

2020:00459 - Åpen

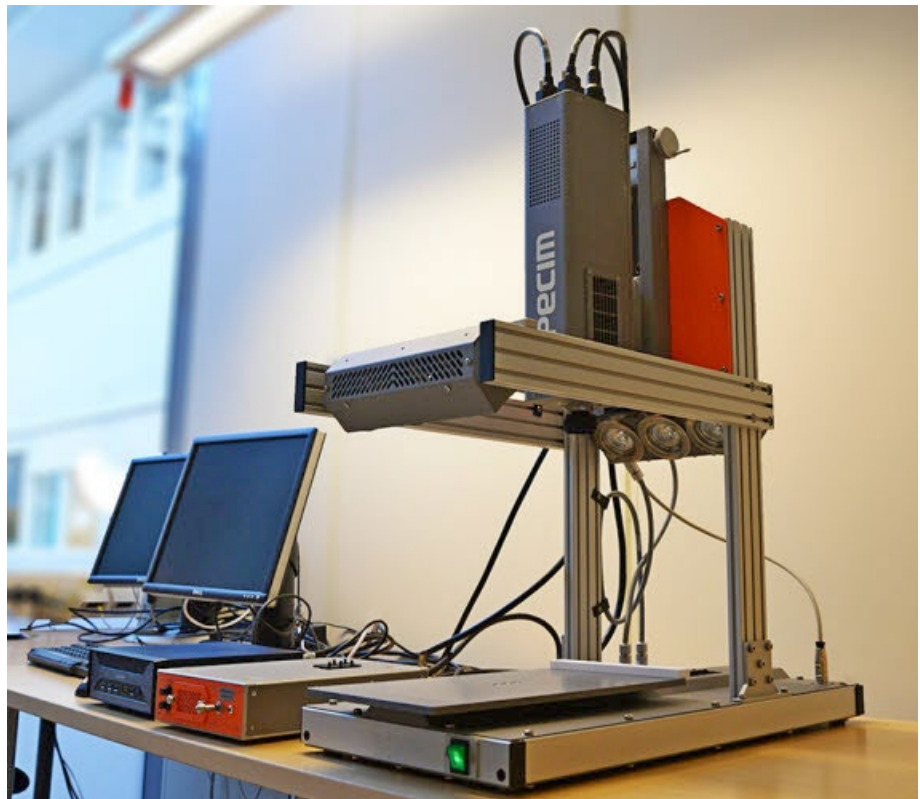
Rapport

Måling av spektralkarakteristikk for kvalitetssikring av smoltstatus

"HYPERSMOLT"

Forfatter(e)

Eirik Svendsen, Zsolt Volent, Andrei Tsarau, Christian Schellewald, Mats Mulelid, Birger Venås Morten Bondø, Nina Blöcher, Siri Vassgård



Rapport

Måling av spektralkarakteristikk for kvalitetssikring av smoltstatus

"HYPERSMOLT"

EMNEORD:

Parr

Smolt

Hyperspektral avbildning

Settefisk

Optisk fingeravtrykk

hypersmolt

VERSJON

3.0

DATO

2020-05-12

FORFATTER(E)

Eirik Svendsen, Zsolt Volent, Andrei Tsarau, Christian Schellewald, Mats Mulelid, Birger Venås, Morten Bondø, Nina Blöcher, Siri Vassgård

OPPDRAGSGIVER(E)

FHF

OPPDRAGSGIVERS REF.

901417

PROSJEKTNR

302002443

ANTALL SIDER OG VEDLEGG:

39 + vedlegg

SAMMENDRAG NORSK

For å bidra i arbeidet med å redusere fiskedødeligheten etter utsett i sjø har HYPERSMOLT undersøkt en optisk målemetode for å skille parr og smolt stadiene fra hverandre for at settefiskanlegg skal få flere verktøy i sitt kvalitetssikringsarbeid. En hyperspektral avbilder har blitt benyttet til å samle inn data ved to gjennomstrømnings og et resirkuleringsanlegg i parallell med anleggenes egne tester. Anleggenes testresultater har blitt benyttet som fasit for en maskinlæringsalgoritme som har blitt trent og benyttet til å klassifisere hvorvidt en fisk er parr eller smolt. Metoden har resultert i korrekt klassifisering i 85-100 % av tilfellene. Analyse av alle data under ett resulterer i korrekt klassifisering i 91% (anleggsuavhengig). Basert på metodikken har 7 forslag til videre implementasjon og bruk av den nye kunnskapen blitt utarbeidet.

UTARBEIDET AV

Eirik Svendsen

SIGNATUR

KONTROLLERT AV

Nina Blöcher

SIGNATUR

GODKJENT AV

Hanne Digre

SIGNATUR

RAPPORTNR

2020:00459

ISBN

978-82-14-06522-0

GRADERING

Åpen

GRADERING DENNE SIDE

Åpen

Historikk

VERSJON	DATO	VERSJONSBEKRIVELSE
1.0	2020-04-27	Intern kommentarrunde

2.0	2020-04-30	Kommentarrunde, referansegruppe
-----	------------	---------------------------------

3.0	2020-05-12	Endelig
-----	------------	---------

Innholdsfortegnelse

1	Abstract.....	5
2	Innledning	5
3	Prosjektmål	5
4	Prosjektgjennomføring.....	6
4.1	Prosjektstruktur, referansegruppe og leveranseoversikt.....	6
4.1.1	Prosjektstruktur	6
4.1.2	Referansegruppe.....	7
4.1.3	Leveranser	7
4.2	Måleprinsipp / valg av basisteknologi.....	8
4.3	Måleoppsett og metodeutvikling	10
4.3.1	Etiske betraktninger	10
4.3.2	Måleoppsett.....	10
4.3.3	Lyskilde	13
4.3.4	Datafangstmetode	13
4.4	Datafangst	14
4.4.1	Gjennomstrømningsanlegg – Slørdal (Marine Harvest).....	14
4.4.2	Resirkuleringsanlegg – Belsvik (Lerøy Midt)	14
4.4.3	Gjennomstrømningsanlegg – Åsen (Måsøval)	15
5	Databehandling, -prosessering og -analyse	15
5.1	Databehandling (Sortering av datasett).....	15
5.2	Vurdering av smoltifiseringsstatus.....	16
5.3	Dataprosessering	16
5.3.1	Kalibrering og kompensasjon for lyskilde.....	16
5.3.2	Bildemaskering.....	18
5.3.3	Fiskens spektralkarakteristikk.....	19
5.4	Dataanalyse	20
6	Resultater.....	21
6.1	Slørdal.....	21
6.2	Belsvik.....	22
6.3	Åsen.....	23
6.4	Resultat for all fisk sett under ett	24
6.5	Konklusjon og diskusjon	24

7	Anbefalinger for videre forsknings- og produktutviklingsløp	24
7.1	Alternativ 1 - Rørskanner	25
7.2	Alternativ 2 – Integrasjon med vaksinasjonsmaskin	25
7.3	Alternativ 3 - Spektralsensor montert i kar	26
7.4	Alternativ 4 - Flytende sensor i kar	27
7.5	Alternativ 5 - Sensor på stang nedsenket i kar	28
7.6	Forskningsløp – Desmoltifisering	28
7.7	Forskningsløp – Identifikasjon og klassifisering av skader	28
8	Øvrig bruk av prosjektets data	28
9	Referanser	29
A	Vedlegg - Smoltstatus.....	29
B	Prosjektoppgave Kristian Søren Stene.....	39

1 Abstract

To contribute to the efforts to reduce smolt mortality in sea, HYPERSMOLT has tested an optical sensing technique to determine if parr and smolt can be uniquely classified to offer smolt producers additional tools in their quality assurance. A hyperspectral imager has been used to collect data in two flow-through and one recirculating production site in parallel with the sites' own testing. The sites' test results have been used as a baseline for a machine learning algorithm trained to classify whether a fish is parr or smolt. The method has resulted in correct classification in 85-100% of the cases. Analysis of all data independent of origin results in a classification accuracy of 91%. Based on this method 7 suggestions for implementation and use of the new knowledge has been proposed.

2 Innledning

Næring og myndigheter retter i økende grad søkelyset mot fiskens velferd i norsk lakseoppdrett. Fiskevelferd har blant annet blitt utpekt som et viktig tema av aktører innen både industri, myndigheter og forskning (Fiskehelsesrapporten 2015, Veterinærinstituttet).

Velferd i sjøfasen avhenger blant annet av smoltkvaliteten. Dette går fram av f.eks. Mattilsynets rapport "Tap av laksefisk i sjø" (Skrudland, 2014) som konkluderer med at "Fokus på forbedret og stabil smoltkvalitet, samt regional selvforsyningsgrad av smolt, trolig vil gi markant bedre fiskevelferd og fremgang i biologisk og bedriftsøkonomisk ytelse for mange næringsaktører." Det foreligger i tillegg et ønske fra oppdrettere som Mowi og Lerøy Seafood om bedre kontroll med smoltifiseringsprosessen i settefiskanlegg for bedre å kunne styre sin egen smoltproduksjon, samt for å sikre forutsigbar forsyning av robust smolt til sjøanleggene. Smoltifiseringsprosessen innebærer endring i fysiologi, adferd og morfologi. Konvensjonell vurdering av smoltifisering foregår gjennom uttak av fisk til måling av ionetransporterende enzym i gjellene, sjøvannstesting og måling av kloridinnhold, eller gjennom bruk av genetiske metoder som SmoltTimer. Testene kan foregå i kombinasjon med evaluering av morfologi/kondisjonsfaktor og endringer i overflateegenskaper som farge og refleksjon. utfordringer knyttet til disse metodene er at kun et lite utvalg av individer testes. Dette innebærer at testresultatet ikke uten videre kan overføres til en hel fiskepopulasjon ettersom denne vil ha en spredning i smoltifiseringsgraden. Konvensjonell testmetodikk er også tidkrevende, og er potensielt dødelig for fisk som enda ikke er smoltifisert. En sjøvannstest krever f.eks at fisken oppholder seg i sjøvann i ca. 24 timer før fisken vurderes.

Med dette som bakteppe ser næringen og SINTEF Ocean et betydelig potensial i å benytte nye teknologiske løsninger til å erverve ny kunnskap og informasjon om graden av smoltifisering til fisk på populasjonsnivå i settefiskanlegg på en objektiv måte. Marine Harvest (Stian Aspaas) har innledet en dialog med FHF (Kjell Maroni) og SINTEF Ocean (Dr. Zsolt Volent og Eirik Svendsen) for å undersøke mulighetene for å realisere et prosjektløp rettet mot ervervelse av grunnkunnskap innen dette området. Resultatet av denne dialogen er prosjektskissen for HYPERSMOLT, som skal fokusere på utvikling av en objektiv målemetode for hvorvidt biomassen i et settefiskanlegg er smoltifisert eller ikke, gjennom bruk av optiske målemetoder med tanke på fremtidig realisering av måleapparatur for online, sanntidsmåling av smoltifiseringsstatus som ikke krever prøveuttak av fisk fra anlegget.

Teknologi for bedre kontroll av smoltifiseringsgrad er etterspurt av næringen. Resultatene fra HYPERSMOLT vil kunne gi mulighet for kontinuerlig overvåking av smoltifiseringsgrad, noe som vil gi muligheter for bedre produksjonskontroll og –styring (FHF satsingsområde: Robust fisk). Resultatene ventes også å føre til enklere logistikk ettersom "smoltvinduet" vil være bedre kjent (FHF satsingsområde: Robust fisk). For smoltprodusentene vil resultatene åpne for bedre og objektiv dokumentasjon av smoltkvalitet før utsett i sjø (FHF satsingsområde: Fiskevelferd), som igjen ventes å føre til bedre fiskevelferd og redusert dødelighet etter utsett i sjø som følge av at smoltifiseringsgraden er kjent (FHF satsingsområde: tapsreduksjon i sjøfasen).

3 Prosjektmål

HYPERSMOLT har som hovedmål å **identifisere spektralkarakteristikken som er unik for smoltifisert laks, gjennom objektiv måling av optiske overflateegenskaper til fisk i settefiskanlegg.**

For å nå dette målet skal prosjektet:

- Utvikle utstyr og målemetodikk for innsamling av spektralkarakteristikken til laks underveis i vekstfasen på settefiskanlegg.
- Sammenlikne måleresultatene med eksisterende målemetodikk for bestemmelse av smoltifisering.
- Vurdere om en grenseverdi for smoltifisering med bakgrunn i målte spektralkarakteristikker og resultater fra konvensjonell testing på samme fisk kan settes.
- Anbefale løsninger for videre produktutviklingsløp.

4 Prosjektgjennomføring

4.1 Prosjektstruktur, referansegruppe og leveranseoversikt

4.1.1 Prosjektstruktur

Prosjektarbeidet ble delt inn i 5 delaktiviteter (DA):

DA 1: Metodeutvikling og måleoppsett

DA 1.1 - Metodeutvikling

For å nå målene i prosjektet ble det samlet inn hyperspektraldata fra flere fisk underveis i produksjonen i til sammen tre settefiskanlegg. Målemetodikken for repetérbar innsamling av hyperspektraldata ble utarbeidet i samarbeid med anleggene. I metodeutviklingen ble det lagt vekt på at de samme individene som brukes til innsamling av hyperspektraldata også skal testes med den konvensjonelle metodikken anvendt ved de respektive anleggene. Det ble i starten av arbeidet arrangert en workshop med industri og fiskehelsepersonell for å innhente innspill til arbeidet.

DA 1.2 - Måleoppsett

Måleoppsettet ble utarbeidet i samarbeid med personell fra anleggene for samkjøring med prosjektaktivitet DA 2 (måling av spekter) med produksjonssyklusen til anlegget og hvordan målingene kunne gjennomføres i praksis. Nødvendig utstyr ble i denne aktiviteten settes i bestilling.

DA 2: Måling av spekter

DA 2.1 – Datainnsamling

Utstyr for innsamling av data ble denne aktiviteten teste og montert ute på settefiskanleggene. Innsamling av hyperspektraldata ble gjennomført i henhold til metode og plan utarbeidet i DA 1. De samme individene ble testet for smoltifisering med konvensjonell målemetodikk.

DA 3: Databehandling

DA 3.1 – Sortering av data

Store mengder data vil resultere fra DA 2. Datasettene fra alle målingene ble systematisert og sortert så spektralkarakteristikkene for hhv. parr og smolt kunne identifiseres.

DA 4: Dataanalyse og faglig rapportering

DA 4.1 - Dataanalyse

Sammenhengen mellom de målte spektralkarakteristikkene og smoltifiseringsgradene målt med konvensjonell metodikk ble klarlagt. I tillegg ble bølgelengdene som angir smoltifisering identifisert til potensiell videreføring i fremtidig optimalisert teknologi.

DA 4.2 – Faglig rapportering

Det ble skrevet en sluttrapport som oppsummerer resultatene og fremstiller med anbefalinger for videre produktutviklingsløp.

DA 5: Administrasjon og formidling

DA 5.1 Administrasjon

Delaktiviteten håndterte generell prosjektadministrasjon og administrativ rapportering.

DA 5.2 Formidling

Delaktiviteten håndterte vitenskapelig og populærvitenskapelig formidling i prosjektet.

4.1.2 Referansegruppe

Prosjektarbeidet ble gjennomført i samråd med en referansegruppe bestående av følgende personer fra industrien:

Tabell 1: Deltakere i prosjektets referansegruppe.

Navn	Selskap
Stian Aspaas	Mowi (tidl. Marine Harvest) AS / Norwegian Fish Farms AS
Ragnar Sæternes	SinkabergHansen AS
Harald Takle	Cermaq AS
Erik Daaland	Lerøy Midt AS
Morten Lund	Åsen settefisk AS

Kontaktperson i FHF har vært fagsjef for fiskehelse, Sven Martin Jørgensen.

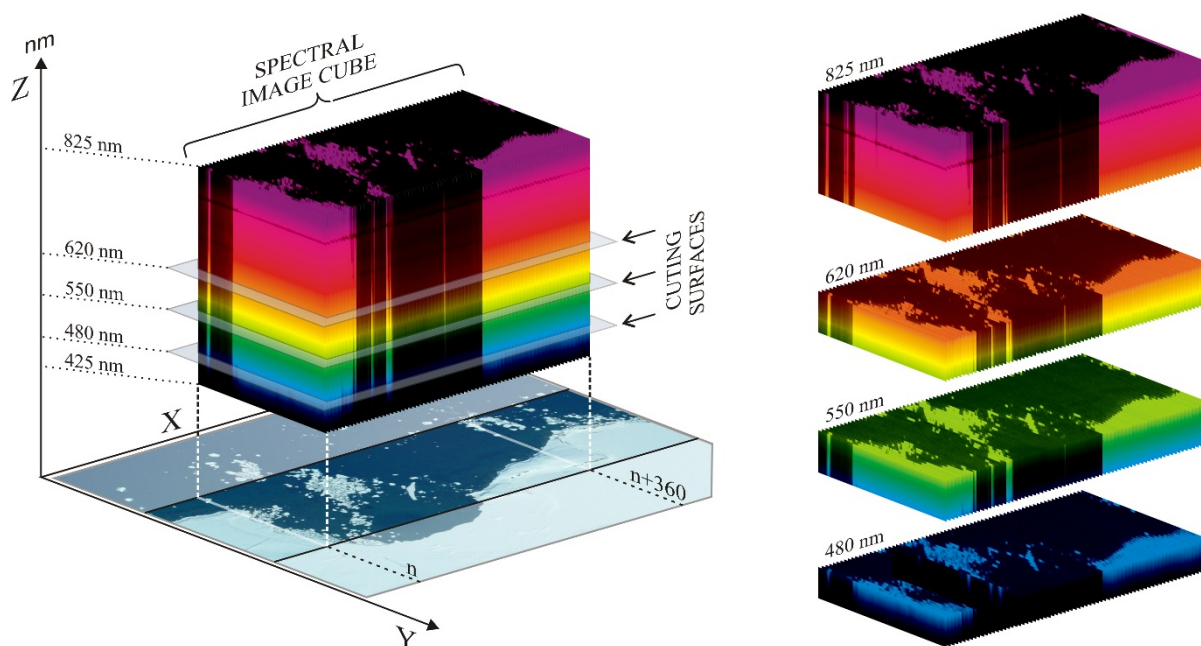
4.1.3 Leveranser

Følgende leveranser har blitt fullført som del av prosjektet:

15.09.2017	Oppstartsmøte med referansegruppen
31.12.2017	Statusrapport til FHF
31.12.2017	Referat fra prosjekt- og referansegruppemøte
19.01.2018	Populærvitenskapelig artikkel - Kyst.no
13.02.2018	Presentasjon TEKSET
28.02.2018	Rapport - Dokumentasjon av målemetodikk
28.02.2018	Populærvitenskapelig artikkel - Norsk Fiskerinæring
05.06.2018	Referat fra prosjekt- og referansegruppemøte
30.06.2018	Statusrapport til FHF
30.06.2018	Referat fra prosjekt- og referansegruppemøte
04.10.2018	Presentasjon driftsledersamling Lerøy
03.12.2018	Referat fra prosjekt- og referansegruppemøte
31.12.2018	Statusrapport til FHF
16.01.2020	Prosjektomtale - Intrafish
30.04.2020	Vitenskapelig artikkel
30.04.2020	Faglig sluttrapport
30.04.2020	Administrativ sluttrapport

4.2 Måleprinsipp / valg av basisteknologi

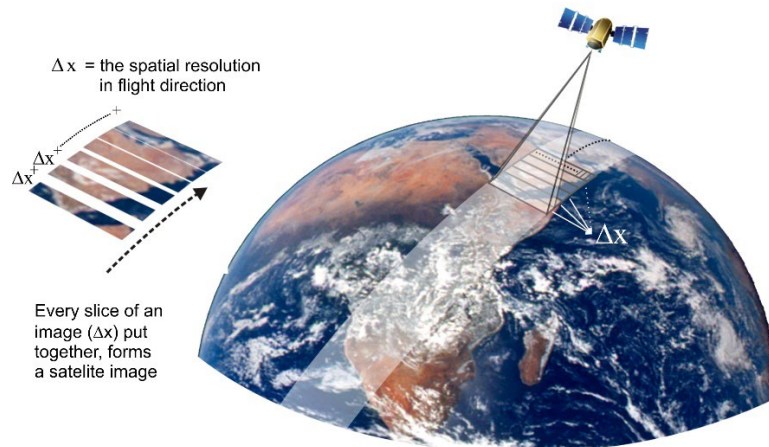
Hyperspektrale avbildere (HA) er optiske sensorer som måler lys i et bestemt område i det elektromagnetiske spekteret, typisk avgrenset til bølgelengder mellom 350 og 850 nm. I motsetning til det menneskelige øye som kun kan se tre farger, er hyperspektrale avbildere i stand til å registrere mange bølgelengder innenfor sitt måleområde. Et bilde kan dermed dannes for hver bølgelengde avbilderen har målt, og man får en hyperspektralkube (Figur 1).



Figur 1: Eksempel på hyperspektralkube. Illustrasjon: Dr. Zsolt Volent, SINTEF Ocean.

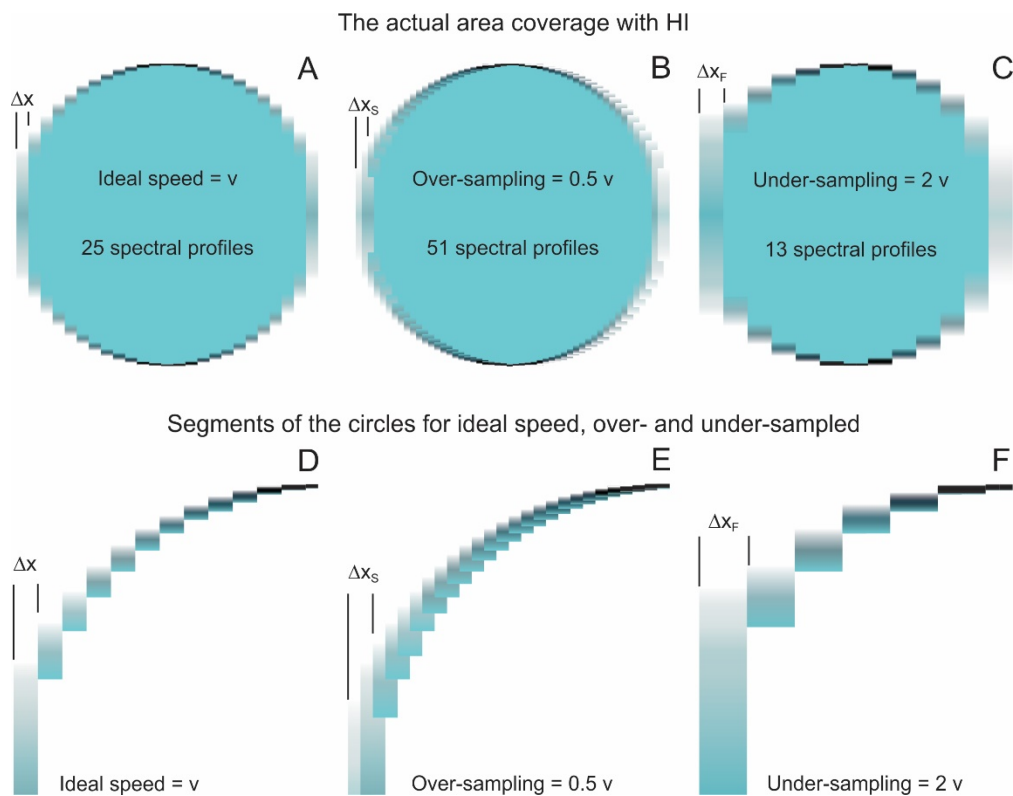
Basert på disse dataene, kan man så hente ut refleksjonsegenskapene som funksjon av bølgelengde (spektralkarakteristikk) for det som er avbildet. Bruk av HA til måling av spektralkarakteristikk er en velkjent og utbredt metode for kvantifisering av materialers sammensetning og egenskaper (Pinter et al., 2003, Yee et al., 2017, Volent et al., 2007).

HA kameraene her er basert på "Push Broom" prinsippet. Kameraet tar et bilde av objektet gjennom en spalte orientert på tvers av fartsretningen (Δx). Lyset som går gjennom spalten brytes, og den resulterende spektrale informasjonen lagres hver gang det tas et bilde gjennom spalten. Når spalten flyttes langs objektet, "stables" hvert bilde langs kameraets fartsretning (Figur 2).



Figur 2: Illustrasjon av Push Broom prinsippet.

Kameraet eller objektet som skal fotografieres må flyttes i en jevn fart tilpasset spaltebredden så det ikke oppstår åpenrom (undersampling) eller overlapp (oversampling) mellom hvert bilde som skal settes sammen. Dette oppnås gjennom tilpassing av avstand til objektet, spaltebredde og billedrate (Figur 3).



