

计算机视觉检测技术在菌群计数领域的应用研究

张武¹ 郭文斌¹ 尤毅娜² 杨光瑞² 金莹²

1 兰州资源环境职业技术大学 财经商贸学院 2 甘肃中商食品质量检验检测有限公司

DOI:10.12238/acair.v2i4.10290

[摘要] 在食品检验检测领域,对微生物菌群的培养后计数是出具权威检测报告的关键指标。该研究开发了一种基于深度学习的高效、端到端的菌群计算机视觉检测方法。首先,该研究收集了近2000张菌群图像样本,并进行人工分类和标记,形成大数据量训练集。然后,构建了优化后的YOLOv7模型,优化项主要是增设了小目标检测层,开发了含标注数据的图像增强方法,并采用K-means方法对anchor进行了优化计算。最后,通过云服务器训练模型并取得最优参数,并开发菌群视觉检测管理信息系统,在企业中试运行,对模型性能进行了评估。结果表明,优化后的模型mAP@.5增长了4.5%,模型的全类别F1-score平均达到88.5%,主要类别F1-score达到87.3%。该研究给出了一套食品检验检测领域菌群计数的整体解决方案,市场化应用具备无缝接入条件。

[关键词] 视觉检测; 深度学习; 卷积神经网络; 菌群计数

中图分类号: TP 391.41 文献标识码: A

Research on the Application of Computer Vision Detection Techniques in Microbial Colony Enumeration

Wu Zhang¹ Wenbin Guo¹ Yina You² Guangrui Yang² Yin Jin²

1 School of Finance and Economics, Lanzhou University of Resources and Environment

2 Gansu Zhongshang Food Quality Inspection and Testing Co., LTD.

[Abstract] In the realm of food inspection and testing, quantifying cultured microbial colonies serves as a crucial indicator for issuing authoritative test reports. This study has developed an efficient, end-to-end computer vision method for detecting microbial colonies based on deep learning. Initially, the research collected nearly 2000 colony image samples, which were manually classified and labeled to form a large-scale training dataset. Subsequently, an optimized YOLO-v7 model was constructed with enhancements primarily involving the addition of a small object detection layer, the development of an image enhancement method containing labeled data, and the utilization of the K-means method for optimizing anchor calculation. Finally, the model underwent training on a cloud server to obtain optimal parameters and a colony vision detection management information system was developed, trialed in enterprises, and evaluated for performance. The findings indicate that the mAP@.5 of the optimized model experienced a 4.5% increase, with the average F1-score for all categories reaching 88.5% and the primary category F1-score achieving 87.3%. This study offers a comprehensive solution for colony counting within the realm of food inspection and testing, with potential seamless integration into market applications.

[Key words] Vision Detection; Deep Learning; Convolutional Neural Network; Colony Counting

引言

微生物检测技术的发展经历了从传统到现代的多个演化阶段。J. Zhang等人^[1]通过广泛的文献回顾,将该领域的研究进展归纳为四个主要阶段:基于经典图像处理的方法、基于传统机器学习的方法、基于深度学习的方法,以及潜在的微生物检测方法。

在早期研究中,图像采集和处理算法的开发是提高计数准确性和效率的关键。随着深度学习技术的兴起,研究者开始利用神经网络自动识别和计数菌群,这标志着—个新时代的开始。在

传统图像处理方法中,图像预处理是菌群计数的首要步骤,包括灰度化、直方图均衡化和滤波去噪等,以增强图像对比度并突出菌群特征^[2]。图像分割作为分离菌群和背景的过程,常用方法包括阈值分割、边缘检测和区域生长等。Otsu方法因其计算效率而在菌群图像分割中得到广泛应用^[3]。然而,这些传统方法在处理复杂背景或粘连菌群时面临挑战。

