

基于分水岭及半监督最小误差重构的荧光微球 分割及分类方法

黄鸿, 金莹莹, 李政英, 段宇乐, 石光耀

重庆大学光电技术及系统教育部重点实验室, 重庆 400044

摘要 针对荧光微球图像分割存在粘连及有限标记样本分类困难等问题, 提出了一种基于改进分水岭及半监督最小误差重构分类器(SSMREC)的荧光微球图像分割及分类方法。采用改进分水岭方法对荧光微球图像进行分割, 有效分离粘连, 得到独立的荧光微球对象; 对微球对象的色调(H)、饱和度(S)、明度(V)即 HSV 颜色空间进行非均匀量化, 去除冗余信息, 提取鉴别特征; 采用半监督误差重构分类器实现荧光微球分类。将本文方法与线性鉴别分析分类器(LDA)、随机森林分类(RFC)、稀疏表示分类器(SRC)、K 近邻分类器(KNN)、支持向量机(SVM)分类方法进行比较。实验结果显示, 针对每类样本随机选取 2, 4, 6, 8 个有类别标记的样本时, 本文方法的总体分类精度比其他算法高 3.5%~14.3%, 该算法在类别标记样本量较少的情况下, 能够有效提高分类精度。

关键词 生物光学; 半监督分类; 误差重构; 分水岭; 特征提取; 荧光微球

中图分类号 TP391

文献标识码 A

doi: 10.3788/CJL201845.0307013

Fluorescent Microsphere Segmentation and Classification Based on Watershed and Semi-Supervised Minor Reconstruction Error

Huang Hong, Jin Yingying, Li Zhengying, Duan Yule, Shi Guangyao

Key Laboratory of Optoelectronic Technique System of the Ministry of Education, Chongqing University, Chongqing 400044, China

Abstract In order to solve the problem of the adhesion segmentation in fluorescent microspheres image and the classification with limited labeled samples, we propose a fluorescent microsphere segmentation and classification method based on improved watershed and semi-supervised minor reconstruction error classifier (SSMREC). Firstly, we use improved watershed method to segment the fluorescent microspheres adhesion image, and effectively separate the adhesion fluorescent microspheres into independent objects. Then we use the non-uniform quantization of Hue-Saturation-Value (HSV) color space for the microsphere objects to remove the redundant information and extract the discriminant features. Finally, the microsphere objects are classified by a semi-supervised reconstruction error classifier. We compare the proposed method with linear discriminant analysis classifier (LDA), random forest classifier (RFC), sparse representation-based classifier (SRC), K-nearest neighbor classifier (KNN), and support vector machine (SVM). The results show that the overall classification accuracy of the proposed method can be improved by 3.5%-14.3% compared with other classification methods in the case of randomly selecting 2, 4, 6, and 8 labeled samples in each class. It means that the proposed method is more effective in small number of labeled samples.

Key words biotechnology; semi-supervised classification; reconstruction error; watershed; feature extraction; fluorescent microspheres

OCIS codes 170.2520; 100.5010; 100.2000; 100.3008

收稿日期: 2017-09-05; 收到修改稿日期: 2017-10-05

基金项目: 国家自然科学基金(41371338)

作者简介: 黄鸿(1980—), 男, 教授, 博士生导师, 主要从事图像处理、模式识别方面的研究。

E-mail: hhuang@cqu.edu.cn

1 引 言

因传统的流式细胞术参数的获取会受到细胞、细菌或微粒的形状、大小及其比率等因素的限制,难以对多组分复杂样品同时进行检测。但现在越来越多的领域需要同时检测多种组分,因此以荧光编码微球技术为基础的流式细胞分析技术应运而生^[1]。荧光微球是一种负载荧光物质,其直径在纳米至微米级^[2]。用荧光编码微球对细胞等微粒分类、分选技术的基本设计思想是将微球表面与生物分子相连,在微球内部设计相应的不同的荧光信号(荧光编码),当荧光物质受外界能量激发时会发射出一定波长的荧光,即不同类别的生物分子能在外界的诱导下发出不同的荧光^[3],利用彩色 CCD 工业相机采集荧光光谱图像,对采集到的图像进行分析、分类处理。

国内外学者们在医学图像分割、分类方面进行了积极的探索^[4-6]。Alak 等^[7]基于改进分水岭对人体皮肤进行分割;Lu 等^[8]基于标记分水岭对 X 射线图像进行分割;强彦等^[9]基于模糊支持向量机提出对肺结节良恶性医学图像分类方法;甘岚等^[10]基于稀疏表示分类器对肿瘤图像进行分类。上述方法皆为监督分类方法,须要获取大量的标记样本进行分类器模型训练。在实际应用中,获取大量标记样本较为困难,且成本非常高,导致监督分类方法应用