Figur 3: Illustrasjon av under og oversampling. A – ideell fart, B – oversampling (overlapp mellom bildene), C – undersampling (dårligere romlig oppløsning i fartsretningen).

4.3 Måleoppsett og metodeutvikling

4.3.1 Etske betraktninger

Hensikten med forsøkene var å undersøke om spektralkarakteristikken for laks som har gjennomgått smoltifisering er tilstrekkelig forskjellig fra tilsvarende data for parr som ikke er tilpasset sjøvann til at en kan skille de to fra hverandre. Dette krevde at spektralkarakteristikken ble samlet inn for et antall individfisk underveis i smoltifiseringsprosessen. På den måten har et datasett som på sikt vil kunne brukes til å utvikle en generalisert sammenheng mellom disse parameterne blitt frembragt.

Forsøket har hatt fokus på 3R (Reduction, Replacement and Refinement) (Norecopa.no), og for å unngå å bruke flere fisk enn nødvendig har målingene blitt utført sammenfallende med anleggenes egne tester for smoltifisering. Det har i enkelte tilfeller hvor anleggets prøveintervall har vært stort vært nødvendig å måle på et begrenset antall fisk oftere enn anleggets egne testintervall, men innenfor den innvilgede forsøksdyrtillatelsen. Behovet for dette har imidlertid vært begrenset.

For å redusere belastning på fisken har all fisk blitt bedøvd og håndtert med knuteløs håv med assistanse fra kvalifisert personell ved anleggene. All fisk benyttet til konvensjonell datafangst har vært under full anestesi fra den ble tatt opp av vann til den ble avlivet umiddelbart etter datafangst. Primær avlivingsmetode har vært utsettelse for overdose av et valgt bedøvelsesmiddel (Benzocaine eller Tricaine) med en dosering og varighet som til slutt vil føre til hjertestans og respirasjonssvikt. Avliving av fisk ble utført gjennom overdose på bedøvelse etterfulgt av et kraftig slag mot hodet.

Alt arbeid har vært godkjent av Mattilsynet (FOTS ID 18/27599).

4.3.2 Måleoppsett

Utstyr fra to leverandører av hyperspektrale avbildere (HA) som er anvendelige for prosjektet har blitt vurdert. Avbilderne er små nok til å kunne transporteres og monteres slik at det skal være lett å håndtere for den som utfører datafangsten. SPECIM Spectral Imaging Ltd. i Finland, produserer HA for bruk i bølgelengdeområdet synlig lys til langbølget infrarødt (380 – 1240 nm). SPECIM har lang erfaring fra bransjen og produserer HA til bruk fra fly, for geologiske undersøkelser, til industrielle anvendelser og til forskning. SURFACE OPTICS, i USA produserer HA for både synlig lys og infrarødt lys opp til 5000 nm bølgelengde, samt reflekto- og emmisometre. Kameratypene vurdert fra de to produsentene er:

Specim:	FX10, sCMOS-V8E/V10E og PFD-65-V8E/V10E
SURFACE OPTICS:	SOC710-VP og 701-E

Egenskaper av spesiell interesse er romlig oppløsning, spektral båndbredde, spektral oppløsning (>4nm), spaltebredde, vekt og dimensjoner. Romlig oppløsning forteller noe om hvor god oppløsning man har på tvers av bevegelsesretningen (spaltebredde og fart gir den romlige oppløsningen i fartsretningen). Spektral båndbredde definerer hvilket spenn kameraet har i fargespekteret. Spektral oppløsning angir hvor godt kameraet kan skille mellom forskjellige farger, spaltebredden angir bredden til spalten og bestemmer hvor mye lys som slipper inn i kameraet og den romlige oppløsningen i fartsretningen sammen med farten til kameraet eller objektet. En sammenlikning av spesifikasjonene for de ulike avbilderne er gitt i Tabell 2.

Tabell 2: Sammenligning av spesifikasjoner for kameraene Specim: FX10, sCMOS-V8E/V10E og PFD-65-V8E/V10E, og SURFACE OPTICS: SOC710-VP 701-E

	Kamera 1	Kamera 2		Kamera 3			Kamera 4	
	FX10	sCMOS-V8E	sCMOS-V10E	PFD-65-V8E	PFD-65- V10E	PFD4K-65- V10E	SOC710-VP	SOC710-E
Spektral båndbredde	400 – 1000 nm	380 – 800 nm	400 – 1000 nm	380 – 800 nm	400 – 1000 nm		400 – 1000 nm	
Spektral oppløsning	5,5 nm	2,3 nm	2,9 nm	2,0 nm	3,0 nm		4,69/4,09**	2,31
Spektral sampling		0,44 – 3,5 nm*	0,63 – 5,07 nm*	0,59 – 4,75 nm*	0,78 – 6,27 nm*			
F/# (spektralenheten)	F/1,7	F/2,4		F/2,4			F/2,8	F/2,4
Spaltebredde		30 µm (18, 50, 80 og 150 valgfritt)		30 µm (50 og 80 valgfritt)			40 µm	18 µm
Sensor		sCMOS		CMOS			Sony (CCD)	PixeLink ICX285 (CCD)
Romlig (brikke)	1024 piksler	2184 piksler		1312	1775		1040/520*	1392/692*
Spektralt (brikke)		946 piksler		768 piksler				1040 piksler
Billedhastighet (max)	330 FPS	100 FPS		150 FPS	100 FPS		100/30 bilder/linjer*	30 FPS
Kamera SNR	600:1	170:1* - 680:1 (8x2 binning)		Ikke oppgitt				
Interface	CameraLink/GigE	CameraLink		CameraLink				FireWire/GigE/USB2
Vekt	1,26 kg	2,0 kg		2,7 kg			2,95 kg	3,85 kg
Ca. pris.	11 500 EUR ~ 113 500 NOK	43 920 EUR ~ 433 473 NOK		~ 18 000 EUR ~ 178 000 NOK			36 375 USD ~ 303 055 NOK	50 125 USD ~ 417 611 NOK
LabScanner (Specim)		7020 EUR ~ 70 000 NOK					Trengs ikke	Trengs ikke
Programvare ENVI med IDL og EPI		8040 £ ~ 90 145 NOK					Følger med (SRAnalysis)	Følger med (SRAnalysis)
Ca. totalsum	~ 273 700 NOK	~ 593 700 NOK		~ 338 200 NOK			303 055 NOK	417 611 NOK

*) Justerbart med "binning" (kombinere/summere flere piksler)

**) Nominell/ved opptak

Følgende vurdering er satt opp i rekkefølgen med viktigste egenskap først, mindre og mindre viktig i etterfølgende linjer. Spesifikasjoner som er tilnærmet like for alle HA kameraene og ikke har betydning for sluttresultatet, er ikke tatt med i vurderingen.

Spektral oppløsning – FX10 og SOC710-VP faller litt utenfor kravet om bedre spektral oppløsning enn < 4 nm. Oppløsningen bør være så god som det er mulig for at viktige spisse spektraltopper ikke skal bli utelatt.

Spalteåpning og

F/# (spektralenheten) – Spalteåpningen bestemmer hvor mye lys som slipper igjennom til monokromatoren (normalt prisme + gitter). Liten spaltebredde gir lite lys inn og et lyssvakt kamera, men høy spektral oppløsning. Stor spaltebredde gir mer lys inn og et lyssterkt kamera, men på bekostning av spektral oppløsning. Spektrografens og frontlinsens F/ verdi gir til sammen HA kameraets lysfølsomhet. Spalteåpningen til FX10 er ikke oppgitt, men antas å være på $50 \mu\text{m}$ og med en F/# 1,7 (lysfølsomhet for spektralenheten), er dette det lyssterkeste kameraet blant de utvalgte. For de andre HA kameraene er sCMOS/PFD V8E og V10E på F/# 2,4 og $30 \mu\text{m}$ spalte litt bedre enn SOC710-E på F/# 2,4 og $18 \mu\text{m}$ spalte.

Sensor

CCD-brikkene er en relativt gammel teknologi, men fortsatt i full bruk. CCD-brikkene har en spektral respons som er god i det synlige området ($400 - 700 \text{ nm}$), i tillegg til at responsen i NIR (nær infrarød) er meget god med en lav mørkestrøm. Bakdelen med en CCD brikke er at den er utsatt for såkalt "blooming". Dette er en effekt der sterkt lys kan forårsake at en piksel (flere piksler) går i metning og drar med seg nabopikslene til ett større område en nødvendig, samtidig med at det tar tid å resette pikslene til en normal tilstand. Dette kan ødelegge sluttresultatet for en spektralkube.

En CMOS eller sCMOS er av nyere dato og har ikke de samme "blooming"-problemene. Kamera med disse typene brikker er derfor også utstyrt med flere muligheter for kommunikasjon.

Specim HA kameraer er utstyrt med sCMOS eller CMOS kameraer med høy ytelse både spektralt, romlig og med hensyn til opptakshastighet. Kommunikasjonslink er CameraLink, som har høy ytelse, og er utviklet for høyhastighets videooverføring. Programvaren ENVI bestilles separat.

Surface Optics har CCD kamera med FireWire, GigE og USB2 kommunikasjon. FireWire er en standard som har blitt forlatt for noen år siden og USB2 er blitt erstattet av USB3. Dette betyr at Surface Optics benytter kamera av eldre årgang.

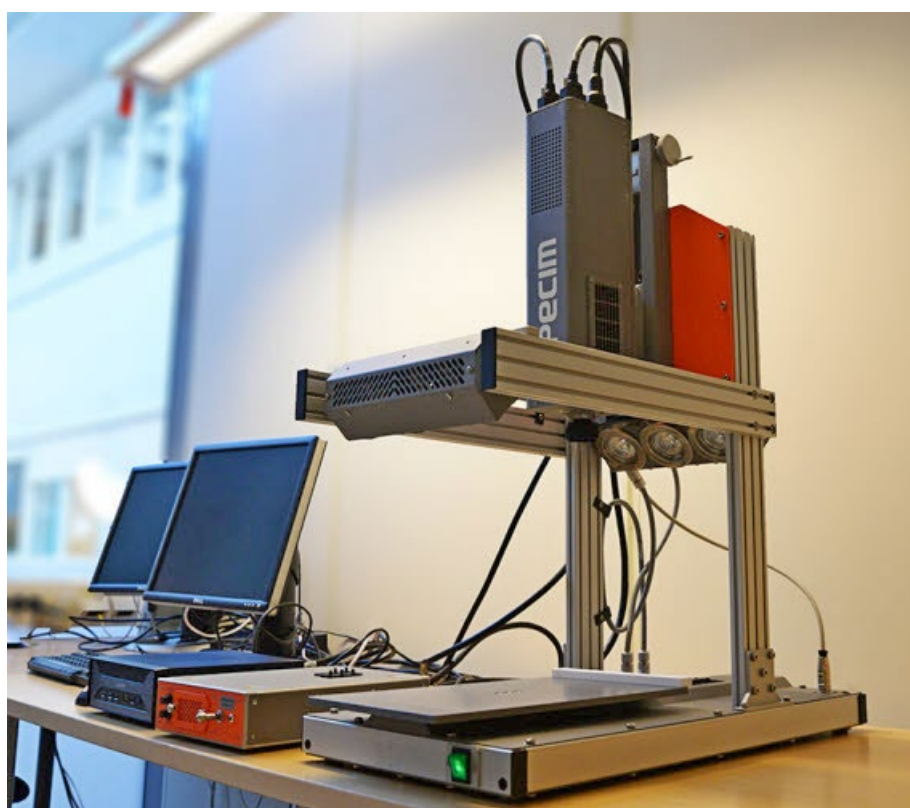
Det er 3 kameraalternativer som peker seg ut, Specim sCMOS-V8E, V10E og Surface Optics SOC710-E. Fordelen med SOC710-E er at teknologien bak kameraet gjør at man slipper å bevege kameraet eller objektet for å kunne ta et spektralbilde. For Specim må man beregne hastigheten enten for kamerabevegelsen eller objektet ut ifra spaltebredde, avstand til objektet, fokallengde på frontobjektivet og bilder/s (opptakshastighet). Bakdelen med SOC710-E er at den baserer seg på gammel CCD kamera teknologi.

En totalvurdering av alle kameraene peker mot at Specim sin løsning bestående av sCMOS-V10E vil være det beste valget i HYPERSMOLT, fordi dette kameraet gir den beste ytelsen sett i forhold til lysstyrke og spektral oppløsning. Man får bedre kontroll på romlig oppløsning i fartsretningen og dermed kontroll på over- eller undersampling. sCMOS-V10E kan benytte seg av spektral "binning" for å oppnå høyere

lysfølsomhet både i spektral planet (fartsretningen av HA) og i romlig oppløsning (på tvers av fartsretningen). Dette HA kameraet med tilhørende programvare og bord til forflytning av motiv ble derfor anvendt i HYPERSMOLT.

4.3.3 Lyskilde

Den hyperspektrale avbilderen ble levert med leverandørens standard lysarmatur som benytter halogenpærer. Denne løsningen viste seg under testing å utvikle mye varme samtidig som lyskildens spektralkarakteristikk ikke var konstant for bølgelengder fra 700 nm og oppover. Etersom dette kunne få konsekvenser for gyldigheten av lyskildekalibrering under datafangst, ble den opprinnelige lyskilden erstattet med en egnet LED løsning. Det ble i tillegg montert polariseringsfilter foran objektiv og lyskilde (krysset) for å redusere effekten av refleksjon fra fiskens overflate under datafangst.



Figur 4: Hyperspektral avbilder med lyskilde og scannebord anvendt i prosjektet.

4.3.4 Datafangstmetode

Metoden utarbeidet i prosjektet er ment å skulle sikre at fisken håndteres så likt som mulig for hver gang data samles inn, og på tvers av anlegg. For hvert anlegg har all fisk som har blitt målt blitt hentet fra samme innlegg og fra samme kar. Prosjektet har imidlertid måttet forholde seg til de normale operasjonene utført ved anlegget som vaksinerings og sortering. Biomassen i karene har derfor blitt helt eller delvis skiftet ut i karet som konsekvens. Prosjektet legger vekt på at resultatene med metoden må kunne håndtere en variasjon i datamaterialet som er representativ for fisken i industriell produksjon. Derfor anses ikke dette som en utfordring for arbeidet.

Under datafangst ble 10 tilfeldige fisk innfanget ved bruk av håv med knuteløst notlin. Det ble tilstrebet at fisken ikke ble hentet fra karetets sentrum eller yttervegg. Fisken ble umiddelbart overført til en bøtte med vann fra samme produksjonskar og transportert til rommet hvor avbilderen og biologisk prøvetaking skulle finne sted. Før måling ble fisken overført til et bedøvelsesbad tilsatt Benzocain Vet eller Tricain forsynt av de

respektive anleggene. Fiskens oppholdstid i bedøvelsesbadet varte til en ut fra visuelle trekk bedømte fisken til å være bevisstløs (tap av likevekt, ingen svømmeaktivitet/finnebevegelser, opphør av gjellebevegelser). Fisken ble deretter skånsomt plassert på bordet under hyperspektralkameraet for avbildning. Fisken ble avlivet ihht godkjent metode, og blod / gjelleprøver ble tatt avhengig av testregimet ved det aktuelle anlegget.

4.4 Datafangst

Til sammen tre datasett har blitt samlet inn i prosjektet. Opprinnelig var innsamling av kun to datasett planlagt – et fra et utvalgt gjennomstrømningsanlegg og et fra et utvalgt RAS anlegg. Etter innsamling av de to opprinnelig tenkte datasettene så man imidlertid behov for å samle inn ytterligere et datasett for å styrke/avkrefte foreløpige funn.

4.4.1 Gjennomstrømningsanlegg – Slørdal (Marine Harvest)

Den første dataserien ble samlet inn ved Mowi sitt gjennomstrømningsanlegg i Slørdal i Snillfjord kommune i perioden april – juni 2018.



Figur 5: Slørdal (gjennomstrømming)

Fisken var av type Aquagen og underlagt lysstyring for smoltifisering. Fisken fikk normalt fôr i hele perioden, men ble vaksinert og sortert i perioden 24.06.18 – 03.07.18. Gjennomsnittlig temperatur og oksygenmetning var i perioden 13,5 °C og 90%.

4.4.2 Resirkuleringsanlegg – Belsvik (Lerøy Midt)

Den andre dataserien ble samlet inn ved Lerøy Midt sitt resirkuleringsanlegg i Belsvik i Hemne kommune i perioden februar – mars 2019. Fisken fikk normalt fôr i hele perioden, men ble vaksinert i perioden 30.01.2019 og 31.01.2019.



Figur 6: Belsvik (resirkulering)



Fisken var av type Aquagen og underlagt lysstyring for smoltifisering. Fisken fikk normalt fôr i hele perioden. Gjennomsnittlig temperatur og oksygenmetning var i perioden 14 °C og 90%.

4.4.3 Gjennomstrømningsanlegg – Åsen (Måsøval)

Den tredje dataserien ble samlet inn ved Måsøval sitt gjennomstrømningsanlegg i Levanger kommune i perioden september – oktober 2019.



Figur 7: Åsen (gjennomstrømming)



Fisken i Åsen settefiskanlegg var av type Aquagen. Fisken ble ikke lysstyrt, men fikk smoltfôr fra og med uke 40, 2019. Gjennomsnittlig temperatur og oksygenmetning var i perioden 9,5 °C og 92%.

5 Databehandling, -prosessering og -analyse

5.1 Databehandling (Sortering av datasett)

Data som resulterer fra målingene, kommer ferdig tidsstemplet direkte fra avbildereren. Hver fisk ble i tillegg fysisk merket med et løpenummer etter avlaving, og løpenummeret knyttet til filnummer, mål og vekt.

For fisk det ble tatt fysiske prøver til evaluering av smoltifisering ble prøven lagt i et nummerert eppendorfrør og slik knyttet til individ.

5.2 Vurdering av smoltifiseringsstatus

For anleggene Slørdal og Åsen, ble anleggenes egne blodprøver tatt fra kloridtesting benyttet som fasit. Gjennomsnittsverdien for klorid for ferskvannsekspontert fisk ble beregnet. Differansen i kloridverdi for gjennomsnitt av ferskvannsekspontert fisk og hver enkelt saltvannsekspontert fisk ble så benyttet som indikator for hvorvidt fisken anses som smoltifisert eller ikke. Grenseverdi for denne differansen ble i samråd med anleggene satt til 20 mmol/L. Fisk med differanse under 20 mmol/l anses som smolt. All fisk som ble målt fram til 1 uke innen anleggenes egne tester tiltok klassifiseres som parr. Fisk målt uken før anleggenes egne tester anses å ha usikker smoltstatus.

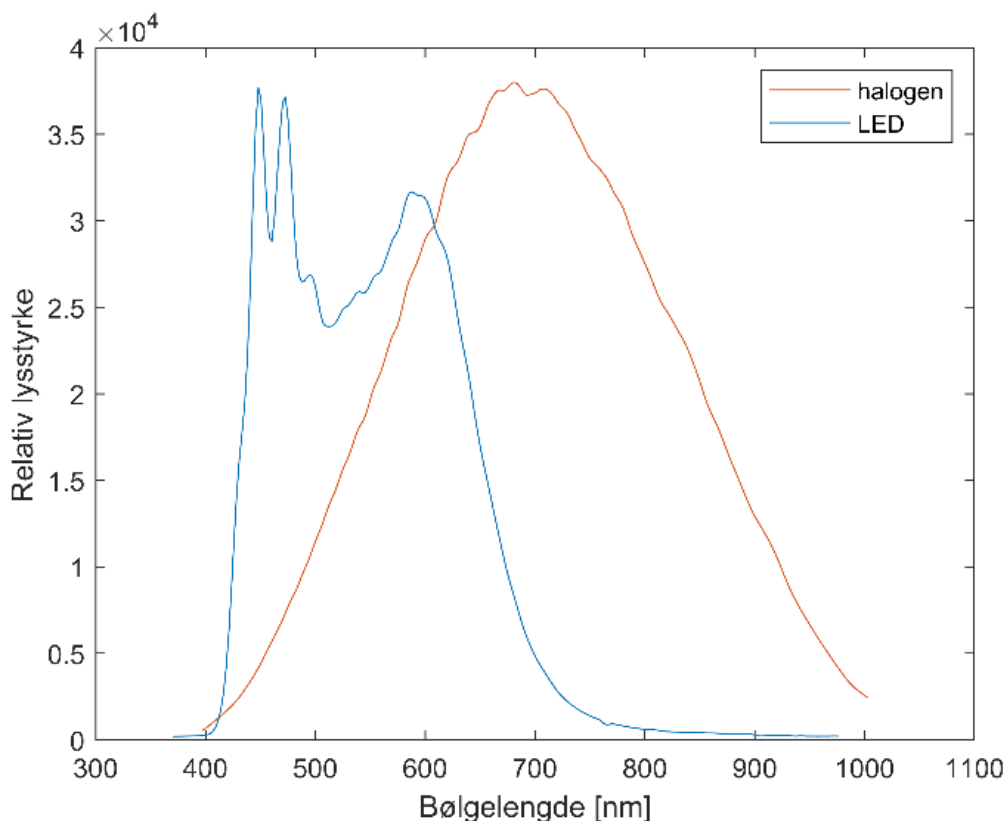
For anlegget i Åsen ble det tatt gjelleprøver for kvantifisering av antall kloridceller. Analysen av prøvene ga imidlertid upålitelige resultater av ukjent årsak. Baseline (fasit) for datasettet fra Åsen baserer seg derfor på anleggets egne analyser utført med SmoltVision fra Pharmaq Analytic. All fisk som ble målt fram til 1 uke innen anleggets egne tester tiltok er klassifisert som parr. Fisk målt uken før anleggets egne tester anses å ha usikker smoltstatus. Tabeller for status er gjengitt i Vedlegg A.

5.3 Dataprosessering

Prosessering av datasettene har blitt gjort i form av en forbehandling bestående av kalibrering og kompensering for instrumentets iboende unøyaktighet, instrumenteringens lyskilde, maskering av bakgrunn og beregning av hver fisk sin gjennomsnittlige refleksjonsegenskaper. Resultatet fra denne preprosesseringen går så videre til dataanalyse.

5.3.1 Kalibrering og kompensasjon for lyskilde

Det hyperspektrale kameraet måler lysintensitet (lysstyrke) i flere nærliggende spektrale bånd (bølgelengder, λ) i hver bildepiksel. Objektene som er avbildet i prosjektet (fisker) kaster ikke ut lys selv, og måtte derfor belyses ved bruk av en kunstig lyskilde. Lys (elektromagnetisk stråling) fra den anvendte lyskilden består av mange bølgelengder, og de forskjellige bølgelengdene har ulik lysstyrke referert til som et spektrum. Figuren nedenfor viser spektra fra de to forskjellige lyskildene som ble brukt i prosjektet.



Figur 8: Spektra fra anvendte lyskilder.

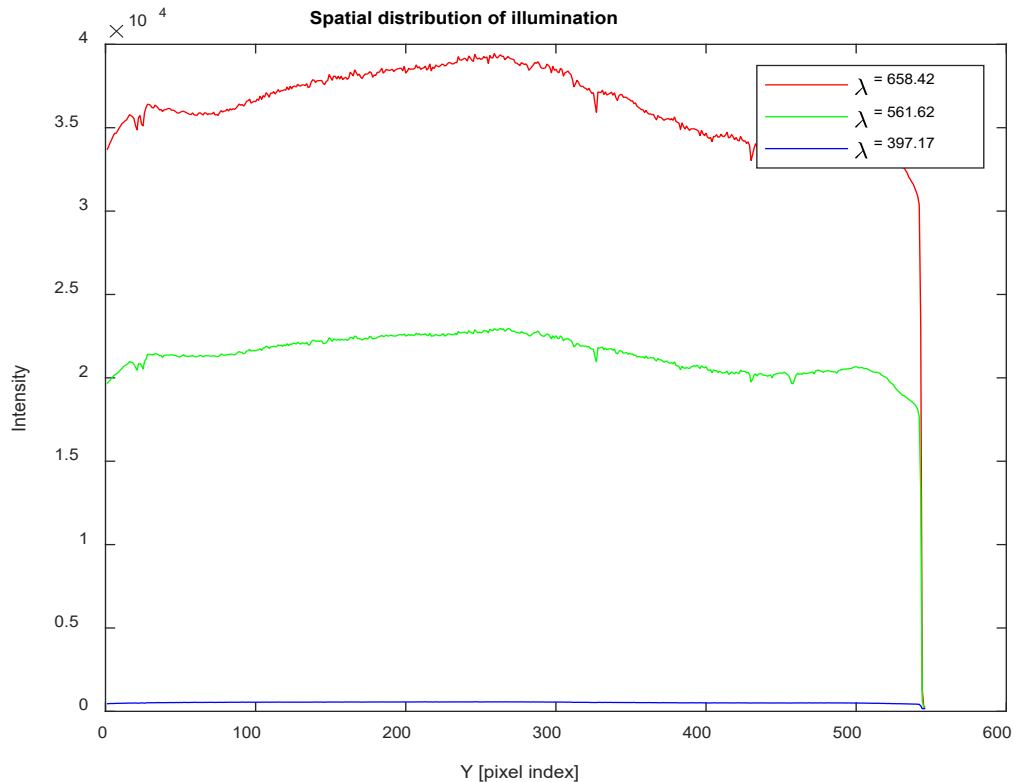
Måleutstyret ble levert med en lyskilde med halogenpærer. Denne lyskilden utviklet imidlertid så mye varme at det oppsto bekymring for at dette kunne påvirke måleresultatene. Det ble derfor besluttet å erstatte halogenkilden med LED (blå kurve). Endring av lyskilden påvirker ikke måleresultatene ettersom hvert eneste datasett kalibreres ved hjelp av en standard med kjente refleksjonsegenskaper. Dette gjøres ved at rådataene fra avbilderen normaliseres i forhold til spektrumet av innkommet lys. Dette kalles kalibrering, dvs. konvertering av hyperspektral rådata til reflektans, og medfører også at datasettene for forskjellige fisk kan sammenliknes. Reflektansfaktor for hver enkelt piksel vanligvis beregnes som (se f.eks. Akbari og Kosugi, 2009):

$$R(\lambda) = \frac{I_{r\grave{a}}(\lambda) - I_{s\text{vart}}(\lambda)}{I_{h\text{vit}}(\lambda) - I_{s\text{vart}}(\lambda)},$$

Hvor:

- R er pikselreflektans, og λ er bølgelengde,
- $I_{r\grave{a}}$ er målt lysintensitet (rådata),
- $I_{s\text{vart}}$ er referanseverdi av lysintensitet fra en svarteplate i samme pikselposisjon,
- $I_{h\text{vit}}$ er referanseverdi av lysintensitet fra en hviteplate i samme pikselposisjon.