为了提高准确性,研究者开始结合机器学习算法,如支持向量机(SVM)和随机森林(RF)进行特征分类和回归分析^{[4][5]}。Barbedo等

人^[6]提出了一个基于决策树的分类器,用于识别和计数农业相关的微生物。在深度学习领域,卷积神经网络(CNN)显示出在菌群识别和计数中的巨大潜力。Ferrari等人^[7]利用CNN实现了细菌菌落的自动计数,达到了92.8%的准确率。Tamiev等人^[8]提出了一种基于CNN的分类型网络,用于细菌的自动分类和计数,进一步提高了计数的准确性。U-Net架构在生物医学图像分割中的卓越性能使其成为细胞检测和分割的理想选择^{[9][10]}。此外,基于区域的CNN,如Faster R-CNN,提高了菌群识别的准确性^{[11][12]}。

1 研究路径

在本项目研究之初,我们本能地考虑了图像分割方法,以区分不同形态的菌群,并通过边缘检测技术进行标记。这一朴素的研究思路基于对图像像素值三维分布的认知。基于此设想,我们采用了基于最大类间方差的Otsu方法进行图像分割,并利用OpenCV库中的Canny算法进行边缘检测。但效果不理想,原因是无法实现批量处理,每张图片所需的阈值各异,识别效率低下,且无法稳定输出和进行标准化评估。

此外,项目研究人员还尝试了两款在该领域较为流行的免费开源工具:OpenCFU和CellProfiler。OpenCFU是用C++编写的,基于OpenCV库(BSD许可),提供独立的应用程序,适用于Linux和Windows操作系统。CellProfiler则允许用户构建定制的流程来检测、计数和量化菌落形成单位(CFU)。经过不断调参,现有软件存在明显的漏标现象,且无法识别杂质和不纯物,显示出菌群识别的不规范性,不适合工业化应用场景。

2 数据集

2.1 图像采集。本研究的图像采集系统由机架、工业相机、LED环形光源、Mini工控机、采集卡及显示器组成。所使用的HD工业相机为海康(HIKVISION)彩色面积阵列型号,具备1.2英寸的目标面和1200万像素的分辨率。LED环形光源功率为10瓦,色温设定为6500K,确保了照射样品时光照的均匀性,避免了阴影的产生。方形样品台适用于放置不同尺寸的培养皿,而光源固定于样品台上方20毫米处。

2.2 图像预处理。将原始图像转化为可用的研究样本需要经过一系列图像处理步骤。由于原始图像通常包含大量背景信息,且菌群形态及光照条件的变化会对后续分析产生影响,因此对采集到的图像进行预处理是必要的。本研究使用Python的OpenCV库进行预处理,主要步骤包括:

(1)以培养皿中心为原点,将原始图像从1920×1080像素裁剪至960×960像素。(2)对图像非有效区域进行净化处理,将四角非有效区域设置为全白像素[255, 255, 255],以减少对卷积神经网络特征提取的干扰。(3)应用3×3高斯核对图像进行锐化处理,以突出边缘并保留图像细节。

2.3 数据集规模。本研究共收集了合作企业提供的1546张原始菌群图像,所有图像均在研究小组搭建的视觉采集系统上获取。利用开源软件LabelImg,标注小组对所有图像进行了标注,总标注框数量达到241982个。在充分理解分类方法的基础上,4名学生组成的标注小组耗费2个月完成了整个数据集的标注工作。为确保数据

集的质量,每张标注图像均经过公司资深计数员的检查和确认。

3 数据训练过程

3.1 初始模型建立。本研究采用第七代YOLO模型(YOLO-v7)构建了用于菌群识别及计数的模型框架。模型的输入图像首先被调整至640×640像素的统一尺寸,随后输入至Backbone网络,该网络负责从图像中提取关键特征。提取的特征随后送入Head层网络,Head层的作用是聚合图像特征,并据此计算输出三层不同尺度的特征图。模型的输出设计为识别21个预定义的类别。

在初始模型的建立过程中,我们并未对YOLO-v7的模型架构进行任何结构性的修改或优化。这一决策是为了在小规模数据集上先行运行程序,以便为后续的参数调优工作打下基础。

3.2 参数调优与小数据集训练。由于YOLO-v7模型涉及的参数众多,且执行一次完整的模型训练过程需要消耗大量算力和时间,因此在进行全面数据集训练之前,本研究采取了使用小数据集对关键参数进行调优的策略。

