UDK 577:581.33 • [61:53]:581.33 • 004:902.7


# Geometrijska aproksimacija peludnih zrna primjenom optimizacijskog pakiranja elipsi

**Deni Vale**[a]

**a** Mag. phys., pred., Istarsko Veleučilište – Università Istriana di scienze applicate, Preradovićeva 9D, Pula-Pola, dvale@iv.hr

## Sažetak

*U radu se predstavlja nova metodologija za detekciju peludnih zrna koja rješava problem podsegmentacije u gustim nakupinama. Umjesto klasične segmentacije na razini piksela, problem se definira kao geometrijska aproksimacija binarne maske skupom parametarskih elipsi. Inicijalno pozicioniranje kandidatskih centara provodi se pomoću transformacije udaljenosti, čime se značajno sužava prostor pretraživanja. Glavna faza uključuje optimizaciju višekriterijske funkcije cilja koja balansira pokrivenost maske i broj objekata uz penalizaciju međusobnih preklapanja. Redundancija u detekcijama uklanja se primjenom postupka potiskivanja nemaksimalnih vrijednosti (NMS) prilagođenog geometrijskim primitivima. Preliminarna provjera na uzorcima vrbovice, anđelike i javora pokazala je visoku preciznost metode čak i u uvjetima gdje su granice između zrna vizualno iščezle. Dok standardna blob detekcija pokazuje izrazitu neadekvatnost u zasićenim regijama, predložena metoda postiže rezultate usporedive s naprednim sustavom Cellpose. Iako je Cellpose izvorno namijenjen segmentaciji stanica i bakterija, njegova primjena na pelud potvrđuje konkurentnost predloženog modela u ekstrakciji biometrijskih parametara. Ovakav pristup postavlja čvrst temelj za daljnju automatizaciju i povećanje objektivnosti melisopalinološke analize.*

***Ključne riječi:*** *detekcija peludnih zrna, prebrojavanje objekata, morfološka obrada, višekriterijska evaluacija modela, geometrijska aproksimacija elipsama*

## Uvod

Problem automatskog prepoznavanja peludnih zrna u mikroskopskim slikama formuliran je još krajem 1960-ih godina, kada je J. R. Flenley ukazao na potrebu automatizacije ovog procesa kako bi se smanjila subjektivnost i vremenska zahtjevnost ručne analize. Još 1968. predložio je razvoj sustava za automatsku klasifikaciju peludi, no tadašnje tehnološke mogućnosti nisu omogućavale njegovu realizaciju (Flenley, 1968). Kasniji radovi potvrđuju da problem prepoznavanja peludi obuhvaća dvije ključne zadaće: detekciju i klasifikaciju objekata. Iako su suvremene metode računalnog vida (Daunys *et al.*, 2024) i dubokog učenja (Daood *et al.*, 2016; Garga *et al.*, 2024; Shamrat *et al.*, 2024) značajno unaprijedile rješavanje tih zadataka, njihov razvoj i evaluacija i dalje su ograničeni nedostatkom velikih i standardiziranih skupova podataka (Astolfi *et al.*, 2020).

### 1.1. Multidisciplinarni značaj analize peludi

Pelud je jedan od najznačajnijih vanjskih alergena. Automatizirana detekcija omogućuje izradu preciznih i pravovremenih peludnih prognoza, što je ključno za prevenciju simptoma sezonskog rinitisa i astme (Bousquet *et al*., 2008; D'Amato, 2015). Brzina analize ovdje izravno utječe na kvalitetu života milijuna ljudi, jer omogućuje prelazak s tjednih izvještaja na analizu u realnom vremenu. Peludna zrna služe kao izvrsni bioindikatori klimatskih promjena i bioraznolikosti (IPCC, 2021). Praćenjem promjena u sastavu i fenologiji cvatnje (aerobiologija), ekolozi mogu rekonstruirati promjene u ekosustavima. Također, u paleopalinologiji, analiza fosilne peludi omogućuje uvid u floru prošlih geoloških razdoblja (Edwards, 1990). Iako se pelud često promatra kao eksterni faktor, njezina interakcija s ljudskim tkivom (posebice epitelom dišnih puteva) predmet je intenzivnih biomedicinskih istraživanja. Slično kao i kod analize bakterijskih kultura, detekcija peludi na stanicama ili u tkivnim uzorcima zahtijeva visoku preciznost kako bi se razumjeli upalni procesi, oksidativni stres i citološke promjene koje pelud inducira u ljudskom organizmu (Behrendt *et al*., 2001; Traidl-Hoffmann *et al*., 2002).

