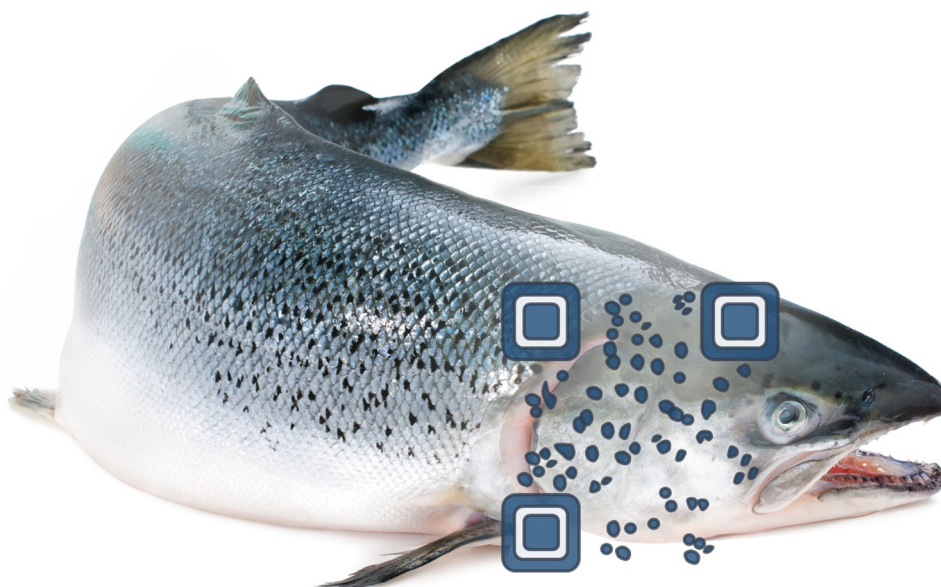
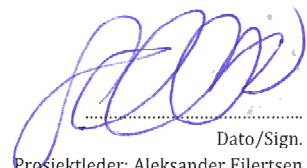


# Identifikasjon av lakseindivider — *Biometri fase 1 (SalmID)*



«Ett unikt mønster for hvert individ»



Dato/Sign.  
Prosjektleder: Aleksander Eilertsen

06.10.2017



Dato/Sign.  
Kvalitetssikrer: Harry Westavik



Dato/Sign.  
Prosjekteier: Marit Aursand

06.10.17

FHF 901263 / SINTEF302002363  
Identifikasjon av lakseindivider—Biometri fase 1. (SalmID)

Rapportnummer: OC2017 A-178  
Dato: 2017.10.04

Forfattet av:

Aleksander Eilertsen  
Jonatan Dyrstad  
Morten Bondø

ISBN: 978-82-7174-311-6

Prosjektstøtte gjennom: Fiskeri- og havbruksnæringens forskningsfond



**Nøkkelord:**

Biometri

Prikkeidentifikasjon

Unik identifisering

Algoritmeutvikling

Deep-Learning

Laks

Oppdrett

Slakteri

Prikkemønster

Mønstergjenkjenning

Deteksjon av unike markører

Markører for identifikasjon

Produktkontroll

Produktoversikt

Logistikk

Produksjonskontroll

Individuelle tilpasning

## FORORD

I lakseindustrien er fleksibilitet svært viktig for å kunne levere et mangfold av produkter til konsumentene, på en effektiv og lønnsom måte. På samme tid ønskes det å utnytte råvaren (fisken) på den beste og mest optimale måten for mest mulig høykvalitets produkter som kan gå til forbrukeren.

For å gjennomføre en fleksibel produksjon hvor hvert enkelt individ skal kunne få en tilpasset behandling er det viktig å ha god sporing og identifikasjon på individene. Gjennom flere prosjekter i SINTEF har det vært jobbet med kvalitetsanalyse basert på ytre tekk, men nå også ved indikasjoner på indre kvalitet basert på inspeksjon av bukhulen.

For å adressere den fleksible håndteringen har SINTEF, i dette forprosjektet, jobbet med hvordan finne og bruke en unik markør på hvert individ uten å gjøre fysiske inngrep. Tidligere har det vært sett på muligheten for markering med RF-ID (radio-brikke) eller andre fysiske markeringssystem. Dette har vært noe industrien har sett på med skepsis. En fysisk markering krever ikke bare maskiner i direkte kontakt med fisken, men etterlater seg også et fysisk objekt som må håndteres senere i prosessen, et objektet som potensielt kan skade fisken — noe som vil forringe dens kvalitet.

Dette forprosjektet er basert på en idé om et system som bruker maskinsyn for å identifisere et unikt mønster som all laks har — et mønster basert på fiskens «fregner».

Laksen har et distinkt prikkemønster på hode og kroppen. Prosjektet vil fokusere på å etablere en metode for å bruke dette som en unik markør for enkeltindivider.

## PREFACE

For the salmon processing industry, flexibility is extremely important for preserve the ability to produce a large variety of products for the consumer, in an efficient and cost-effective manner. While variety and flexibility in volume and type is key – it is still waiting and needed to utilize and optimize the potential of the raw materials in such a way that the consumer can receive the best products possible.

To enable such flexible productions it is important that each individual fish gets a unique identifier making it possible for specific adaptive handling for optimized production and product care. In multiple projects at SINTEF there has been done work in the area of quality analyses on both inner and outer visual qualities.

Addressing the flexibility needed within the industry, SINTEF has for many years now seen the need for tagging of individual fish being a key challenge in the operations. RI-ID tags and other physical methods of tagging has been looked at. However, this has been something the industry have been reluctant to utilize due to the impact on the fish. This type of tagging does not only need physical contact with the fish, it also puts an object on to the fish which needs to be handled later on in the process. The object will possibly also leave a mark on the fish, devaluing the product.

In this preface project, the idea is based on the use of machine vision and inherent physical markers on the fish. It is proposed that the dot-pattern on the side of the fish is a unique signature much like a human fingerprint.

The salmon has a distinct freckle-pattern on its head and body. This project will focus on establishing a method for uniquely identifying salmon based on this pattern.

### **Keywords:**

Identification  
Unique identifiers  
Algorithm development  
Deep-Learning

Salmon  
Fish farming  
Fish slaughter

Dot patterns  
Pattern recognition  
Detection of unique markers  
Markers for identification

Production control  
Production logistics  
Logistics  
Individual adaptation

## INNHALDSFORTEGNELSE

<b>Forord</b> .....	<b>3</b>
<b>Preface</b> .....	<b>4</b>
<b>Unik identifikasjon av lakseindivider</b> .....	<b>6</b>
Mål og formål .....	6
<b>Fra idé til virkelighet</b> .....	<b>7</b>
<b>Teori</b> .....	<b>8</b>
Bakgrunn .....	9
Biometri .....	10
<b>Algoritmekonsepter</b> .....	<b>10</b>
<b>Forsøk</b> .....	<b>14</b>
Konsept.....	14
På laboratoriet.....	14
Forsøksoppsett og test på slakteri .....	16
<b>Bildebehandling og algoritmer</b> .....	<b>18</b>
Bilder og prosessering.....	18
<b>Algoritmeutvikling</b> .....	<b>19</b>
<b>Resultater</b> .....	<b>22</b>
Bildebehandling.....	22
<b>Gjenkjenning</b> .....	<b>24</b>
<b>Sammendrag og konklusjon</b> .....	<b>26</b>
<b>Veien videre</b> .....	<b>27</b>

## Lakseslakteri

I et tradisjonelt lakseslakteri går laksen gjennom flere prosesser hvor det er et behov for at den etter behandling separeres og reorganiseres. Ved bruk av *SalmID* vil informasjonen til hvert enkelt individ kunne følges gjennom alle ledd, uten fysisk merking.



## UNIK IDENTIFIKASJON AV LAKSEINDIVIDER

Dette forprosjektet har tatt for seg utfordringer rundt unik identifikasjon lakseindivider uten fysisk inngripen/kontakt med fisken. Laks er, som stort sett alt av matvarer, et skjørt produkt som ikke tåler for mye kontakt før det kan forringe kvaliteten i produktet. Det har over lengre tid vært et ønske fra industrien å kunne følge et produkt igjennom produksjonen, men til nå har det kun vært mulig ved bruk av manuelle systemer eller fysiske påheng på rå-varen.

Kontroll på enkeltindividene vil kunne gi store muligheter for produksjonsindustrien. Ved å bruke kjente teknologier som ytre kvalitetsinspeksjon (vekt, lengde, skade etc.) sammen med kommende indre kvalitetsinspeksjon (*Automatisk bukingspeksjon av sløyd laks FHF901057*) i kombinasjon med full kontroll over identifikasjon av individene, kan man tenke seg en fremtidens produksjonshall med mulighet for optimal kontroll, styring, tilpasning og utnyttelse av råvaren.

En laks kan bli fulgt gjennom hele prosessen. Det kan gi en sikrere informasjon om hvor lenge et enkelt individ har vært i utblødningstank, hvor lang transporttiden har vært før filetering osv. Kvalitetsdata følger hver enkelt laks og gjør det mulig å kanalisere fisken til optimal utnyttelse, enten det er sløyd hel fisk eller filetering. Et helautomatisk system som identifiserer laksen—beholder komplett og unik informasjon om produktet/fisken som kvalitet, vekt, lengre etc. uten å gjøre en fysisk kontakt.

Et slikt system vil kunne sies å være en drøm, men gjennom dette prosjektet fra FHF har SINTEF jobbet for å nå akkurat dette målet.