Lysspektra, $I_{h\text{vit}}(\lambda)$, fra ulike pikselposisjoner kan variere, som vist i Figur 8.



Figur 9: Lysspektra fra ulike pixelposisjoner.

Derfor er det viktig at $I_{r\ddot{a}}$, I_{svart} og I_{hvit} i reflektans-formelen over tilsvarer samme romlig posisjon i forhold til lyskilden, som må være fast og generere konstant lys. Dette er sikret av selve avbilderen som genererer bilder i samme pikselstørrelse (oppløsning), og oppsettet med riggen og lyskildekonstruksjonen som sørger for at belysningen ikke forandres når avbildning foregår, dvs. at lyskilden ikke beveger seg relativt til avbilderen under datafangst. Dog er det ingenting som sørger for at eksternt omgivende lys ikke kan påvirke bildene. Dette har blitt unngått ved at datafangst har foregått i rom uten vindu der det har vært tilgjengelig, og ved å dekke til vindu der dette har vært eneste alternativ. Kalibrerte bilder i form av reflektans har samme oppløsning (pikseltall) som de opprinnelige rådataene, men for å lagre dem i samme format (ENVI-format) må reflektans, som har desimalbrøk, konverteres til heltall (som rådata). For å unngå presisjonstap multipliseres reflektansen med 10000 før den konverteres til heltall og lagres for videre analyser.

5.3.2 Bildemaskering

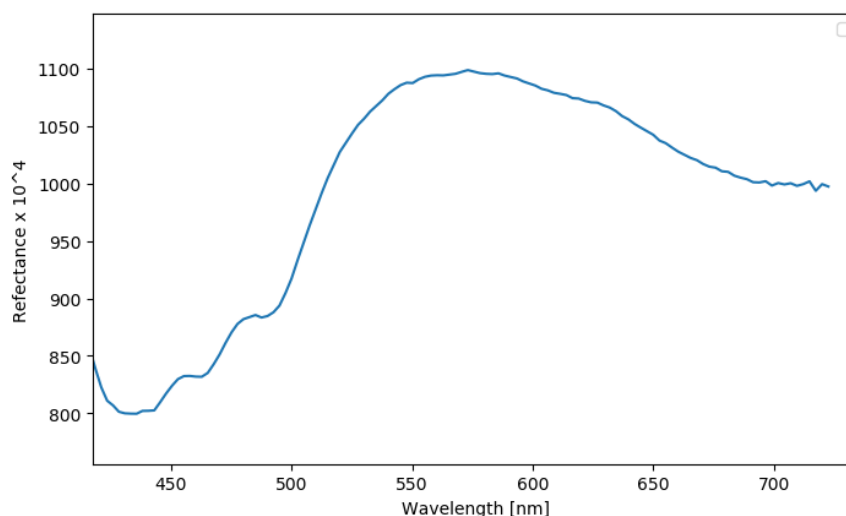
Et typisk bilde (datasett) inneholder piksler som tilsvarer enten "fisk" eller "bakgrunn", hvor sistnevnte må fjernes fra datasettene så det kun er fisken som behandles videre. For å skille mellom disse ble det benyttet en numerisk metode basert på såkalt "Random Forest Classifier" (Breiman, 2001) som er en maskinlæringsalgoritme for klassifisering av data. Bruk av denne metoden gjør at bakgrunn i alle bildene maskeres ut automatisk. Maskering betyr at piksler som dekker bildets bakgrunn forkastes, og kun piksler som sammen dekker hele fisken klippes ut og kan benyttes videre. Figur 10 viser en maske (svarte piksler, til høyre) generert for et bilde (i RGB farger, til venstre) som skal maskeres.



Figur 10: Generering av maske til bakgrunnsfjerning.

5.3.3 Fiskens spektralkarakteristikk

Etter kalibrering og maskering består hvert enkelt datasett av fargespektra (reflektansspektra) fra tusenvis av piksler som karakteriserer spektrale egenskaper av forskjellige regioner på hele fisken. Fisken har mange uregelmessige mønstre med ulike spektralkarakteristikker (farger), derfor kan fargespektra fra de forskjellige pikslene variere i stor grad. For å muliggjøre en objektiv analyse i samsvar med prosjektets hovedmål er det viktig å utjevne denne variasjonen og å konstruere et fargespektrum som skal karakterisere hele fisken som enhet. Dette kan oppnås ved å ta summen av alle spektraene i datasettet og dele resultatet på antall piksler: "det gjennomsnittlige fargespektrumet". Bildet nedenfor viser eksempel på et gjennomsnittlig fargespektrum som karakteriserer hele fiskeoverflate som enhet. Dette refereres til som "spektralkarakteristikken" til en fisk.



Figur 11: Eksempel på gjennomsnittlig reflektans (spektralkarakteristikk) fra en fisk

Etter beregning av spektralkarakteristikken for hver fisk, går de preprosesserte datasettene videre til dataanalyse. For videre dataprosessering definerte vi et frekvensområde (400nm -700nm) der målingene fremstår med robuste signal/støy-forhold. Spektralkurvene (mao reflektansintensitet over bølgelengde) i dette området ble normalisert i forhold til overflaten som er under kurven, for å gjøre målingene sammenlignbare.

5.4 Dataanalyse

Dataanalysen omfatter å omsette data til informasjon. I dette tilfellet innebærer dette å avgjøre hvorvidt et preprosessert datasett har en spektralkarakteristikk som representerer en parr eller en smolt. Dataanalysen omfatter å omsette data til informasjon. For å nå målet om å identifisere passende bølgelengder i (preprosessert) hyperspektraldataen som best kan brukes for å skille mellom parr og smolt fulgte vi to ideer.

I den første tilnærmingen søkte vi etter et lavt antall bølgelengder i hele spektrene som resulterte i de beste klassifiseringsytelsene for de respektive lokasjonene. I denne tilnærmingen tolkes bølgelengdene fra en enkelt fisk som et punkt i 3 dimensjoner som så sammenliknes med den kjente tilstanden (parr eller smolt). Dette merkede punkt-datasettet blir deretter brukt til å trene en maskinlæringsalgoritme. Vi valgte å bruke en algoritme som er matematisk velkjent og trente en klassifiseringsmaskin/algoritme kjent som support vector machine [SVM] (Cortes and Vapnik, 1995). Ytelsen ble evaluert ved å utelate et datapunkt fra treningsprosessen, trene algoritmen, og deretter validere resultatet med det utelatte datapunktet for å sjekke om algoritmen klassifiserte laksen korrekt. Ved å gjøre dette for alle datapunkt (=laks) fikk vi en indikasjon på den forventede ytelsen til tilnærmingen. Det viste seg at de bølgelengdene som egnet seg best til klassifisering var forskjellig for hver lokasjon.

Den andre tilnærmingen var basert på en alternativ metode for å redusere datadimensjonene (antall bølgelengder). Vi vil bare kort beskrive ideen her, for det viste seg at tilnærmingen krever mer data (og/eller annerledes preprosessering) for å bli robust nok til å gjøre en detaljert og pålitelig analyse. Ideen er basert på et velkjent matematisk prinsipp kalt principle component analysis (PCA) (Fukunaga, 1990) som kan brukes til å redusere antallet dimensjoner i store datasett til noen få dimensjoner (vi tok sikte på to eller tre dimensjoner (n) ved å bestemme hovedaksene der en samling datapunkt i mange dimensjoner (bølgelengder) viser størst variasjon (med andre ord egenvektorene til kovariansmatrisen som korresponderer med de n-største egenverdiene). Ved å vurdere og projisere datapunktene på de 2 eller 3 viktigste hovedaksene reduseres datasettene til n-dimensjoner. I vårt tilfelle har rådataene 952 eller 238 dimensjoner for hver fisk. Denne tilnærmingen kan potensielt avdekke frekvensene som er mest relevante å måle for å kunne skille mellom parr og smolt. Utfordringen med tilnærmingen er at en måling per laks gir for få datapunkt i forhold til antall dimensjoner i originaldataen, noe som resulterer i numeriske problem (for å oppnå fornuftig robusthet ved bruk av PCA kreves det 10 eller flere målinger pr dimensjon). De reduserte datasettene, sammen med kjent klassifisering av parr og smolt, kan deretter brukes til å trene en SVM på samme måte som beskrevet i avsnittet over.

På grunn av denne utfordringen ble dataene analysert som beskrevet i den første tilnærmingen. Vi søkte da etter den beste klassifiseringsnøyaktigheten over tre bølgelengder (μ_1 , μ_2 , μ_3) i området 400nm til 700nm med søkedelta $\Delta \sim 10$ nm (intervall). De resulterende datapunktene bestod da av et "3D-punkt" bestemt av de tre bølgelengdene $R(\mu_1)$, $R(\mu_2)$ og $R(\mu_3)$ hvor $R(\mu)$ representerer reflektansmålingene for bølgelengde μ .

Evalueringkriteriene nøyaktighet, sensitivitet og spesifisitet ble så beskrevet basert på utfallene av klassifiseringstilnærmingen, nærmere bestemt verdiene for sann positiv (SP), sann negativ (SN), falsk negativ (FN) og falsk positiv (FP). For eksempel, hvis et datapunkt er kjent positiv (i vårt tilfelle er +1=smolt), og det blir klassifisert som positivt (smolt) av algoritmen (og den kjente klassifiseringen er utelatt fra treningsprosessen) så er denne klassifiseringen sann positiv (SP). Hvis algoritmen klassifiserer det samme datapunktet som negativ (-1=parr) så er klassifiseringen falsk negativ (FN). For sann negativ eller falsk positiv er den kjente klassifiseringen negativ (parr) og algoritmen klassifiserer datapunktet som negativ (parr) eller positiv (smolt), respektivt. Nøyaktigheten, sensitiviteten og spesifisiteten kalkuleres som følgende:

Nøyaktighet = $(SN+SP) / (SN+SP+FN+FP)$ = (Antall korrekte klassifiseringer) / (Totalt antall klassifiseringer)

Sensitivitet = $SP / (SP + FN)$ = (Antall sann positiv) / (Totalt antall smolt, kjent fra manuelle/kjemiske analyser)

Spesifisitet = $SN / (SN+FP)$ = (Antall sann negativ) / (Totalt antall parr, kjent fra manuelle/kjemiske analyser)

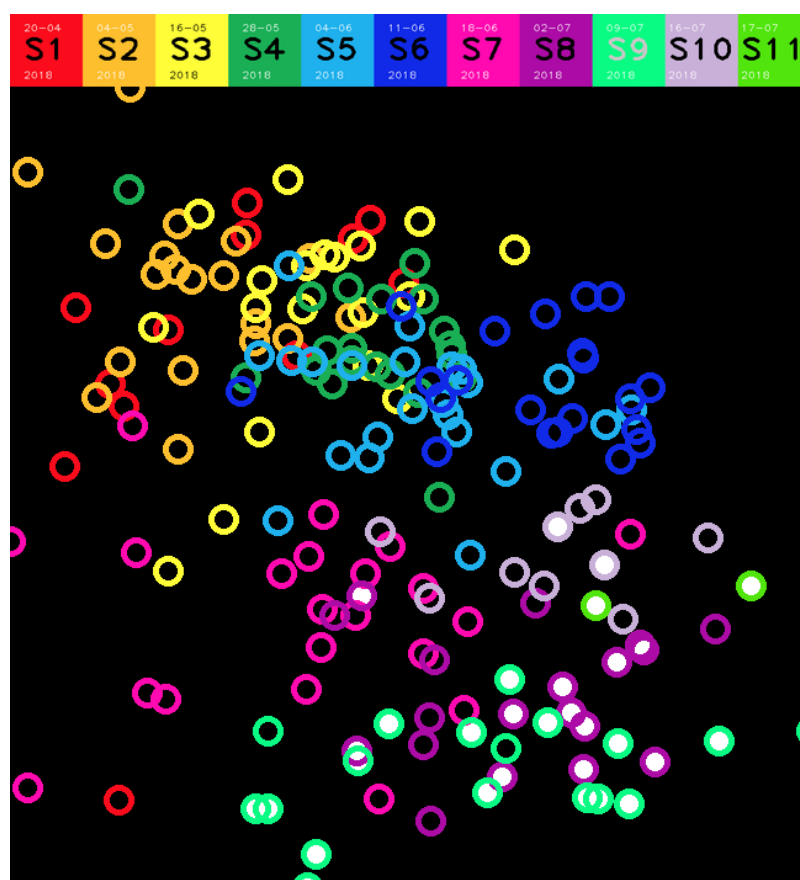
Den numeriske verdien til sensitivitet representerer, i vårt tilfelle, sannsynligheten for at en smolt faktisk blir identifisert som smolt. Tilsvarende representerer spesifisiteten sannsynligheten for at en parr blir identifisert som parr. Nøyaktigheten representerer totalandelen korrekt klassifisering og ble brukt til å bestemme hvilke bølgelengder som gir best klassifiserings-ytelse.

6 Resultater

6.1 Slørdal

Tabell 3: Parr, N=152; Smolt, N=32

SP	FP	SN	FN	Nøyaktighet	Sensitivitet	Spesifisitet	Bølgelengde μ 1	Bølgelengde μ 2	Bølgelengde μ 3
28	4	148	4	0,96	0,88	0,97	450,1	519,0	679,0



Figur 12: 2D dataplot for Slørdal data. Datasettet inneholder 11 måledatoer (11 farger). Hver ring representerer en fisk og fargen til ringen representerer måledato. Plasseringen av ringene er som

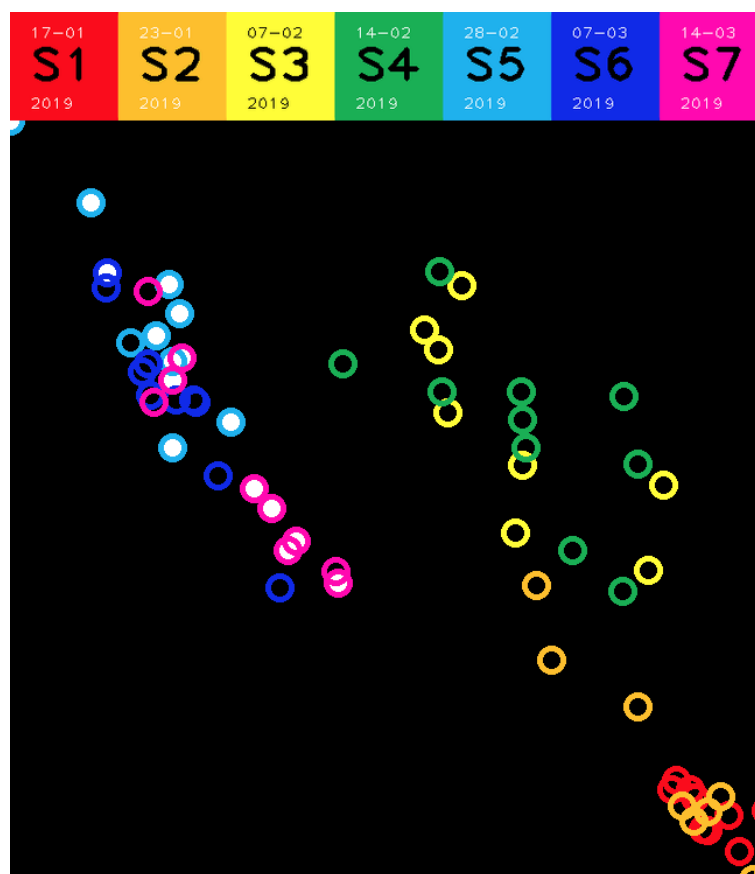
følge av preprosessering av dataene og de resulterende bølgenlengdene. Ringene med hvit fyllfarge indikerer smolt.

I Figur 12 ser vi at målingene som er tatt ved begynnelsen av måleperioden (S1-S4) er i hjørnet øverst til venstre, og flytter over tid ned mot nedre hjørne til høyre (S9-S11) der de fleste smoltdatapunktene (indikert med hvit fyllfarge) ligger som resultat av analysen.

6.2 Belsvik

Tabell 4: Parr, N=49; Smolt, N=16

SP	FP	SN	FN	Nøyaktighet	Sensitivitet	Spesifisitet	Bølgelengde μ_1	Bølgelengde μ_2	Bølgelengde μ_3
9	3	46	7	0,85	0,56	0,94	409,9	469,8	639,8



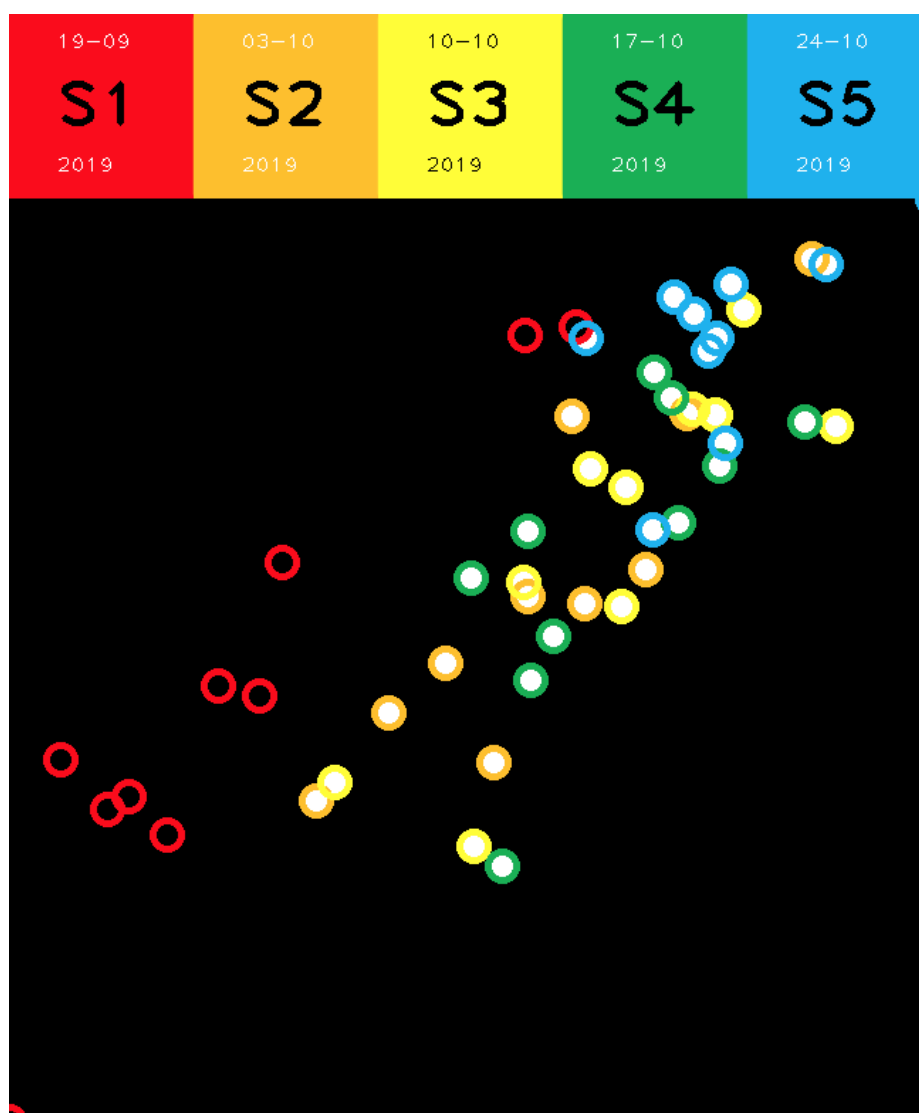
Figur 13: 2D dataplot for Belsvik data. Datasettet inneholder 7 måledatoer (7 farger). Hver ring representerer en fisk og fargen til ringen representerer måledato. Plasseringen av ringene er som følge av preprosessering av dataene og de resulterende bølgenlengdene. Ringene med hvit fyllfarge indikerer smolt.

Merk at den lave sensitiviteten (sannsynlighet på 0.56 for at en reell smolt blir korrekt klassifisert som smolt) kanskje kan bety at målingene fra sett S6 (03-07-2019, mørk blå) kan være tatt på smoltifisert laks uten at dette ble oppdaget i de kjemiske analysene.

6.3 Åsen

Tabell 5: Parr, N=10; Smolt, N=40

SP	FP	SN	FN	Nøyaktighet	Sensitivitet	Spesifisitet	Bølgelengde μ_1	Bølgelengde μ_2	Bølgelengde μ_3
40	0	10	0	1	1	1	409,6	540,6	629,9



Figur 14: 2D dataplot for Åsen data. Datasettet inneholder 5 måledatoer (5 farger). Hver ring representerer en fisk og fargen til ringen representerer måledato. Plasseringen av ringene er som følge av preprosessering av dataene og de resulterende bølgelengdene. Ringene med hvit fyllfarge indikerer smolt.

Merk at for dette datasettet fant vi flere tupler av valgte bølgelengder som resulterte i en nøyaktighet på 1 (100% korrekt klassifisering) for dette datasettet.

6.4 Resultat for all fisk sett under ett

Et eksperiment der alle målingene fra alle lokasjonene ble kombinert ga følgende resultat:

Tabell 6: Resultater fra samlet analyse.

SP	FP	SN	FN	Nøyaktighet	Sensitivitet	Spesifisitet	Bølgelengde $\mu 1$	Bølgelengde $\mu 2$	Bølgelengde $\mu 3$
66	5	206	22	0,91	0,75	0,98	409,9	440,3	469,8

6.5 Konklusjon og diskusjon

Fra dataplottene (Figur 12 til Figur 14) ser vi at spektralkarakteristikken for den målte laksen ved alle tre lokasjonene skifter i løpet av ukene med måling. Mot slutten av måleperioden kan vi se en økning i antall smolt. Nøyaktigheten som ligger mellom 0.85-1.0 for de testede lokasjonene er lovende.

Mange forhold påvirker disse resultatene, noe som kommer fram av Figur 12 til Figur 14 som viser at smoltmålingene samler seg i forskjellige frekvensområder. Eksempler på forhold som påvirker resultatene er:

- Usikkerhet knyttet til om all treningsdata (baseline) er korrekt. Unøyaktigheter i testresultatene fra anleggene vil forplante seg gjennom analysen og gi redusert treffprosent.
- Variasjoner i eksterne lysforhold under datainnsamling vil påvirke individuelle spekter.
- Ulik vannkvalitet, spesielt oppløst humus vil påvirke fiskens farge og "drakt".
- Lysstyring og fôringsregime.
- Eventuell syk fisk vil kunne ha andre refleksjonsegenskaper enn frisk fisk.

Til tross for alle disse usikkerhetene gir metodikken benyttet i dette prosjektet en treffprosent på 91% når all fisken inkluderes i samme analyse. Dette indikerer at et måleinstrument som måler 3 bølgelengder vil kunne anvendes i arbeidet med å avgjøre smoltstatus. Variasjonen mellom datasettene gir imidlertid grunn til å tro at en eventuell fremtidig implementasjon av teknikken vil måtte inkludere måling tidlig i produksjonen når all fisken er parr så et sammenlikningsgrunnlag for den aktuelle fisken oppnås. Det kan og vurderes at den tidlige målingen kombineres med gjellprøver for et robust sammelinkningsgrunnlag.