### 1.2. Segmentacija i detekcija u kontekstu digitalne patologije

Segmentacija i detekcija objekata u biomedicinskim slikama danas čine samu srž moderne digitalne patologije i mikrobiologije, jer omogućuju automatsko izdvajanje, prepoznavanje i kvantitativnu analizu relevantnih struktura poput peludnih zrna, stanica, jezgri, tkivnih područja, mikroorganizama i patoloških promjena (Ronneberger *et a*l., 2015; Esteva *et al*, 2017; He *et al*, 2017; Litjens *et al*, 2017; Berg *et al*, 2019; Moen *et al*, 2019, Stringer *et al*, 2021). Takvi postupci smanjuju ovisnost o isključivo ručnoj interpretaciji, ubrzavaju dijagnostički proces te povećavaju ponovljivost i objektivnost analize. Napredak u tehnikama mikroskopije omogućio je uvid u mikrosvijet s neviđenom preciznošću, no taj napredak prati i eksponencijalni rast količine podataka koje stručnjaci trebaju obraditi. U kontekstu analize kultura i peludi, automatizirana obrada slika više nije samo luksuz, već nužnost za postizanje objektivnosti, ponovljivosti i brzine u dijagnostičkim i istraživačkim procesima (Moen *et al*, 2019; Stringer *et al*, 2021).

Primarni cilj sustava za računalni vid u ovoj domeni jest precizna identifikacija pojedinačnih mikroorganizama i peludi te ekstrakcija njihovih ključnih geometrijskih i morfoloških karakteristika (Ronneberger *et al*., 2015; He *et al*., 2017; Moen *et al.,* 2019; Stringer *et al*., 2021). Parametri poput duljine glavne i sporedne osi, orijentacije u prostoru, površine te točnog položaja (centroida) unutar uzorka, služe kao kritični ulazni podaci za taksonomsku klasifikaciju, melisopalinološku analizu podrijetla meda te aerobiološko praćenje koncentracije alergena.

### 1.3. Izazovi u analizi guste biomase

Iako detekcija izoliranih objekata na čistoj pozadini predstavlja trivijalan zadatak za suvremene algoritme, stvarni biomedicinski uzorci rijetko su idealni. Primjerice, priroda rasta bakterija inherentno teži stvaranju kompleksnih struktura koje radikalno otežavaju proces segmentacije. Problem postaje značajno složeniji uslijed nekoliko ključnih faktora: i) visoka gustoća populacije u fazama intenzivnog rasta, bakterije formiraju guste kolonije gdje je razmak između jedinki manji od rezolucije samog optičkog sustava (Coelho *et al.,* 2009; Stringer *et al.,* 2021); ii) fizički dodir i aglomeracija (bakterije, stanice ili peludna zrna se često dodiruju rubovima, stvarajući "lance" ili "grozdove" koje algoritmi niskog nivoa interpretiraju kao jednu povezanu masu (Meijering *et al.,* 2012)); iii) djelomično i potpuno preklapanje s obzirom na to da su uzorci često trodimenzionalni, a mikroskopska slika predstavlja 2D projekciju (preklapanje objekata stvara vizualne artefakte koje je ljudskom oku lako razlučiti, ali stroju predstavljaju nerješivu enigmu bez dodatnog konteksta (Coelho *et al.,* 2009; He *et al.,* 2017)); i iv) varijabilnost intenziteta i šum, odnosno neuniformno osvjetljenje, autofluorescencija pozadine i inherentni šum senzora dodatno zamagljuju granice između objekata (Meijering *et al.,* 2012).

### 1.4. Ograničenja tradicionalnih metoda

Tradicionalni pristupi segmentaciji, poput određivanja praga praćenog analizom povezanih

komponenata (engl. *connected component labeling*), u ovakvim scenarijima redovito zakazuju (Gonzalez & Woods, 2018). Glavni problem leži u tome što ovi algoritmi tretiraju svaki skup spojenih piksela kao jedan nedjeljiv entitet. Rezultat je "podsegmentacija" gdje se skupina od desetak peludnih zrna, bakterija ili nekih drugih mikroorganizama klasificira kao jedan nepravilan objekt, čime se gubi svaka informacija o stvarnom broju i morfologiji jedinki.