### Mål og formål

I prosjektet har målet vært å komme bort fra de løsningene som innebærer fysisk kontakt med laksen. Identifikasjon av enkeltindivider gjennom biometrisk skanning kan muliggjøre sporing av enkeltindivider internt i et lakseslakteri, uten bruk av fysiske markører/merker, RF-ID eller lignende.

I praksis vil et slikt system bidra til at ulike typer av kvalitetsgraderinger, håndteringer, skylling i kar og

sorteringer, kan gjøres på det stedet i slakteriet hvor det er mest praktisk—men på samme tid sørge for at all informasjon samlet om hvert individ kan hentes ut eller suppleres hvor enn laksen skulle befinne seg.

Formålet med forprosjektet er å undersøke/teste en hypotese om muligheten for å digitalisere utseende på laksen og gjennom dette skape en unik identifika-

## Hypotese

Hver eneste laks kan, basert på utseende, digitalt gjenkjennes og differensieres som ett enkelt individ i en mengde—under en dags normalt produksjonsvolum på et gjennomsnittlig slakteri.

## Delhypotese

1. Prikkemønsteret på laksens hode/kropp er tilstrekkelig unikt til å identifisere laksen som individ, ut fra det antall laks som forventes å være tilstede i produksjonen til enhver tid og i løpet av en produksjonsdag.
2. Prikkemønsteret hos hver laks kan avbildes med maskinsyn og identifiseres som unikt ved egnede algoritmer.



Enhver laks har et prikkemønster, håpet er at dette mønsteret er tilstrekkelig unikt til å kunne brukes som et digitalt «fingeravtrykk».

sjon som gjør sporbarhet mulig. Formålet vil videre være at en slik sporbarhet kan øke informasjonen og sorteringsmuligheten knyttet til individuelle forskjeller som kan utnyttes til optimal bruk av råstoffet.

Man kan også se for seg at slik sporbarhet kunne følge fisken fra oppdrett i merd til konsumentene—et komplett system for sporbarhet for laks.

Målet har vært å utvikle et maskinsynssystem som digitalt kan identifisere lakseindivider basert på utseende, da spesifikt prikkemønsteret på hode, og/eller kroppen. Gjennom bruken av slik biometri håper man å vise til at unike mønster per individ kan brukes som et «fingeravtrykk» for den enkelte laks.

## Fra idé til virkelighet

Gjennom flere prosjekter i SINTEF har vi kommet over behovet for en god og stabil måte å sette en markør på laks for å legge ved informasjon om individet til senere behandling. Men til nå har det bare vært fysiske merkingssystemer som har vært tilgjengelig.

For et par år siden kom det en idé om bruken av prikkemønsteret på laks. Er dette mønsteret unikt? Er det mulig å bruke dette som et «fingeravtrykk»? Det ble gjort grunnarbeid, med noe algoritmeutvikling og lett testing, samt et litteratursøk på temaet. Det viste seg å være lite arbeid gjort på dette temaet. Men det fantes noen journalartikkel på prikkemønster på dyr, slik som for *Carcharias taurus* (Sandtigerhai) skrevet av A.M. Van Teinhoven et. al.; og for *Rhincodon typus* (Hvalhai) skrevet av Z. Arzoumanian et.al.; eller enda mer nær liggende en artikkel om mønsterutvikling på hode av *Oncorhynchus tshawytscha* (Chinook laks) skrevet av J.E. Merz et.al. Sammen med et par andre artikler, virket dette lovende nok til at man kunne utføre flere tester hos SINTEF.

Basert på disse resultatene ble det søkt om forprosjekt med mulighet for utvidelse i tre deler.

## PROSJEKTFASER

I søknaden til dette forprosjektet ble det skissert en mulig fremdriftsplan/steg for å komme til en mulig kommersialisering av ideen sammen med en skisse av fremtidens muligheter.

### FØRSTE FASEN (DEN NÅVÆRENDE)

*Testing av hypotese.* Utstysleverandører, sluttbruker og andre får tilgang til forskning og kunnskap vedrørende muligheten for bruk av biometrisk skanning av laks som hensiktsmessig teknologi for unik individuell identifikasjon.

### ANDRE FASE

*Utvikle prototype (opptil TRL-nivå 5).* Utstysleverandørene får kompetanseoverføring fra FoU-miljø og dermed tilgang til teknologi som kan gjøre biometrisk skanning tilgjengelig for norsk laksenæring.

### TREDJE FASE

Industrialisering av teknologien. Biometrisk skanning integrert i et lakseslakteri gir bedre sporbarhet internt i lakseslakteriet med mulighet for bedre logistikk og mer fleksibel layout av produksjonslinjer og – utstyr.

### FREMTIDEN

Det er håp om at biometrisk skanning av laks, og eventuelt annen fisk, kan revolusjonere sporbarheten i hele verdikjeden, på individnivå—fra hav til fat.

I den fasen prosjektet er i nå, er det hypotesetesting og vurdering av leveligheten til idéen som det jobbes med. For å gå fra idé til virkelighet må det gjennomføres flere forsøk for å verifisere konseptet. Det har blitt gjennomført forsøk i laboratorier på SINTEF under kontrollerte forhold, men det er også testet ute på anlegg for å forsøke å samle større datamengder.

Gjennom prosjektet har det blitt jobbet med algoritmeutvikling for gjenkjenning av prikkemønster, hvordan lokalisere og fremheve prikkene før mønster gjenkjenning, og derpå lage systematikk ut av det til synelatende vilkårlige mønsteret. Og dette er kjernen i det vi leter etter: Er dette mønsteret vilkårlig og unik eller ikke?

## TEORI

Idéen rundt biometrisk skanning av fisk er forholdsvis enkel. Tanken er at på samme måte som hos mennesker, skapes det melaninprikker i ytterste skinnlaget på laksen. Hos mennesker kan de komme og gå, og er ofte sett på som fregner. Basert på studier om melanocytter i fisk tyder disse «fregnene» på laksen, i motsetning til mennesker, at etter «ungdomstiden» er pigmenteringen satt og forandres i svært liten grad.

Prinsipper rundt et fast pigmentert mønster på laksen er basert på en tilfeldig formasjon i den enkelte skinn som er genetisk betinget og muliggjør unike mønster som kan brukes som et «fingeravtrykk».

## Bakgrunn

Det er hentet inn litteratur på temaet, mønstergjenkjenning på dyr—samt mønstergjenkjenning av dott-/prikkemønster.

Gjenkjenning av enkeltdyr (individer) har vært viktig og nødvendig for biologer der det er essensielt å studere detaljer rundt aktivitetsmønster, bevegelses-



mønster, sosial interaksjon, mating og så videre. I de fleste tilfeller har man markert dyrene med fysiske markører. Dette kan være en stressende interaksjon med dyret—og når man snakker om mat er det lite gunstig at man «skader», påfører forringelse i kvaliteten på rå-varen som produseres etter slakt.

Det er skrevet lite om vår laks, *Salmo salar*, sitt prikkemønster. Men det er skrevet noe om andre arter med prikkemønster, slik som geparden, sandtigerhai, hvalhai og interessant for oss; chinooklaksen under utviklingsstadiet.

Det brukes forskjellige metoder for å analysere og kjenne igjen prikkemønster. Noen artikler viser hvordan de tar ut små områder med prikker og bruker disse som identifikasjonslapper. Når det kommer inn et nytt bilde av et dyr, flytter man hver av identifikasjonslappene over bildet for å lete etter en eventuell treff. Dette kan sees i M.J. Kellys artikkel om «*Computer-aided photograph matching in studies using individual identification: An example from serengeti cheeths*» (2001).

En annen måte som brukes av A.M. van Tienhoven et.al. er affine transformasjon av to-dimensjonale vektorer av punktmønstre fra bilder av sandtigerhai. Dette gjøres for å bevare punkter, rette linjer og plan—for å bedre mønstergjenkjenningen også når bildene ikke er tatt perpendikulært på objektets mønster.

Som en siste metode presentert i flere artikler, deriblant; Z. Arzoumanians «*An astronomical pattern-matching algorithm for computer-aided identification of whale sharks Rhincodon typus*», hvor det beskrives en numerisk metode for å gjenkjenne hvalhaien ved bruk av stjernebildegjenkjenning.

## Biometri

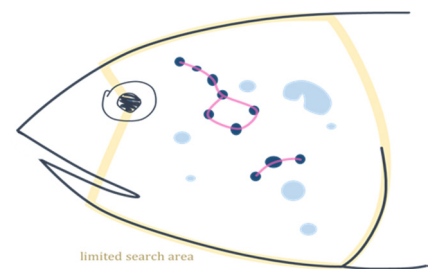
Enkelt forklart er biometri en måling av et biolo-



På hodet til denne laksen kan man tydelig se et prikkemønster. Dette kan analyseres med maskinsyn og identifiseres som unikt for dette individet.



Øverst til venstre: Blå giftpilsfrosk (*Dendrobates tinctorius "azureus"*); til høyre: Sandtigerhai (*Carcharias taurus*); nederst til venstre: Hvalhai (*Rhincodon typus*); til høyre: Serengeti gepard (*Acinonyx jubatus*).

