型, 用这 N 个模型最终的验证集的分类准确率的平均数作为此下 LOO-CV 分类器的性能指标。相比于前面的 K-CV, LOO-CV 有两个明显的优点:

- 每一回合中几乎所有的样本皆用于训练模型, 因此最接近原始样本的分布, 这样评估所得的结果比较可靠。
- 实验过程中没有随机因素会影响实验数据, 确保实验过程是可以被复制的。

5. 特征 (PkID)

PkID 中用到的特征一共有 67 个：Area, Mean, StdDev, Mode, Min, Max, X, Y, XM, YM, Perim., BX, BY, Width, Height, Major, Minor, Angle, Circ., Feret, IntDen, Median, Skew, Kurt, %Area, XStart, YStart, Area_exc, Fractal, Skelarea, Slope, Histcum1, Histcum2, Histcum3, XMg5, YMg5, Compentropy, Compmean, Compslope, CompM1, CompM2, CompM3, Symetrieh, Symetriev, Symetriehc, Symetrievc, Tag, ESD, Elongation, Range, MeanPos, CentroidsD, CV, SR, PerimAreaexc, FeretAreaexc, PerimFeret, PerimMaj, Circexc, CDexc, Nb1, Nb2, Nb3, Convperim, Convarea, Fcons, ThickR

从训练集的 PID 文件文件中看到，Compentropy, Compmean, Compslope, CompM1, CompM2, CompM3 这 6 个特征在所有图像上的值都为 0，在训练分类器时是不起作用的。这 6 个特征的具体含义也没有找到。

5.1 位置特征

BX 能够包围物体，且平行于图像两条边的最小外界矩形的左上角顶点的 X 坐标

BY 能够包围物体，且平行于图像两条边的最小外界矩形的左上角顶点的 Y 坐标

Height 能够包围物体，且平行于图像两条边的最小外界矩形的高

Width 能够包围物体，且平行于图像两条边的最小外界矩形的宽

XStart 图像最左上角像素点的 X 坐标

YStart 图像最左上角像素点的 Y 坐标

XM 物体灰度重心的 X 坐标

YM 物体灰度重心的 Y 坐标

XMg5 gamma 值为 51 时的物体灰度重心的 X 坐标

YMg5 gamma 值为 51 时的物体灰度重心的 Y 坐标

X 物体重心点的 X 坐标

Y 物体重心点的 Y 坐标

5.2 尺寸特征

Area 包含物体的最小矩形面积

Perim 物体最外层边缘的长度

Major 物体内切椭圆的长轴

Minor 物体内切椭圆的短轴

Feret Maximum feret diameter (最大费雷特径)，沿物体边缘任意两个点的最长距离

Area_exc 去掉物体空洞后的表面积，空洞是指灰度值与背景相同的部分

%area 物体表面积中空洞所占的百分比，即背景所占的比例

5.3 灰度值特征

Min 物体内部所有像素点的最小灰度值 (0 = black)

Max 物体内部所有像素点的最大灰度值 (255 = white)

Mean 物体内的平均灰度值；物体中所有像素点的灰度值的总和除以总的像素个数

IntDen Integrated density (总密度)。物体内像素点的灰度值的总和 ($IntDen = Area * Mean$)

StdDev 物体内像素的灰度值的标准差

Mode Modal grey value within the object

Skew 灰度直方图的偏斜度，是灰度分布是否符合正态分布的检验参数

Kurt 灰度直方图的峰值

Mean_exc 物体内部去掉空洞后的平均灰度值 ($Mean_{exc} = IntDen / Area_{exc}$)

Median 物体内像素的灰度值的中位数

Slope 归一化的灰度累计直方图的斜率

Histcum1 灰度累计直方图的值为 25% 时所对应的灰度值

Histcum2 灰度累计直方图的值为 50% 时所对应的灰度值

Histcum3 灰度累计直方图的值为 75% 时所对应的灰度值

5.4 形状特征

Fractal 物体边界的分形维数 (Berube and Jebrak, 1999), 表明物体边界的不规则程度

Skelarea 骨架像素的表面积 (在二值图像中, 不断地从物体边缘处减去像素点直到仅剩一个像素的宽度, 最后所得图形的像素点数)