Naprednije metode, poput *watershed* algoritma, pokušavaju riješiti ovaj problem tretirajući sliku kao topografsku kartu (Roerdink *et al.*, 2000). Međutim, *watershed* je izrazito osjetljiv na kvalitetu markera i lokalne varijacije u intenzitetu. U praksi to dovodi do dva neželjena ekstrema (Roerdink *et al*., 2000): i) prekomjerna segmentacija (engl. *over-segmentation***)** gdje se jedno peludno zrno, zbog unutarnje teksture ili šuma, dijeli na više manjih dijelova i ii) nedovoljno razdvajanje (engl. *under-segmentation*)**,** gdje algoritmi ne uspijevaju pronaći "dolinu" između dva blisko prislonjena objekta, ostavljajući ih spojenima.

### 1.5. Redefinicija problema – od piksela prema parametrima

Suočen s navedenim ograničenjima, ovaj rad predlaže promjenu paradigme. Umjesto da pokušavamo eksplicitno razdvojiti objekte na razini pojedinačnih piksela, što je proces koji je inherentno podložan pogreškama u uvjetima niskog kontrasta, problem redefiniramo kao problem aproksimacije skupom parametarskih oblika. Temeljna pretpostavka pristupa predstavljenog u ovom radu jest da se većina peludnih zrna može s visokom točnošću aproksimirati eliptičnim oblicima. Geometrija elipse definirana je vektorom parametara $\theta = \{x, y, a, b, \phi\}$,, gdje su *(x, y)* koordinate središta, a i b duljine poluosi, $\phi$ kut rotacije.

Transformacijom problema segmentacije u problem pronalaženja optimalnog skupa parametara koji najbolje opisuju strukturu intenziteta na slici, postižemo robusnost na dodirivanje i preklapanje. Čak i ako su dva zrna vizualno spojena, model koji "traži" dvije elipse unutar te mase uspjet će ih identificirati kao zasebne entitete, koristeći geometrijski integritet oblika kao vodeći kriterij. Cilj ovog rada je istražiti i implementirati metode optimizacije koje će učinkovito "uklapati" ove parametarske oblike u kompleksne mikroskopske snimke, osiguravajući visoku preciznost čak i u najzahtjevnijim laboratorijskim uvjetima.

## 2. Predobrada slike

Predobrada slike predstavlja kritičnu fazu u sustavu za detekciju i analizu uzoraka peludi. Kvaliteta binarne maske dobivene u ovoj fazi izravno korelira s preciznošću algoritma za ekstrakciju parametara elipsi. Osnovni izazov u obradi mikroskopskih snimaka je prisutnost neuniformnog osvjetljenja, digitalnog šuma i niskog kontrasta između peludnih zrna i podloge.

Cilj predobrade je transformirati sirovi senzorski zapis u stabilnu, pročišćenu binarnu reprezentaciju $B(x, y)$ koja jasno razgraničava biomasu od pozadine, eliminirajući pritom artefakte koji bi mogli dovesti do lažno pozitivnih detekcija. Cjelokupni proces segmentiran je u četiri ključna koraka: i) redukcija dimenzionalnosti problema, ii) potiskivanje šuma, iii) automatska binarizacija i iv) morfološka rafinacija. Svaki korak je pokriven u tekstu rada.

### 2.1. Pretvorba u sivu skalu

Većina mikroskopskih sustava generira slike u RGB formatu. Međutim, u analizi morfologije peludnih zrna, informacija o boji često ne nosi dodatnu diskriminativnu moć u odnosu na informaciju o intenzitetu. Kako bi se smanjila računalna složenost i omogućila primjena skalarnih operatora, vrši se pretvorba slike ($R(x, y)$, $G(x, y)$ i $B(x, y)$) u sivu skalu $I_g(x, y)$ (engl. grayscale conversion) (OpenCV, 2024). Transformacija se provodi primjenom težinske sume kanala, čime se simulira spektralna osjetljivost ljudskog vizualnog sustava (Szeliski, 2010; OpenCV, 2024.):

$$I_g(x, y) = 0.299 \cdot R(x, y) + 0.587 \cdot G(x, y) + 0.114 \cdot B(x, y). \quad (1)$$

Ovim korakom postižemo: i) redukciju podataka, odnosno smanjenje volumena informacija s tri kanala na jedan, bez gubitka ključnih strukturnih detalja, i ii) stabilnost intenziteta, odnosno ujednačavanje varijacija koje se mogu javiti u pojedinim kanalima zbog nesavršenosti optičkih filtara. Primjer transformacije nalazi se na slici 1.