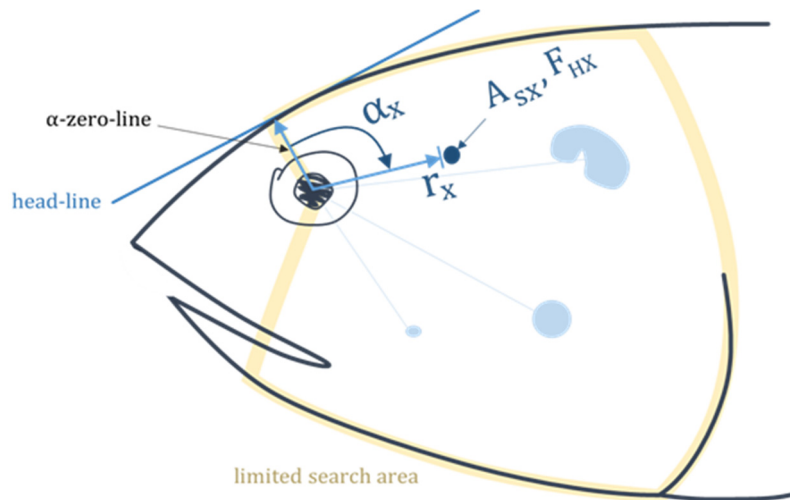


### — Karlsvognen og Orions belte

Laksen er som et stjernebilde. Full i prikker som sammen skaper konstellasjoner. Idéen er at hver laks har nok unike konstellasjoner til at de kan differensieres fra hverandre.

## Kvantifisering av prikkemønster

For å kvantifisere de fysiologiske trekkene til laksen (melanin flekken på skinnet), må man definere to faste holdepunkter—i dette tilfellet: Hode og panne. Ut fra disse abstraheres et polar-koordinat-system som gir kvantifiserbar verdi som kan brukes som identifikasjonsindikatorer.



gisk mønster. Biologiske mønstre kan være adferd og migrering, men det kan også være fysiologiske karaktertrekk som fingeravtrykk; eller slik som her—melanocytter og mønsteret de skaper på laksens hode og rygg/side.

Anvendelsen av biometri kan deles i to formål. Det første er identifikasjon, «hvem er dette individet?», hvor et individs identitet fastslåes ved å sammenligne målte biologiske mønstre mot en database—en én-til-flere-sammenlikning.

Det andre er verifikasjon, «er denne personen den han/hun hevder å være?», som innebærer en én-til-én-sammenlikning mellom målte biologiske mønstre og lagrede biologiske mønstre.

Det kan sies at alle biometriske systemer kan bruke til verifikasjon, men de forskjellige biometriske systemer varierer i den grad de kan brukes til identifikasjon. Identifikasjon i dette tilfellet vil være en større og mer krevende prosess, da det må kjøres sammenlikner mot millioner av potensielle kandidater. I dette prosjektet er det akkurat dette som det skal fokuseres på, identifikasjon av individet.

## Algoritmekonseppter

For å kunne gjøre en identifikasjon eller verifikasjon basert på biometri, kreves det å finne fysiologiske karaktertrekk. For den norske laksen har vi valgt at melaninprikkene på hodet og kroppen vil være et slikt fysiologisk trekk.

En algoritme for å differensiere prikkemønster må utvikles. Det er funnet et par løsninger for dette gjennom litteratursøket, men det ble også utarbeidet en første teknikk basert på det arbeidet som var gjort i innledningen til dette forprosjektet. Tankegangen bak den sist nevnte algoritmen og teknikken er beskrevet i **illustrasjonene over**.

## Polar-koordinat på laksehode

Prinsippet er å finne holdepunkter som er like hver gang samme fisk avbildes. Øye på fisken ble satt opp som et slikt punkt som ikke forandrer seg. En annen referanse er hodeskallen. Det er antatt at også denne er konstant. Basert på dette kan det lages et koordinatsystem.

Ved å tegne en linje langs hodeskallen, hvorpå det trekkes en ny linje fra øyet hvor denne nye linjen er

Parameterne er definert som følger:

$$F_{\#} : (r, \alpha, A_S, F_H),$$

hvor:

$r$  = radius fra C (origo),

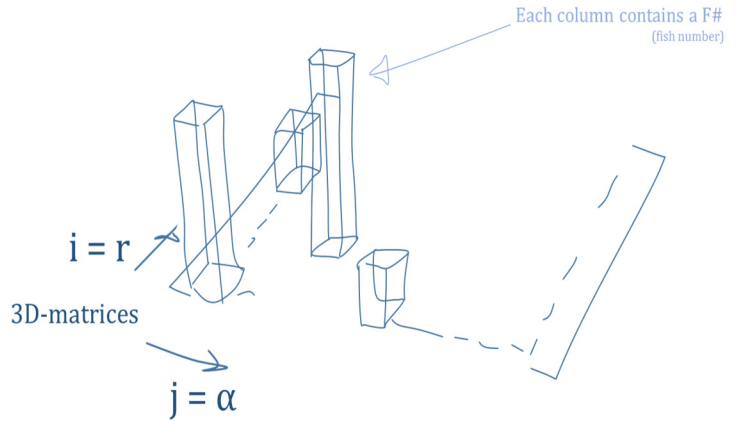
$\alpha$  = vinkelen fra  $\alpha$ -linjen som nullpunkt, med positiv retning definert som med klokken,

$A_S$  = arealet av en flekk,

$F_H$  = Heywood sekularitetsfaktor,

$$F_H = P/2*\sqrt{(\pi*A_S)},$$

hvor:  $P$  = omkretsen til flekken.



For å ha kvantifiserbare verdier som kan brukes for å sammenlikne en laks biometri med en annen, brukes det et sett av variabler: Plassering av prikker, størrelse og fasong på prikkene. Når all denne informasjonen er samlet i en database blir det som et oppslags verk når en laks skal identifiseres.

perpendikulær og med kortest mulig distanse. Øyet vil da være senter for polarkoordinater, og den perpendikulære linjen vil være nullgraderlinjen. Hver eneste prikk på hode av laksen vil bli registrert og koordinatene for prikkene vil bli logget. Dette, sammen med informasjon om prikkens størrelse og form, settes inn i en matrise.

Ved å sette inn laks som skannes/avbildes i et slik

system vil det være mulig å «slå opp» all laks med gitte prikker; finne den laksen som har nærmest lik prikkemønster. Dette vil da være en metode som ikke leter direkte etter mønster, eller sammenlikner bilder av mønster, men heller bevarer informasjon og særegne fysiologiske trekk i database hvorpå man kan sjekke og bekrefte at det er den riktig identifiserte laksen.

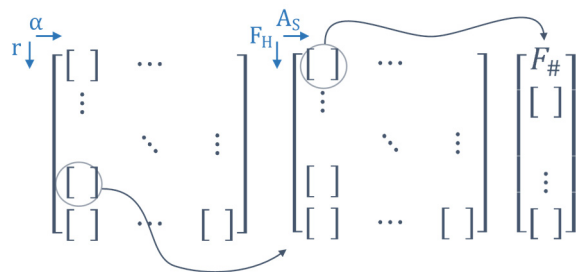
#### Pseudokode:

1. Finn senter på øyet. Dette er origo.
2. Finn korteste distanse mellom øyet og pannen—trekk en linje perpendikulært på den korteste distansevektoren (kalt  $\alpha$ -zero-line). Denne linjen kalles head-line.
3. Et leteområde er definert som arealet fra  $\alpha = 0^\circ \rightarrow 270^\circ$ , og innenfor gjellebuen.
4. Dokumenter alle prikker.  $\alpha$  er definert som vinkel og  $r$  er radius/distansen til en prikk fra origo.

#### Søking etter lakse-id:

$$F := (r_x, \alpha_x, A_{Sx}, F_{Hx})$$

Får å finne en lakse-id, leter man igjennom følgende matrise.



## Stjernekonstellasjon

Den andre metoden som skal testes utnytter mønster-gjenkjenning ved bildesammenlikning—to bilder ( gjerne/helst seksjoner av et bilde) legges over hverandre, hvorpå man leter etter å finne den plasseringen av bildene som gjøre at mønstrene passer.

Når man leter etter stjerner på himmelen en mørk kveld ser man en haug med punkter. For å finne en konstellasjon leter man etter et mønster, eksempelvis Karlsvognen. Når man leter etter Karlsvognen ser man etter fire stjerner på rad som så henger fast i en

firkant. Det er selvsagt noen gitte distanser mellom punktene, størrelse på stjernene og så videre, men alt i alt er det formen på disse linjene man leter etter. På samme måte kan man lage seg slike konstellasjoner ut fra laksens «fregner».

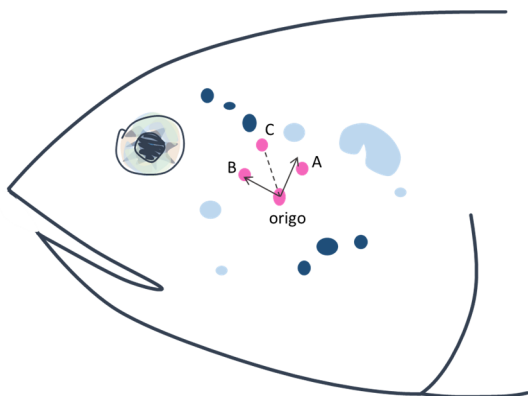
En konstellasjon vil være uavhengig et fast holdpunkt, til sammenlikning med polar-koordinatmetoden. Konstellasjonen vil kunne flyttes rundt på fisken inntil man finner den rette plasseringen. Fordelen med dette er større frihet i letefunksjonene og selve gjenkjenningen av mønsteret kan gis en enklere måte å vekte unøyaktigheter i billedtakningen—som for eksempel forflytninger og vridninger.