Circ $Circularity = (4 * \pi * Area) / Perim^2$; 表征物体接近圆的程度, 值等于 1 时, 说明物体为正圆形, 值越接近 0, 物体体形越长。

Angle 漂游动物主轴与图片 x 轴形成的夹角, 在图片切割后旋转图片测量相关参数使用

Symetrieih 水平对称

Symetriev 垂直对称

Symetriehc

Symetrievc

5.5 自定义特征

$$\text{ESD} = 2 \times \sqrt{\frac{Area}{\pi}}$$

$$\text{Elongation} = \frac{Major}{Minor}$$

$$\text{Range} = Max - Min$$

$$\text{MeanPos} = \frac{Mean - Max}{Max - Min}$$

$$\text{CentrodisD} = \sqrt{(XM - X)^2 + (YM - Y)^2}$$

$$\text{CV} = 100 \times \frac{StdDev}{Mean}$$

$$\text{SR} = 100 \times \frac{StdDev}{Max - Min}$$

$$\text{PerimAreaexc} = \frac{Perim}{\sqrt{Area_exc}}$$

$$\text{FeretAreaexc} \frac{Feret}{\sqrt{Area_exc}}$$

$$\text{PerimFeret} \frac{Perim}{Feret}$$

$$\text{PerimMaj} \frac{Perim}{Major}$$

$$\text{Circexc} \frac{4 \times \pi Area_exc}{Perim^2}$$

$$\text{CDexc} \frac{\sqrt{(XM - X)^2 + (YM - Y)^2}}{\sqrt{Area_exc}}$$

6. 识别结果分析

采用交叉验证的方法来评价分类器的性能好坏，所选用的数据集中的类别如图 42 所示，其中有 10 个是浮游动物类，包括 Appendicularia（被囊类）、Chaetognatha（毛颚类）、CladoceraPenilia（枝角类喙）、Copepoda（桡足类）、Decapoda（十足类）、Doliolida（海樽类）、Egg（蛋类）、Pteropoda（翼足类）、Gelatinous（凝胶纤维）、Multiple。3 个非浮游动物类：Nonbio（非生物类）、Bubble（气泡）、Fiber（纤维）。将该数据集随机均分为 n 份，其中每个子集数据分别做一次验证集，其余的 $n - 1$ 组子集数据作为训练集，这样会得到 n 个模型，用这 n 个模型最终的验证集的分类准确率的平均数作为此分类器的性能指标。

采用随机森林学习算法，67 个特征的评价结果如图 43。

Error rate			0.2155														
Values prediction			Confusion matrix														
Value	Recall	1-Precision	Appendicularia	Bubble	Chaetognatha	CladoceraPenilia	Copepoda	Decapoda	Doliolida	Egg	Fiber	Gelatinous	Multiple	Nonbio	Pteropoda	Sum	
Appendicularia	0.8051	0.2039	2194	0	111	8	1	19	0	0	57	1	157	177	0	2725	
Bubble	0.8359	0.1049	0	606	0	0	0	0	0	29	0	0	3	87	0	725	
Chaetognatha	0.8934	0.0983	137	0	1559	0	5	2	0	0	7	1	18	14	2	1745	
CladoceraPenilia	0.8830	0.1044	0	0	0	4084	22	0	7	0	0	7	19	486	0	4625	
Copepoda	0.8419	0.2108	3	0	0	9	6205	145	0	0	0	1	234	745	28	7370	
Decapoda	0.7989	0.2157	4	0	0	0	339	2225	0	0	0	0	87	126	4	2785	
Doliolida	0.7474	0.1418	0	0	0	2	1	0	1065	0	0	156	7	194	0	1425	
Egg	0.7424	0.1401	0	66	0	13	2	1	1	1277	0	28	3	320	9	1720	
Fiber	0.7414	0.2069	59	0	18	0	0	0	0	0	1127	0	62	254	0	1520	
Gelatinous	0.6914	0.2042	6	0	0	72	10	5	93	39	0	2081	79	624	1	3010	
Multiple	0.3238	0.5093	267	0	23	51	491	202	9	23	45	91	1028	941	4	3175	
Nonbio	0.8406	0.2452	86	5	17	321	716	189	66	117	185	246	390	12937	115	15390	
Pteropoda	0.6627	0.1848	0	0	1	0	70	49	0	0	0	3	8	235	719	1085	
			Sum	2756	677	1729	4560	7862	2837	1241	1485	1421	2615	2095	17140	882	47300