## 2.2. Filtriranje šuma Gaussovim filtrom

Mikroskopske slike inherentno sadrže šum visokih frekvencija koji proizlazi iz termičkog šuma senzora ili optičkih aberacija. Takav šum može uzrokovati fragmentaciju objekata tijekom postupka binarizacije (Gonzalez & Woods, 2018). Za zaglađivanje slike koristi se Gaussov filtar, koji djeluje kao filtar propusnik niskih frekvencija (engl. low-pass filter). Postupak se temelji na konvoluciji slike $I_g$ s Gaussovom jezgrom (kernelom):

$$I_b(x, y) = I_g(x, y) * G_\sigma(i, j), \quad (2)$$

gdje je Gaussova funkcija u dvije dimenzije definirana kao:

$$G_\sigma(i, j) = \frac{1}{2\pi\sigma^2} e^{-\frac{i^2}{2\sigma_x^2} - \frac{j^2}{2\sigma_y^2}}. \quad (3)$$

U ovom radu korišten je Gaussov filtar s jezgrom veličine 5 × 5 piksela. U implementaciji je primijenjena funkcija cv2.GaussianBlur(gray, (5, 5), 0), pri čemu vrijednost 0 označava da biblioteka OpenCV (verzija 4.13.0) automatski određuje standardne devijacije ($\sigma_x$) i ($\sigma_y$) na temelju zadane veličine jezgre. Jezgra veličine 5 × 5 korištena je kao fiksni parametar predobrade na svim analiziranim slikama radi smanjenja lokalnih intenzitetskih fluktuacija i šuma prije primjene Otsuove metode binarizacije, uz nastojanje da se ograniči prekomjerno zamućivanje granica peludnih zrna.

## 2.3. Binarizacija Otsuovom metodom

Ključni korak u izdvajanju objekata od pozadine je binarizacija. Budući da uvjeti osvjetljenja mogu varirati između različitih uzoraka, fiksni prag (engl. *threshold*) nije primjenjiv. Umjesto toga, koristi se Otsuova metoda, koja automatski izračunava optimalni prag $T^*$ analizom histograma intenziteta (Otsu, 1979).

Algoritam traži vrijednost $T$ koja maksimizira varijancu između dvije klase (pozadine $C_1$ i objekata $C_2$):

$$\sigma_B^2(T) = \omega_1(T)\omega_2(T)[\mu_1(T) - \mu_2(T)]^2, \quad (4)$$

gdje su $\omega_i$ vjerojatnosti pojavljivanja pojedine klase, a $\mu_i$ njihove srednje vrijednosti intenziteta. Konačni rezultat je binarna slika $B(x, y)$ koja se generira inverznom binarizacijom:

$$B(x, y) = \begin{cases} 1, & I_b(x, y) < T, \\ 0, & \text{inače.} \end{cases} \quad (5)$$

Ovaj pristup osigurava da peludna zrna, koje su na mikroskopskim snimkama tipično tamnije od pozadine, postanu logičke jedinice (bijeli pikseli), čime se priprema teren za morfološku analizu.

**Slika 1. Pretvorba RGB u sivu skalu.**




Preuzeto iz https://lindevs.com/convert-rgb-image-to-grayscale-image-using-opencv.

### 2.4. Morfološka obrada

Čak i uz prethodno filtriranje, binarna maska može sadržavati nepravilnosti poput šuma ili mikropukotina unutar samih tijela peludnih zrna. Za finalnu rafinaciju maske koriste se nelinearni morfološki operatori uz korištenje strukturnog elementa $K$ (obično kvadrat ili disk veličine $3 \times 3$). Konkretno, radi se o sljedećim operacijama (Gonzalez & Woods, 2018): i) otvaranje (engl. *opening*) i ii) zatvaranje (engl. *closing*).