Vi ser også muligheter for å forbedre fremtidige analyser av dataene. Blant annet, kan PCA-metoden kanskje gi bedre innsikt i hvilke frekvenser som er mest relevante og vil være mer numerisk robust, gitt at spektralkarakteristikken for alle enkeltpikslers ble benyttet i analysen fremfor gjennomsnittet av spektralkarakteristikkene for økt romlig oppløsning som kan fange opp eventuelle små detaljer som skiller de to stadiene.

7 Anbefalinger for videre forsknings- og produktutviklingsløp

Prosjektresultatene indikerer at måling av enkelte bølgelengder kan bidra i arbeidet med å sikre at fisk er smoltifisert og dermed klar til utsett. Utstyret og metoden benyttet i dette prosjektet er imidlertid tilpasset forskning og utvikling, og må derfor tilpasses den reelle produksjonsformen for å oppnå en akseptabel kostnad og bedre brukervennlighet. Fokuset til anbefalingene til videre produktutviklingsløp er muligheter for implementasjon i nye og eksisterende settefiskanlegg. Det antas at det blir utviklet og produsert en sensor, og at denne kan tilpasses de forskjellige løsningene basert på sensorens fysiske egenskaper og funksjonelle begrensninger som rekkevidde og lysforhold.

Hovedforskjellen mellom alternativene til videre produktutvikling er om spektralkarakteristikken måles på individ- eller populasjonsnivå. Fordelene med målinger på individnivå er at settefiskanlegget får sikre tall på andel smoltifisert fisk, og det muliggjør sortering mellom smolt og parr. Smolt sendes til saltvannskar for å unngå desmoltifisering og parr sendes til ferskvannskar for å fortsette smoltifiseringsprosessen.

Individmålinger vil trolig måtte involvere håndtering av fisk som kan føre til skade på enkeltfisk og økt stressnivå. Det kan også være nødvendig med sulting og bedøvelse av fisken. Måling på individnivå er ikke en kontinuerlig prosess, og må derfor gjentas for å oppnå det nødvendige sammenlikningsgrunnlaget.

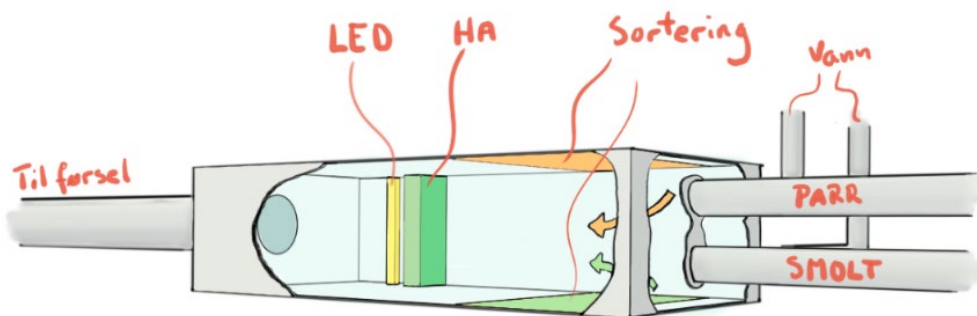
Fordelene med målinger på populasjonsnivå er at målingene trolig kan skje i karene og man unngår ekstra håndtering av fisken. Gjennomføring av måling i kar vil trolig være mindre ressurs- og tidkrevende sammenlignet med målinger på individnivå. Målinger i kar kan også gjøres kontinuerlig og man får samlet data som tidspunkt for første registrerte smolt, smoltifiseringsrate og andel smolt i karet. Dette kan imidlertid introdusere usikkerhet i målingene knyttet til hvor stor andel av fisken som faktisk blir målt, om man måler samme fisk flere ganger, om man bare måler enkelte deler av hierarkiet i karet. Populasjonsmåling vil ikke tilrettelegge for sortering basert på smoltifisering.

Den ideelle løsningen kan derfor være en kombinasjon av målinger på populasjon- og individnivå. Populasjonsmålingene gir informasjon om antatt smoltprosent, og tid fra første smoltregistrering. Når prosentandelen er stor nok iverksettes måling på individnivå kombinert med sortering mellom parr og smolt. I de videre seksjonene beskrives fem alternativ på overordnet nivå som kan vurderes i videre forsknings- og utviklingsprosesser.

Avslutningsvis nevnes det at det bør undersøkes om samme tilnærming benyttet i hypersmolt også kan avdekke desmoltifisering i eventuelt fremtidig arbeid ettersom det ikke har blitt anledning til dette i løpet av arbeidet.

7.1 Alternativ 1 - Rørskanner

Fisk kommer inn i rørskanneren via en fiskepumpe på relativt lav hastighet. LED-lys sørger for stabile lysforhold for spektralsensor. Avstanden mellom fisk og sensor begrenses av dimensjonene til rørskanneren. Sensordata prosesseres og basert på resultatet blir fisken ledet enten til et rør som går til ferskvannskar (parr) eller til saltvannskar (smolt). Tilnærmingen kan gjøre det mulig å måle spektralkarakteristikk på individnivå i kombinasjon med andre operasjoner som sortering. Det vil også være tilstrekkelig med en enkelt sensor installert der all fisken i anlegget likevel transporteres.

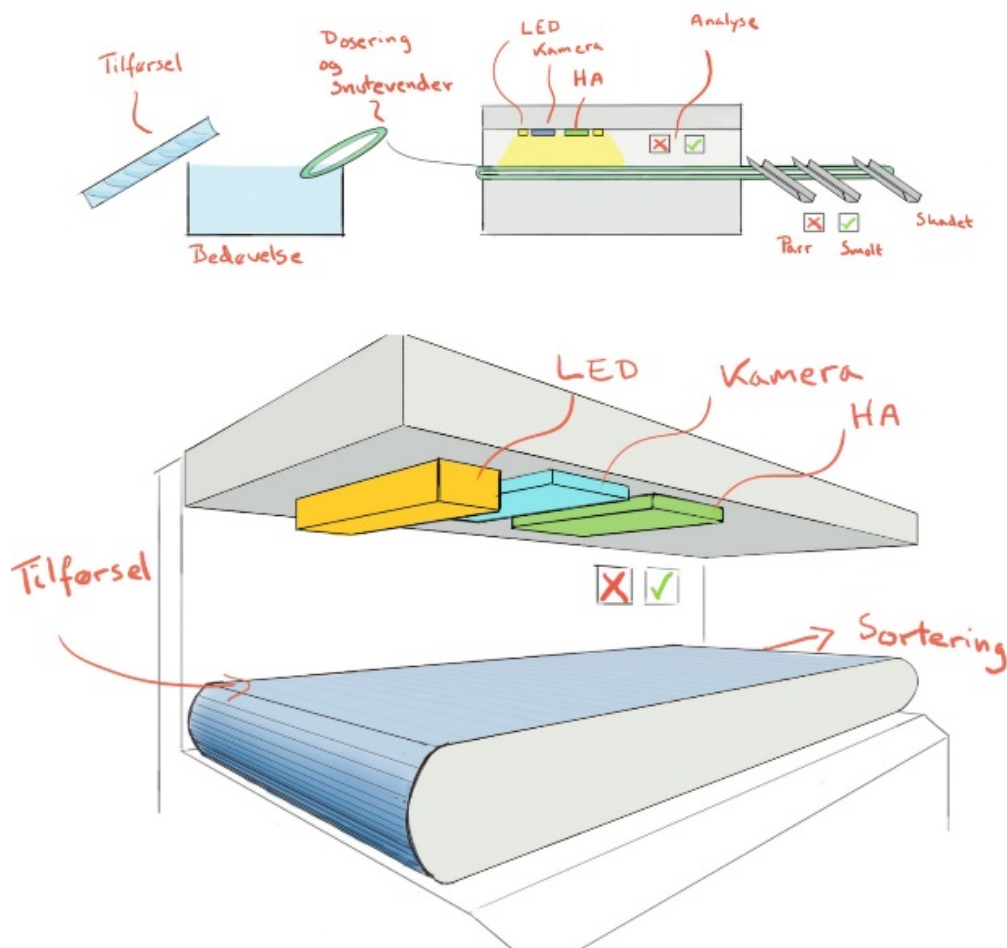


Figur 15: Rørskanner

7.2 Alternativ 2 – Integrasjon med vaksinasjonsmaskin

Sensoren monteres i vaksinasjonsmaskin ved siden av dagens kamera. Måling kan da skje både samtidig med vaksiner og som egen prosess. Fisk blir pumpet til mellomlagringstanker i vaksinasjonsrommet. Fra mellomlagringstankene blir fisken overført til et bedøvelsesbad. Fra bedøvelsesbadet blir fisken sendt over en snutevender og over på transportbånd. På transportbåndet blir fisken fotografert av kamera og spektralsensor. Basert på spektralkarakteristikk blir fisken sendt videre til enten ferskvann eller saltvannskar. Fisk som er skadet eller har avvik blir utsortert. Denne tilnærmingen vil tilby stabile, kontrollerte lys- og datafangstforhold og fisk som er rolige og enkle å avbilde. All fisk vil ha lik orientering noe som kan bidra til robuste og

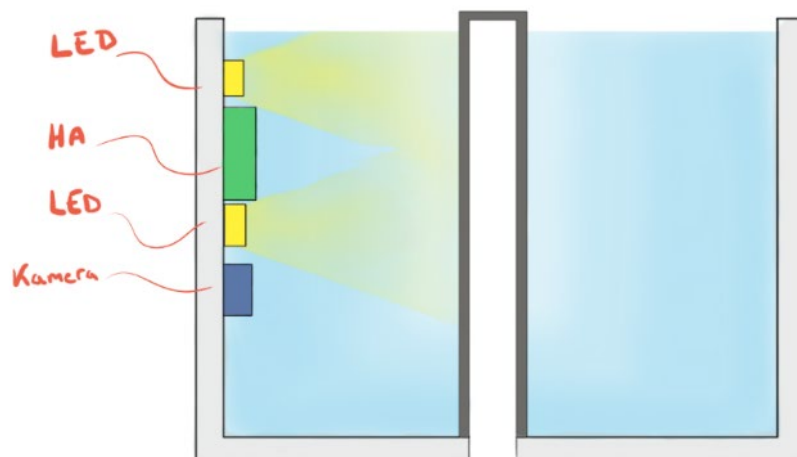
sammenliknbare datasett. Slike kontrollerte forhold legger også til rette for beregning av k-faktor og bildeanalyse for identifikasjon av deformasjoner og skader, eksempelvis gjellelokkforkortelse.



Figur 16: Sensor integrert i vaksinasjonsmaskin

7.3 Alternativ 3 - Spektralsensor montert i kar

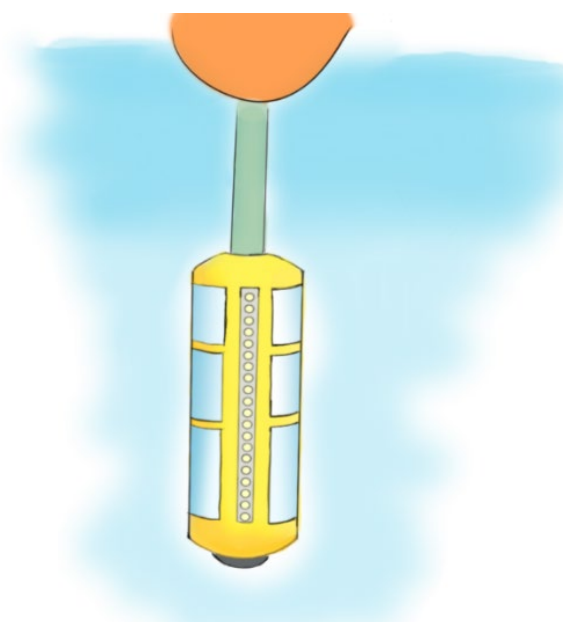
Lys, spektralsensor og kamera monteres permanent under vann i settefiskkaret. Monteringen kan enten være låst eller på skinne. Ved jevne mellomrom blir det sendt ut blits og tatt måling med spektralsensoren. Målingen kan f.eks. utføres når det registres at en fisk befinner seg i korrekt avstand fra sensoren. Denne måten å måle på samler informasjon om smoltifiseringsgraden over tid, og man registrerer når de første fiskene har blitt smoltifisert. I tillegg vil kameraet kunne filme fisken kontinuerlig, og dermed samle informasjon relevant for fiskevelferden (eksempelvis miljødata), foringsrespons og svømmemønstre. Med en slik løsning unngås også ekstra håndtering og bedøving.



Figur 17: Spektralsensor montert i kar

7.4 Alternativ 4 - Flytende sensor i kar

Alternativet består av en nedsenkbar sensorpakke som festes i bøye. Sensorpakken plasseres permanent i karet og tar bilder av populasjonen over tid, tilsvarende det beskrevet i alternativ 3. Ved behov kan sensoren flyttes mellom posisjoner i karet.

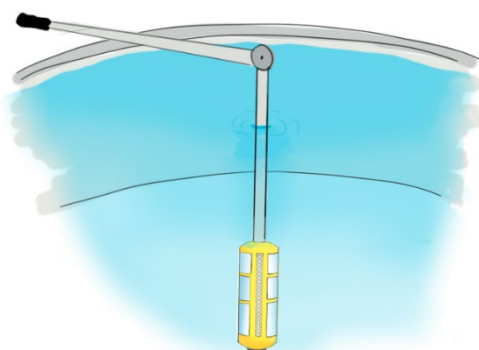


Figur 18: Flytende sensorpakke

Som for alternativ 3 vil man kunne oppnå informasjon om smoltifiseringsgraden over tid, og man registrerer når de første fiskene har blitt smoltifisert. I tillegg vil kameraet kontinuerlig filme fisken, og dermed samle informasjon relevant for fiskevelferden (f.eks. miljødata), foringsrespons og svømmemønster. Med en slik løsning unngås også ekstra håndtering og bedøving.

7.5 Alternativ 5 - Sensor på stang nedsenket i kar

Alternativet består av samme løsning som flytende sensor i kar (alternativ 4), men sensoren er håndholdt og monteres på en stang som stikkes ned i settefiskkarene. Målingene vil derfor skje sjeldnere og over kortere tidsintervall. Denne sensoren er enklere å flytte mellom kar, med det går på bekostning av tiden sensoren ligger i hvert kar. Løsningen må omfatte en måte å sammenlikne målinger tatt for samme fisk på ulike tidspunkt.



Figur 19: Sensor på stang

7.6 Forskningsløp – Desmoltifisering

Dersom smolt ikke settes ut i sjø innen en viss tid kan fisken gjennomgå desmoltifisering som er en reversering av saltvannstilpassingen. Samme måleoppsett og tilsvarende målinger kan utføres på fisk som med vilje holdes igjen for å undersøke hvorvidt denne overgangen også kan detekteres. Dersom dette lykkes kan bruksområdet til en eventuell fremtidig teknologi som beskrevet i 6.1 – 6.5 utvides.

7.7 Forskningsløp – Identifikasjon og klassifisering av skader

Som demonstrert i LAKSIT prosjektet (FHF pnr. 901184) kan overflatesår detekteres med kamera. Det er sannsynlig at hyperspektraldata kan benyttes til samme formål. Det kan undersøkes hvordan dette best kan gjøres i praksis og hvilke andre skader (og eventuelt deformiteter) som kan detekteres og klassifiseres. Se for øvrig 7. for et eksempel på slik bruk.

8 Øvrig bruk av prosjektets data

Måledataene fra prosjektet har blitt delt med en masterstudent ved NTNU, Kristian Søren Stene, som har benyttet dataene til å undersøke mulighetene for identifikasjon av gjellelokkforkortelse. Studentens oppgave og resultater kan ses i vedlegg B.

9 Referanser

- Akbari, H., and Kosugi, Y.**, 2009. Hyperspectral Imaging: a New Modality in Surgery, Recent Advances in Biomedical Engineering, Ganesh R Naik (Ed.), ISBN: 978-953-307-004-9, InTech, Available from: <http://www.intechopen.com/books/recent-advances-in-biomedical-engineering/hyperspectral-imaging-a-newmodality-in-surgery>.
- Breiman, L.**, 2001. Random Forests. Machine Learning, 45(1), 5-32.
- Cortes, C., Vapnik, V.**, (1995). Support-vector networks. Machine Learning, 20(3), 273–297.
- Fukunaga, K.**, (1990). Introduction to Statistical Pattern Recognition. Elsevier. ISBN 978-0-12-269851-4.
- Pinter Jr, P.J.**, Hatfield, J.L., Schepers, J.S., Barnes, E.M., Moran, M.S., Daughtry, C.S. and Upchurch, D.R., 2003. Remote sensing for crop management. Photogrammetric Engineering & Remote Sensing, 69(6), pp.647-664.
- Volent, Z.**, Johnsen, G. and Sigernes, F., 2007. Kelp forest mapping by use of airborne hyperspectral imager. Journal of Applied Remote Sensing, 1(1), p.011503.
- Yee, S.W.**, Petigura, E.A. and Von Braun, K., 2017. Precision Stellar Characterization of FGKM Stars using an Empirical Spectral Library. The Astrophysical Journal, 836(1), p.77

A Vedlegg - Smoltstatus

Tabell 7: Slørdal smoltstatus.

Dato (DDMM)	Tagnummer	Klorid (mmol/L)	Kloriddifferanse	Smoltstatus
20.04.18	1005	Ikke testet	N/A	Parr
20.04.18	1007	Ikke testet	N/A	Parr
20.04.18	1008	Ikke testet	N/A	Parr
20.04.18	1009	Ikke testet	N/A	Parr
20.04.18	1010	Ikke testet	N/A	Parr
20.04.18	1011	Ikke testet	N/A	Parr
20.04.18	1012	Ikke testet	N/A	Parr
20.04.18	1013	Ikke testet	N/A	Parr
20.04.18	1014	Ikke testet	N/A	Parr
20.04.18	1015	Ikke testet	N/A	Parr
20.04.18	1016	Ikke testet	N/A	Parr
20.04.18	1017	Ikke testet	N/A	Parr
04.05.18	1057	Ikke testet	N/A	Parr
04.05.18	1058	Ikke testet	N/A	Parr
04.05.18	1059	Ikke testet	N/A	Parr
04.05.18	1060	Ikke testet	N/A	Parr
04.05.18	1061	Ikke testet	N/A	Parr
04.05.18	1062	Ikke testet	N/A	Parr
04.05.18	1063	Ikke testet	N/A	Parr

Dato (DDMM)	Tagnummer	Klorid (mmol/L)	Kloriddifferanse	Smoltstatus
04.05.18	1064	Ikke testet	N/A	Parr
04.05.18	1065	Ikke testet	N/A	Parr
04.05.18	1066	Ikke testet	N/A	Parr
04.05.18	1067	Ikke testet	N/A	Parr
04.05.18	1068	Ikke testet	N/A	Parr
04.05.18	1069	Ikke testet	N/A	Parr
04.05.18	1070	Ikke testet	N/A	Parr
04.05.18	1071	Ikke testet	N/A	Parr
04.05.18	1072	Ikke testet	N/A	Parr
04.05.18	1073	Ikke testet	N/A	Parr
04.05.18	1074	Ikke testet	N/A	Parr
04.05.18	1075	Ikke testet	N/A	Parr
04.05.18	1076	Ikke testet	N/A	Parr
16.05.18	0101	Ikke testet	N/A	Parr
16.05.18	0102	Ikke testet	N/A	Parr
16.05.18	0103	Ikke testet	N/A	Parr
16.05.18	0104	Ikke testet	N/A	Parr
16.05.18	0105	Ikke testet	N/A	Parr
16.05.18	0106	Ikke testet	N/A	Parr
16.05.18	0107	Ikke testet	N/A	Parr
16.05.18	0108	Ikke testet	N/A	Parr
16.05.18	0109	Ikke testet	N/A	Parr
16.05.18	0110	Ikke testet	N/A	Parr
16.05.18	0111	Ikke testet	N/A	Parr
16.05.18	0112	Ikke testet	N/A	Parr
16.05.18	0113	Ikke testet	N/A	Parr
16.05.18	0114	Ikke testet	N/A	Parr
16.05.18	0115	Ikke testet	N/A	Parr
16.05.18	0116	Ikke testet	N/A	Parr
16.05.18	0117	Ikke testet	N/A	Parr
16.05.18	0118	Ikke testet	N/A	Parr
16.05.18	0119	Ikke testet	N/A	Parr
16.05.18	0120	Ikke testet	N/A	Parr
28.05.18	0121	Ikke testet	N/A	Parr
28.05.18	0122	Ikke testet	N/A	Parr
28.05.18	0123	Ikke testet	N/A	Parr
28.05.18	0124	Ikke testet	N/A	Parr
28.05.18	0125	Ikke testet	N/A	Parr
28.05.18	0126	Ikke testet	N/A	Parr
28.05.18	0127	Ikke testet	N/A	Parr
28.05.18	0128	Ikke testet	N/A	Parr
28.05.18	0129	Ikke testet	N/A	Parr

Dato (DDMM)	Tagnummer	Klorid (mmol/L)	Kloriddifferanse	Smoltstatus
28.05.18	0130	Ikke testet	N/A	Parr
28.05.18	0131	Ikke testet	N/A	Parr
28.05.18	0132	Ikke testet	N/A	Parr
28.05.18	0133	Ikke testet	N/A	Parr
28.05.18	0134	Ikke testet	N/A	Parr
28.05.18	0135	Ikke testet	N/A	Parr
28.05.18	0136	Ikke testet	N/A	Parr
28.05.18	0137	Ikke testet	N/A	Parr
28.05.18	0138	Ikke testet	N/A	Parr
28.05.18	0139	Ikke testet	N/A	Parr
28.05.18	0140	Ikke testet	N/A	Parr
04.06.18	0141	Ikke testet	N/A	Parr
04.06.18	0142	Ikke testet	N/A	Parr
04.06.18	0143	Ikke testet	N/A	Parr
04.06.18	0144	Ikke testet	N/A	Parr
04.06.18	0145	Ikke testet	N/A	Parr
04.06.18	0146	Ikke testet	N/A	Parr
04.06.18	0147	Ikke testet	N/A	Parr
04.06.18	0148	Ikke testet	N/A	Parr
04.06.18	0149	Ikke testet	N/A	Parr
04.06.18	0150	Ikke testet	N/A	Parr
04.06.18	0151	Ikke testet	N/A	Parr
04.06.18	0152	Ikke testet	N/A	Parr
04.06.18	0153	Ikke testet	N/A	Parr
04.06.18	0154	Ikke testet	N/A	Parr
04.06.18	0155	Ikke testet	N/A	Parr
04.06.18	0156	Ikke testet	N/A	Parr
04.06.18	0157	Ikke testet	N/A	Parr
04.06.18	0158	Ikke testet	N/A	Parr
04.06.18	0159	Ikke testet	N/A	Parr
04.06.18	0160	Ikke testet	N/A	Parr
04.06.18	0161	Ikke testet	N/A	Parr
04.06.18	0162	Ikke testet	N/A	Parr
04.06.18	0163	Ikke testet	N/A	Parr
04.06.18	0164	Ikke testet	N/A	Parr
11.06.18	0165	Ikke testet	N/A	Parr
11.06.18	0166	Ikke testet	N/A	Parr
11.06.18	0167	Ikke testet	N/A	Parr
11.06.18	0168	Ikke testet	N/A	Parr
11.06.18	0169	Ikke testet	N/A	Parr
11.06.18	0170	Ikke testet	N/A	Parr
11.06.18	0171	Ikke testet	N/A	Parr

Dato (DDMM)	Tagnummer	Klorid (mmol/L)	Kloriddifferanse	Smoltstatus
11.06.18	0172	Ikke testet	N/A	Parr
11.06.18	0173	Ikke testet	N/A	Parr
11.06.18	0174	Ikke testet	N/A	Parr
11.06.18	0175	Ikke testet	N/A	Parr
11.06.18	0176	Ikke testet	N/A	Parr
11.06.18	0177	Ikke testet	N/A	Parr
11.06.18	0178	Ikke testet	N/A	Parr
11.06.18	0179	Ikke testet	N/A	Parr
11.06.18	0180	Ikke testet	N/A	Parr
11.06.18	0181	Ikke testet	N/A	Parr
11.06.18	0182	Ikke testet	N/A	Parr
11.06.18	0183	Ikke testet	N/A	Parr
11.06.18	0184	Ikke testet	N/A	Parr
11.06.18	0185	Ikke testet	N/A	Parr
18.06.18	0186	Ikke testet	N/A	Parr
18.06.18	0187	Ikke testet	N/A	Parr
18.06.18	0188	Ikke testet	N/A	Parr
18.06.18	0189	Ikke testet	N/A	Parr
18.06.18	0190	Ikke testet	N/A	Parr
18.06.18	0191	Ikke testet	N/A	Parr
18.06.18	0192	Ikke testet	N/A	Parr
18.06.18	0193	Ikke testet	N/A	Parr
18.06.18	0194	Ikke testet	N/A	Parr
18.06.18	0195	Ikke testet	N/A	Parr
18.06.18	0196	Ikke testet	N/A	Parr
18.06.18	0197	Ikke testet	N/A	Parr
18.06.18	0198	Ikke testet	N/A	Parr
18.06.18	0199	Ikke testet	N/A	Parr
18.06.18	0200	Ikke testet	N/A	Parr
18.06.18	0201	Ikke testet	N/A	Parr
18.06.18	0202	Ikke testet	N/A	Parr
18.06.18	0203	Ikke testet	N/A	Parr
18.06.18	0204	Ikke testet	N/A	Parr
18.06.18	0205	Ikke testet	N/A	Parr
18.06.18	0206	Ikke testet	N/A	Parr
18.06.18	0207	Ikke testet	N/A	Parr
25.06.18	0208	Ikke testet	N/A	Usikker
25.06.18	0209	Ikke testet	N/A	Usikker
25.06.18	0210	Ikke testet	N/A	Usikker
25.06.18	0211	Ikke testet	N/A	Usikker
25.06.18	0212	Ikke testet	N/A	Usikker
25.06.18	0213	Ikke testet	N/A	Usikker