图 43: Random Forest

采用随机森林算法，去掉以下位置特征 (XM, YM, BX, BY, Width, Height, Angle, XStart, YStart, XMg5, YMg5, X, Y) 的评价结果如图 44，可以看到，与用所有特征相比，去除不必要的位置特征会使评价结果有所提高，对所有种类的 Recall 值、Precision 值求平均（除了 Multi 类），得到的平均的 Recall 值为 0.799，平均的 Precision 值为 0.161。PID 文件中的位置特征大多是 ImageJ 自带的，是用来生成缩略图所需的参数，在训练分类器时并没有使用。

采用 K-NN 算法，去掉位置特征后的评价结果如图 45。

采用 C-SVC linear 算法，去掉位置特征后的评价结果如图 46。

采用 C-SVC RBF 算法，去掉位置特征后的评价结果如图 47。

采用 BVM RBF 算法，去掉位置特征后的评价结果如图 48。

采用 PLS 算法，去掉位置特征后的评价结果如图 49。

采用 Multilayer perceptron 算法，去掉位置特征后的评价结果如图 50。

Zooplankton Identification

Error rate			0.2074														
Values prediction			Confusion matrix														
Value	Recall	1-Precision	Appendicularia	Bubble	Chaetognatha	CladoceraPenilia	Copepoda	Decapoda	Doliolida	Egg	Fiber	Gelatinous	Multiple	Nonbio	Pteropoda	Sum	
Appendicularia	0.8172	0.2052	2227	0	113	8	0	19	0	0	32	0	171	155	0	2725	
Bubble	0.8455	0.0959		613	0	0	0	3	0	0	37	0	0	2	70	0	725
Chaetognatha	0.8991	0.0957	132	0	1569	0	1	2	0	0	4	1	21	14	1	1745	
CladoceraPenilia	0.8902	0.0918	0	0	0	4117	23	0	4	0	0	4	18	459	0	4625	
Copepoda	0.8503	0.2087	3	0	0	9	6267	129	0	0	0	4	233	697	28	7370	
Decapoda	0.8014	0.2130	2	0	0	0	309	2232	0	0	0	0	100	139	3	2785	
Doliolida	0.7761	0.1236	0	0	0	1	0	0	1106	0	0	148	9	161	0	1425	
Egg	0.7709	0.1004	0	54	0	11	6	0	0	1326	0	23	6	287	7	1720	
Fiber	0.7336	0.2019	48	0	16	0	1	0	1	0	1115	1	64	274	0	1520	
Gelatinous	0.7106	0.1962	6	0	0	58	10	4	71	20	0	2139	111	587	4	3010	
Multiple	0.3320	0.5154	286	1	21	48	500	211	9	10	48	106	1054	879	2	3175	
Nonbio	0.8462	0.2332	98	10	15	281	731	180	71	80	198	230	377	13023	96	15390	
Pteropoda	0.6470	0.1673	0	0	1	0	69	59	0	1	0	5	9	239	702	1085	
			Sum	2802	678	1735	4533	7920	2836	1262	1474	1397	2661	2175	16984	843	47300

图 44: Random Forest (without position variables)