Operacija otvaranja matematički je definirana kao (Gonzalez & Woods, 2018):

$$B_1 = (B \ominus K) \oplus K. \quad (6)$$

Navedena operacija (erozija pa dilatacija) služi za uklanjanje sitnih, izoliranih bijelih piksela koji ne pripadaju peludnim strukturama. S druge strane operacija zatvaranja je definirana na sljedeći način (Gonzalez & Woods, 2018):

$$B_2 = (B_1 \oplus K) \ominus K. \quad (7)$$

Ova operacija (dilatacija pa erozija) popunjava unutarnje šupljine unutar peludnih zrna i zagladuje njihove vanjske rubove, čineći ih pogodnijima za geometrijsku aproksimaciju.

### 2.5. Interpretacija rezultata predobrade

Izlaz iz procesa predobrade je rafinirana binarna maska $B'(x, y) \in \{0,1\}$. Važno je napomenuti ograničenja klasičnog pristupa u ovoj fazi, odnosno dobivena maska ne razdvaja nužno svaku pojedinačno peludno zrno. U područjima visoke gustoće, više peludnih zrna bit će prikazano kao jedna povezana komponenta (engl. *blob*).

Upravo ta spoznaja opravdava daljnji smjer rada. Umjesto da se oslanjamo na metode razdvajanja temeljene isključivo na topologiji (poput *watersheda*), dobivenu masku tretiramo kao područje vjerojatnosti (engl. *region of interest*). Unutar tih regija, algoritam će nastojati optimizirati položaj elipsi, koristeći binarnu masku kao referentni okvir za "uklapanje" modela, čime se premošćuje problem preklapanja i dodirivanja koji se ne može riješiti isključivo na razini predobrade.

## 3. Predloženi pristup

Prije nego što se detaljno opiše predloženi pristup, važno je razlikovati dvije razine obrade koje se u radu koriste. Prva razina, odnosno predobrada opisana ranije, odnosi se na klasičnu segmentaciju, odnosno dobivanje binarne maske koja razdvaja područje objekata od pozadine. Takva maska ne predstavlja nužno segmentaciju pojedinačnih peludnih zrna, osobito u gustim nakupinama gdje se više zrna pojavljuje kao jedna povezana komponenta. Druga razina, koja je opisana u ovom poglavlju, odnosi se na modelom vođenu detekciju i aproksimaciju, u kojoj se unutar prethodno dobivene binarne maske traži optimalan skup elipsi, pa eliptično prilagođavanje ne zamjenjuje samu binarizaciju, nego služi kao optimizacijski postupak za razdvajanje i opis pojedinačnih objekata unutar već izdvojene regije interesa.

### 3.1. Motivacija i teorijsko uporište

Glavna motivacija za odmak od standardnih tehnika segmentacije, poput *watershed* algoritma ili detekcije rubova, leži u njihovoj inherentnoj osjetljivosti na visoku gustoću objekata. Kada su peludna zrna u izravnom dodiru ili se djelomično preklapaju, granice između njih u digitalnoj domeni postaju nejasne ili potpuno nestaju, što dovodi do spajanja više jedinki u jednu povezanu komponentu.

Umjesto pokušaja preciznog određivanja granica na razini piksela, ovaj rad predlaže modelom vođenu aproksimaciju. Koristeći *a priori* znanje o morfologiji peludnih zrna, koje se u većini slučajeva mogu aproksimirati elipsoidima, problem segmentacije transformira se u problem pronalaženja optimalnog skupa parametarskih oblika. Ovakav pristup je robusniji na šum i nepotpune informacije, jer geometrijski integritet modela (elipse) kompenzira nedostatak vizualnih informacija na mjestima dodira.

### 3.2. Formalna definicija problema

Neka je $B \subset \mathbb{Z}^2$ binarna maska dobivena u fazi predobrade, gdje $B(p) = 1$ označava pripadnost piksela objektu (biomasi), a $B(p) = 0$ pozadini. Cilj algoritma je pronaći optimalan skup elipsi

$S = \{E_1, E_2, \ldots, E_n\}$ takav da njihova unija predstavlja najbolju moguću aproksimaciju maske $B$:

$$B \approx \bigcup_{E_i \in S} E_i. \quad (8)$$

Svaka pojedinačna elipsa $E_i$ definirana je vektorom parametara $\theta_i = \{x_i, y_i, a_i, b_i, \phi_i\}$, gdje $(x, y)$ predstavljaju koordinate centra, $(a, b)$ duljine poluosi, a $\phi$ kut rotacije. Problem se svodi na maksimizaciju funkcije cilja koja balansira između točnosti prekrivanja i kompleksnosti modela.