### Hvordan tegne og gjenkjenne konstellasjoner

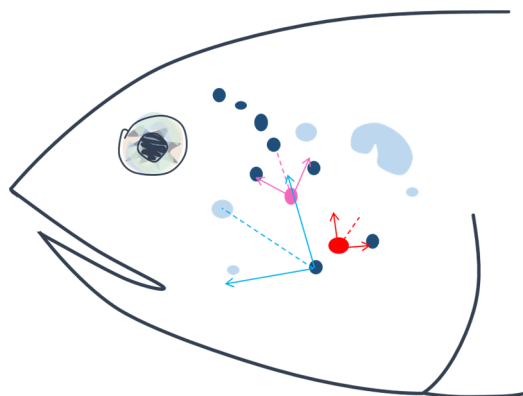
Tegningen av konstellasjoner er forholdsvis enkel. Man finner to punkt, kaller det ene origo og den andre C, trekker en linje mellom dem—denne linjen utgjøre en  $45^\circ$  vinkel mellom et x,y-koordinatsystem som nå kontureres fra origo. Deretter finner man to andre punkter som også finnes innenfor dette koordinatsystems grenser (grensen er satt av distansen i x,y fra origo til punkt C). Disse nye punktene kalles punkt A og B, til sammen utgjør disse fire punktene en konstellasjon (eller en quad [firkant]).

$A = [a_x \ a_y]$ ;  $B = [b_x \ b_y]$  dette er quaden =  $[a_x \ a_y \ b_x \ b_y]$ .

**Definering av en konstellasjon;** en quad er tilfeldig valgt basert på kriteriene beskrevet over.



**Identifisering/verifisering av konstellasjon;** tilfeldige quader er valgt—så sjekkes koordinatene opp mot en liste av registeret konstellasjon.



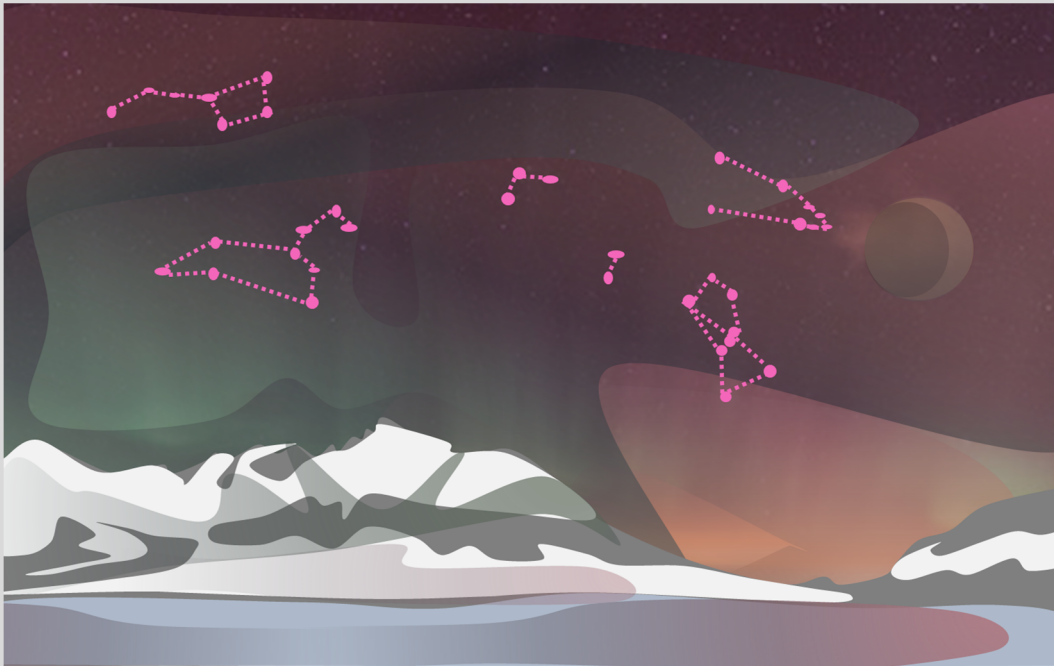
I **illustrasjonen under** vises det hvordan konstellasjoner kan lages og hvordan de brukes for å søke etter definerte «fingeravtrykk».

En konstellasjon bestående av  $x$  antall prikker (stjerner) hvor forholdet mellom dem blir etablert som et sett av vektorer. Her bevares forholdene mellom prikkene slik at en konstellasjon kan skaleres—dette gjør det til et mer robust system med tanke på forskjellig oppløsning i bildene som brukes, og ikke minst forskyvninger og vridninger i objektet konstellasjonen hentes fra/sammenliknes med.

I dette prosjektet har vi fulgt metoden til David Hogg

og Michael Blanton, fra New York University og Sam Roweis fra universitetet i Toronto samt hentet informasjon og opplysninger fra Z. Arzoumanians og hans artikkel på astronomimønstre på ryggen til hvalhai. (*An astronomical pattern-matching algorithm for computer-aided identification of whale sharks Rhincodon typus*).

Prinsippet som er brukt danner noe David Hogg kaller quads [firkanter], som gir faste forhold mellom fire «stjerner» (melaninflekker). Vi har kalt dette på norsk for konstellasjoner. Hvordan en konstellasjon er dannet er beskrevet både i bildeteksten på foregående side, men også i kapitlet som omhandler Algoritmeutvikling (side 21) hvor det beskrives i detalj.



### Stjernekonstellasjoner

Nattens himmellegemer har alltid vært nyttet av mennesker gjennom tiden. For eksempel til sjøs har fiskerne tittet opp for å finne holdepunkter å navigere etter. Da leter fiskerne etter «mønster», disse blir laget ved å trekke streker mellom forskjellige stjerner.

**Slik som illustrert** i bildet til venstre — en vinterhimmel i Nord-Norge.

## FORSØK

Gjennom prosjektets forløp er det gjort flere forsøk. Det er jobbet med bildebehandling fra sesjoner hvor speilreflekskamera er brukt, og hvor andre maskinsynssystemer er satt opp. Forsøk er gjort hvor 3D-avbildning har vært brukt for å prøve å «brette ut» laksen til et plan slik at alle prikken blir presentert som på et ark. Det er også gjort forsøk med speilreflekskamera der mønstret er forsøkt transformert for å passe på laksen.

Forsøkene har vært utført med følgende utstyr:

- Point Grey Grasshopper 3 23S6-C-C (Kamera)
- Smart Vision Light L300 (Lys)
- Z-Laser 660-lp-30 (Rød laser)
- Nikon D7200(Kamera)
- Nikon SB800 (Blits)
- Nikon 35mm 1.8G (Linse)

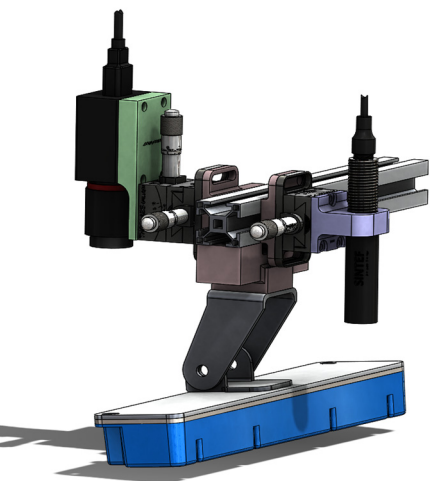
Det er også benyttet Bosch Rexroth-profiler og Thorslab innstillingsinstrumenter for finjustering av vinkler mellom lys, laser og kamera ved maskinsyn-oppsett for linje-skanning.

## Konsept

Ved billedtakning i en tidlig utviklingsfase, er det viktig at man eliminerer så mange faktorer som mulig slik at det man tester gir rene resultat. For fotografering, og/eller maskinsyn, betyr det at vi ønsker å kontrollere alle forhold, slik som lys, lukkertid, distanser til objektet, og objektets egenplassering.

I disse forsøkene skal vi teste ut konseptet; gjenkjenning av laks basert på prikkemønstre på hode/kropp. Det betyr at det kun er mønstret på hver fisk vi ønsker skal forandre seg fra bilde til bilde. Vi ønsker også at når samme laks blir avbildet på nytt, skal den ha en tilnærmet lik posisjon til det den hadde ved første avbildning. Det er kun når vi har fått verifisert at vi kan hente ut informasjon om prikkene og mønstret til laksen at vi kan begynne å introdusere støy i bildet i form av vridninger og bøyinger i laksen.