Dato (DDMM)	Tagnummer	Klorid (mmol/L)	Kloriddifferanse	Smoltstatus
25.06.18	0214	Ikke testet	N/A	Usikker
25.06.18	0215	Ikke testet	N/A	Usikker
25.06.18	0216	Ikke testet	N/A	Usikker
25.06.18	0217	Ikke testet	N/A	Usikker
25.06.18	0218	Ikke testet	N/A	Usikker
25.06.18	0219	Ikke testet	N/A	Usikker
25.06.18	0220	Ikke testet	N/A	Usikker
25.06.18	0221	Ikke testet	N/A	Usikker
25.06.18	0222	Ikke testet	N/A	Usikker
25.06.18	0223	Ikke testet	N/A	Usikker
25.06.18	0224	Ikke testet	N/A	Usikker
25.06.18	0225	Ikke testet	N/A	Usikker
25.06.18	0226	Ikke testet	N/A	Usikker
25.06.18	0227	Ikke testet	N/A	Usikker
25.06.18	0229	Ikke testet	N/A	Usikker
03.07.18	0229	122	11	Smolt
03.07.18	0230	118	7	Smolt
03.07.18	0231	145	34	Parr
03.07.18	0232	118	7	Smolt
03.07.18	0233	129	18	Smolt
03.07.18	0234	131	20	Smolt
03.07.18	0235	139	28	Parr
03.07.18	0236	130	19	Smolt
03.07.18	0237	114	3	Smolt
03.07.18	0238	127	16	Smolt
03.07.18	0239	131	20	Smolt
03.07.18	0240	123	12	Smolt
03.07.18	0241	119	8	Smolt
03.07.18	0242	135	24	Parr
03.07.18	0243	For lite blod og blodplasma	-	Usikker
03.07.18	0244	135	24	Parr
03.07.18	0245	135	24	Parr
03.07.18	0246	139	28	Parr
03.07.18	0247	145	34	Parr
03.07.18	0248	130	19	Smolt
09.07.18	0254	124	13	Smolt
09.07.18	0255	128	17	Smolt
09.07.18	0256	101	-10	Usikker
09.07.18	0257	130	19	Smolt
09.07.18	0258	117	6	Smolt
09.07.18	0259	134	23	Parr
09.07.18	0260	138	27	Parr

Dato (DDMM)	Tagnummer	Klorid (mmol/L)	Kloriddifferanse	Smoltstatus
09.07.18	0261	125	14	Smolt
09.07.18	0262	127	16	Smolt
09.07.18	0263	121	10	Smolt
09.07.18	0264	126	15	Smolt
09.07.18	0265	127	16	Smolt
09.07.18	0266	126	15	Smolt
09.07.18	0267	120	9	Smolt
09.07.18	0268	124	13	Smolt
09.07.18	0269	121	10	Smolt
09.07.18	0270	131	20	Smolt
09.07.18	0271	112	1	Smolt
09.07.18	0272	113	2	Smolt
09.07.18	0273	125	14	Smolt
16.07.18	0279	125	13,6	Smolt
16.07.18	0280	141	29,6	Parr
16.07.18	0281	141	29,6	Parr
16.07.18	0282	128	16,6	Smolt
16.07.18	0283	141	29,6	Parr
16.07.18	0284	139	27,6	Parr
16.07.18	0285	142	30,6	Parr
16.07.18	0286	140	28,6	Parr
16.07.18	0287	137	25,6	Parr
16.07.18	0288	143	31,6	Parr
16.07.18	0290	112	0,6	Smolt
16.07.18	0291	118	6,6	Smolt
23.07.18	0293	123	11,6	Smolt
23.07.18	0294	114	2,6	Smolt
23.07.18	0295	110	-1,4	Usikker
23.07.18	0296	138	26,6	Parr
23.07.18	0297	128	16,6	Smolt
23.07.18	0298	128	16,6	Smolt
23.07.18	0299	118	6,6	Smolt
23.07.18	0300	134	22,6	Parr
23.07.18	0303	133	21,6	Parr
23.07.18	0302	131	19,6	Smolt
23.07.18	0303	120	8,6	Smolt
23.07.18	0304	107	-4,4	Usikker
23.07.18	0305	127	15,6	Smolt
23.07.18	0306	127	15,6	Smolt
23.07.18	0307	129	17,6	Smolt
23.07.18	0308	131	19,6	Smolt
23.07.18	0309	123	11,6	Smolt

Dato (DDMM)	Tagnummer	Klorid (mmol/L)	Kloriddifferanse	Smoltstatus
23.07.18	0310	130	18,6	Smolt
23.07.18	0311	141	29,6	Parr
23.07.18	0312	131	19,6	Smolt
23.07.18	0313	134	22,6	Parr
23.07.18	0314	127	15,6	Smolt
23.07.18	0315	129	17,6	Smolt
23.07.18	0316	129	17,6	Smolt
23.07.18	0317	110	-1,4	Usikker
23.07.18	0318	104	-7,4	Usikker
23.07.18	0319	109	-2,4	Usikker
23.07.18	0320	116	4,6	Smolt
23.07.18	0321	115	3,6	Smolt

Tabell 8: Belsvik – Smoltstatus.

Dato (DDMM)	Tagnummer	Klorid (mmol/L)	Kloriddifferanse	Smoltstatus
17.01.19	0329	Ikke testet	N/A	Parr
17.01.19	0330	Ikke testet	N/A	Parr
17.01.19	0331	Ikke testet	N/A	Parr
17.01.19	0332	Ikke testet	N/A	Parr
17.01.19	0333	Ikke testet	N/A	Parr
17.01.19	0334	Ikke testet	N/A	Parr
17.01.19	0335	Ikke testet	N/A	Parr
17.01.19	0336	Ikke testet	N/A	Parr
17.01.19	0337	Ikke testet	N/A	Parr
17.01.19	0338	Ikke testet	N/A	Parr
23.01.19	0325	Ikke testet	N/A	Parr
23.01.19	0326	Ikke testet	N/A	Parr
23.01.19	0327	Ikke testet	N/A	Parr
23.01.19	0328	Ikke testet	N/A	Parr
23.01.19	0329	Ikke testet	N/A	Parr
23.01.19	0330	Ikke testet	N/A	Parr
23.01.19	0331	Ikke testet	N/A	Parr
23.01.19	0332	Ikke testet	N/A	Parr
23.01.19	0333	Ikke testet	N/A	Parr
23.01.19	0334	Ikke testet	N/A	Parr
31.01.19	0335	Ikke testet	N/A	Parr
31.01.19	0336	Ikke testet	N/A	Parr
31.01.19	0337	Ikke testet	N/A	Parr
31.01.19	0338	Ikke testet	N/A	Parr
31.01.19	0339	Ikke testet	N/A	Parr
31.01.19	0340	Ikke testet	N/A	Parr

Dato (DDMM)	Tagnummer	Klorid (mmol/L)	Kloriddifferanse	Smoltstatus
31.01.19	0341	Ikke testet	N/A	Parr
31.01.19	0342	Ikke testet	N/A	Parr
31.01.19	0343	Ikke testet	N/A	Parr
31.01.19	0344	Ikke testet	N/A	Parr
14.02.19	0345	Ikke testet	N/A	Parr
14.02.19	0346	Ikke testet	N/A	Parr
14.02.19	0347	Ikke testet	N/A	Parr
14.02.19	0348	Ikke testet	N/A	Parr
14.02.19	0349	Ikke testet	N/A	Parr
14.02.19	0350	Ikke testet	N/A	Parr
14.02.19	0351	Ikke testet	N/A	Parr
14.02.19	0352	Ikke testet	N/A	Parr
14.02.19	0353	Ikke testet	N/A	Parr
14.02.19	0354	Ikke testet	N/A	Parr
21.02.19	0355	141	34	Usikker
21.02.19	0356	144	37	Usikker
21.02.19	0357	130	23	Usikker
21.02.19	0358	130	23	Usikker
21.02.19	0359	134	27	Usikker
21.02.19	0360	145	38	Usikker
21.02.19	0361	133	26	Usikker
21.02.19	0362	140	33	Usikker
21.02.19	0363	138	31	Usikker
21.02.19	0364	141	34	Usikker
28.02.2019	0376	123	16	Smolt
28.02.2019	0377	119	12	Smolt
28.02.2019	0378	124	17	Smolt
28.02.2019	0379	119	12	Smolt
28.02.2019	0380	121	14	Smolt
28.02.2019	0381	125	18	Smolt
28.02.2019	0382	124	17	Smolt
28.02.2019	0383	131	24	Parr
28.02.2019	0384	126	19	Smolt
28.02.2019	0385	122	15	Smolt
07.03.2019	0392	129	22	Parr
07.03.2019	0393	123	16	Smolt
07.03.2019	0394	129	22	Parr
07.03.2019	0395	133	26	Parr
07.03.2019	0396	130	23	Parr
07.03.2019	0397	135	28	Parr
07.03.2019	0398	135	28	Parr
07.03.2019	0399	129	22	Parr

Dato (DDMM)	Tagnummer	Klorid (mmol/L)	Kloriddifferanse	Smoltstatus
07.03.2019	0400	131	24	Parr
07.03.2019	0401	136	29	Parr
14.03.2019	0407	121	14	Smolt
14.03.2019	0408	125	18	Smolt
14.03.2019	0409	132	25	Parr
14.03.2019	0410	119	12	Smolt
14.03.2019	0411	128	21	Parr
14.03.2019	0412	125	18	Smolt
14.03.2019	0413	126	19	Smolt
14.03.2019	0414	126	19	Smolt
14.03.2019	0415	127	20	Smolt
14.03.2019	0416	133	26	Parr
21.03.2019	0423	138	31	Parr
21.03.2019	0424	130	23	Parr
21.03.2019	0425	145	38	Parr
21.03.2019	0426	153	46	Parr
21.03.2019	0427	145	38	Parr
21.03.2019	0428	150	43	Parr
21.03.2019	0429	130	23	Parr
21.03.2019	0430	132	25	Parr
21.03.2019	0431	139	32	Parr
21.03.2019	0432	147	40	Parr

Tabell 9: Åsen – Smoltstatus.

Dato (DDMM)	Tagnummer	FV komponent	SV komponent	Smoltstatus
19.09.19	0336	2,73	0,23	Parr
19.09.19	0337	4,53	0,33	Parr
19.09.19	0338	3,12	0,28	Parr
19.09.19	0339	3,44	0,27	Parr
19.09.19	0340	2,9	0,27	Parr
19.09.19	0341	4,05	0,35	Parr
19.09.19	0342	4,08	0,41	Parr
19.09.19	0343	2,25	0,18	Parr
19.09.19	0344	3,76	0,32	Parr
19.09.19	0345	4,4	0,37	Parr
26.09.19	0346	-	-	Usikker
26.09.19	0347	-	-	Usikker
26.09.19	0348	-	-	Usikker
26.09.19	0349	-	-	Usikker
26.09.19	0350	-	-	Usikker
26.09.19	0351	-	-	Usikker

Dato (DDMM)	Tagnummer	FV komponent	SV komponent	Smoltstatus
26.09.19	0352	-	-	Usikker
26.09.19	0353	-	-	Usikker
26.09.19	0354	-	-	Usikker
26.09.19	0355	-	-	Usikker
03.10.19	0356	0,72	2,23	Smolt
03.10.19	0357	0,77	2,26	Smolt
03.10.19	0358	0,53	2,8	Smolt
03.10.19	0359	1,14	2,01	Smolt
03.10.19	0360	0,64	1,73	Smolt
03.10.19	0361	0,61	2,12	Smolt
03.10.19	0362	0,59	2,13	Smolt
03.10.19	0363	0,38	2,13	Smolt
03.10.19	0364	0,46	2,62	Smolt
03.10.19	0365	0,65	1,88	Smolt
10.10.19	0366	-	-	Smolt
10.10.19	0367	-	-	Smolt
10.10.19	0368	-	-	Smolt
10.10.19	0369	-	-	Smolt
10.10.19	0370	-	-	Smolt
10.10.19	0371	-	-	Smolt
10.10.19	0372	-	-	Smolt
10.10.19	0373	-	-	Smolt
10.10.19	0374	-	-	Smolt
10.10.19	0375	-	-	Smolt
17.10.19	0376	1,08	1,61	Smolt
17.10.19	0377	1,32	2,7	Smolt
17.10.19	0378	0,53	2,96	Smolt
17.10.19	0379	0,97	2,36	Smolt
17.10.19	0380	0,82	2,43	Smolt
17.10.19	0381	1,02	2,94	Smolt
17.10.19	0382	0,43	2,3	Smolt
17.10.19	0383	0,63	2,89	Smolt
17.10.19	0384	1,11	2,58	Smolt
17.10.19	0385	0,68	2,33	Smolt
24.10.19	0386	-	-	Smolt
24.10.19	0387	-	-	Smolt
24.10.19	0388	-	-	Smolt
24.10.19	0389	-	-	Smolt
24.10.19	0390	-	-	Smolt
24.10.19	0391	-	-	Smolt
24.10.19	0392	-	-	Smolt
24.10.19	0393	-	-	Smolt

Dato (DDMM)	Tagnummer	FV komponent	SV komponent	Smoltstatus
24.10.19	0394	-	-	Smolt
24.10.19	0395	-	-	Smolt

B Prosjektoppgave Kristian Søren Stene

Automatic Classification of Imitated Operculum Deformities on farmed Atlantic Salmon using Hyperspectral Imaging

PROJECT THESIS

KRISTIAN SØRENSEN STENE
AUTUMN 2019



NTNU – Trondheim
Norwegian University of
Science and Technology

Abstract

Recent increased focus on fish welfare and production efficiency induces the need for technology that is able to detect and control the health level of the fish in all of the stages of fish farming. In this paper, five different hyper spectral pixel classification schemes are used to classify hyper spectral pixels of imitated operculum shortening. One of the methods uses a support vector machine (SVM) approach on data that has undergone principal component transformation. Three methods has a 1D convolutional neural network (1D-CNN) structure and utilize spectral information from the full spectral range, five or three selected bands. The last method is a simple fully connected neural network (FC-NN) that consist of one hidden layer. The data used is acquired using a pushbroom hyper spectral imaging (HSI) camera in the spectral range 399nm – 1002nm where only the subrange 410nm – 660nm is used.

Experimental results shows that every classifier has excellent performance for this purpose using the aquired hyperspectral data. The neural networks using three spectral bands are seen as the most functional in an potential real time application due to their simple network structure, required data and preprocessing needs.

List of Figures

1	Simplistic illustration of difference between grayscale image, RGB image and HSI image with respect to bands/layers and pixel intensities. Yellow squares represent a single pixel in the images. The pixel intensities for each corresponding band are showed above the images.	3
2	Illustration of four different HSI methods and their respective main camera components. A illustrates point scanning. B illustrates line scanning. C illustrates spectral scanning. D illustrates snapshot scanning.	5
3	Sketch of how reflectance, transmittance and interactance mode differs.	5
4	Illustration of a simple two-dimensional PC transformation.	6
5	Linearly separable binary classification problem with nomenclature and constituents of a SVM solution.	7
6	Illustration of how an artificial neuron works.	10
7	Fully connected feed forward network with a single hidden layer.	10
8	Visualization of how 1D convolution works for several time sequences, or input features, illustrated in light colors. The kernel moves in the direction of the sequence and extract patches that is transformed into new elements in the output sequence.	11
9	1D convolution between a input sequence of size 10 with a 32 filter of size 1×3 , stride of 1 and zero padding. The resulting output shape is 32×8 . . .	12
10	1D max pooling operation using a filter with size 1×2 and a stride of 2. . . .	12
11	Specim Labscanner Setup	14
12	Example of how training data was labeled using the supervisely annotation platform. Green and yellow labeling illustrates pixels that visually are recognised as deformity and not deformity respectively. Regions that are not marked does either visually contain blood stains from prehandling of the fish or is within the boundary region.	15
13	Preprocessing steps for SVM and NN dataset. A) Spatial description of the preprocessing steps. B) Spectral description of the preprocessing steps. . . .	16
14	Spectral profile of imitated deformity pixels before spectral band rescaling, sampling and normalization.	17
15	Architecture for the four NN classifiers.	20
16	PC transformed data samples depicted in 3D spanned by the three first PCs. . . .	21
17	Spectral profile of real deformity pixels gathered from Mowi's flow through facility at Slørdal.	22
18	(A) Histogram equalized visualisation of test dataset using the bands at 413.9nm, 495.03nm and 578.18nm as RGB colours. (B) 5PC-SVM test results. (C) Full-1D-CNN test results. (D) 5band-1D-CNN test results. (E) 3band-1D-CNN test results. (F) 3band-FC-NN test results.	24

List of Tables

1	True positive, or hit, is the number of correct predictions. False positive, or false alarm, is the number of falsely made predictions. False negative, or miss, is the number of falsely made rejections. True negative is the number of correct rejections.	18
2	Evaluation on validation set.	23
3	Confusion matrices from classification on the validation set. P = Prediction, R = Rejection.	23
4	Evaluation on test set.	23
5	Confusion matrices from classification on the test set. P = Prediction, R = Rejection.	23

Contents

Abstract	i
List of Figures	ii
List of Tables	iii
1 Introduction	1
2 Theory	3
2.1 Hyperspectral imaging	3
2.2 Principal component analysis	6
2.3 Support-vector machine	6
2.4 Artificial neural networks	9
2.4.1 Neural network components	9
2.4.2 Neural network topology and layers	10
2.4.3 Training artificial neural networks	12
3 Material and methods	14
3.1 Image acquisition	14
3.2 Data labeling	15
3.3 Data preprocessing	16
3.4 Training and classification	18
3.4.1 Evaluation metrics	18
3.4.2 Architecture and hyperparameters	19
4 Results	21
4.1 Spectral analysis	21
4.2 Initialization and training	22
4.3 Validation results	22
4.3.1 Test results	23
5 Discussion	25
5.1 Disparity between validation and test results	25
5.2 Band selection	26
5.3 Spatial inspection of misclassifications	26
5.4 Imitated vs real operculum shortening	27
5.5 Neural network structure	27
5.6 Setup and real time applications	28
5.7 Future work	28
6 Conclusion	30
References	31

1 Introduction

Norwegian salmon production has been facing a strong production and economic growth over the last few decades [Statistisk sentralbyrå, 2019a,b]. The growing interest of aquaculture in Norway also brings forth the question of fish welfare. Good fish welfare is important for the quality of the final product, production efficiency and to maintain the dignity of the fish as a living being. To this date, there is a lack in technology that promote good individual-based aquaculture. A single cage can hold hundreds of thousands of fish individuals, making it nearly impossible to have complete control over the total welfare within this system. It is therefore of high interest to develop new technology that enhances production efficiency and simultaneously enforces good fish welfare in all of the biological phases of aquaculture.

Fish farming in Norway is imposed to follow numerous of laws and regulations tied to environmental, sustainable and ethical aspects of the industry as a whole. The welfare of fish is protected by the Animal Welfare Act [Ministry of Agriculture and Food, 2009], but there is still some conceptual unclarity tied to the meaning of fish welfare. Fishwell [Nofima, 2018] was a research project by Nofima trying to give a substantial foundation to the meaning of fish welfare. The result was a manual of the best collected knowledge about fish welfare to this date. The welfare indicators stated in this book are meant to be used as guidelines for best practice aquaculture that preserves the fish welfare [fis, 2019]. One of the welfare indicators mentioned in this manual is the opercular deformity. This type of deformity has been discussed in several research papers and seems to be connected to intensive aquaculture [Koumoundouros et al., 1997]. The gills of the salmonoids are arranged on four-gill arches placed on each side of the head and are covered by the operculum that has a pump like feature to ensure good water flow through the respiratory system. Gas exchange, osmoregulation, acid-base regulation and excretion of nitrogenous waste products are the main functionality of the gills [Wilson and Laurent, 2002, Bruno et al., 2013], thus good water flow over the gills is very important. Exposed gills increases the chances of bacterial infections and diseases and hence increased chances of mortality [Eriksen et al., 2007]. Fish with shortened operculum uses more energy than normal fish since it has to compensate for the poor water flow over the gills by increasing its swimming speed [Nofima, 2018, Bruno et al., 2013]. The additional energy consumption can result in reduced weight gain [Burnley et al., 2010], which again influences the the fish farm's production efficiency

Hyperspectral imaging (HSI) is an data acquisition technique that combines regular imaging techniques with spectroscopy, generating spatial images with spectral information associated with each pixels. HSI originated from NASAs multispectral research for remote sensing in the mid 1960s which resulted in the Landsat program [NASA, 2019], and has since seen its purpose in several well established fields of science such as geology, geochemistry and mineralogy [Clark and Swayze, 1995, Van der Meer et al., 2012], art conservation [Fischer and Kakoulli, 2006], agriculture, food- safety and quality [Dale et al., 2013] and medicine [Lu and Fei, 2014]. Over the years some HSI research has been done connected to aquaculture as well. Some examples are, discrimination of skin color of Rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) on different diets [Saberioon et al., 2019], measurment of water-holding capacity distribution in salmon flesh [Wu and Sun, 2013] and spectral classification of atlantic cod's roe, milt and liver [Paluchowski et al., 2016].

This project thesis will cover five different methods for classifying reflectans HSI pixels of imitated opercular shortening on atlantic salmon undergoing smoltification. The first method

uses a combination of principle component analysis (PCA) and support vector machine (SVM) to be able to classify HS pixels. Three of the methods consist of one dimensional convolutional neural networks (1D-CNNs) with different network structure and input space, one using the full spectral range, one using 5 spectral bands and the last using only three spectral bands. The last method is a simple fully connected neural network (FC-NN). Raw reflectance HSI data needs to be intensity calibrated, band rescaled and intensity normalized before continuing with either one of the methods mentioned above. SVM was chosen as a viable classifier because it is a well known method used for classifying limited amount of high dimensional data, such as HSI data [Ghamisi et al., 2017]. 1D-CNN was applied to this problem as an alternative method to SVM. CNNs are specialized in processing grid like data, such as sequenced and time series data (1D), images and multiple sequenced data (2D) and video data or volumetric images (3D) [LeCun et al., 2015, Goodfellow et al., 2016]. CNNs in the traditional sense has a ability to extract interesting features from the input data, thus excelling at classification problems. The idea of CNNs dates back to the 1970s, but the modern sense of CNN was introduced by LeCun et al. [1998] in 1998. Originally it was designed to use with 2D structured data such as images, but the concept has later been prolonged to use with 1D data series and 3D structured data. Some examples where 1D-CNN has been used is vibration-based structural damage detection from 1D accelerometer time series [Abdeljaber et al., 2017] and spectral characteristic classification of HSI data [Hu et al., 2015]. Experimenting with the 1D-CNN lead to the development of the two 1D-CNNs with reduced input space, and furthermore the FC-NN to compare the the effects of using one convolutional layer in 3band-1D-CNN before the fully connected part of the same network.

2 Theory

2.1 Hyperspectral imaging

Hyperspectral imaging is a technique that collects bounded spectral information of a depicted region. The technique is limited by a spectral as well as a spatial resolution tied to each pixel in the image. Accordingly, the resulting image is called a hypercube containing both spatial and spectral data. To get a grasp of how HSI works, a comparison with regular imaging technique is conducted.

A regular 8-bit grayscale image consists of a 2D array of values between 0 and 255 spanned by two spatial directions x and y . Each entry in the array is called a pixel, and the value within that pixel represent the intensity of light, or shade of gray, at that position. 0 means total absence of light (or black), and 255 is total presence of light (or white). Extending this into three dimension makes it possible to construct color images. A color image usually consists of three layers of 2D arrays, hereby called bands, that jointly describes the intensity from three passbands in the visual electromagnetic spectrum red, green and blue (RGB) of that image. Continuing this analogy by expanding the number of bands to several passbands in the visible and near infrared (VNIR) spectrum a hypercube is constructed. High spectral resolution allows for detailed spectral information about each pixel in the image, thus creating a whole new landscape of information about the depicted object. Figure 1 shows an oversimplified explanation of the difference between grayscale, RGB and HSI image formats with bands in mind.