本研究的小数据集由500张图像组成,通过自动化方法将数据集划分为训练集(70%)、验证集(20%)和测试集(10%)。YOLO-v7模型在本地部署,配置包括英特尔®酷睿™i5-10505处理器、8GB内存和64位操作系统。

本阶段采用500张图像作为训练集,未应用数据增强技术,目的是在较小数据量下运行模型,以确定合适的训练周期(epoch),从而为后续更大数据量的运行提供成本效益分析。

3.3 全数据集训练。在确定了模型的基本参数后,我们对1546张图片进行了统一的预处理和标注,随后以随机自动化的方式完成了训练集(70%)、验证集(20%)和测试集(10%)的划分。在全数据集训练阶段,为了确保图像尺寸与YOLO-v7模型的兼容性,并提高执行效率,所有图片在不损失有效区域的前提下被调整为960×960大小。这一尺寸选择基于两个考虑:首先,960×960是32像素的整数倍,这保证了在模型的训练和推理阶段能够顺畅地执行;其次,统一的图像尺寸有助于在网络的各个层级中,包括池化和卷积操作,提高计算效率。

由于全数据集训练对计算资源的需求较高,本地机器无法满足这一需求,因此我们租用了阿里云服务器进行训练。训练以0.001的学习率作为起始点,这一选择在随后的多次试验中均展现出了在随机梯度下降(Stochastic Gradient Descent, SGD)算法中更好的稳定性。该模型在接近50个epoch内收敛。

4 训练模型优化

4.1 数据增强。在本研究的数据集中,典型菌群的图像具有高度的特殊性,因为它们通常展示了单一菌种的特定形态,并附有明确的菌种名称。然而,这类图像的数量有限,对特征提取的贡献在训练中受到了限制。为了解决这一问题,我们对这些图像实施了数据增强操作。增强步骤包括旋转、添加高斯噪声和亮度变化等标准操作。通过结合Python图像处理模块与LabelImg程序,我们自动化并高精度地处理了图像,确保在弹性变换后标注框的准确性。这一过程使我们获得了近2000张符合要求的训练图像,显著扩展了数据规模。

4.2小目标检测层。为了提高对更小尺寸目标的检测精度,我们在现有模型结构的基础上增加了若干操作层,形成了针对小目标检测的新型网络结构。主要的改进包括在第75层后对特征图进行上采样等操作,以扩大特征图的尺寸,并在第77层将 160×160 像素的特征图与骨干网络中的第11层特征图进行融合,从而获得更大的特征图以用于小目标检测。新网络结构在第87层增加了一个 160×160 像素的检测层,用于检测 4×4 像素以上的目标,满足了小目标检测的需求。

4.3锚定框优化。考虑到菌群形态的多样性,我们对锚定框的大小和比例进行了重新计算和配置。通过编写自动化程序,我们计算了训练集中所有标注框的尺寸和宽高比,并运用1000次迭代的k-means聚类算法,得出了四组最优的锚定框宽高比数组。与优化前相比,优化后的锚定框设置使得精确度提升了1.6%,召回率提升了1.3%,且在mAP@.5指标上提升了2.2%。尽管这导致了对计算资源需求的增加和推理检测速度的降低,但鉴于本项目的目标是提高检测精度,因此辨识能力的提升被认为是可以接受的权衡。

5 结论

本研究成功构建并优化了一种基于YOLO-v7卷积神经网络的模型,旨在食品检验检测领域实现菌群的自动识别与计数。同时,本研究还搭建了相应的菌群图像数据采集系统,并对YOLO-v7模型针对不同形态菌群的检测效果进行了深入研究。经过一系列的实验与分析,得出以下结论:

(1)本研究建立的YOLO-v7模型在食品检测菌群图像识别中表现出色。在一组独立的实际样品实验中,该模型对于类别内菌落的识别准确率达到了88.5%,验证了模型的有效性。(2)通过对模型结构的优化设计、参数设置的改进以及自动化数据增强方法的引入,本研究显著提升了模型的性能。特别是新增的小目标检测层,使得优化后的模型在相同数据集上训练后,其平均精度均值(mAP)提升了4.5%。(3)本研究提供了一套完整的食品检验检测领域菌群计数解决方案。从图像采集系统的搭建到数据集的训练,再到自动化结果的产出,形成了一个封闭的完整流程,显著提高了研究成果转化的效率。