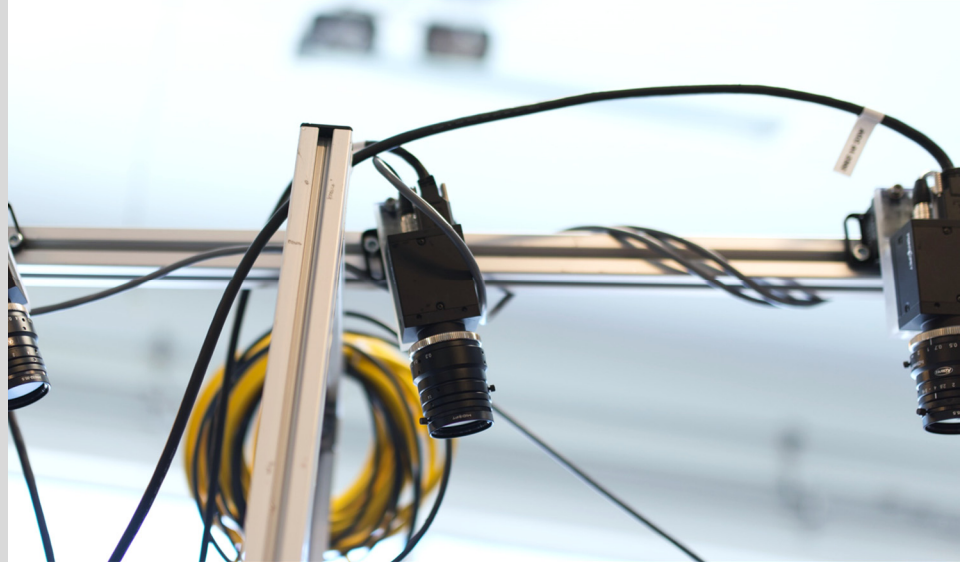
Under disse forsøkene gjøres det fortløpende iterasjoner for utbedring av prikkeanalyse og mønstergjenkjenning. Det er utført forsøk på laboratoriet til SINTEF for å ha et kontrollert miljø å jobbe i, men det er også utført forsøk på slakteanlegg for større data innsamling.



**Figuren helt til venstre** er en CAD-modell av maskinsynsoppsettet. Dette gjøres for å beregne posisjon mellom lys, laser og kamera. CAD-modellering gir også mulighet for beregning av linse og synsfelt.

**Til venstre** vises det Nikon kameraet som ble brukt sammen med linsen.

**Til høyre** vises de tre kameraene som ble brukt til maskinsyn. Disse ble satt opp som en linjeskanner, men hvert kamera er plassert til siden med en liten forskyvning og vinkelforskjell. Dette ble gjort for å simulere at den samme laksen hadde bevegde på seg. På den måten kan man samle flere bilder av samme fisk på samme tid.



## På laboratoriet

Det ble gjort i alt fem billedtagningsesjoner på SINTEF SeaLab hvor på to var gjort med maskinsyn og resten med speilrefleks. Maskinsynsforsøkene var gjort for å teste hvor god kvalitet vi kunne få med slik billedtagnings og for å klargjøre forsøk for stor datainnsamling i fabrikk.

Bildene samlet inne med speilrefleks ble brukt for testing av algoritmer og annen bildeanalyse og for å kartlegge hvilke valg som burde tas og hvilke umiddelbare utbedringer som måtte til før et reelt forsøk kunne starte.

## Forsøksoppsett og test på slakteri

En kamerarigg ble laget og satt opp for å utføre linjeskanning av laks. Det ble brukt tre kameraer for å kunne ta bilde av laksen fra tre forskjellige vinkler samtidig.

Hvert kamera genererer et 3D-bilde basert på lasertriangulering. Det er en vinkel mellom kamera og laser; laseren peker perpendikulær på transportbåndet, mens kamera tipper bakover—dette gjør at kameraet ser en høydeprofil ut fra laserlinjens plassering på objektet. Laseren som ble benyttet er en Z-laser med rødt lys. Samtidig som det lagres et linjeskannet profilbilde, lagres det fargebilder som i postprosessering kan slås sammen med 3D-bildet som gir et farge bilde i 3D. Dette kan brukes for å finne prikker i rommet, ikke bare prosjektert ned i et plan. Bildene samles inn i et 12-bit fargesystem med hvitt lys, samt et 12-bit

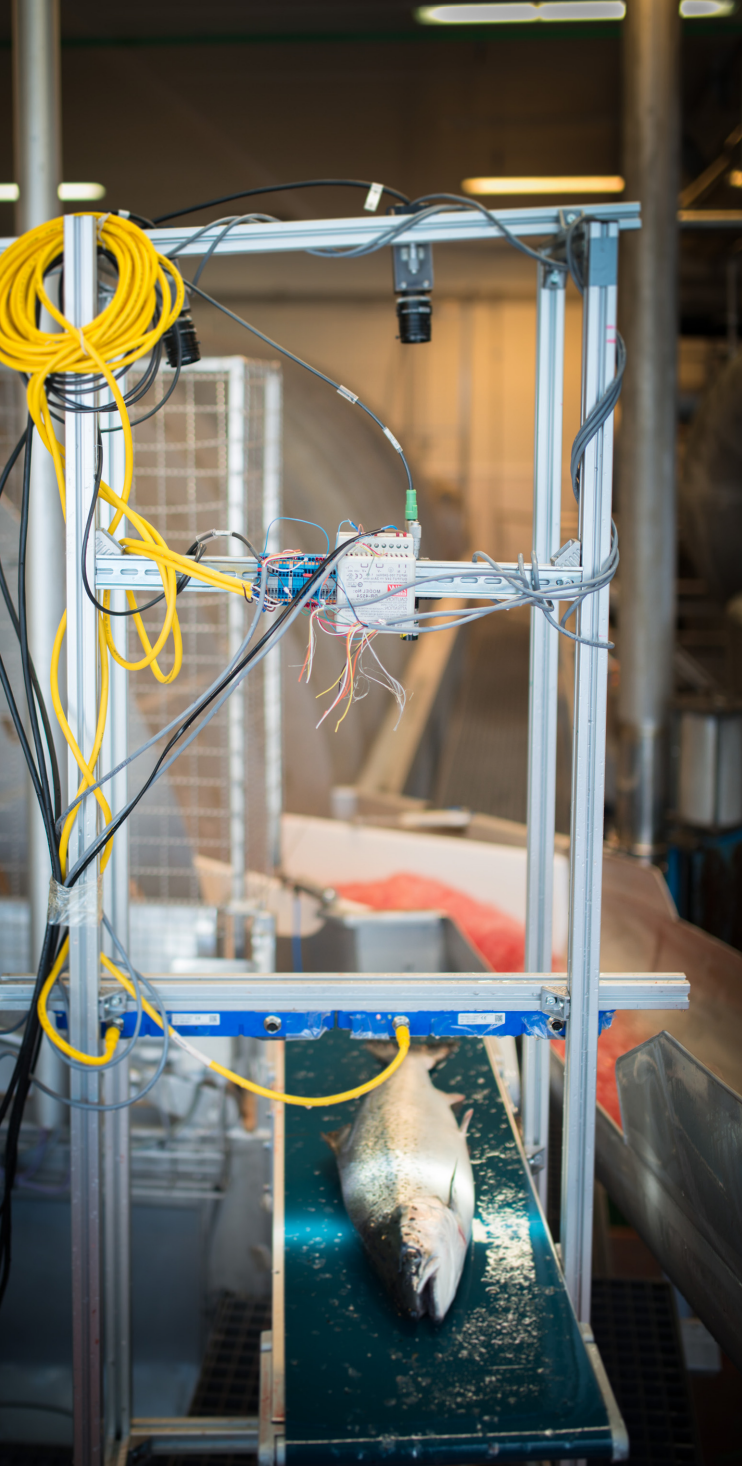
sort/hvitt for å fange opp laserlinjen.

Det ble benyttet tre Point Grey Grasshopper 3 kameraer med en oppløsning på 1920x1200 piksler. Ved skanning brukes ikke hele bildebrikken som gjør det mulig å øke bildeinnhentingshastigheten. Skanningen danner bilder som er 1024 piksler bred med 2.5 piksler per millimeter i begge retninger. Skannehastigheten ble satt til 580 bilder i sekundet per kamera og transportbåndet ble stilt inn med en hastighet på cirka 80 mm per sekund.

På grunn av den store datamengden ble 3D og 2D verdier beregnet før bildene lagres til disk for videre etterbehandling og analyse. Det ble tatt et «blackframe»-bilde for hvert laser og lysbilde som ble fanget—dette var for å korrigere for rombelysning og gjennom det øke kontrasten av laser og lys i bilde.

Kameraene ble satt opp og trigget på en slik måte at lys, laser og de tre kameraene handler synkront. Dette var viktig for å kunne sammenlikne bilder fra de forskjellige vinklene. På denne måten får man ni forskjellige bilder, 580 ganger i sekundet, av samme fisk per skannelinje.

I tillegg til maskinsynsoppsettet ble laksen avbildet med speilreflekskamera Nikon D7200 med en 35mm AF-S 1.8G linse med polarisering og en Nikon SB-800 blits med polarisering på for å redusere refleksjoner. Laksen ble avbildet på en blå bakgrunn, dette for å kunne lettere gjennomføre bakgrunnsfjerning i en postprosessering. Kamera er montert på stativ og det ble benyttet en fjernutløser for at kamera ikke skulle



**Forsøk på anlegg:** Bildet viser til maskinsynsoppsett oppriggeret på Marine Harvest sitt anlegg på Ulvan. Bildet viser hvordan lys og laser er plassert. Lyset er plassert nært fisken for å lage en så kraftig lyskolonne som mulig.

få unødvendige bevegelser som kan skape ufokuserte bilder. Kamera ble innstilt fra manuelle settinger slik at hvert eneste bilde ble tatt under like forhold. Bildene ble tatt i 12-bit RAW-format.

Laksen som ble avbildet var blitt bedøvd med slag, bløgget og utblødd i utblødningstank før den ble plukket ut for avbildning. Det ble gjort et tilfeldig utvalg av laks i størrelser fra 2 kg til 8 kg. Det ble tatt bilder av omlag 400 fisk med begge kameraoppsettene.