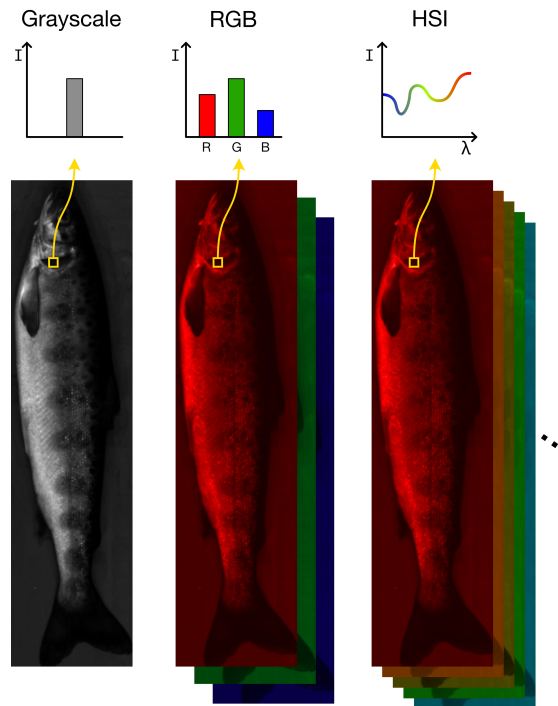


Figure 1: Simplistic illustration of difference between grayscale image, RGB image and HSI image with respect to bands/layers and pixel intensities. Yellow squares represent a single pixel in the images. The pixel intensities for each corresponding band are showed above the images.

The most important note to take from fig. 1 is the intensity-band plot for the HSI image. A HSI pixel consists of n values, one for each band, compared to one and three values for Grayscale and RGB images respectively. The intensity-band plot represent the VNIR spectral characteristic of a single pixel. Different substances and materials usually has their own specific spectral characteristics and hence a lot of information can be gathered from each pixel.

Different methods are used for hyperspectral image acquisition. Most of the HSI methods build on the principle of scattering light into its fundamental spectral components. This is usually done by a dispersive element such as a prism or diffraction grating. The dispersed light then hits several light detectors that measures the intensity of the light. The image acquisition time, spectral resolution, spatial resolution and working method of the HSI sensor depends on the complexity of the sensor. Three of the main collective HSI acquisition techniques can be summarized as spatial scanning, spectral scanning and snapshot scanning.

Spatial scanning collects data by scanning the area of interest. A complete spectral profile for each point in the scanning area is gathered while scanning. There are two methods of doing this. (1) Point scanning or (2) line scanning. Point scan is the name of the method where one traverse through every point in the scan area from side to side, thus it is often called whiskbroom scanning. This scanning method has only a single 1D array of detectors in the sensor that sample the dispersed point spectrum. Line scan, as the name suggests, collects spectral information from lines of points in the scan area at the same time. Since it only scans in one direction it is called Pushbroom scanning. It is able to achieve this since the sensor consist of a 2D array of detectors that sample the dispersed spectra of each point in the line at the same time. A and B in figure fig. 2 explains the difference between the two spatial scanning methods in a simplistic way.

Spectral scanning is done by focusing on a single spectral passband at a time. Spectral filters are commonly used to achieve this. This allows for full area scanning at each time step, and by iterate through the spectral filters one by one a hypercube is created. C in fig. 2 illustrates how this is done.

Snapshot scanning is the only method that collects a complete hypercube simultaneously. The sensor is more complex than the other methods since it includes an image mapper, a prism array and a larger 2D detector array. The image mapper maps the incoming light from the the scan area into several light beams that solely covers information from a single line in the scan area. The prism array is basically an array of dispersive elements (e.g. prisms) that scatters the light for each light beam generated by the image mapper onto a 2D array detector. D in fig. 2 illustrates how this is done.

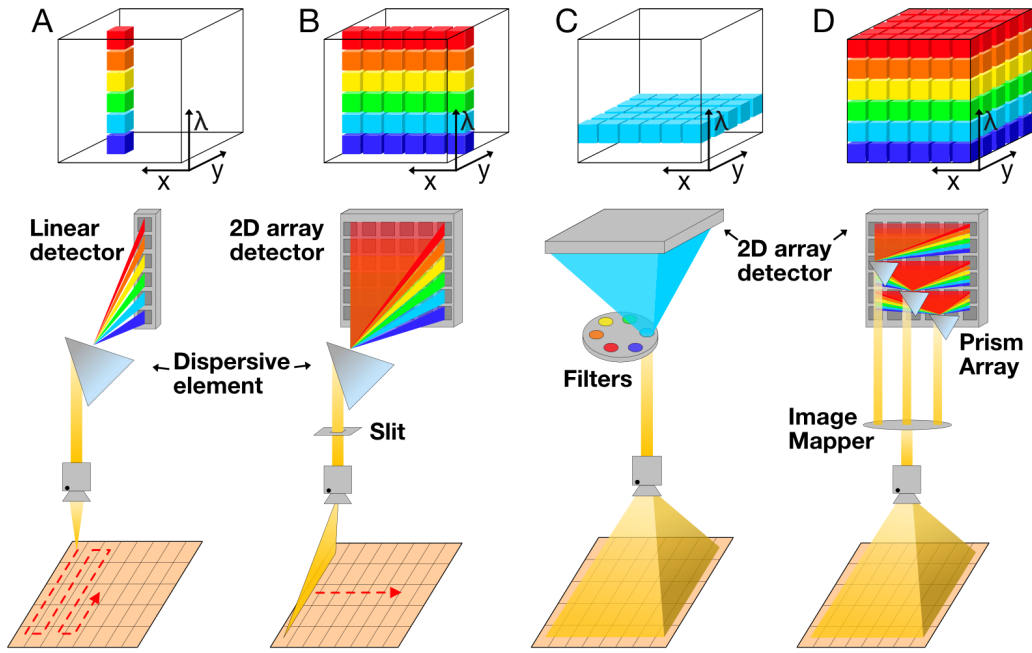


Figure 2: Illustration of four different HSI methods and their respective main camera components. A illustrates point scanning. B illustrates line scanning. C illustrates spectral scanning. D illustrates snapshot scanning.

There are three main HSI setup modes commonly used. The modes describes the physical HSI setup and mainly differs in how the light source is placed with respect to the HSI sensor. The different modes are called reflectance mode, transmittance mode and interactance mode. Using a reflectance mode setup, the light source is placed such that the light is reflected of the object before reaching the sensor. In transmittance mode, the object is placed between the light source and the sensor. Interactance mode requires that the light source and the sensor is separated by a light barrier in a way that the light that reaches the sensor is the light that is not absorbed by the object.

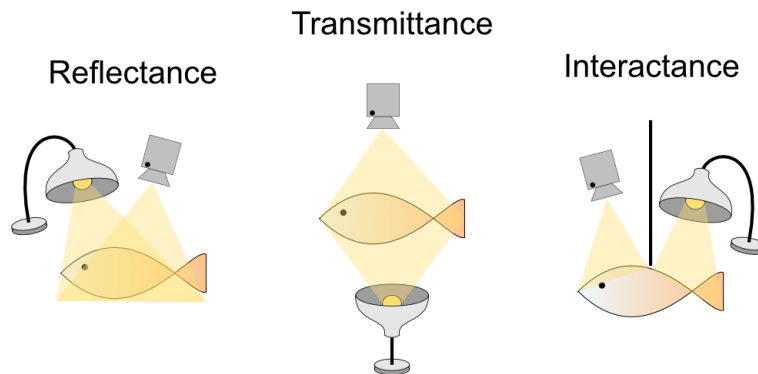


Figure 3: Sketch of how reflectance, transmittance and interactance mode differs.

2.2 Principal component analysis

Principal Component Analysis (PCA) is a statistical method for extracting dominant features from a dataset with respect to variation. A data point in a dataset can be represented as a vector in a vector space spanned by a set of vectors called a vector basis. PCA maps data points from one vector space to a variation optimized vector space spanned by a new vector basis called principal components (PCs). The mapping is simply a linear transformation. The result of a PC transformation is that most of the variation of the original data is contained within a subspace spanned by a subset of the PCs. In other words, it is possible to reduce the dimensionality of the data without losing a lot of information by selectively pick the PCs containing most of the variation. In figure fig. 4 a simple PC transformation is done on a small 2D data set. Most of the variation in the depicted PC transformed data set can be projected down on PC1. A reduction in dimensionality from two to one dimensions in this case would not lead to great information loss. This is a very useful trait for data preprocessing to accentuate the distinctive features in the data, reduce calculation time and processing power.

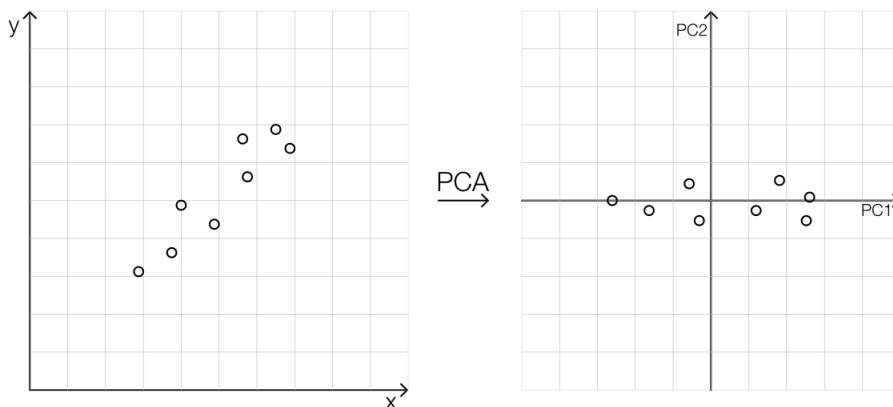


Figure 4: Illustration of a simple two-dimensional PC transformation.

2.3 Support-vector machine

A Support-Vector Machine (SVM) is a supervised machine learning method that is i.e. used as classifiers or regression analysis. The idea behind SVMs as classifiers is that the input data is mapped into a higher dimensional space with the help of a mapping function $\phi(x)$. The mapped data is then separated into two classes using a linear *separating hyperplane* [Cortes and Vapnik, 1995]. To obtain the optimal separating hyperplane a convex optimization problem needs to be solved. Hyperparameters and a mapping function is chosen in advance to ensure good generalization. Generalization in this context is tied to the classifiers ability to handle new unseen data in a good way and to avoid overfitting. For perfectly separable binary classification problems it is possible to find optimal solutions, or hyperplanes, that separates the two classes of the data. This is achieved by maximizing the SVM margin, which is the distance between two parallel hyperplanes, called *margin hyperplanes*, that separates the two classes. The separating hyperplane is located half way between the margin

hyperplanes. An illustration of the concept for a binary classification problem in 2D is shown in fig. 5.

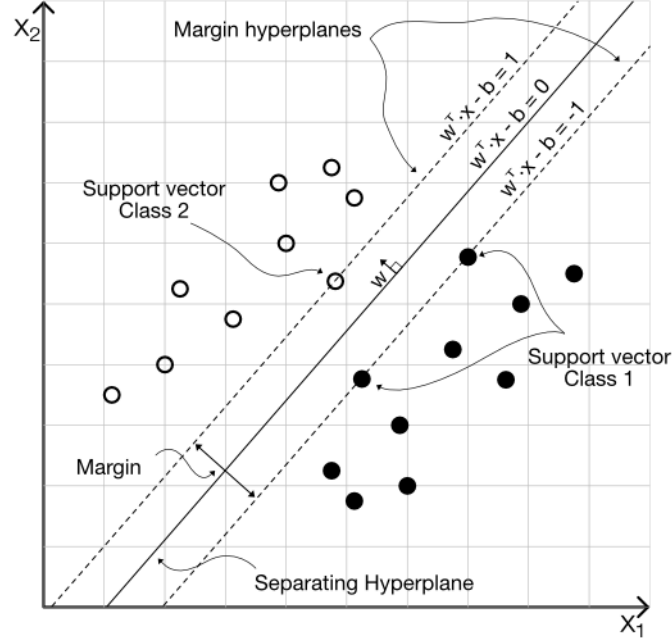


Figure 5: Linearly separable binary classification problem with nomenclature and constituents of a SVM solution.

The maths behind the SVM optimization problem are based on the simple equation of a hyperplane

$$\mathbf{w}^T * \mathbf{x} - b = 0 \quad (1)$$

Here, \mathbf{x} is a point in \mathbb{R}^n , $\mathbf{w} \in \mathbb{R}^n$ is the normal vector to the separating hyperplane and b is a constant. This can easily be recognized as a simple line in 2D. Assuming a normalized dataset and that eq. (1) describe the separating hyperplane, it is desirable that any point on either side of the separating hyperplane should be classified into two different classes. Assuming that points on one of the margin hyperplanes, so called support vectors, satisfy eq. (2a), and likewise support vectors on the other margin hyperplane satisfy eq. (2b).

$$\mathbf{w}^T * \mathbf{x} - b = 1 \quad (2a)$$

$$\mathbf{w}^T * \mathbf{x} - b = -1 \quad (2b)$$

It is desired to maximise the distance between the margin hyperplanes, as denoted in eq. (3), while fulfilling the decision rule eq. (4), where y_i indicates the class label of each corresponding data point \mathbf{x}_i .

$$\frac{2}{\|\mathbf{w}\|^2} \quad (3)$$

$$y_i(\mathbf{w}^T * \mathbf{x}_i - b) - 1 \geq 0, \quad i = 1, 2, \dots, n \quad (4)$$

Thus, the primal optimization problem, eq. (5), is obtained by minimizing the inverse of eq. (3) with eq. (4) as constraints.

$$\begin{aligned} & \underset{\mathbf{w}}{\text{minimize}} && \frac{\|\mathbf{w}\|^2}{2} \\ & \text{subject to} && y_i(\mathbf{w}^T * \mathbf{x}_i - b) - 1 \geq 0, i = 1, \dots, n \end{aligned} \tag{5}$$

The solution to this problem is an optimal solution for linearly separable classification problems, but what if the classes are not linearly separable? Cortes and Vapnik [1995] introduced the notion of hard and soft margins. Hard margin SVM is what has become the name of the optimization problem in eq. (5), since it will try to find the optimal solution for linearly separable problems and not allowing any misclassifications. Soft margins was a way to translate this solving method to linearly inseparable problems allowing for some misclassifications while keeping the margin as wide as possible. Assuming now that the problem is linearly inseparable, a set of non-negative variables ϵ_i , $i = 1, \dots, n$, are introduced. These variables are associated with their corresponding data point \mathbf{x}_i and describe the distance between the data point and its class margin hyperplane. $\epsilon_i = 0$ if \mathbf{x}_i is placed on the correct side of the margin hyperplane, and larger than 0 if not. The new and altered soft margin optimization problem is stated in eq. (6). Notice how maximization of the margin has to deal with the error distances of points that are wrongly classified. The K parameter is a hyperparameter that signifies how severe the misclassifications are weighted.

$$\begin{aligned} & \underset{\mathbf{w}}{\text{minimize}} && \frac{\|\mathbf{w}\|^2}{2} + K \sum_{i=1}^n \epsilon_i \\ & \text{subject to} && y_i(\mathbf{w} * \mathbf{x}_i - b) \geq 1 - \epsilon_i, i = 1, \dots, n \\ & && \epsilon_i \geq 0, i = 1, \dots, n \end{aligned} \tag{6}$$

Large K implies higher classifier complexity since it penalizes miss-classification a lot, hence more prone to overfitting. Likewise, to small K means low complexity thus more likely to underfit the data.

Up until now, a description of the primal form SVM problem for both hard (eq. (5)) and soft margins (eq. (6)) are described. But there is one catch. The formulated optimization problems try to find the separating hyperplane within the input space, and hence only allowing for linear separation. Sometimes it is desirable to be able to use a non-linear separation boundary, e.g. a circle, to separate data points. As stated at the start of this section, a mapping function $\phi(\mathbf{x})$ is able to map the data points into higher dimensional space that can result in a linearly separable problem within this new hyperspace. By inserting $\phi(\mathbf{x}_i)$ in to eq. (5) and eq. (6) in the place of \mathbf{x}_i , new hard and soft margin primal form SVM problems in a new higher dimensional vector space emerge which enable non-linear decision boundaries in the input space. Nevertheless, this introduces complexity to the optimization problems since we need to know what ϕ is, so a new formulation of the problem independent of ϕ is of interest. Writing the soft margin SVM problem on dual form, eq. (7), one is able to get around knowing the nature of ϕ using kernelization. α denote the lagrangian multipliers.

$$\begin{aligned}
& \underset{\boldsymbol{\alpha}}{\text{maximize}} && \sum_{i=1}^n \alpha_i - \sum_{j=1}^n \sum_{k=1}^n \alpha_j \alpha_k y_j y_k \phi(\mathbf{x}_j)^T \phi(\mathbf{x}_k) \\
& \text{subject to} && \alpha_i \geq 0, i = 1, \dots, n \\
& && \sum_{i=1}^n \alpha_i y_i = 0
\end{aligned} \tag{7}$$

Notice how the dual problem still has ϕ in it, but through kernelization this is simplified. Let $K(\mathbf{a}, \mathbf{b})$ be a symmetric, positive semi-definite function that satisfy eq. (8). Combining this kernelization with the dual problem stated in eq. (7) a problem without knowing input basis ϕ is made. The advantage of using kernelization is that it is a way to "skip" the step of mapping every data point into higher dimension, and instead calculate a dot product of data points in the input space directly, reducing computational cost.

$$K(\mathbf{a}, \mathbf{b}) = \phi(\mathbf{a})^T \phi(\mathbf{b}) \tag{8}$$

2.4 Artificial neural networks

Artificial neural networks, often just called neural networks (NN), are structured networks consisting of artificial neurons that are used to learn specific tasks. Artificial neurons are often explained as simplified versions of biological neurons where connection weights between the neurons are seen as synapses and activation functions approximate activity in the soma [Basheer and Hajmeer, 2000]. A presentation of the underlying constituents, working method and some different network topologies will be given.

2.4.1 Neural network components

As mentioned, an artificial NN consists of neurons with weighted connections between them. Each neuron has two main properties, (i) calculate the weighted input of the incoming connections and (ii) output a non-linear mapping of weighted input using an activation function. As seen from fig. 6, the weighted input z to the neuron is calculated from the inputs \mathbf{x} , weight matrix W and a bias b . The output of the neuron is the calculated output of the activation function, σ , and can be thought of as a guard that ensures high neuron activity for some inputs and little activity for others. The bias is used to shift the curve of the activation function. In other words it works like a catalyst that if the input is big makes it easier for the activation function give an active output and vice versa.

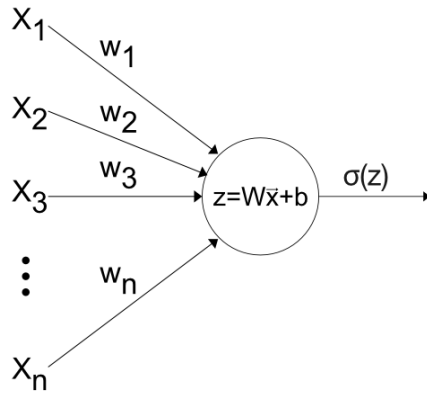


Figure 6: Illustration of how an artificial neuron works.

2.4.2 Neural network topology and layers

Several different neural network topologies exist to date. The simplest structures originates from the perceptron developed in the early 1950s [Hecht-Nielsen, 1988] and has since been further developed into very intricate network topologies. Only two main structures will be covered in this report: (i) Feed forward fully connected neural network (FC-NN) and (ii) 1 dimensional convolutional neural networks (1D-CNN). In this section a simple explanation of FC-NN and 1D-CNN topology including how their network layers work will be given.

Simple FC-NNs has a very simple network structure that consist of an input layer, an output layer and frequently one or more hidden layers. All neurons are fully connected, which means that a neuron in one layer is connected to every neuron in the previous layer. Information is always fed forward through the network, never backwards [Nielsen, 2015]. This structure is illustrated in fig. 7.

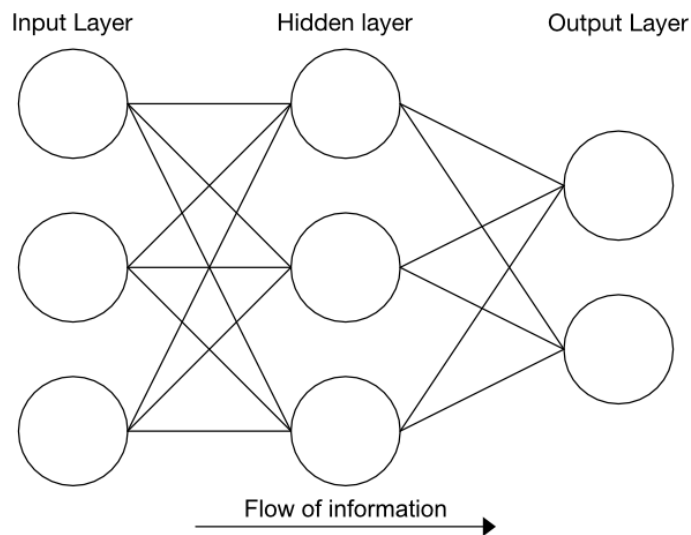


Figure 7: Fully connected feed forward network with a single hidden layer.

A convolutional neural network (CNN) is a type of deep learning neural network that is

built up of convolutional layers and pooling layers most often stacked in an alternating manner and usually followed by fully connected layers. In a CNN the convolutional and pooling section of the network is often referred to as the feature extraction part of the network, while the fully connected section at the end is called the discriminative part. What distinguishes convolutional layers and fully connected layers is several things. Most notable is that convolutional layers use the principle of local receptive field and shared weights and biases [Nielsen, 2015]. Concentrating on 1D-CNN, local receptive field can be explained as mapping of a local subset of neurons to a single neuron in the next layer. The local subset of the input sequence is called the *local receptive field* of the connected neuron in the output sequence. In fig. 8 the local receptive field of the gray output node is the gray area in of input sequence. In the same figure each entry of the filter represent a weight w_{ij} that is multiplied with corresponding entry s_{ij} of the extracted patch of the input. Since the same filter traverse the whole input, every output \hat{s} entry share weights and bias. Thus, 1D convolutional layers do not need to connect every node of the input neurons to output neurons. The 1D in 1D-CNN signify that the filter is only moving in one direction, that is, along the direction of the sequence. Like-wise 2D-CNN and 3D-CNN has filters moving in 2 and three dimensions.

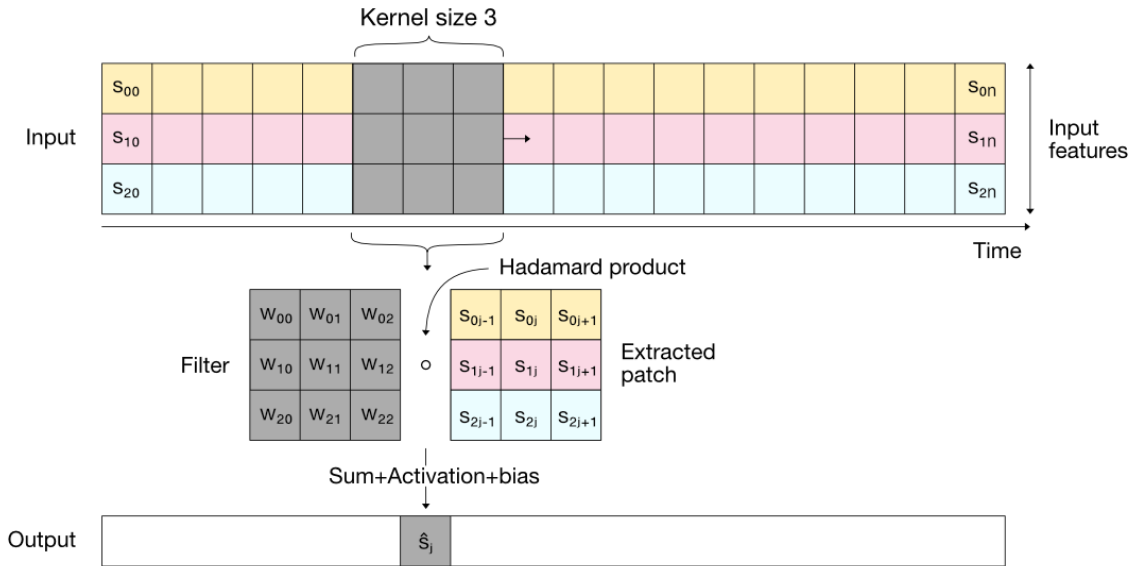


Figure 8: Visualization of how 1D convolution works for several time sequences, or input features, illustrated in light colors. The kernel moves in the direction of the sequence and extract patches that is transformed into new elements in the output sequence.