Nakon faze generiranja i evaluacije kandidata, sustav često raspolaže s višestrukim, visoko rangiranim elipsama koje opisuju isti fizički objekt (peludno zrno). Ova redundancija proizlazi iz prirode transformacije udaljenosti, gdje više bliskih lokalnih maksimuma može generirati slične geometrijske hipoteze. Kako bi se osiguralo da svako peludno zrno u uzorku bude predstavljena isključivo jednom, optimalnom elipsom, primjenjuje se algoritam za potiskivanje nemaksimalnih vrijednosti (engl. *non-maximum suppression*, NMS) (Girshick, 2015).

## 3.3. Arhitektura algoritma

Predložena metoda podijeljena je u tri sinergijske faze koje progresivno sužavaju prostor pretraživanja i optimiziraju konačno rješenje. Konkretno radi se o sljedećim koracima: i) određivanju kandidatskih centara, ii) generiranje elipsi i višekriterijska evaluacija modela i iii) optimizacija funkcije cilja.

### 3.3.1. Određivanje kandidatskih centara

Prostor svih mogućih elipsi na slici je beskonačan, što izravnu optimizaciju čini računski neizvedivom. Kako bismo fokusirali pretraživanje, koristimo transformaciju udaljenosti (engl. *distance transform*) na binarnoj maski $B$. Za svaki piksel $p \in B$, vrijednost transformacije $D(p)$ definirana je kao minimalna Euklidska udaljenost do najbližeg piksela pozadine:

$$D(p) = \min_{q \notin B} \|p - q\|. \quad (9)$$

Lokalni maksimumi funkcije $D(p)$ predstavljaju točke koje su najudaljenije od rubova, što ih čini idealnim kandidatima za centre peludnih zrna. Korištenjem ovih točaka kao početnih pozicija postiže se značajna redukcija prostora pretraživanja (umjesto evaluacije svih piksela, fokusiramo se na geometrijski relevantna središta). Drugo, položaj kandidata izravno ovisi o lokalnoj geometriji biomase.

### 3.3.2. Generiranje i višekriterijska evaluacija modela

Za svaki identificirani kandidatski centar generira se niz hipoteza (elipsi) variranjem parametara $a$, $b$ i $\phi$. Svaka elipsa $E_i$ evaluira se na temelju tri ključna kriterija:

1. Intenzitet unutar maske (engl. *fidelity*). Mjera u kojoj elipsa pokriva piksele koji su u maski označeni kao objekti.
2. Penalizacija izlaska (engl. *out-of-bounds*). Pikseli elipse koji se nalaze u području pozadine ($B = 0$) tretiraju se kao greška modela.
3. Morfološka konzistentnost. Elipse čiji su omjeri osi ($a/b$) biološki nerealni za promatrani tip se eliminiraju ili penaliziraju.

### 3.3.3. Globalna optimizacija funkcije cilja

Konačni odabir skupa elipsi $S$ rješava se kao optimizacijski problem. Potrebno je odabrati onaj podskup kandidata koji najbolje opisuje cjelokupnu masku uz minimalno preklapanje. Definiramo funkciju energije (ili funkciju cilja) $J(S)$ koju je potrebno maksimizirati:

$$J(S) = |B \cap U(S)| - \lambda_1 |S| - \lambda_2 O(S) - \lambda_3 X(S). \quad (10)$$

Prvi član u navedenoj funkciji, odnosno $|B \cap U(S)|$, vezan je uz broj piksela binarne maske koji su prekriveni unijom odabranih elipsi (teži se maksimizaciji). Penalizacijski član $\lambda_1 |S|$ sprječava "*overfitting*" gdje bi prevelik broj malih elipsi opisivao jedno peludno zrno. Treći član, odnosno $O(S)$ je vezan za ukupnu površinu međusobnog preklapanja elipsi u skupu $S$. Budući da se objekti u prirodi rijetko fizički prožimaju, ovaj član s težinom $\lambda_2$ kažnjava nerealna preklapanja. Posljednji član $X(S)$ predstavlja ukupna površinu dijelova elipsi koji izlaze izvan granica binarne maske $B$, ponderiran parametrom $\lambda_3$. Parametri $\lambda$ omogućuju fino podešavanje algoritma ovisno o specifičnostima uzorka (npr. povećanje $\lambda_2$ kod slika gdje su zrna rjeđa,

ili smanjenje ako se očekuju značajna preklapanja u 2D projekciji). Ovako formuliran problem omogućuje algoritmu "donijeti odluku" o najboljoj konfiguraciji objekata čak i u najgušćim regijama uzorka.