## BILDEBEHANDLING OG ALGORITMER

Etter innhenting av bildemateriale må dette behandles for å fremheve de detaljene som det letes etter. Det finnes flere bildebehandlingsmetoder, og det ble testet flere forskjellige metoder for å bestemme hvilke som vil kunne gi best mulig resultater.

Det er viktig at det gjøres en god bildebehandling i forkant av neste steg i prosessen. For at et maksinsystem skal kunne tolke bildet må det lages en algoritme. Denne algoritmen forteller en datamaskin hvordan informasjon skal behandles. I dette tilfellet vil det si at maskinen skal tolke bildets prikker og lage et sett med konstellasjoner ut fra de tidligere forklarte teknikkene.

Det vil her bli forklart hvordan vi har gjennomført to forskjellige tilnærminger for bildebehandling; og hvordan vi har implementert konstellasjonskonstruksjonsteoriene.

### Bilder og prosessering

En av de enkleste, men også minst robuste, metodene for å skille ut prikker fra resten av lakseskinnet er global terskling av pikselverdiene. Hver piksel i fargebildet inneholder en verdi for hvor stor andelen er av fargene rød, grønn, og blå. (Et vanlig bilde tatt med et kamera fanger opp disse fargeverdiene, kjent som RGB.) Ved å kombinere disse verdiene kan man få en



enkelt verdi som forteller hvor mørk eller lys den enkelte pikselen er. Ved å definere grenser hvor pikselverdier over en terskel er inkludert i det behandlede bilde, mens verdier under ikke er det, kan man i teorien sitte igjen med et bilde bestående av kun laksens prikkemønster da vi med menneskeøyne ser at laksens prikker er mørke. Det er sjelden at det vi ser som klare «globale» terskler fungerer godt for datamaskiner.

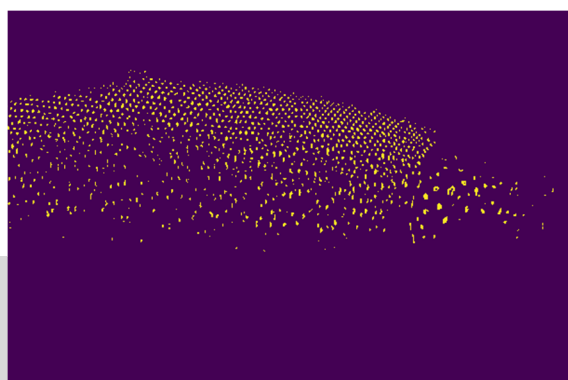
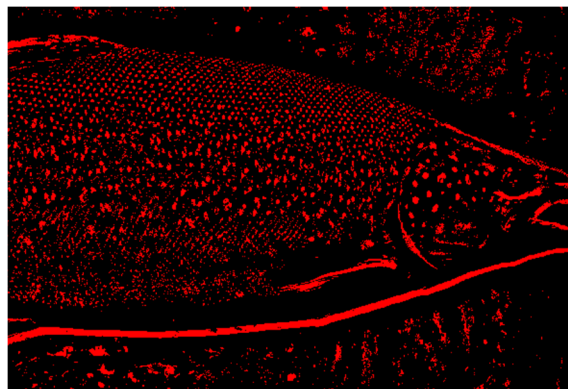
Ulempen med tersklingsmetoden er at en slik global grense sjeldent eksisterer. Dette kommer av at intensiteten i et lakseskinn varierer veldig. Den mørke ryggen skiller seg drastisk fra den lyse og reflekterende buken, og melaninprikkene i skinnet ligger gjerne et sted i mellom. Dersom man bare ser på mørkhet per piksel vil man risikere at både mørke finner, mørk rygg og skygge langs gjellebuen blir med i bildet hvor man bare ønsker at prikkemønsteret skal dukke opp. Det vil si at det blir nye ekstra støy i bildet som vi mennesker lett skiller ut mens en datamaskin vil slite.

Deep-Learning er en metode som er noe tyngre å implementere, men har som fordel å kunne bli mye mer robust. Dette er en metode hvor en datamaskin lærer opp i å «forstå» hva en melaninprikk er i et bilde basert på et læringssett. Ut fra denne «læringen» klarer maskinen på like linje med mennesket å forstå når det er en prikk og ikke, tross forskjell i intensitet, gjen-skinn.

## Prikker og Deep-Learning

Ved «trening/læring» av systemet er det viktig at datamaskinen får definert hva den skal lete etter. Et menneske må derfor gå igjennom noen eksempler på bilder av laks og markere prikkene. Hver piksel klassifiseres da som enten prikk eller ikke prikk ved at personen som markerer, fargelegger prikkene ved bruk av et tegneprogram.

Den automatiske klassifiseringen av prikker gjøres med et nevralt konvolusjonsnettverk. Konvolusjonsnettverket ser på pikselen som skal klassifiseres og de nærmeste 168 nabopikslene for å avgjøre om pikselen



### Global terskling versus Deep-Learning:

Over vises tre forskjellige bilder. Det øverste er originalbildet, det neste er globalt tersklet, mens i det siste er det brukt Deep-Learning på. Bildene viser at det er en klar forskjell mellom hvor godt prikkemønsteret kan fremheves i de forskjellige metodene. For den tradisjonelle globale tersklingen ser vi at det er mye støy i bildet. Dette gjøre det vanskelig å fastslå forutsigbarheten i mønsteret. For Deep-Learning er dette mer stabilt og støyen er fjernet, mye på samme måte som mennesket gjør.

er en del av en prikk eller ikke. Bildet normaliseres før det blir gitt som input til nettverket ved at gjennomsnittsverdien til pikslene trekkes fra og divideres på variansen i bildet. Det kreves ingen videre bildebehandling, slik som segmentering og bakgrunnsfrettrekk, på forhånd.

Det nevralt nettverket ble trent til å gi ut en «maske» med lik dimensjon som input-bildet, hvor verdier opp mot 1 betyr at korresponderende piksel i input-bildet er en prikk og verdier nærmere 0 betyr at korresponderende piksel ikke er en prikk.

Fra det binære bildet som produseres av det nevralt nettverket, lages det en liste med prikkposisjoner. Prikkene er beskrevet som  $x,y$ -koordinater relativt til det øverste venstre hjørnet i bildet. Denne listen med

prikker er alt som benyttes for å identifisere fiskeindividene.

## Parametrisering av prikkemønster

Deep-Learning algoritmen har konvertert et bilde av et fiskeindivid til en liste med  $x,y$ -koordinater som beskriver plasseringen av fiskens prikker relativt til bilderammen. Nå skal disse prikkeposisjonene benyttes til å beskrive fiskeindividet på en måte som skiller det fra alle andre fiskeindivider. Vi gjør dette på en måte som hindrer at fiskens plassering og rotasjon relativt til bilderammen blir avgjørende for om et in-

### Generering av indekseringsvektor (se neste side for illustrasjon)

**i)** Fire prikker skal benyttes til å indeksere tabellen. Vi skal gi hver prikk en identitet A, B, C og D. Prikkene A og B skal benyttes til å definere et koordinatsystem og prikkene C og D skal benyttes til å lage en indekseringsvektor.

**ii/iii)** Vi måler avstanden mellom alle prikkene og finner de to som er lengst fra hverandre i konstellasjonen. Disse skal benyttes til å definere koordinatsystemet og skal kalles enten A (origo) eller B.

**iv)** For begge de to A- og B-kandidatene måler vi avstanden til nærmeste prikk. Den av kandidatprikkene som er nærmest en annen prikk gis navnet A.

**v)** A definerer nå origo i koordinatsystemet og vi ønsker at vektoren AB skal ha enhetslengde og være  $45^\circ$  på x-aksen.

**vi)** Koordinatene normaliseres og punktene roteres slik at de passer inn i det nye koordinatsystemet.

**vii)** Koordinatsystemet er nå satt og hvilken prikk som skal være C og D må nå bestemmes.

**viii)** Den prikken som er nærmest origo kalles C og den gjenstående kalles D.

**ix)** Koordinatsystemet er satt av A og B og prikkene C og D er identifisert.

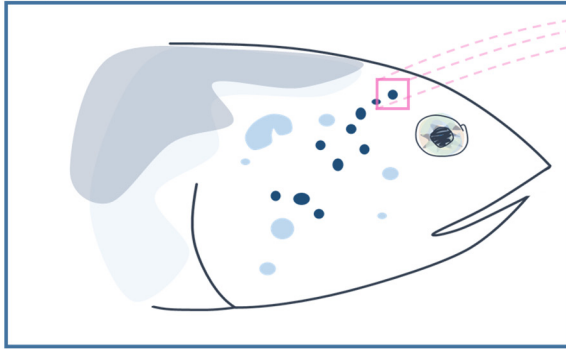
**x)** En preliminær indekseringsvektor  $[C_x, C_y, D_x, D_y]$  kan nå finnes.

**xi)** Fordi den 4-dimensjonale tabellen kun kan indeksere med heltall må koordinatsystemet diskretiseres. Grensene for det diskretiserte koordinatsystemet defineres av enhetssirkelen gjennom A og B.