Error rate			0.9424															
Values prediction			Confusion matrix															
Value	Recall	1-Precision	Appendicularia	Bubble	Chaetognatha	CladoceraPenilia	Copepoda	Decapoda	Doliolida	Egg	Fiber	Gelatinous	Multiple	Nonbio	Pteropoda	Sum		
Appendicularia	1.0000	0.9424	2725	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2725	
Bubble	0.0000	1.0000	725	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	725	
Chaetognatha	0.0000	1.0000	1745	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1745	
CladoceraPenilia	0.0000	1.0000	4625	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4625	
Copepoda	0.0000	1.0000	7370	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7370	
Decapoda	0.0000	1.0000	2785	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2785	
Doliolida	0.0000	1.0000	1425	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1425	
Egg	0.0000	1.0000	1720	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1720	
Fiber	0.0000	1.0000	1520	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1520	
Gelatinous	0.0000	1.0000	3010	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3010	
Multiple	0.0000	1.0000	3175	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3175	
Nonbio	0.0000	1.0000	15390	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	15390	
Pteropoda	0.0000	1.0000	1085	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1085	
			Sum	47300	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	47300

图 45: K-NN (without position variables)

Error rate			0.2587														
Values prediction			Confusion matrix														
Value	Recall	1-Precision	Appendicularia	Bubble	Chaetognatha	CladoceraPenilia	Copepoda	Decapoda	Doliolida	Egg	Fiber	Gelatinous	Multiple	Nonbio	Pteropoda	Sum	
Appendicularia	0.8411	0.1921	2292	0	86	1	11	11	0	1	41	4	123	155	0	2725	
Bubble	0.8400	0.2793	0	609	0	1	19	0	0	23	0	0	2	71	0	725	
Chaetognatha	0.8940	0.0856	130	0	1560	0	0	9	0	0	16	0	17	13	0	1745	
CladoceraPenilia	0.7968	0.2031	0	0	0	3685	19	0	5	0	0	31	5	880	0	4625	
Copepoda	0.8001	0.2891	0	0	0	17	5897	187	0	0	1	0	182	1007	79	7370	
Decapoda	0.6700	0.2586	1	0	0	0	496	1866	0	0	0	0	94	318	10	2785	
Doliolida	0.7530	0.1721	0	0	0	7	0	0	1073	0	0	128	3	214	0	1425	
Egg	0.6459	0.1513	0	155	0	24	29	1	0	1111	0	65	0	324	11	1720	
Fiber	0.7362	0.2197	55	0	22	0	0	0	0	8	1119	0	44	272	0	1520	
Gelatinous	0.6970	0.2175	5	0	0	112	19	10	130	30	1	2098	63	540	2	3010	
Multiple	0.2995	0.4584	244	0	21	115	589	176	13	9	52	83	951	909	13	3175	
Nonbio	0.8014	0.2880	107	81	16	662	969	192	75	118	204	272	266	12334	94	15390	
Pteropoda	0.4323	0.3083	3	0	1	0	247	65	0	9	0	0	6	285	469	1085	
			Sum	2837	845	1706	4624	8295	2517	1296	1309	1434	2681	1756	17322	678	47300

图 46: C-SVC linear (without position variables)

Error rate			0.2276														
Values prediction			Confusion matrix														
Value	Recall	1-Precision	Appendicularia	Bubble	Chaetognatha	CladoceraPenilia	Copepoda	Decapoda	Doliolida	Egg	Fiber	Gelatinous	Multiple	Nonbio	Pteropoda	Sum	
Appendicularia	0.8488	0.1927	Appendicularia	2313	0	81	0	0	7	0	0	50	0	133	141	0	2725
Bubble	0.8138	0.1884	Bubble	0	590	0	0	10	0	0	13	0	0	12	100	0	725
Chaetognatha	0.8613	0.0807	Chaetognatha	130	0	1503	0	1	1	0	0	5	0	23	82	0	1745
CladoceraPenilia	0.8971	0.1369	CladoceraPenilia	0	0	0	4149	37	0	10	0	0	14	12	403	0	4625
Copepoda	0.8404	0.2508	Copepoda	0	0	0	14	6194	166	0	0	1	1	191	755	48	7370
Decapoda	0.7461	0.2170	Decapoda	0	0	0	0	392	2078	0	0	0	0	96	216	3	2785
Doliolida	0.8007	0.1434	Doliolida	0	0	0	0	0	0	1141	0	0	122	9	153	0	1425
Egg	0.6663	0.1377	Egg	0	102	0	10	33	1	2	1146	0	57	5	337	27	1720
Fiber	0.7007	0.2064	Fiber	61	0	19	0	0	0	0	4	1065	0	41	330	0	1520
Gelatinous	0.7110	0.1766	Gelatinous	5	0	1	74	12	2	95	30	5	2140	58	588	0	3010
Multiple	0.3049	0.4929	Multiple	253	2	16	64	568	182	9	13	36	57	968	993	14	3175
Nonbio	0.8242	0.2572	Nonbio	103	33	15	496	851	182	75	110	180	205	354	12685	101	15390
Pteropoda	0.5189	0.2553	Pteropoda	0	0	0	0	170	35	0	13	0	3	7	294	563	1085
			Sum	2865	727	1635	4807	8268	2654	1332	1329	1342	2599	1909	17077	756	47300