受限。此外,上述方法主要是针对其他医学图像的,并不能直接应用于荧光微球图像。因此,如何在有限标记样本条件下实现有效荧光微球图像分割及分类成为亟需解决的关键问题^[11-13]。

针对上述问题,本文采用改进分水岭图像分割算法对荧光微球图像实施有效分割,然后利用 HSV (Hue, Saturation, Value)颜色空间进行非均匀量化特征提取,并提出一种半监督最小误差重构分类(SSMREC)方法,通过充分利用少量标记数据及大量无标记数据实现荧光微球分类,有效提升分类性能。实验结果表明,该算法能在标记样本较少的情况下有效实现多种荧光微球分类,可为细胞分析、分选技术提供参考。

2 基本原理

2.1 荧光微球图像分类法的步骤

本文提出的荧光微球图像分类方法主要包括图像分割、特征提取及分类 3 个主要步骤:1)将采集到的荧光微球图像进行预处理,包括滤波、前景提取等,并利用改进分水岭算法进行图像分割获得独立荧光微球对象;2)将荧光微球图像从红绿蓝(Red, Green, Blue, 即 RGB)颜色空间转化为 HSV 颜色空间,并采用 HSV 颜色模型的非均匀量化直方图方法对其进行特征提取;3)利用半监督最小误差重构分类器实现分类。该算法的基本流程如图 1 所示。

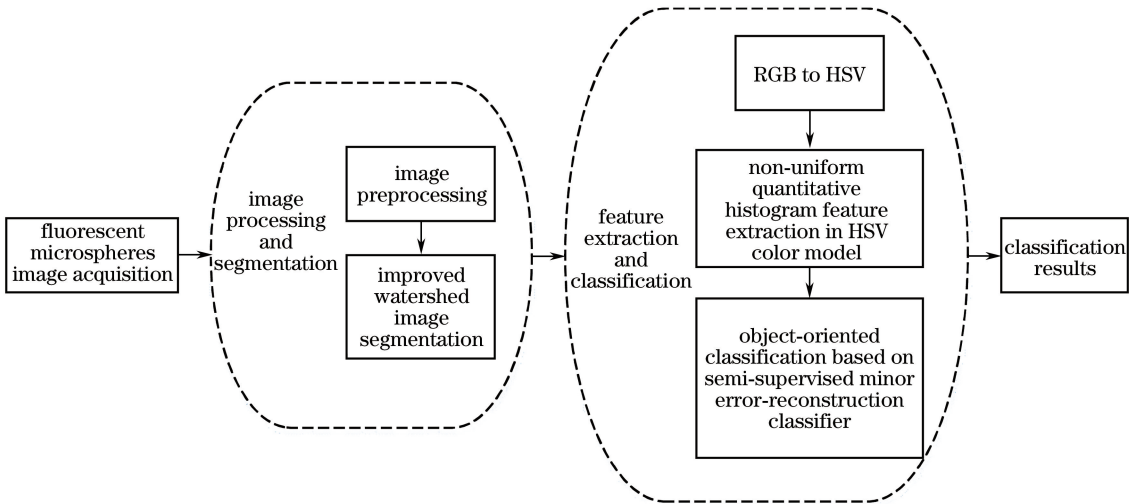


图 1 荧光微球分类算法流程

Fig. 1 Flowchart of the fluorescent microspheres classification algorithm

2.2 基于改进分水岭算法的荧光微球区域分割

要实现荧光微球分类,首先需要对获取的图像进行分割,以得到独立微球对象^[14]。然而实际获取

荧光微球可能存在较多粘连,直接分割较为困难。因此,本文首先采用改进分水岭分割方法,实现有效荧光微球区域分割,其步骤如下。

1) 首先将荧光微球图像转换为灰度图像,分析实际荧光微球图像灰度分布图。荧光微球图像的灰度直方图示例如图 2 所示,由图 2 可知,其目标和背景有强对比性,因此采用半阈值法进行前景提取,灰度阈值设置为 10。图像像素灰度值的具体公式为

$$g(i, j) = \begin{cases} g(i, j), & g(i, j) \geq T, T = 10 \\ 0, & \text{else} \end{cases}, (1)$$