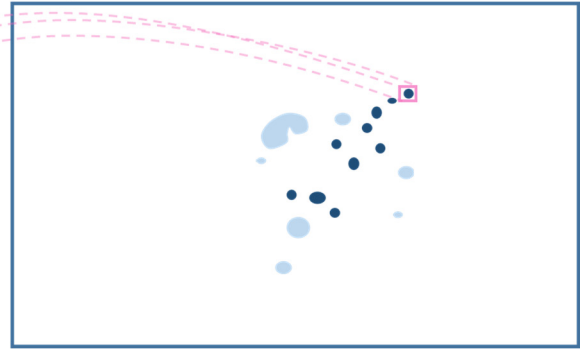
**xii)** Koordinatsystemet diskretiseres så med et gitt antall steg N, ti i eksempelet på neste side.

**xiii)** Indekseringsvektoren er nå funnet og benyttes til å indeksere tabellen. ID-en til fisken som prikkene tilhørte legges til på gitt indeks.

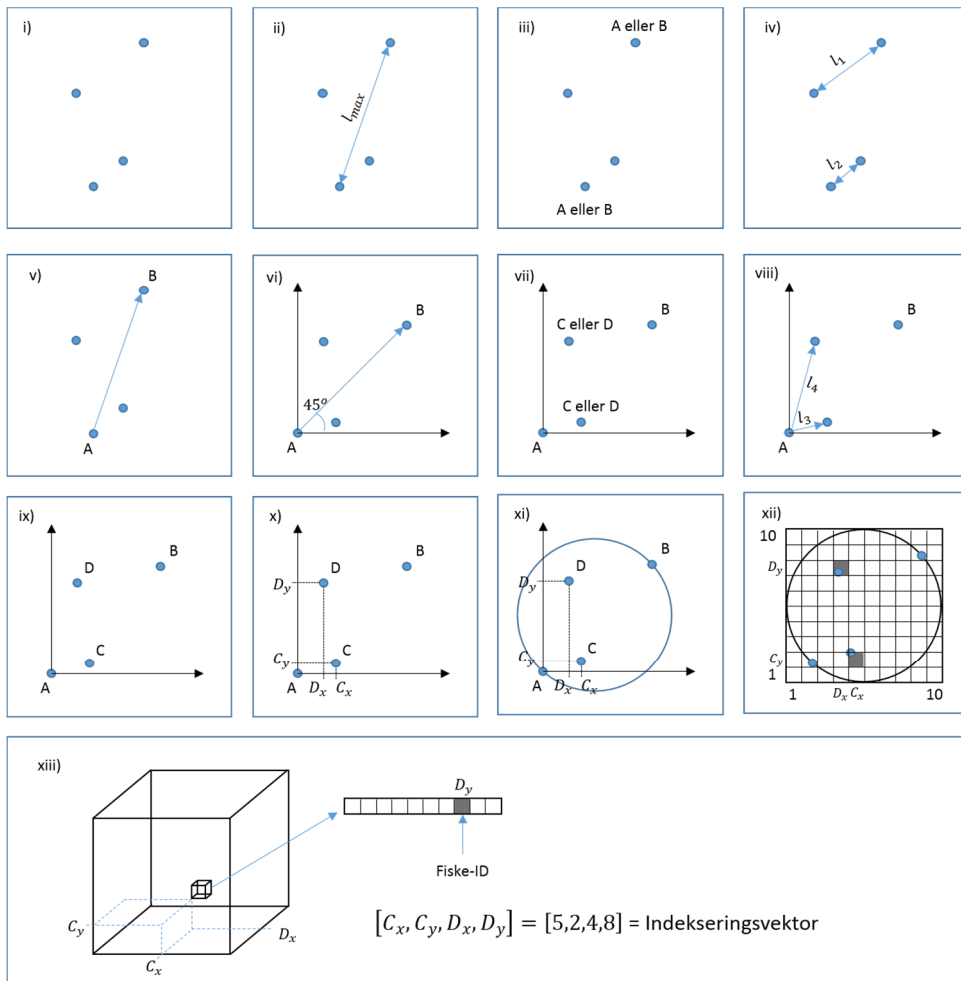
Input



Output

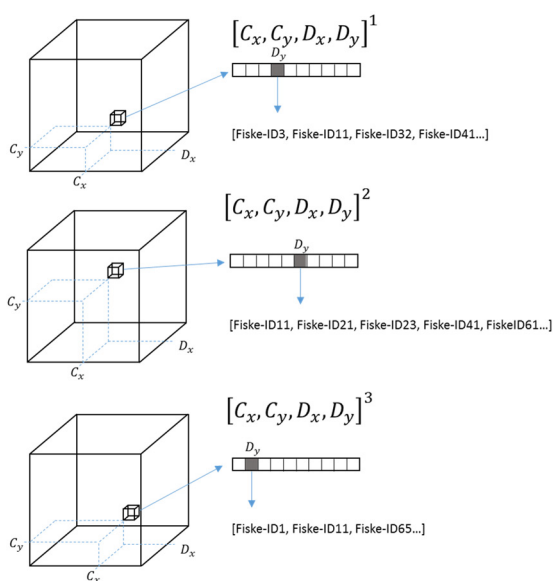


**Uthenting av prikker:** Det brukes *Deep-Learning* for å hente ute prikkene. I prosjektet vil det si at man forteller datamaskinen hvordan en prikke ser ut ved å bruke en et par eksempelbilder. Ut fra disse bildene trenes en algoritme som gjør som illustrasjonen over, tar inne et bilde av en fisk og returnerer et nytt bilde med kun prikker. Bildet kan derfra brukes videre til å lage konstallasjoner.



divid kan gjenkjennes eller ei. For å oppnå denne *translasjons- og rotasjonsinvariansen* må vi beskrive prikkene i et koordinatsystem som følger fisken og dens rotasjon i bildet. Koordinatsystemet må da plasseres automatisk på fisken og dette er risikabelt fordi et feilplassert koordinatsystem vil beskrive alle prikkene i feil referanseramme. Den presenterte løsningen er å benytte et stort antall ulike koordinatsystemer, for så å beskrive kun et lite sub-sett av alle prikkene i hvert koordinatsystem. På dette viset blir flertallet av prikkene på hver fisk beskrevet i korrekt referanseramme, selv om noen koordinatsystemer blir feilplassert.

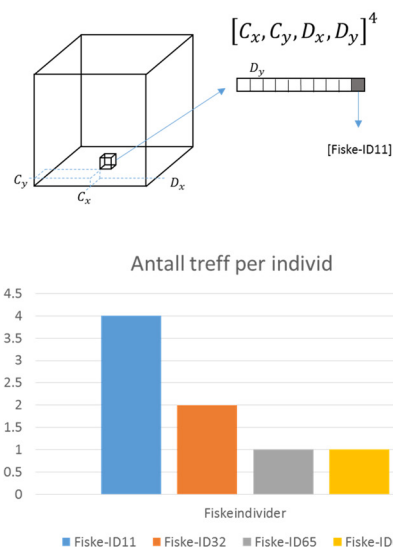
I den presenterte løsningen konstrueres det like mange koordinatsystemer som det er prikker på fisken og hvert koordinatsystem brukes til å beskrive kun to prikkeposisjoner.



For hver prikk på laksen finner man de tre nærmeste prikkene og fra dette danner prikkekonstellasjoner på fire. For hver prikkekonstellasjon benyttes to av prikkene (kalt prikk A og B) til å konstruere et koordinatsystem og de to resterende prikkene (C og D) beskrives i dette koordinatsystemet med hvert sitt x,y-koordinat. Hver konstellasjon bestående av fire prikker resulterer da i en:

*Indekseringsvektor*  $[C_x, C_y, D_x, D_y]$ .

Denne diskretiseres slik at hvert element i vektoren er et heltall mellom 1 og  $N$ . Denne vektoren benyttes til å slå opp i en liste med dimensjon  $N \times N \times N \times N$  og fiske-ID-en som konstellasjonen tilhører legges til på denne plasseringen i listen. Dette betyr at vi i stedet for å ende opp med en liste med prikker per fisk, en-



## Oppslag i Indekseringsvektoren

Over er det illustrert hvordan det er mulig å slå opp i en  $N \times N \times N \times N$ -dimensjons matrise. Den viser til hvordan flere lakse-IDer kan være lagret per konstellasjon, men det er bare en av lakse-IDen som får et signifikant treff på antall konstellasjoner.

der opp med en liste med alle mulige konstellasjoner, hvor hver fisk som har en gitt konstellasjon ligger på en gitt plassering i listen. Databasen vil fungere som et oppslagsverk.

## Gjenkjenning av individer

Når parametriseringen av alle fiskenes prikkemønstre er fullført kan individene gjenkjennes på et senere tidspunkt.