本研究的成果不仅提升了食品检验检测的自动化水平,也为深度学习在微生物检测领域的应用提供了新的思路和方法。未来的工作将进一步探索模型的泛化能力,并考虑将其应用于更广泛的食品检测场景中。

[基金项目]

2022年甘肃省科技厅重点研发项目-社会发展类,“基于大数据分析技术的商检食品安全及增值应用平台建设”(22YF7FA068)。

[参考文献]

[1]J.Zhanget al.,“Acomprehensivereviewofimageanalysismethodsfor microorganism counting:from classical image processingto deep learning approaches,”*Artificial Intelligence Review*, vol.55,pp.2875–2944,Sep.2021,doi:10.1007/s10462–021–10082–4.

[2]Zhang,C.,Chen,W.B.,Liu,W.L.,&Chen,C.B.(2010).Anautomated bacterial colony counting system.In2010 3rd International

Congress on Image and Signal Processing (Vol.4,pp.1819–1823).

[3]Otsu,N.(1979).Athreshold selection method from gray-level histograms.IEEE Transactions on Systems,Man, and Cybernetics,9(1),62–66.

[4]J.Rimal et al.,“Risk assessment of smokeless tobacco among oral precancer and cancer patients in eastern developmental region of Nepal,”*Asian PacificJ.CancerPrevention*,vol.20,no.2,2019.

[5]H.Gelband et al.,*Disease Control Priorities:Cancer*, World Bank,2015.

[6]Barbedo,J. G. A. (2012). Unified framework for counting agriculture-related objects in digital images. *Embrapa Informática Agropecuária–Artigo em anais de congresso (ALICE)*, In: CONFERENCE ON GRAPHICS, PATTERNS AND IMAGES,25.,2012,Ouro Preto.

[7]Ferrari,A.,Lombardi, S.,& Signoroni, A. (2015). Bacterial colony counting by convolutional neural networks. In 2015 37th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC)(pp.7458–7461).IEEE.

[8]Tamiev,D., Furman, P. E., & Reuel, N. F. (2020). Automated classification of bacterial cell sub-populations with convolutional neural networks.PLoS ONE,15(10),e0241200.

[9]J.Redmon et al., “You only look once: Unified, real-time object detection,”in *Proc.IEEE Conf.Comput.Vis.PatternRecognit. (CVPR)*,2016.

[10]S.Ren et al., “Faster R-CNN: Towards real-time object detection with region proposal networks,” in *Proc. Adv. Neural Inf.Process.Syst.*,2015.

[11]K.He et al.,“Mask R-CNN,”in *Proc.IEEE Int.Conf. Comput. Vis.*,2017.

[12] A.Krizhevsky et al.,“ImageNet classification with deep convolutional neural networks,”in*Proc.Adv.NeuralInf.Process.Syst.*,2012.

作者简介:

张武(1970--),男,汉族,是河南省巩义人,毕业于兰州大学,教授,兰州资源环境职业技术学院,研究方向: 科学决策与信息系统。

郭文斌(1987--),女,汉族,是甘肃省礼县人,毕业于兰州财经大学,副教授,兰州资源环境职业技术学院,研究方向: 商务数据分析。

尤毅娜(1989--),女,汉族,是甘肃省天水市麦积区人,毕业于陕西师范大学,工程师,甘肃中商食品质量检验检测有限公司,研究方向: 食品安全。

杨光瑞(1992--),男,汉族,是甘肃省天水市麦积区人,毕业于兰州理工大学,工程师,甘肃中商食品质量检验检测有限公司,研究方向: 微生物生理。

金莹(1991--),女,汉族,是甘肃省武威市凉州区人,毕业于甘肃农业大学,工程师,甘肃中商食品质量检验检测有限公司,研究方向: 微生物检验。