式中 T 为本文设置的灰度阈值。以图 3(a1)和图 3(a2)为例,经阈值处理得到图 3(b1)和图 3(b2)。

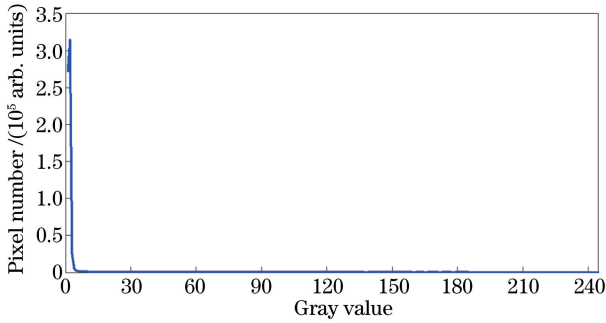


图 2 荧光微球图像的灰度直方图示例

Fig. 2 Grayscale histogram of the fluorescent microspheres image

2) 由于分水岭算法对噪声非常敏感^[15],直接对图 3(b1)(b2)进行分水岭分割,将会导致严重的过分割现象,且会存在粘连问题,如图 3(c1)(c2)所示。鉴于此,首先对图 3(b1)(b2)即半阈值处理后

的灰度图进行梯度运算得到梯度图,如图 3(d1)(d2)所示。

3) 由于梯度图像中存在着大量的局部极小值区域,对图 3(d1)(d2)进行开闭重建滤波,有效消除图像中的一些明、暗细节,并保留主要目标的形状信息。

4) 最后进行分水岭分割,实现荧光微球的分割,分割结果图如图 3(e1)(e2)所示。

从图 3 中实验结果可知,本文所采用的分割方法不仅能够准确分割包括不同程度粘连的荧光微球图像,还能够尽量减少背景区域对荧光微球的颜色特征的负面影响,有利于后续荧光微球分类处理。

2.3 基于 HSV 颜色模型的非均匀量化直方图特征提取

2.3.1 颜色特征的量化

根据成像原理,荧光微球中单个像素的散射测量值会产生变化,如果直接提取 HSV 颜色特征,在分类时会引起误差,数据冗余且计算量大^[16]。因此,本文以分割后的独立微球的区域为基本对象,提取每个基本对象的颜色特征。与此同时,由于不同荧光微球的 HSV 分量并不是均匀分布,本文对其进行非均匀性量化有效提取特征。

图 4 是对具有 7 种荧光微球类型的多幅 HSV 颜色图像的微球个数分布统计。不难看出,荧光微

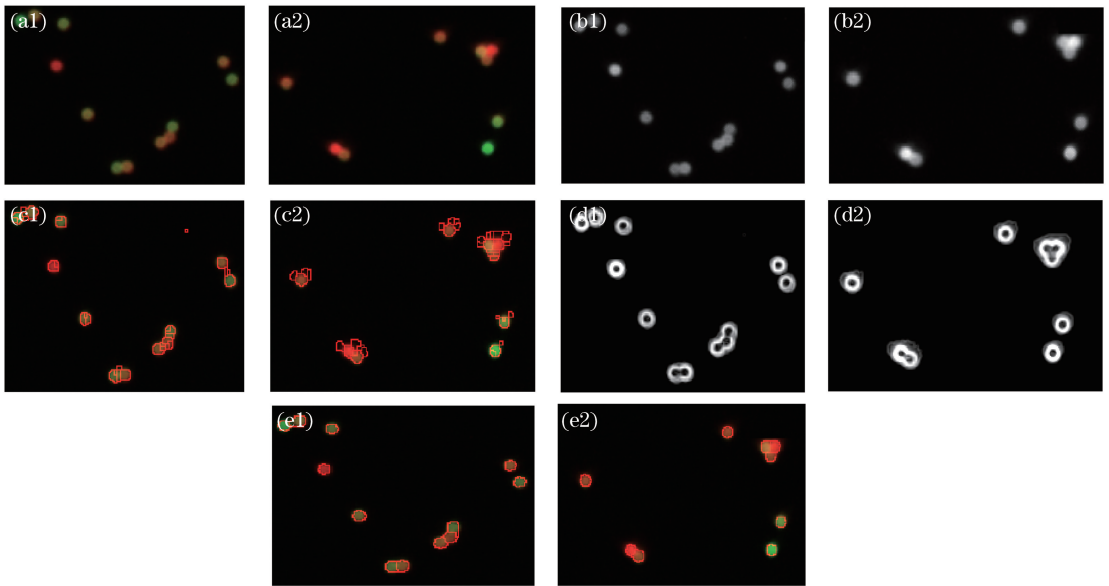


图 3 基于改进分水岭荧光微球图像分割结果对比。(a1)(a2)荧光微球原始图像;(b1)(b2)半阈值前景提取处理后的灰度图;(c1)(c2)改进前分割效果;(d1)(d2)梯度图;(e)最终分割效果