Når et individ skal gjenkjennes tas det et bilde, prikkene finnes med Deep-Learning og konstellasjoner av prikker benyttes til å produsere indekseringsvektorer, slik som tidligere. Hver indekseringsvektor (som representerer en unik konstellasjon av prikker) benyttes til å slå opp i tabellen. På hver oppføring finner vi en liste med fiske-ID-er som innehar nettopp denne

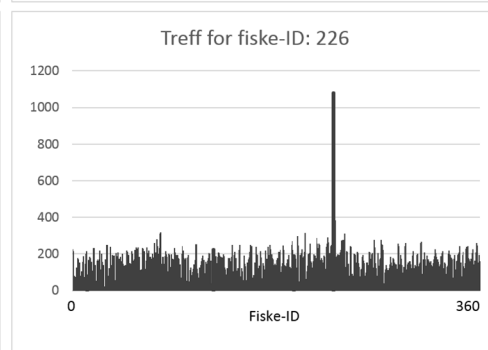
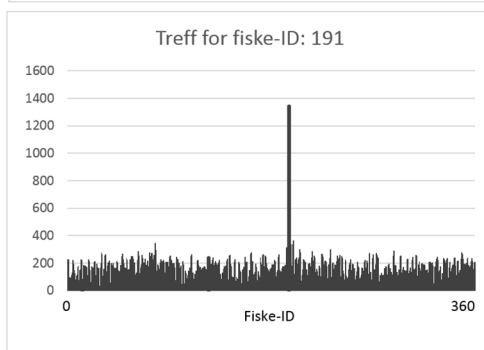
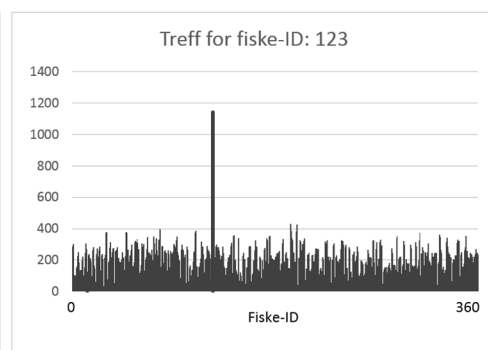
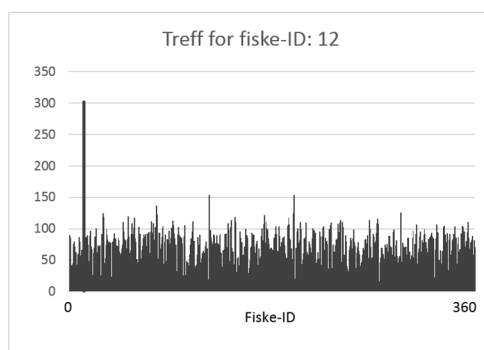
konstellasjonen.

Støy og unøyaktigheter under diskretisering gjør at den samme prikkekonstellasjonen ikke nødvendigvis produserer samme indekseringsvektor hver gang. Allikevel antar vi at sannsynligheten er stor for at vi finner fisken vi leter etter for hvert oppslag i tabellen. Vi antar videre at sannsynligheten for at en tilfeldig valgt annen fisk innehar nøyaktig samme konstellasjon er signifikant lavere og over tid vil fisken det letes etter få flere treff enn resten av populasjonen.

### Gjenkjente konstellasjoner per individ

Antall gjenkjente konstellasjoner på hvert fiskeindivid i datasettet. Det riktige individet har signifikant flere treff ifht. de resterende fiskene i databasen i alle eksemplene.

Størrelsen på marginen varierer med antallet prikker på fisken. Fisk med ID 12 blir korrekt identifisert, men antallet gjenkjente konstellasjoner er kun dobbelt så stort som på nærmeste fisk i databasen.



# RESULTATER

## & DISKUSJON

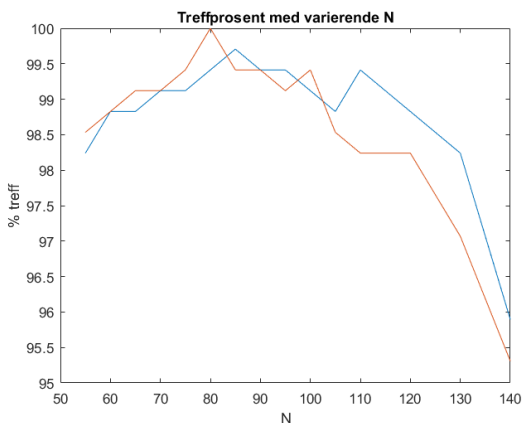
Algoritmen for gjenkjenning av fiskeindivider ble testet på et sett med fisk bestående av 361 individer. Det ble tatt to bilder av hver fisk, bilde *a* og *b*. Algoritmen ble kryssvalidert ved at a-bildene ble testet mot b-bildene og motsatt.

Testingen av algoritmen ble gjort med varierende oppløsning *N* på oppslagstabellen. En for lavoppløst tabell vil gjøre at nokså forskjellige konstellasjoner produserer samme indekseringsvektor og en for høyoppløst tabell vil føre til at nesten identiske konstellasjoner gir ulike indekseringsvektorer.

Resultatet av testen viser at man med en godt valgt *N* kan forvente en treffprosent på over 99 % med 360 individer i databasen. Marginen for antall gjenkjente

konstellasjoner på riktig fisk ifht. antall treff på de resterende fiskene i databasen er også generelt høy.

Flere av feilene som gjøres forekommer ved at en fisk med få prikker gjenkjennes som en fisk med mange prikker. En fisk som har mange prikker vil også nødvendigvis ha et stort antall mulige konstellasjoner og derfor være oppført på mange plasser i oppslagstabellen. Hvis man kun bruker et lite antall konstellasjoner for å slå opp i tabellen, slik som er tilfellet når man prøver å gjenkjenne en fisk med få prikker, er sannsynligheten stor for å feilaktig identifisere fisken som en tilfeldig fisk med et stort antall prikker. Funksjonaliteten for å eliminere disse feilene er enkelt implementerbar, de kan unngås ved at man sjekker om antallet prikker på hver potensielle match korresponderer med antallet prikker på fisken som skal identifiseres. Funksjonaliteten for dette er tilstede i den implementerte løsningen, men ikke benyttet under testing av selve grunnalgoritmen.



**Testresultater:** Treffprosent med varierende oppløsning *N* på oppslagstabell. Den røde grafen viser treffprosent for datasett *a* testet mot *b*, og den blå for datasett *b* mot *a*.



**Top 25 treff for tre tilfeldige individer:** Resultatene med *N*=80 viser at antall treff for fisken det leter etter er signifikant større enn for de resterende i datasettet.

## SAMMENDRAG

### & KONKLUSJON

I dette forprosjektet har man utviklet en metode for biometrisk identifikasjon av laks. Dette innebærer å komme frem til en unik markør som følger fisken uten fysisk å håndtere eller merke laksen. Ved å bruke iboende visuelle egenskaper hos fisken muliggjør vi gjenkjenning av enkeltindividet, potensielt, fra første utsetting i merd til den ligger på matfatet.

Laks er, som de fleste matvarer, et skjørt produkt som ikke tåler for mye kontakt før forringing av kvalitet inntreffer. Det har over lengre tid vært et ønske fra industrien å kunne følge et produkt igjennom produksjonen, men frem til nå har det kun vært mulig ved bruk av fysiske påheng på råstoffet. Ved å benytte visuelle egenskaper til identifisering elimineres behovet for fysiske inngripen for å markere laksen.

Målet med dette forprosjektet har vært å utvikle et maskinsynsystem som i laboratorieforsøk er i stand til å identifisere lakseindivider basert på prikkemønsteret på hodet og kroppen. Gjennom analyse av mønsteret til hver laks ønsket man å finne et unikt mønster per individ, som videre brukes som et «fingeravtrykk» for den enkelte laks.

Gjennom prosjektet har det blitt gjennomført flere forsøk. Hovedsakelig i laboratorier hos SINTEF, men også hos anlegget til Marine Harvest på Ulvan. Bilde materialet fra disse forsøkene ble brukt for å utvikle analysemetoder for prikkdeteksjon og for utvikling av algoritmer som er i stand til å identifisere unike egenskaper for hvert prikkemønster. Metoden for identifisering ble hentet fra lignende utfordringer med å gjenkjenne stjernekonstellasjoner, der melanin prikken er «stjerner» og mønstret er konstellasjonen. Dette er tidligere brukt å skape gjenkjenning algoritmer hos for eksempel hvalhai og geparder.

Det ble gjennomført et forsøk for å verifisere algoritmene som ble utviklet i løpet av prosjektet. Under forsøket ble 361 lakseindivider avbildet. Algoritmen skulle så gjenkjenne og skille hver fisk fra hverandre blant de 360 andre fiskene. Forsøket ga en treffprosent på 99,5 %, noe som er svært lovende.

### VEIEN VIDERE

Resultatene i dette prosjektet er lovende og den presenterte løsningen har vist seg å være kapabel til å skille 361 fisk med en korrekt klassifiseringsrate på 99,5 %. De typene feil som oppstår er sannsynligvis mulig å luke bort, men for å kunne gjøre forbedringer på algoritmen og validere denne for å avdekke om det er mulig å gjøre forbedringer, er det behov for et større vesentlig større datasett.

Det er behov for et datasett med et antall fisk som er i størrelsesorden 20-50 tusen fisk. En videreføring av arbeidet vil innebære et oppsett av en automatisk datainnsamlingsrigg som kan samle en store mengde bilde data. Dette vil muliggjøre testing, validering og eventuell forbedring av den presenterte algoritmen.

Det utviklede systemet har et stort potensiale og kan muliggjøre fullstendig sporbarhet av laks gjennom hele verdikjeden. Dersom systemet viser seg å håndtere store mengder data kan man se for seg en applikasjon hvor sluttbrukeren kan ta et bilde av en laks i kjøledisken og få tilgang til all informasjon som er samlet opp om individet gjennom produksjonsprosessen.

FHF901263 / SINTEF302002363  
Identifikasjon av lakseindivider—Biometri fase 1. (SalmID)

Rapportnummer: OC2017 A-178  
Dato: 2017.10.04

Forfattet av:

Aleksander Eilertsen  
Jonatan Dyrstad  
Morten Bondø

ISBN: 978-82-7174-311-6

Prosjektstøtte gjennom: Fiskeri- og havbruksnæringens forskningsfond

Designet av: Aleksander Eilertsen, SINTEF