图 47: C-SVC RBF (without position variables)

Error rate			0.2304														
Values prediction			Confusion matrix														
Value	Recall	1-Precision	Appendicularia	Bubble	Chaetognatha	CladoceraPenilia	Copepoda	Decapoda	Doliolida	Egg	Fiber	Gelatinous	Multiple	Nonbio	Pteropoda	Sum	
Appendicularia	0.8334	0.1857	Appendicularia	2271	0	77	0	0	8	0	0	50	0	149	170	0	2725
Bubble	0.8028	0.1698	Bubble	0	582	0	0	8	0	0	21	0	0	10	104	0	725
Chaetognatha	0.8407	0.0768	Chaetognatha	125	0	1467	0	1	0	0	0	9	0	26	117	0	1745
CladoceraPenilia	0.8951	0.1257	CladoceraPenilia	0	0	0	4140	31	0	10	0	0	19	15	410	0	4625
Copepoda	0.8353	0.2401	Copepoda	0	0	0	11	6156	184	0	0	1	3	193	783	39	7370
Decapoda	0.7494	0.2207	Decapoda	0	0	0	0	352	2087	0	0	0	0	114	228	4	2785
Doliolida	0.7881	0.1342	Doliolida	0	0	0	1	0	0	1123	0	0	133	6	162	0	1425
Egg	0.6645	0.1387	Egg	0	85	0	10	32	2	0	1143	0	56	14	347	31	1720
Fiber	0.6796	0.2162	Fiber	57	0	19	0	1	0	0	0	1033	0	30	380	0	1520
Gelatinous	0.7043	0.1821	Gelatinous	5	0	0	76	15	1	84	32	5	2120	56	616	0	3010
Multiple	0.2986	0.5148	Multiple	237	1	12	65	529	187	7	14	35	51	948	1079	10	3175
Nonbio	0.8300	0.2690	Nonbio	94	33	14	432	818	168	73	105	185	208	383	12774	103	15390
Pteropoda	0.5143	0.2510	Pteropoda	0	0	0	0	158	41	0	12	0	2	10	304	558	1085
			Sum	2789	701	1589	4735	8101	2678	1297	1327	1318	2592	1954	17474	745	47300

图 48: BVM RBF (without position variables)

Error rate			0.6159														
Values prediction			Confusion matrix														
Value	Recall	1-Precision	Appendicularia	Bubble	Chaetognatha	CladoceraPenilia	Copepoda	Decapoda	Doliolida	Egg	Fiber	Gelatinous	Multiple	Nonbio	Pteropoda	Sum	
Appendicularia	0.1402	0.4299	Appendicularia	382	0	692	16	121	29	0	0	8	2	165	1310	0	2725
Bubble	0.0000	1.0000	Bubble	0	0	0	0	324	0	0	0	0	0	0	401	0	725
Chaetognatha	0.7840	0.4309	Chaetognatha	52	0	1368	0	6	3	0	0	24	23	190	79	0	1745
CladoceraPenilia	0.0357	0.7519	CladoceraPenilia	0	0	0	165	45	0	0	0	0	0	0	4415	0	4625
Copepoda	0.3512	0.7135	Copepoda	7	0	2	3	2588	4	0	0	0	3	45	4718	0	7370
Decapoda	0.0251	0.7222	Decapoda	0	0	5	0	2075	70	0	0	0	6	141	488	0	2785
Doliolida	0.0035	0.9254	Doliolida	0	0	0	21	0	0	5	0	0	78	0	1321	0	1425
Egg	0.0012	0.5000	Egg	0	0	0	5	440	0	0	2	0	5	0	1268	0	1720
Fiber	0.0329	0.4444	Fiber	101	0	179	3	1	0	0	0	50	3	7	1176	0	1520
Gelatinous	0.0635	0.6987	Gelatinous	0	0	2	202	75	7	25	2	0	191	24	2482	0	3010
Multiple	0.0542	0.7882	Multiple	98	0	111	51	876	94	25	0	1	240	172	1507	0	3175
Nonbio	0.8559	0.5968	Nonbio	30	0	32	199	1776	19	12	0	7	82	60	13173	0	15390
Pteropoda	0.0000	1.0000	Pteropoda	0	0	13	0	706	26	0	0	0	1	8	331	0	1085
			Sum	670	0	2404	665	9033	252	67	4	90	634	812	32669	0	47300