Fig. 3 Results with improved watershed segmentation. (a1)(a2) Original images of the fluorescent microspheres; (b1)(b2) grayscale maps after semi-threshold foreground extraction; (c1)(c2) segmented results without improvement; (d1)(d2) gradient images; (e) final segmented results

球的色调空间呈现出比较明显的7个峰值并分布在 $[0^\circ, 140^\circ]$ 之间,荧光微球的饱和度的4个峰值分段主要分布在 $[0.6, 0.95]$,而荧光微球图像明度主要

分布在 $[0, 1]$ 区间内,并且无明显的峰值对比。因而本文采用非均匀量化方法进行特征提取,以减少特征向量的冗余,提高分类效率。

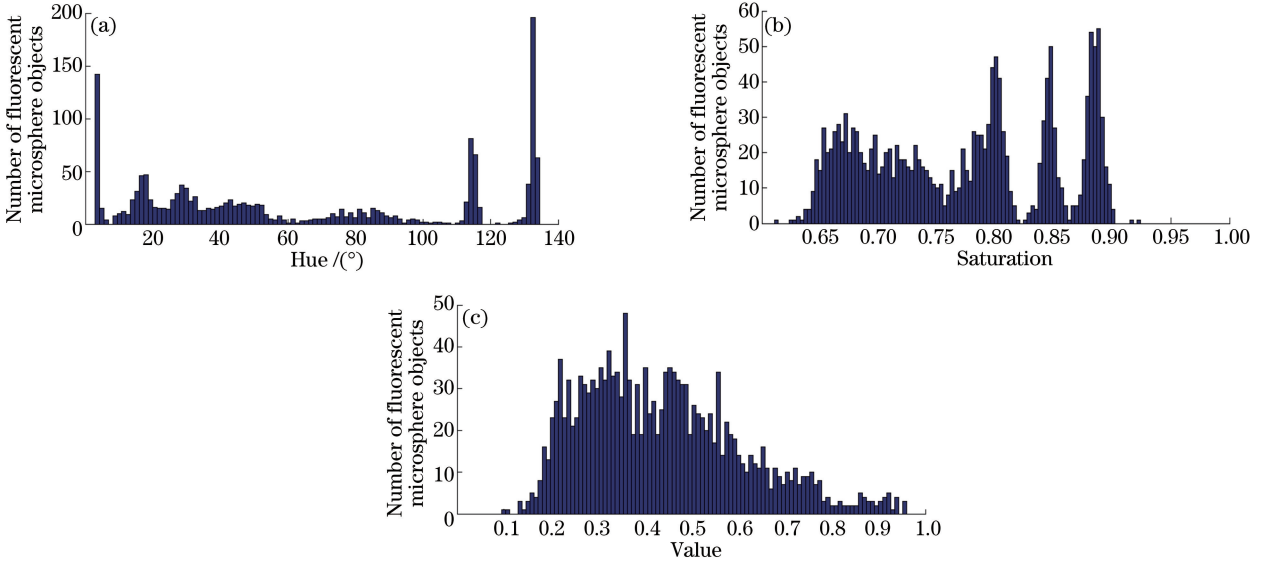


图4 HSV颜色空间中荧光微球对象均值分布统计结果。(a)色调分布统计;(b)饱和度分布统计;(c)明度分布统计

Fig. 4 Statistical distribution of fluorescent microsphere objects in HSV color space. Statistical distributions of (a) hue channel; (b) saturation channel; (c) value channel

具体量化方法如下。

$$\mathbf{H} = \begin{cases} 0, & h \in [0, 10) \\ 1, & h \in [10, 20) \\ 2, & h \in [20, 35) \\ 3, & h \in [35, 60) \\ 4, & h \in [60, 109) \\ 5, & h \in [109, 119) \\ 6, & h \in [119, 140] \end{cases}, \quad (2)$$

式中 \mathbf{H} 为色调分量量化后的值, h 为未量化的色调分量值。

$$\mathbf{S} = \begin{cases} 0, & s \in [0.6, 0.75) \\ 1, & s \in [0.75, 0.82) \\ 2, & s \in [0.82, 0.86) \\ 3, & s \in [0.86, 0.95] \end{cases}, \quad (3)$$