To get a better understanding of how 1D convolution works, let's discuss the simplest case where the input only has a single input feature, e.g. a time series of temperature. Assuming the sequence has a length of 10, and we are to pass this through a convolutional layer with kernel size 3, 32 filters, stride of 1 and no padding. This means that at each step, a sequence patch of size 1×3 is dot multiplied with the 32 filters separately, creating 32×1 products. The convolution is done by moving the filters through the input sequence on step at the

time since the stride is 1. No padding means that no adjustments in front or at the end of the sequence is done, thus the filters only fit at $10 - 3 + 1 = 8$ unique places along the sequence, see fig. 9.

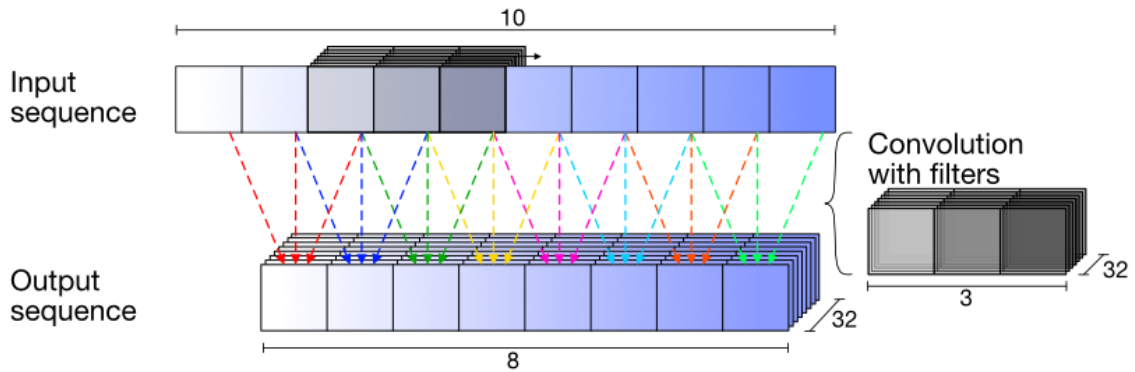


Figure 9: 1D convolution between a input sequence of size 10 with a 32 filter of size 1×3 , stride of 1 and zero padding. The resulting output shape is 32×8 .

Now that 1D convolutional layers are covered, the next layer type to discuss is the pooling layer. Pooling is used to summarize certain characteristic of subregions in the data. The justification of the use of pooling is that the data usually has local similarities within itself, thus data points that are close to each other in the data sequence usually has great correlation, especially picture data. *Max pooling* is one common pooling operation where the maximum value within a specified square neighborhood is presented in the output, see fig. 10. Another commonly used pooling operation is *Average pooling* where the average over each neighborhood is calculated and presented in the output. Pooling is useful if invariance to local translation is present [Goodfellow et al., 2016]. In simpler terms, if the data is shifted by a small amount, the resulting pooled output do not change a lot. This is important trait for a network that with good generalization.

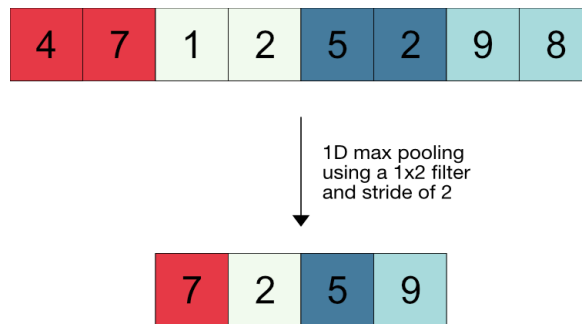


Figure 10: 1D max pooling operation using a filter with size 1×2 and a stride of 2.

2.4.3 Training artificial neural networks

The weights and biases of a network containing artificial neurons are called trainable parameters, and are updated using a backpropagation algorithm together with gradient descent.

Backpropagation, or backward propagation, is the working horse for supervised learning neural networks and is therefore an very important concept to talk about. In basic terms, the backpropagation algorithm is a method for finding the gradient of the cost function with respect to the weights and biases in the network. The gradient is calculated and used to adjust each weight and bias of a network after a forward pass, also known as output calculation for an input, is performed. It is able to do this by trying to minimize a cost function, sometimes called loss function, at the end of a forward pass. The update rules, or *gradient descent*, for the weights and biases are specified in eq. (9). In these equations w^l and b^l is the weights and bias of layer l , C is the cost function, and α is a hyper parameter called learning rate that specifies how fast the network goes towards optimal weights and biases. The reason it is called backpropagation is that it calculates the gradients layer for layer starting at the output layer. For further reading on how to find the gradient using backpropagation can be found in Rumelhart et al. [1988].

$$w_{new}^l = w_{old}^l - \alpha \frac{\partial C}{\partial w} \quad (9a)$$

$$b_{new}^l = b_{old}^l - \alpha \frac{\partial C}{\partial b} \quad (9b)$$

It is important to talk about activation functions in connection with backpropagation and gradient descent. Activation functions simply performs non-linear mapping of the weighted input to a neuron. Several different activation functions are used in connection with neural networks. One of the most known activation function within this field is the Sigmoid, eq. (10). The Sigmoid maps the input to a number between 0 and 1. Historically it has been used a lot since it is a simple way to distinguish between negative and positive inputs. Highly negative inputs tends towards 0, while positive numbers "activate" the neurons by tending towards values of 1. However, there are some drawbacks with this activation function. Sigmoids saturate and kill gradients if there are many layers in the network due to the backpropagating of small values. The sigmoid outputs are not zero-centered which is desired. What this means for the training of the network is that it will not be able to utilize the full potential of the network structure.

$$S(x) = \frac{1}{1 + e^{-x}} \quad (10)$$

Another common activation function that are better suited for deep neural networks is the rectified linear unit (ReLU), eq. (11).

$$R(x) = \max(0, x) \quad (11)$$

3 Material and methods

3.1 Image acquisition

The image acquisition was done at a flow through smolt aquaculture facility based in Åsen in Levanger run by Midt-Norsk Havbruk AS. A line scanning reflectance HSI system was used to collect the raw images. This system included a Specim sCMOS-CL-50-V10E HSI camera, operating in the spectral range 399nm-1002nm, mounted to a Specim LabScanner consisting of a rigid frame with a 21cm × 40cm moving sample tray, an illumination sources in 45 degree angle to the moving tray and a white calibration tile, see fig. 11. The camera was connected to a computer with Specims LUMO software installed. The data is saved in a folder structure that contains a raw image, white reference and dark reference in RAW format with matching HDR headerfiles. A RGB image in the PNG format constructed by the LUMO software is saved in the folder structure as well.

Data acquisition was done in parallel with Sintef's Hypersmolt project. Several pre-handling steps was performed to the fish before scanning it. The procedure was (i) anaesthetisation, (ii) Hypersmolt scanning, (iii) euthanization, (iv) gill removal on one side, (v) operculum trimming with scissors on other side, (vi) scanning of the side with trimmed operculum.

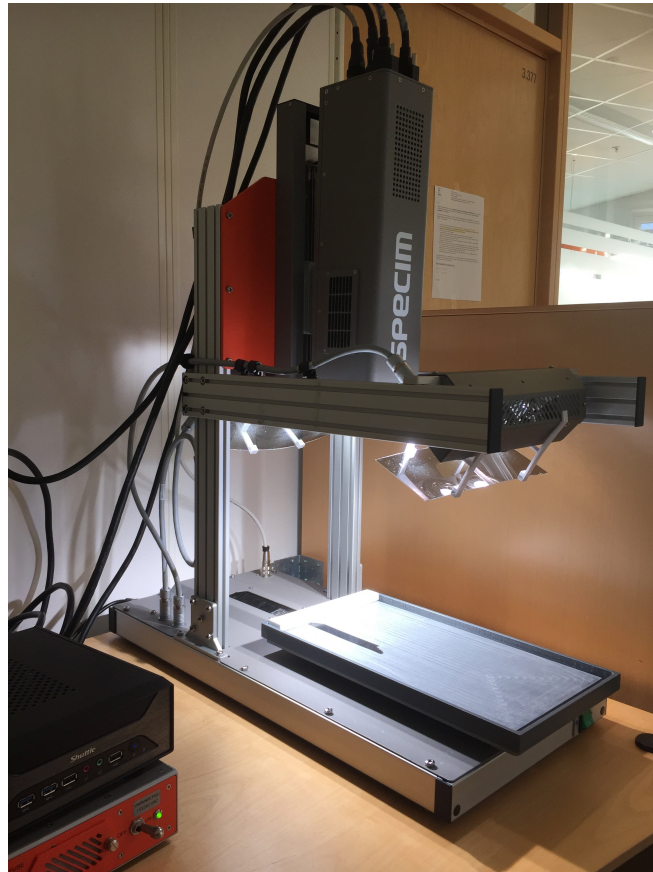


Figure 11: Specim Labscanner Setup

3.2 Data labeling

Pixels in the images needed to be labeled since supervised learning was used. The PNG pictures was imported into a online annotation platform called Supervisely. This platform allows for easy labeling and annotation of pictures as well as other features that was not used in this project. Two datasets was made. One containing data used for training, and the other containing data for testing. Since the spectral characteristics of each pixel is of importance when training the classification algorithms, the training data was conservatively labeled. That is, only pixels that was clearly distinguishable by humans was labeled. Pixels in the deformity/not deformity region, hereby called *boundary region*, was not labeled for the training data. Blood stains that was visibly present outside the boundary region was not labeled. Figure 12 shows an example of how pixel annotation was performed with Supervisely on an image used for training.



Figure 12: Example of how training data was labeled using the supervisely annotation platform. Green and yellow labeling illustrates pixels that visually are recognised as deformity and not deformity respectively. Regions that are not marked does either visually contain blood stains from prehandling of the fish or is within the boundary region.

The images that was going to be used for testing was labeled more strictly than the images used for training. Strictly in the sense that every pixel needed a label, deformity or not deformity. Therefore, close evaluation of pixels in the boundary region had to be done because this would later be used to evaluate the performance and accuracy of the classification algorithms.

Encrypted labeling information was exported in the form of a JSON file for each image. These JSON files could then be read and decrypted in the data preprocessing stage.

3.3 Data preprocessing

Raw data from the data retrieval underwent several preprocessing steps before training and testing. The preprocessing is used to transform the raw data into an understandable format used by the classification algorithms. This section will provide an clear explanation of the steps that was taken to prepare the data for learning. A graphical explanation of the preprocessing of is described in fig. 13.

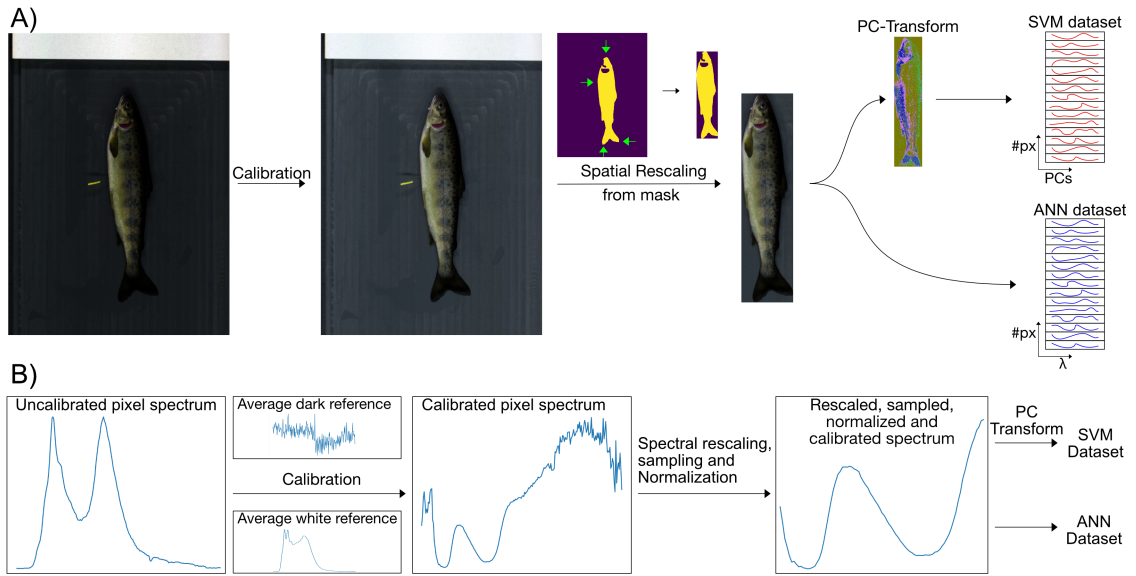


Figure 13: Preprocessing steps for SVM and NN dataset. A) Spatial description of the preprocessing steps. B) Spectral description of the preprocessing steps.

Firstly, the raw images was firstly transformed into a calibrated version of itself. Calibration of raw images was done by adjusting the intensities based on white and dark references that consists of m scan rows of the calibration tile and closed camera shutter respectively. Equation (12) is the formula used for calibration, where $I_{i,cal}$, $I_{i,raw}$ is row i in the calibrated and raw image respectively and n is the number of pixel rows in the image. D_{avg} is row average of the dark reference and W_{avg} row average of the white reference. Row-wise average is used instead of pixel-wise average to compensate for differences between the detectors in the sensor.

$$I_{i,cal} = \frac{I_{i,raw} - D_{avg}}{W_{avg} - D_{avg}} \quad i = 1, 2, \dots, n \quad (12)$$

After calibration, spatial rescaling was performed. The spatial rescaling was done by creating a sub image using the x and y positions of outermost labeled pixels of the image. Positions are found by decrypting the JSON files containing the labeled data information. Spectral rescaling was needed to remove noisy bands and to highlight the bands of interest. Analyzing plotted deformity pixel spectra in fig. 14, a clear spectral characteristic for deformities can be found in the spectral range between 410-660nm. Spectral bands over or under this range are noisy and lack clear uniqueness, thus these bands were removed. Some of the classifiers only use a minority of the bands for classification, thus band sampling was performed in those cases. This was performed by sampling evenly a preselected amount over the rescaled spectral range. Maximum normalization, eq. (13), was performed for each pixel in the spectral rescaled images. At last, the preprocessed hypercubes were saved in the HDR/IMG format with a corresponding pixel label mask in MAT format.

$$I_{i,j,norm} = \frac{I_{i,j}}{\max(I_{i,j})}, \quad i = 1, \dots, n, \quad j = 1, \dots, m \quad (13)$$

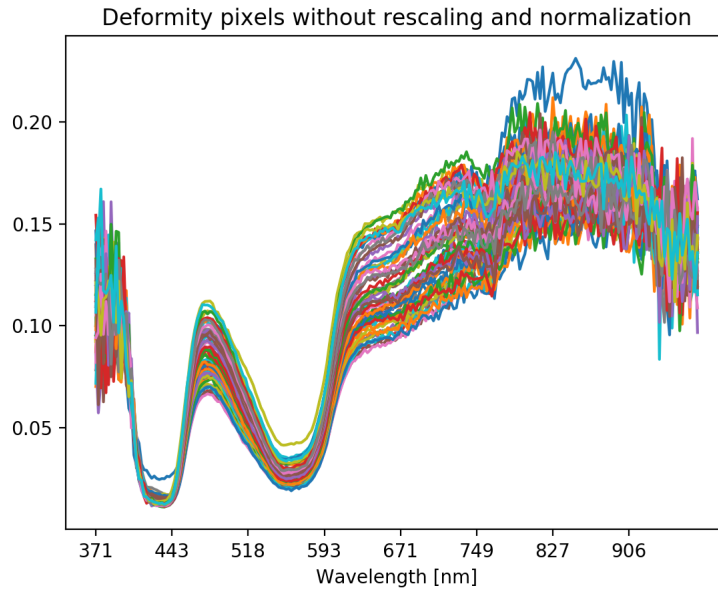


Figure 14: Spectral profile of imitated deformity pixels before spectral band rescaling, sampling and normalization.

The following steps differed a bit depending on the classifier since SVM required more preprocessing than the NN classifiers. The NN datasets were finalized by collecting all of the pre-labeled deformity labeled pixels and the same amount of randomly picked not deformity labeled pixels and stacking them pixel by pixel. PC transformation of every preprocessed image was performed using Scikit-learn PCA class [Pedregosa et al., 2011] before pixel

stacking was done for the SVM dataset. The data was reduced into a vectorspace spanned by 5 PCs through PC transformation.

3.4 Training and classification

Preprocessed pixels will hereby be denoted as data samples. After preprocessing, training of the SVM and NN classifiers was done. Every classifiers was used as discriminators, giving a class prediction, positive class (deformity) or negative class (not deformity), to each data sample it is fed. The input to the classifiers is single data samples. Therefore it was important that the classifiers only trained on data that was conservatively labeled. As explained in section 3.2, the conservative labeled data (CD) was used for training avoid erroneous training results, while the strictly labeled data (SD) was used for testing performance after training. CD and SD was composed of samples from 30 and 1 of the raw images respectively. The data was split into training set, validation set and test set. The training set was selected to be 80% of the CD, and the remaining 20% was used as validation set for model evaluation on CD after training. Test set consisted of SD samples from an entire preprocessed image.

The Keras library running on top of the Tensorflow framework was used to build, train and test the NN classifiers. The Scikit-learn library was used to build, train and test the SVM classifier.

3.4.1 Evaluation metrics

To evaluate the classifiers, precision and recall was calculated using eq. (14) and eq. (15). Table 1 explains the four possible classification outcomes.

	True	False
Prediction	True Positive (TP)	False Positive (FP)
Rejection	False Negative (FN)	True Negative (TN)

Table 1: True positive, or hit, is the number of correct predictions. False positive, or false alarm, is the number of falsely made predictions. False negative, or miss, is the number of falsely made rejections. True negative is the number of correct rejections.

$$Precision = \frac{TP}{TP + FP} \tag{14}$$

$$Recall = \frac{TP}{TP + FN} \tag{15}$$

Precision is the fraction of correctly predicted data samples over all the predictions made. While recall, is the fraction of all correct predictions out of all the positively labeled data samples.

Balanced Accuracy, eq. (16), was used instead of regular Accuracy measurements, since the test set consists of all the pixels SD which is has an unbalanced relationship between positive

and negative data samples. This does not affect the accuracy measurements of the balanced CD dataset.

$$BACC = \frac{1}{2} \cdot \frac{TP}{TP + FN} \cdot \frac{TN}{TN + FP} \quad (16)$$

The last metric used was the F1-score. It is the harmonic mean of precision and recall, see eq. (17). F1 score of 0 is considered the worst performance, while 1 is the best.

$$F1 = 2 \cdot \frac{Precision \cdot Recall}{Precision + Recall} \quad (17)$$

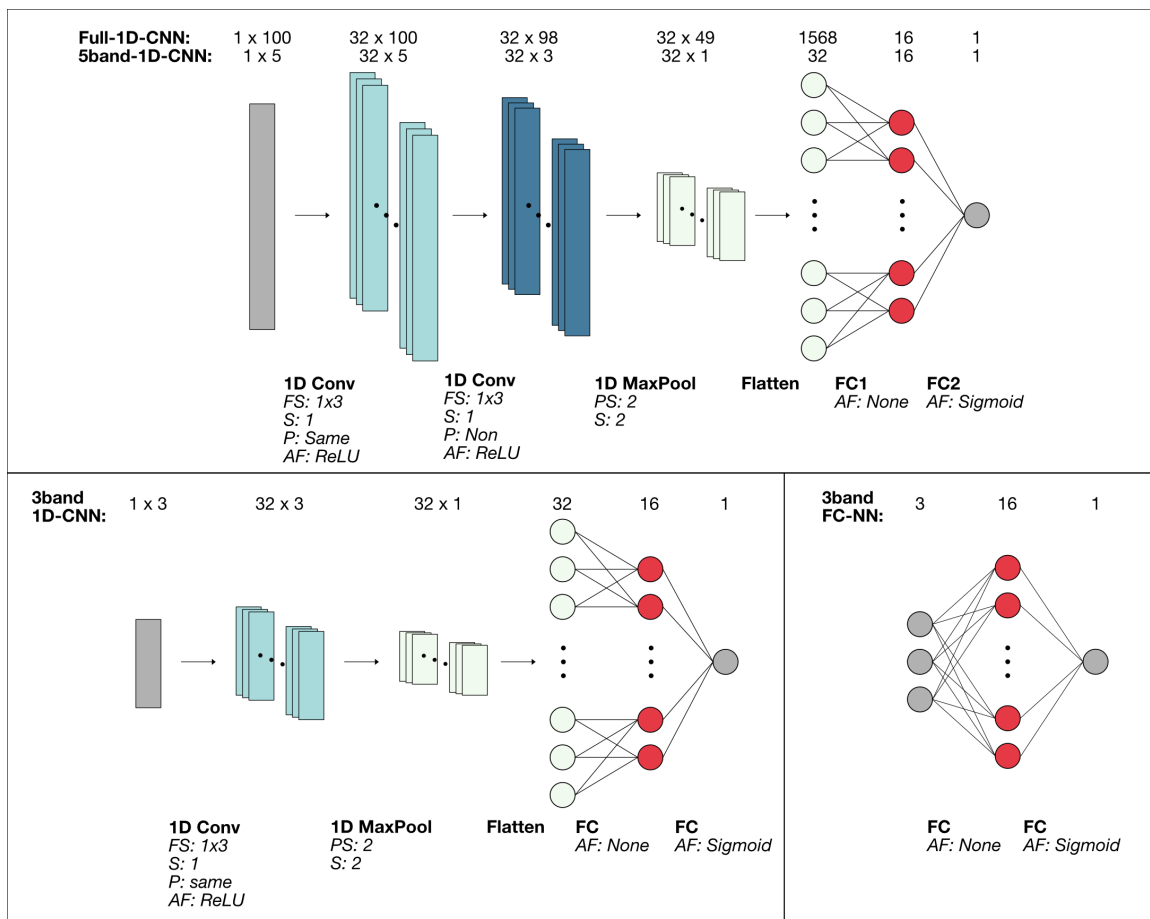
Confusion matrices was also used for easy inspection of classification results.

3.4.2 Architecture and hyperparameters

Full-1D-CNN and 5band-1D-CNN consists of two 1D convolutional layers, one 1D max pooling layer and two FC layers. The architecture was inspired by the proposed architecture in Hu et al. [2015]. An additional 1D convolutional and extra filters was added to the network structure from experiments. 3band-1D-CNN is a bit simpler reducing the network structure with one 1D convolutional layer due to the reduced input space. The simplest architecture was given to 3band-FC-NN with only two FC. This structure was created to see if there was an considerable effect of using a convolutional layer before the FC part of the network for a small input space of 3 bands. All of the architectures are visualised in fig. 15

Every NN was fitted using binary cross entropy loss function, Adam optimizer with Keras' default initialization parameters. That is, learning rate of 0.001 and decay rates $\beta_1 = 0.9$ and $\beta_2 = 0.999$. Activation functions, and layer parameters used are specified in fig. 15, and was mainly chosen based on the size of the input and literature. Batch size and epoch numbers was found from experiments using early stopping on validation loss calculated each epoch while training with 80% of the training set and 20% of the training set for epoch validation. Training several times with early stopping gave a good indicator of what the optimal epoch number was for each of the NNs. The final training was then conducted without epoch validation such that 100% of the training set was used for training alone.

Hyperparameters for the SVM model was based on the default parameters for radial basis function (RBF) kernelization.



FS = Filter size, S = Stride, P = Padding type, AF = Activation Function, PS = Pooling Size

Figure 15: Architecture for the four NN classifiers.

4 Results

4.1 Spectral analysis

Figure 16 illustrates where the deformity data and fish data exists in three dimensions spanned by the three first PCs.

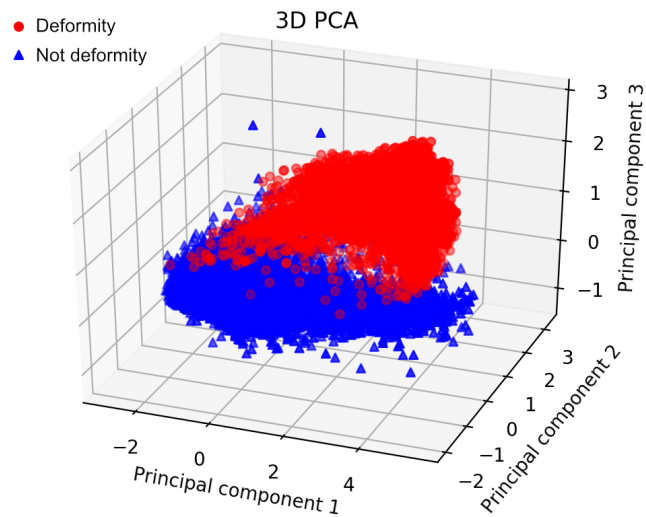


Figure 16: PC transformed data samples depicted in 3D spanned by the three first PCs.