图 49: PLS (without position variables)

Error rate			0.2597														
Values prediction			Confusion matrix														
Value	Recall	1-Precision	Appendicularia	Bubble	Chaetognatha	CladoceraPenilia	Copepoda	Decapoda	Doliolida	Egg	Fiber	Gelatinous	Multiple	Nonbio	Pteropoda	Sum	
Appendicularia	0.7930	0.2334	Appendicularia	2161	0	147	2	1	11	2	1	71	27	156	144	2	2725
Bubble	0.5338	0.3418	Bubble	0	387	0	0	12	0	0	99	0	0	9	217	1	725
Chaetognatha	0.8590	0.1644	Chaetognatha	131	0	1499	0	1	12	3	0	35	24	23	16	1	1745
CladoceraPenilia	0.9174	0.1295	CladoceraPenilia	1	0	0	4243	32	0	3	10	0	26	28	282	0	4625
Copepoda	0.8168	0.2393	Copepoda	4	6	1	23	6020	228	1	26	4	3	271	693	90	7370
Decapoda	0.7311	0.2801	Decapoda	15	2	3	2	338	2036	0	17	1	5	132	174	60	2785
Doliolida	0.7642	0.2929	Doliolida	1	0	0	3	0	0	1089	1	2	149	16	164	0	1425
Egg	0.6645	0.3808	Egg	0	104	0	11	14	2	3	1143	3	93	6	328	13	1720
Fiber	0.7441	0.3125	Fiber	32	2	35	0	1	1	6	1	1131	3	42	265	1	1520
Gelatinous	0.6940	0.2821	Gelatinous	17	6	11	60	11	5	182	52	5	2089	97	466	9	3010
Multiple	0.3020	0.5540	Multiple	282	12	47	82	450	229	45	48	101	105	959	796	19	3175
Nonbio	0.7693	0.2427	Nonbio	170	66	45	448	846	199	206	357	291	379	401	11839	143	15390
Pteropoda	0.3871	0.4466	Pteropoda	5	3	6	0	188	105	0	91	1	7	10	249	420	1085
			Sum	2819	588	1794	4874	7914	2828	1540	1846	1645	2910	2150	15633	759	47300

图 50: MultilayerPerceptron (without position variables)

7. 优缺点分析

PkID 主要用了灰度特征、尺寸特征和形状特征。其中灰度特征跟灰度图的质量有很大关系，并不能完全准确地将不同种类区分开来，这里可以尝试加入一些灰度对比度特征。对于尺寸特征，每幅图像中都有一个 5mm 的标尺，可以依据标尺来度量物体的一些长度特征。人在进行浮游动物分类时，主要是依据形状特征，所以形状特征应该是最重要的，但 PkID 中只采用了少数简单的形状特征，因而不能充分地表示某一类浮游动物。

对于具体哪些特征是有用的哪些是没用的，还得通过具体的实验才能看出来。单从缩略图来看，这三类特征都是有用的，都有区分作用，但是还不充足，还应该再加入一些更合理的特征。

参考文献

- [1] G Gorsky and Ph Grosjean. Qualitative and quantitative assessment of zooplankton samples. globec int. *Newsletter*, 9(1):5, 2003.