式中 \mathbf{S} 为饱和度分量量化后的值, s 为未量化的饱和度分量值。

$$\mathbf{V} = \begin{cases} 0, & v \in [0, 0.5) \\ 1, & v \in [0.5, 1] \end{cases}, \quad (4)$$

式中 \mathbf{V} 为明度分量量化后的值, v 为未量化的饱和度分量值。

2.3.2 \mathbf{H} 、 \mathbf{S} 、 \mathbf{V} 三维特征一维化

在 \mathbf{H} 、 \mathbf{S} 、 \mathbf{V} 颜色分量中,人对荧光微球的颜色辨别能力呈逐渐递减趋势。根据 \mathbf{H} 、 \mathbf{S} 、 \mathbf{V} 的频率及其量化级不同,定义一维矢量 \mathbf{G} 为

$$\mathbf{G} = L_s L_v \mathbf{H} + L_v \mathbf{S} + \mathbf{V}, \quad (5)$$

式中 L_s 和 L_v 分别是 \mathbf{S} 和 \mathbf{V} 的量化级数。由(3)式和(4)式可知,对 \mathbf{S} 分量和 \mathbf{V} 量化为4级和2级即 $L_s=4, L_v=2$,进而可得

$$\mathbf{G} = 8\mathbf{H} + 2\mathbf{S} + \mathbf{V}. \quad (6)$$

考虑 \mathbf{H} 、 \mathbf{S} 、 \mathbf{V} 分别取最大值6、3和1,(6)式中 \mathbf{G} 的取值区间为 $[0, 55]$,因此每个荧光微球被表示成一个56维的直方图特征。

2.4 基于半监督最小误差重构的荧光微球分类方法

在实际应用中,荧光微球的类别较多,且数据分布较不规则,标记样本数量有限,这些均给荧光微球的准确分类带来较大的挑战。Roweis等^[17]曾在*Science*杂志提出数据点邻域内的几何结构可以由近邻点的线性重构系数表示。因此,本文提出一种半监督最小误差重构分类方法,通过充分利用样本及其邻域内多个近邻点的信息并计算重构误差即可权衡样本与对应类别的相似程度,提升分类性能。

给定 N 个有标签样本标记数据集 $\mathbf{X}_1 = \{(\mathbf{x}_1, l_1), (\mathbf{x}_2, l_2), \dots, (\mathbf{x}_N, l_N)\}$, $\mathbf{x}_i (i=1, 2, 3, \dots, N) \in \mathbf{R}^D$ (D 维实数集),由(6)式可知本文中的特征维度 $D=56$,其类别标签为 $l_i, l_i \in \{1, 2, \dots, P\}$, P 表示类别数。 M 个无标记数据集 $\mathbf{X}_2 = \{\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2, \dots, \mathbf{x}_M\}$, $\mathbf{x}_j (j=1, 2, 3, \dots, M) \in \mathbf{R}^D$,半监督分类算法的具体

步骤如下。

步骤 1: 计算 P 类样本每一类已标记样本点均值 \bar{x}_i 与无标记样本点 x_j 之间的欧式距离

$$d(\bar{x}_i, x_j) = \text{dist}(\bar{x}_i, x_j) = \sqrt{(\|\bar{x}_i - x_j\|^2)}. \quad (7)$$

利用 $d(\bar{x}_i, x_j)$ 计算每一类的 x_i 的 k_0 个近邻点, 将这 k_0 个样本点归为这一类, 形成新的训练数据集:

$$\mathbf{X}'_1 = \{(x_1, l_1), (x_2, l_2), \dots, (x_N, l_N), x_{N+1}, x_{N+2}, \dots, x_{N+Pk_0}\}, \quad (8)$$

其中 $x_r (r=1, 2, 3, \dots, N+Pk_0) \in \mathbf{R}^D$, 式中 \mathbf{X}'_1 表示增加近邻样本后的数据集, N 为有标记数据集样本个数, 每一类添加 k_0 个无标记近邻点, 共 P 类, 即增加了 Pk_0 个无标记样本点。

步骤 2: 对于测试样本数据 x_t , 首先利用重构函数

$$S(x_{t_1}, x_{t_2}, \dots, x_{t_k}) = \left\{ \sum_{i=1}^k \omega_{t_i} x_{t_i} \mid \sum_{i=1}^k \omega_i = 1, \omega_i \geq 0 \right\} \quad (9)$$