Spectra of real operculum shortening gathered from another Hypersmolt dataset collected at Mowi's (earlier Marine Harvest) flow through facility at Slørdal, Snillsfjord, is presented in fig. 17.

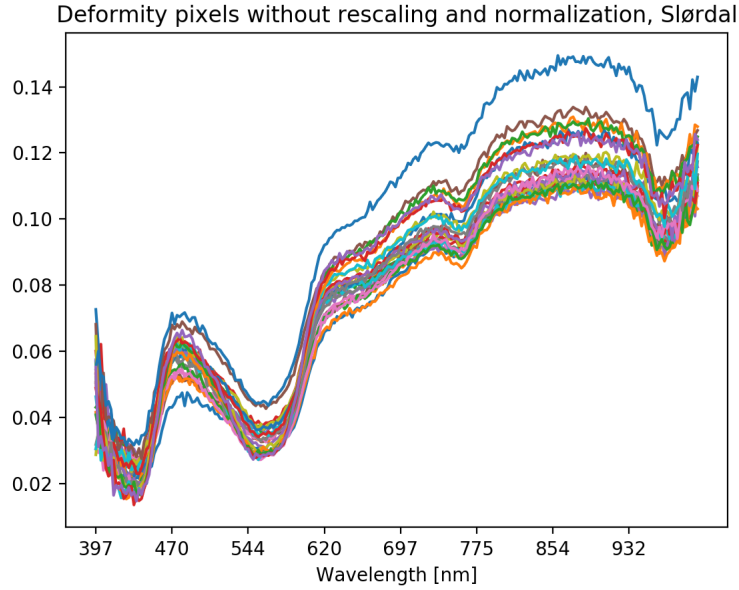


Figure 17: Spectral profile of real deformity pixels gathered from Mowi's flow through facility at Slørdal.

4.2 Initialization and training

The 5PC-SVM classifier was fitted using RBF kernalization with scaled gamma parameter, and cost parameter $K = 1$. Full-1D-CNN was trained on the full preprocessed rescaled spectral range for 3 epochs using a batch size of 300. 5band-1D-CNN was trained using 5 preprocessed bands: 411.48nm, 460.34nm, 510.01nm, 560.04nm, 611.38nm, for 6 epochs with batch size of 300. 3band-1D-CNN was trained using 3 preprocessed bands: 413.9nm, 495.03nm, 578.18nm, for 10 epochs with batch size of 200. 3band-FC-NN was trained using the same preprocessed bands as 3band-1D-CNN but for 20 epochs with a batch size of 200.

There was 12846 data points in the preprocessed CD datasets that were split into training sets of 10276 data points and validation sets of 2570 data points. Preprocessed SD datasets was used as test sets, and consisted of 76112 data points.

4.3 Validation results

The results from running experiments on the validation set is shown in table 2, and the corresponding confusion matrices are shown in table 3.

Model	F1	BACC	Precision	Recall
5PC-SVM	0.9964	0.9965	0.9961	0.9968
Full-1D-CNN	0.9961	0.9961	0.9953	0.9969
5band-1D-CNN	0.9942	0.9942	0.9953	0.9930
3band-1D-CNN	0.9828	0.9829	0.9859	0.9797
3band-FC-NN	0.9768	0.9770	0.9873	0.9665

Table 2: Evaluation on validation set.

	5PC-SVM		Full-1D-CNN		5band-1D-CNN		3band-1D-CNN		3band-FC-NN	
	True	False	True	False	True	False	True	False	True	False
P	1281	5	1281	6	1276	6	1259	18	1242	16
R	4	1280	4	1279	9	1279	26	1267	43	1269

Table 3: Confusion matrices from classification on the validation set. P = Prediction, R = Rejection.

4.3.1 Test results

The results from running experiments on the test set is shown in table 2, and the corresponding confusion matrices are shown in table 3. Classification results are also presented as classification maps in fig. 18.

Model	F1	BACC	Precision	Recall
5PC-SVM	0.6935	0.9840	0.5393	0.9709
Full-1D-CNN	0.8929	0.9923	0.8163	0.9855
5band-1D-CNN	0.8766	0.9904	0.7918	0.9818
3band-1D-CNN	0.5840	0.9560	0.4286	0.9163
3band-FC-NN	0.5262	0.9355	0.3760	0.8764

Table 4: Evaluation on test set.

	5PC-SVM		Full-1D-CNN		5band-1D-CNN		3band-1D-CNN		3band-FC-NN	
	True	False	True	False	True	False	True	False	True	False
P	267	228	271	61	270	71	252	336	241	400
R	8	75609	4	75776	1	75681	23	75501	34	75437

Table 5: Confusion matrices from classification on the test set. P = Prediction, R = Rejection.

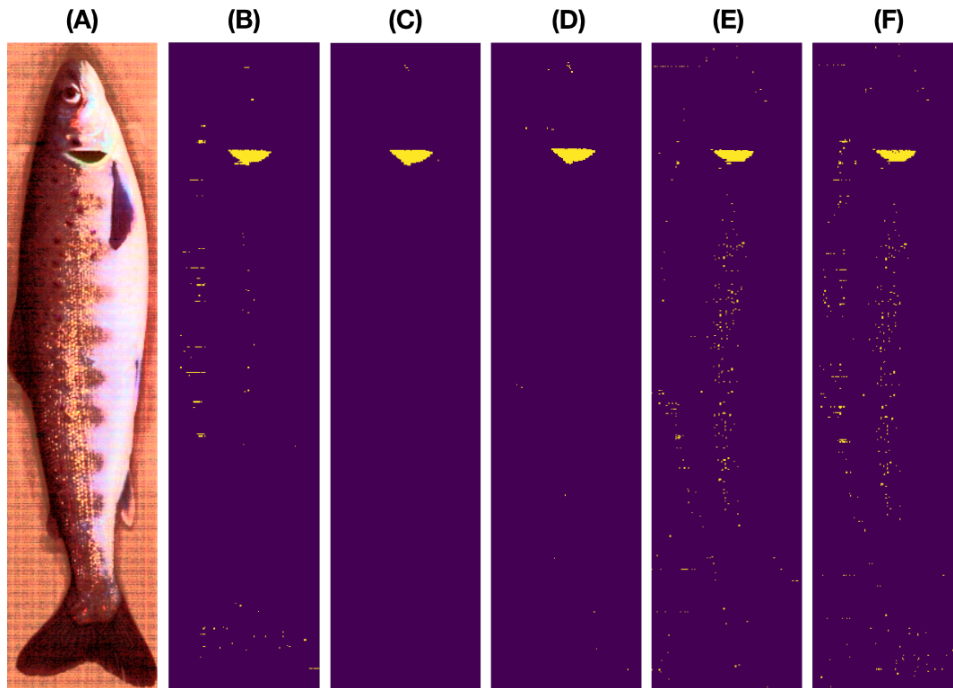


Figure 18: (A) Histogram equalized visualisation of test dataset using the bands at 413.9nm, 495.03nm and 578.18nm as RGB colours. (B) 5PC-SVM test results. (C) Full-1D-CNN test results. (D) 5band-1D-CNN test results. (E) 3band-1D-CNN test results. (F) 3band-FC-NN test results.

5 Discussion

In this section, the results presented in section 4 are discussed. Strengths and weaknesses of the setup and the conducted experiments will be highlighted. Suggestions for further work will be presented at the end of this section.

5.1 Disparity between validation and test results

An overall examination of the results presented in the previous section gives an impression of good classification ability for all of the classifiers. Every classifier provides seemingly near perfect classification on the validation set. Glancing at the test results suggests that all of the classifiers performs well on this data as well, but not as well as on the validation data. The loss in performance, based on metric results, is most notable for the 3band and SVM classifiers. The loss is also present for the Full-1D-CNN and 5-band-1D-CNN that seemingly, by inspecting fig. 18, does an extremely good job of classifying the pixels. There are four main causes for the disparity between the validation and test results. The most obvious cause is the unbalancedness of the test set. The training dataset is a balanced dataset consisting of equally many deformity data points as not-deformity data points, while the test dataset consists of every data point of a single image with 76112 pixels where only 271 pixels, or 0.36%, are labeled as deformity data points. In other words, the large unbalance will have an great impact on some of the metrics used, especially precision and the F1 score since they are highly dependent on FP predictions without weighting the importance of this type of misclassification. This effect is most prominent for the 5PC-SVM, 3band-1D-CNN and 3band-FC-NN classifier which has about the same amount or more FP predictions as TP predictions that consequently govern the precision and F1 score.

The second cause affecting the disparity is the difference in pixel labelling manner between the datasets. Data used for training was conservatively labeled while test data was strictly labeled, as mentioned in section 3.2. This affects the test results in two ways: (i) The classifiers ability to distinguish between pixels in the boundary region and (ii) deficient manually human labelling of pixels in the boundary region causing erroneous relationship between pixels that objectively are and are not deformity pixels. By counting predictions made by Full-1D-CNN in fig. 18 that are not attached to the deformity region and comparing the number with the FP number suggests that the classifier misclassify pixels in the boundary region that are not labeled as deformities. Even though the pixels was strictly labeled, one cannot exclude human labeling error here. Besides this, it can also indicate that the classifier is able to detect deformity pixels that in fact are part of the deformity, but are hard or maybe impossible to detect with the human eye. The same verdict can be given for the 5band-1D-CNN but to a smaller extent.

The third cause is the effect of randomly chosen not-deformity pixels in the training dataset to achieve balance between the classes while training. This makes the classifiers good at distinguishing between the selected not-deformity data points and deformity data points, but may perform poorly on new data from other regions on the fish surface that may resemble the spectral character of deformities more closely than others. Better results could potentially be created if careful selection of pixels had been done to generate a well suited training dataset. This influences all of the classifiers, but may be more prominent for the 5PC-SVM due to the working method of the classifier which finds the optimal separating hyperplane

between the classes, and hence more sensible to outliers if there is a lot of them and the hyperparameter tuning has not accounted for so many outliers.

Lastly, the fourth cause deals with the degree of overfitting/underfitting. This is an inevitable factor that every supervised learning algorithm is prone to. The vast training set allowed for broad training that is good for generalization, however, unintelligent selection of not-deformity training data can cause the classifiers not generalize very well on unseen data points. Early stopping was used for the NNs to find good choices for epoch numbers before the final training to avoid overfitting. More exploration to find the optimal batch sizes, hyperparameters, activation functions and network topology could probably be done. When it comes to the SVM classifier, hyperparameter tuning and choice of kernelization is the only active method to affect generalization without changing the training data. This could be explored further.

Other minor causes such as pre-handling of the fish leaving blood spots on the fish surface potentially causing data point outliers, status of the fish in terms of other deformities or wounds present on the surface of the fish, illumination noise and hardware faults could potentially also affect the classification skill of the classifiers, but are seen as negligible. On the other hand, these minor causes could also promote more generalized classifiers.

5.2 Band selection

Band selection for 5band-1D-CNN and 3band-1D-CNN was merely done by choosing evenly spaced bands on the spectral range of interest. No assumptions was made about what kind of bands would be the best for separating the two classes. It is potentially a big potential of exploration here of what bands yields the best separating features as the deformity data points possess a distinctive spectral characteristic.

5.3 Spatial inspection of misclassifications

Visual inspection of fig. 18 indicates that pixel misclassification happens sparsely and seldom cluster-wise for all of the classifiers. Simple post-processing methods can be applied to easily remove misclassified pixels. However, there are some notes that can be made about the areas where misclassifications occur for the different models. Both Full-1D-CNN and 5band-1D-CNN makes false predictions in the mouth area. There is no definite answers why this happens, but poorly chosen training samples could mean that the classifiers have not trained on data points from this area that might have similar spectral signature as the deformity as it is a part of the respiratory system. It could also be that there is some blood in this area from the prehandling of the fish that could affect the classifications.

5PC-SVM, 3band-1D-CNN and 3band-FC-NN makes wrong predictions along the upper back of the fish, which has a darker character than the rest of the body, and at the side of the fish with a more glossy and shiny appearance. Possibly because of the large variation in the spectral profile making some pixels fall within the prediction bounds of the simple classifiers. This can be tied to maximum normalization and intensity variations. Maximum normalization makes the the spectral profile fit within a normalized intensity range between 0 and 1, thus some pixels gathered from spectral intensity variation filled areas on the surface of the fish may be remolded into a normalized spectral profile that is similar to the deformity.

Analyzing the PC transformation plot in fig. 16 spanned by the three first PCs illustrates that some outliers from both classes mix with the other class suggesting that these have a spectral profile that looks like the deformity spectral profile. These data points are most likely the ones that are misclassified.

5.4 Imitated vs real operculum shortening

When it comes to the setup and procedure used to gather the data in this project, there are some important remarks regarding the validity of the results compared with a potential setup with living fish. The data gathered are of dead salmon with parts of their operculum manually removed. Thus, there is no guarantee that the results presented in this report will reflect the true nature of real deformities on living fish. Since the fish was dead and above water under the image acquisition, normal blood flow through the gills was not present. However, by conducting an examination of the spectral profile of real and imitated operculum shortening, see fig. 17 and fig. 14, it is possible to identify similarities between spectral pattern in the real and imposed deformities, even though the illumination and camera parameters used differed. It is therefore reasonable to assume that the constituents and colour of the gill filaments plays an important role of the spectral characteristics of the reflected light in this area. Hence, using the same methodology it will be possible to use the classifiers to detect real operculum deformities.

5.5 Neural network structure

Initially the 1D-CNN network structure was chosen as an alternative to SVM because of its ability to handle 1D signal. Ongoing experimentation with the network structure allowed for extremely good results with a considerably simple network, not to mention surprisingly good results using a reduced input space of 5 and 3 values. Since no previous research was found where 1D-CNN has been used along with this kind of small input space, deduction of the working principle was needed. Considering the 3band-1D-CNN with a single 1D convolutional layer and two fully connected layers, the only difference between this kind of network structure and a the 3band-FC-NN is the convolutional layer extracting features at the start. Comparing 3band-FC-NN and 3band-1D-CNN show that the the latter overall is more accurate than the FC-NN model. Even though the differences are small, repeated experiments show that the difference is consistent. This illustrates that a convolutional layer at the start of the network is able to produce slightly better separating features from the input than by feeding the input directly into the FC part of the network. This also makes sense since the 32 different filters use will output feature maps that are focusing on the dependencies of the spectral bands' intensity levels. Hence some filters will highlight the shape and order of the band intensities and give large outputs for deformity data points, while some of the filters will not capture the shape and order of the intensities and give small outputs. This will then be used by the FC part of the network to decide if the input is a deformity or not.

The network structure for the 5band-1D-CNN is not a very good even though the network is able to classify very well. The reason is because of the 1D Max pooling layer. The input to this layer has a size 3 and the output has a size 1. Thus 33% of the information within the input is lost here because the pooling size is only 2 with stride 2 and no padding resulting

in only one pooling operation with only two of the incoming values. This could be avoided by changing the pooling stride or by adding some padding, or by changing the network structure.

5.6 Setup and real time applications

The image acquisition method and setup applied in this project is only useful for research and not time critical purposes. High spectral and spatial resolution and a large spectral range implies large hypercubes that are time consuming to acquire an process, and hence not ideal for real time applications. This is an important remark when talking about the preprocessing with the different classifiers, especially the 5PC-SVM and Full-1D-CNN. Full-1D-CNN uses the full spectrum in a spectral subregion of the original raw data and training the model is consequently reliant on a HSI camera with equally good or better spectral resolution than the SPECIM sCMOS-CL-50-V10E in the spectral range between 410-660 nm. Training of the 5PC-SVM classifier is susceptible to both spectral changes and content in the image because the PC transformation in the preprocessing stage uses the calibrated and normalized info of all the pixels in the image before mapping this info into a variance optimized space that is used for classification. under the controlled environment presented in this report gives coherent PC transformed data points from image to image. The dependency it has to the composition of the rescaled and normalized image as a whole makes this method weak in an environment where the content on the images may vary. So, 5PC-SVM would only work in a very controlled environment that ensures that the data quality and content of the input is consistent, e.g. by using a segmentation approach to extract region of interests (ROIs) from images acquired from an enclosed domain and use these as inputs to the model. 5band-1D-CNN, 3band-1D-CNN and 3band-FC-NN on the other hand, uses only a few spectral bands for classification. A camera that looks at 5 or 3 specific narrow spectral bands could be very robust and densely packed and generate relatively compact data that is more suitable for real time applications. Preprocessing for the NNs models only consists of calibration and data normalization which also are real time advantages.

One cannot neglect the irregularity in illumination under the data acquisition stage between different times at day when the acquisition was performed even though the room used with the setup was made as dark as possible. However, since the data is calibrated and normalized in the preprocessing step, the effects of this on the classification is small. A robust way of calibrating data must also be available for any spectral dependent system and must be taken into consideration when designing such a system.

5.7 Future work

In this study, only spectral interpretation of the data was done using data from a controlled environment, leaving several suggestions of improvements and further work to take this study a bit further. Some proposed research could be:

- Conduct experiments to find the optimal subset of bands to use with NNs.
- Investigate what causes the reflected spectral characteristics observed in the deformity region. E.g. Color of gill filaments, constituents of blood and nitrogenous substances.

- Experiment with network structures, hyperparameters and activation functions as well as regularization techniques to avoid overfitting.
- Test out another SVM method by considering ROIs instead of pixel wise classification.
- Test different NN architectures that takes spatial information into consideration. Examples of different network structures could be 2D CNNs and 3D CNNs. This could potentially strengthen the classifiers against lonely pixel misclassifications.
- Create a setup that can be used for real time applications by investigate hardware requirements and improve software and classification scheme. Using a subset of the bands would certainly be faster.
- Conduct experiments on living fish with operculum shortening focusing on a selected subset of bands. E.g. in an environment such as fish cages, tanks, ponds or fish tubes.
- Compare the use of narrow band methods with regular wider band RGB methods.

6 Conclusion

In this paper five different supervised learning methods was used on data collected of dead fish with imitated operculum shortening. One of the methods was a SVM that are often used with HSI data, while the four other methods was NNs whereas three are 1D-CNN based and the fourth one was a FC-NN with one hidden layer. Pixel wise classification gave results that prove 1D-CNNs to be able to classify spectral signatures equally good or better than the proposed 5PC-SVM method. All of the methods had excellent performance, and may be used for segmentation purposes with a bit of post processing. For real time applications simple structures such as the 3band methods tested in this project would be more viable than the other methods. The 5PC-SVM method is not a suitable method to use in an uncontrolled environment without extensive knowledge about the scene in the images.

References

- Fishwell, 2019. URL <https://nofima.no/prosjekt/fishwell/>.
- O. Abdeljaber, O. Avci, S. Kiranyaz, M. Gabbouj, and D. J. Inman. Real-time vibration-based structural damage detection using one-dimensional convolutional neural networks. *Journal of Sound and Vibration*, 388:154–170, 2017.
- I. A. Basheer and M. Hajmeer. Artificial neural networks: fundamentals, computing, design, and application. *Journal of microbiological methods*, 43(1):3–31, 2000.
- D. W. Bruno, P. A. Noguera, and T. T. Poppe. *A colour atlas of salmonid diseases*, volume 91. Springer Science & Business Media, 2013.
- T. Burnley, H. Stryhn, H. Burnley, and K. Hammell. Randomized clinical field trial of a bacterial kidney disease vaccine in atlantic salmon, salmo salar l. *Journal of fish diseases*, 33(7):545–557, 2010.
- R. N. Clark and G. A. Swayze. Mapping minerals, amorphous materials, environmental materials, vegetation, water, ice and snow, and other materials: the usgs tricorder algorithm. 1995.
- C. Cortes and V. Vapnik. Support-vector networks. *Machine learning*, 20(3):273–297, 1995.
- L. M. Dale, A. Thewis, C. Boudry, I. Rotar, P. Dardenne, V. Baeten, and J. A. F. Pierna. Hyperspectral imaging applications in agriculture and agro-food product quality and safety control: a review. *Applied Spectroscopy Reviews*, 48(2):142–159, 2013.
- M. Eriksen, Å. Espmark, B. Braastad, R. Salte, and M. Bakken. Long-term effects of maternal cortisol exposure and mild hyperthermia during embryogeny on survival, growth and morphological anomalies in farmed atlantic salmon salmo salar offspring. *Journal of Fish Biology*, 70(2):462–473, 2007.
- C. Fischer and I. Kakoulli. Multispectral and hyperspectral imaging technologies in conservation: current research and potential applications. *Studies in Conservation*, 51(sup1): 3–16, 2006.
- P. Ghamisi, J. Plaza, Y. Chen, J. Li, and A. J. Plaza. Advanced spectral classifiers for hyperspectral images: A review. *IEEE Geoscience and Remote Sensing Magazine*, 5(1): 8–32, 2017.
- I. Goodfellow, Y. Bengio, and A. Courville. *Deep Learning*. MIT Press, 2016. <http://www.deeplearningbook.org>.
- R. Hecht-Nielsen. Neurocomputing: picking the human brain. *IEEE spectrum*, 25(3):36–41, 1988.
- W. Hu, Y. Huang, L. Wei, F. Zhang, and H. Li. Deep convolutional neural networks for hyperspectral image classification. *Journal of Sensors*, 2015, 2015.
- G. Koumoundouros, G. Oran, P. Divanach, S. Stefanakis, and M. Kentouri. The opercular complex deformity in intensive gilthead sea bream (*sparus aurata* l.) larviculture. moment of apparition and description. *Aquaculture*, 156(1-2):165–177, 1997.

- Y. LeCun, L. Bottou, Y. Bengio, P. Haffner, et al. Gradient-based learning applied to document recognition. *Proceedings of the IEEE*, 86(11):2278–2324, 1998.
- Y. LeCun, Y. Bengio, and G. Hinton. Deep learning. *nature*, 521(7553):436–444, 2015.
- G. Lu and B. Fei. Medical hyperspectral imaging: a review. *Journal of biomedical optics*, 19(1):010901, 2014.
- Ministry of Agriculture and Food. Animal welfare act, 2009.
<https://www.regjeringen.no/en/dokumenter/animal-welfare-act/id571188/>.
- NASA. Landsat history, 11.14 2019.
<https://landsat.gsfc.nasa.gov/about/history/>.
- M. A. Nielsen. *Neural networks and deep learning*, volume 25. Determination press San Francisco, CA, USA:, 2015.
- Nofima. Velferdsindikatorer for oppdrettslaks : hvordan vurdere og dokumentere fiskevelferd, 2018.
- L. A. Paluchowski, E. Misimi, L. Grimsmo, and L. L. Randeberg. Towards automated sorting of atlantic cod (*gadus morhua*) roe, milt, and liver—spectral characterization and classification using visible and near-infrared hyperspectral imaging. *Food Control*, 62: 337–345, 2016.
- F. Pedregosa, G. Varoquaux, A. Gramfort, V. Michel, B. Thirion, O. Grisel, M. Blondel, P. Prettenhofer, R. Weiss, V. Dubourg, J. Vanderplas, A. Passos, D. Cournapeau, M. Brucher, M. Perrot, and E. Duchesnay. Scikit-learn: Machine learning in Python. *Journal of Machine Learning Research*, 12:2825–2830, 2011.
- D. E. Rumelhart, G. E. Hinton, R. J. Williams, et al. Learning representations by back-propagating errors. *Cognitive modeling*, 5(3):1, 1988.
- M. Saberioon, P. Císar, L. Labbé, P. Soucek, and P. Pelissier. Spectral imaging application to discriminate different diets of live rainbow trout (*oncorhynchus mykiss*). *Computers and Electronics in Agriculture*, 165:104949, 2019.
- Statistisk sentralbyrå. 07326: Akvakultur. salg av slaktet matfisk, etter år. hele landet, laks, matfisk (1 000 kr)., 10.24 2019a.
<https://www.ssb.no/statbank/table/07326/chartViewLine>.
- Statistisk sentralbyrå. 07326: Akvakultur. salg av slaktet matfisk, etter år. hele landet, laks, matfisk (tonn)., 10.24 2019b.
<https://www.ssb.no/statbank/table/07326/chartViewLine/>.
- F. D. Van der Meer, H. M. Van der Werff, F. J. Van Ruitenbeek, C. A. Hecker, W. H. Bakker, M. F. Noomen, M. Van Der Meijde, E. J. M. Carranza, J. B. De Smeth, and T. Woldai. Multi-and hyperspectral geologic remote sensing: A review. *International Journal of Applied Earth Observation and Geoinformation*, 14(1):112–128, 2012.
- J. M. Wilson and P. Laurent. Fish gill morphology: inside out. *Journal of Experimental Zoology*, 293(3):192–213, 2002. ISSN 0022-104X.
- D. Wu and D.-W. Sun. Application of visible and near infrared hyperspectral imaging for

non-invasively measuring distribution of water-holding capacity in salmon flesh. *Talanta*, 116:266–276, 2013.



Teknologi for et bedre samfunn
www.sintef.no