来描述, 式中 x_{t_i} 表示 x_t 的第 i 个近邻点, ω_i 表示 x_t 的第 i 个近邻数据点的权重系数。

从每类样本数据中计算得到与之近邻的 k 个近邻点的数据集 $\{x_{t_{lj}} : l \in \{1, 2, \dots, P\}\}_{j=1}^k$, 其中 $x_{t_{lj}}$ 为 x_t 在第 l 类中的第 j 个近邻样本。

步骤三: 重构误差的目标函数为

$$e = \text{argmin} \left| x_{t_i} - \sum_{j=1}^k \omega_{t_{ij}} x_{t_{ij}} \right|. \quad (10)$$

利用(10)式可获得数据点 x_t 在不同类上的 k 近邻数据重构结果之间的重构误差 $\{e^{(l)} : l \in \{1, 2, \dots, P\}\}$;

步骤 4: 利用如下目标函数获得测试样本 x_t 所属类别 l_t 。

$$l_t^* = \text{arg min}_l e^{(l)}, \quad (11)$$

式中 l_t^* 表示对测试样本 x_t 的类别 l_t 的估计。

3 实验结果与分析

3.1 实验数据

本文所用数据来自于由陆军军医大学、重庆天之助生物科技有限公司及重庆大学联合研制的动态生物分析仪。该分析仪采集得到的荧光图像分辨率为 $6576 \text{ pixel} \times 4384 \text{ pixel}$, 共有 7 种颜色微球, 分别代表不同类别的细胞, 不同类型微球图像如图 5 所示。

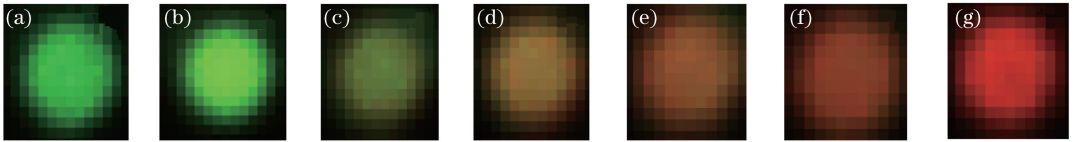


图 5 7 种不同类别荧光微球样图。

(a)类别 1;(b)类别 2;(c)类别 3;(d)类别 4;(e)类别 5;(f)类别 6;(g)类别 7

Fig. 5 Seven different types of fluorescent microspheres samples classes.

(a) Class 1, (b) class 2, (c) class 3, (d) class 4, (e) class 5, (f) class 6, and (g) class 7

3.2 实验结果及分析

本文实验均是在 Win7 操作系统、Intel 酷睿 i5 处理器、6G 内存的计算机平台上使用 MATLAB R2014a 软件对荧光微球图像进行测试。在实验中, 每类随机选取 $i (i=2, 4, 6, 8)$ 的标记样本, 剩余为未标记数据集测试样本, SSMREC 中近邻数 $k_0=8$, 分别采用线性鉴别分析分类器(LDA)、随机森林分类(RF)、稀疏表示分类器(SRC)、K 近邻分类器(KNN)、支持向量机(SVM)与本文的分类方法进行比较^[18-19]。每种分类方法均做了 10 次重复实验, 取 10 次实验结果的平均值作为最终的分类结果。在本文实验中, K 近邻分类器中 $K=1$ 。

表 1 为在不同标记样本条件下各种分类方法的荧光微球总体分类精度及运行时间。从表 1 可

知, 荧光微球的总体分类精度随着标记样本数量的增加而提高。同时, 在各条件下, 本文方法均比 LDA、RF、SRC、KNN、SVM 方法总体分类精度高, 这是因为本文方法不但利用了训练样本数据的局部结构信息, 而且在标记样本较少时, 可以利用大量的无标记本来提升分类性能。从表 1 可知, 在样本标签数为 2 时, 本文方法的总体分类精度比 LDA 分类方法高 14.3%, 比 KNN 分类方法高 7.1%, 比 RF 分类方法高 7.0%, 比 SRC 分类方法高 11.4%, 且比 SVM 分类方法高 8.2%。此外, 由于本文方法需要在每一类上利用标记样本及其无标记近邻样本进行误差重构, 计算过程较复杂, 计算时间最长, 但是相对其分类精度的提升, 其运行时间尚可接受。

表 2 给出了在标签数仅为 2 的情况下 7 类荧光

微球的每一类的分类精度和总体分类精度。从表 2 中可以看出,本文方法对各类荧光微球的分类精度相对其他方法均有提高,对第 4 类和第 5 类荧光微

球图像的分类精度相对偏低,这是由于荧光光基团发射光谱一般较宽,相互之间往往会发生重叠,导致得到的特征不具有鉴别性。

表 1 不同标签数量情况下各方法总体分类精度及运行时间

Table 1 Overall classification accuracies and run times of different methods with different labeled data samples per class

Classification method	2 labels		4 labels		6 labels		8 labels	
	Overall classification accuracy / %	Run time / s	Overall classification accuracy / %	Run time / s	Overall classification accuracy / %	Run time / s	Overall classification accuracy / %	Run time / s
LDA	70.0±0.066	0.087	76.4±0.044	0.123	79.4±0.022	0.135	81.1±0.027	0.135
KNN	77.2±0.064	0.004	81.0±0.039	0.005	82.0±0.023	0.006	82.4±0.028	0.007
RF	77.3±0.044	3.801	80.3±0.022	3.904	81.7±0.019	4.020	82.7±0.013	4.028
SRC	72.9±0.050	1.281	77.9±0.034	1.326	80.1±0.024	1.360	81.1±0.033	1.375
SVM	76.1±0.050	1.146	80.0±0.025	1.254	81.7±0.028	1.402	83.0±0.016	1.557
SSMREC	84.3±0.030	5.919	85.7±0.019	5.954	86.2±0.021	6.033	86.5±0.023	6.093

表 2 2 个标签的训练样本情况下不同方法的每类分类精度和总体精度

Table 2 Each class classification accuracies and overall accuracies in different methods

with 2 labeled data samples per class

Classification method	Classification accuracy of each class							Overall accuracy
	Class 1	Class 2	Class 3	Class 4	Class 5	Class 6	Class 7	
LDA	73.0	84.7	69.2	65.3	56.8	73.4	69.0	69.8
KNN	77.2	92.4	85.9	65.0	66.1	79.6	77.1	77.2
RF	92.9	92.5	73.3	62.3	55.9	72.5	90.1	77.3
SRC	69.6	91.1	85.8	66.0	56.8	79.8	67.5	72.9
SVM	74.8	91.2	85.7	64.0	68.7	79.2	74.4	76.2
SSMREC	95.5	95.3	86.3	66.6	69.5	80.3	93.3	84.3

4 结 论

以荧光编码微球技术为基础的流式细胞分析技术是目前的研究热点,但存在的荧光图像中微球粘连及标记样本有限等问题给荧光分球精确分类带来困难。本文提出采用改进分水岭方法对荧光图像进行分割,有效分离粘连,得到独立的荧光微球对象,并对其 HSV 颜色空间进行非均匀量化,提取鉴别特征,然后采用半监督最小误差重构分类器实现荧光微球分类。实验结果显示,本文方法能够有效提高荧光微球的分类精度。本文算法由于需要计算待测样本数据在每一类标记数据及其近邻无标记数据上的重构误差,计算复杂度高,分类时间较长,因此下一步将研究采用 GPU 加速方法提高本文算法的实时性。

参 考 文 献

[1] Wu X N, Jiang H B. Working principle and clinical application of flow cytometry [J]. China Medical Devices, 2011, 26(3): 91-93.

吴晓娜, 蒋红兵. 流式细胞术的工作原理及其临床应用[J]. 中国医疗设备, 2011, 26(3): 91-93.

[2] Yang Y J, Ni X Q, Wang Q, et al. Fluorescent microsphere-based lateral flow assay for the quantitative detection of casein in milk[J]. Journal of Food Safety & Quality, 2014, 5(7): 1978-1984.

杨亚杰, 倪小琴, 王茜, 等. 荧光微球免疫层析法定量检测牛乳中酪蛋白[J]. 食品安全质量检测学报, 2014, 5(7): 1978-1984.

[3] Li M, Liu Y, Yin J. Research progress of fluorescent microspheres in the application of biological detection [J]. Journal of Preventive Medicine of Chinese People's Liberation Army, 2014, 32(2): 176-177.

李梅, 刘颖, 尹静. 荧光微球在生物检测中的应用研究进展[J]. 解放军预防医学杂志, 2014, 32(2): 176-177.

[4] Guan T, Zhou D X, Fan W H, et al. Segmentation of color overlapping cells image based on sparse contour point model [J]. Journal of Computer Research and Development, 2015, 52(7): 1682-1691.

关涛, 周东翔, 樊玮虹, 等. 基于稀疏轮廓点模型的彩色重叠细胞图像分割[J]. 计算机研究与发展, 2015, 52(7): 1682-1691.

- 2015, 52(7): 1682-1691.
- [5] Liu Z W, An X, Li H, *et al.* Progress in cell image processing and analysis [J]. Transactions of Beijing Institute of Technology, 2014, 34(5): 441-453.
刘志文, 安兴, 李衡, 等. 显微细胞图像分析方法的研究进展 [J]. 北京理工大学学报, 2014, 34(5): 441-453.
- [6] Zhao C, Chen X D, Zhang J C, *et al.* Coronary lesion detection method based on one-class support vector machine [J]. Chinese Journal of Lasers, 2017, 44(5): 0504006.
赵聪, 陈晓冬, 张佳琛, 等. 基于一类支持向量机的冠脉病变检测方法 [J]. 中国激光, 2017, 44(5): 0504006.
- [7] Das A, Ghoshal D. Human skin region segmentation based on chrominance component using modified watershed algorithm [J]. Science Direct, 2016, 89(6): 856-863.
- [8] Lu S Y, Wang S H, Zhang Y D. A note on the marker-based watershed method for X-ray image segmentation [J]. Computer Methods and Programs in Biomedicine, 2017, 141(4): 1-2.
- [9] Qiang Y, Pei B, Zhao J J, *et al.* Classification on pulmonary nodules based on a fuzzy support vector machine [J]. Journal of Tsinghua University (Science and Technology), 2014, 54(3): 354-359.
强彦, 裴博, 赵涓涓, 等. 模糊支持向量机在肺结节良恶性分类中的应用 [J]. 清华大学学报(自然科学版), 2014, 54(3): 354-359.
- [10] Gan L, Zhang Y H. Regularized robust coding for tumor cell image recognition based on dictionary learning [J]. Journal of Computer Applications, 2016, 36(10): 2895-2899.
甘岚, 张永焕. 基于字典学习的正则化鲁棒稀疏表示肿瘤细胞图像识别 [J]. 计算机应用, 2016, 36(10): 2895-2899.
- [11] Sheikhpour R, Sarram M A, Gharaghani S, *et al.* A Survey on semi-supervised feature selection methods [J]. Pattern Recognition, 2017, 64(4): 141-158.
- [12] Krishnasamy G, Paramesran R. Hessian semi-supervised extreme learning machine [J]. Neurocomputing, 2016, 207(9): 560-567.
- [13] da Silva N F F, Coletta L F S, Hruschka E R, *et al.* Using unsupervised information to improve semi-supervised tweet sentiment classification [J]. Information Sciences, 2016, 355/356: 348-365.
- [14] Nie S P, Wang M. Algorithm study of image segmentation and parameters calculation for spherical overlapping region image [J]. Chinese Journal of Lasers, 2003, 30(11): 1036-1040.
聂守平, 王鸣. 球状重叠区域图像分割与参数统计算法研究 [J]. 中国激光, 2003, 30(11): 1036-1040.
- [15] Yang W M, Chen G B, Shen Y H. Image segmentation based on watershed transform [J]. Journal of Zhejiang University (Engineering Science), 2006, 40(9): 1503-1506.
杨文明, 陈国斌, 沈晔湖. 一种基于分水岭变换的图像分割方案 [J]. 浙江大学学报(工学版), 2006, 40(9): 1503-1506.
- [16] Hamuda E, Mc Ginley B, Glavin M, *et al.* Automatic crop detection under field conditions using the HSV color space and morphological operations [J]. Computers & Electronics in Agriculture, 2017, 133(2): 97-107.
- [17] Roweis S T, Saul L K. Nonlinear dimensionality reduction by locally linear embedding [J]. Science, 2000, 290(5500): 2323-2326.
- [18] Luo F L. Sparse manifold learning for hyperspectral imagery [D]. Chongqing: Chongqing University, 2016: 30-36.
罗甫林. 高光谱图像稀疏流形学习方法研究 [D]. 重庆: 重庆大学, 2016: 30-36.
- [19] Li D W, Yang F B, Wang X X. Multisource remote sensing classification based on random forest and adaptive weighted D-S evidence synthesis [J]. Laser & Optoelectronics Progress, 2016, 53(3): 031001.
李大威, 杨风暴, 王肖霞. 基于随机森林与 D-S 证据合成的多源遥感分类研究 [J]. 激光与光电子学进展, 2016, 53(3): 031001.