S teorijskog aspekta, predloženi postupak ne predstavlja kontinuiranu optimizaciju u kojoj bi se parametri elipsi iterativno mijenjali do konvergencije, nego diskretizirani optimizacijski problem nad konačnim skupom kandidatskih elipsi. Kandidati se generiraju iz ograničenog skupa centara, vrijednosti poluosi i kutova rotacije, a zatim se rangiraju prema vrijednosti funkcije cilja. Zbog konačnosti skupa kandidata postupak uvijek terminira nakon konačnog broja evaluacija. Pritom se ne tvrdi da pohlepni odabir i naknadni NMS (engl. *non-maximum supression*) nužno daju globalni optimum, nego računski izvedivo i stabilno rješenje koje maksimizira pokrivenost binarne maske uz kontrolu redundancije, preklapanja i izlaska elipsi izvan maske.

## 3.4. Redukcija redundancije

Nakon faze generiranja i evaluacije kandidata, sustav često raspolaže s višestrukim, visoko rangiranim elipsama koje opisuju isti fizički objekt. Ova redundancija proizlazi iz prirode transformacije udaljenosti, gdje više bliskih lokalnih maksimuma može generirati slične geometrijske hipoteze. Kako bi se osiguralo da svako peludno zrno u uzorku bude predstavljena isključivo jednom, optimalnom elipsom, primjenjuje se algoritam za potiskivanje nemaksimalnih vrijednosti (*non-maximum suppression*, NMS).

### 3.4.1. Algoritamski tijek NMS-a

Postupak redukcije temelji se na pohlepnom (engl. greedy) pristupu koji iterativno pročišćava skup kandidata $S$ prema njihovoj vrijednosti funkcije cilja $J(E_i)$. Proces se odvija kroz sljedeće korake:

1. Postupak rangiranja. Svi kandidati iz skupa $S$ sortiraju se silazno prema njihovoj kvaliteti, odnosno vrijednosti funkcije $J$, tako da je $S = \{E_1, E_2, \dots, E_n\}$ pri čemu vrijedi $J(E_1) \geq J(E_2) \geq \cdots \geq J(E_n)$.
2. Postupak selekcije i filtriranje. Najbolje rangirana elipsa $E_1$ automatski se prihvaća kao dio konačnog rješenja $S_{\text{final}}$.
3. Usporedba preklapanja. Sve preostale elipse $E_j\,(j>1)$ uspoređuju se s odabranom elipsom $E_1$ pomoću mjere sličnosti ili preklapanja.
4. Postupak uklanjanja. Ako je preklapanje između $E_1$ i $E_j$ veće od unaprijed definiranog praga $\tau_{NMS}$ , elipsa $E_j$ se odbacuje kao redundantna hipoteza.
5. Iteracija. Postupak se ponavlja za sljedeću najbolje rangiranu elipsu koja nije uklonjena, sve dok se ne iscrpi cijeli skup kandidata.

### 3.4.2. Mjera preklapanja

Kao ključni kriterij za identifikaciju redundantnih elipsi koristi se indeks sličnosti poznat kao *Intersection over Union* (IoU), odnosno Jaccardov indeks (Taha & Hanbury, 2015). Za dvije elipse $E_i$ i $E_j$, IoU se definira kao omjer površine njihovog presjeka i površine njihove unije:

$$\mathrm{IoU}(E_i, E_j) = \frac{|E_i \cap E_j|}{|E_i \cup E_j|}. \qquad (11)$$

Vrijednost $IoU$ kreće se u intervalu $[0,1]$. U kontekstu detekcije peludnih zrna, prag $\tau_{NMS}$ (npr. 0.3 ili 0.5 ) igra kritičnu ulogu, pri čemu visoki prag $\tau_{NMS}$ dopušta veće preklapanje, što je korisno u ekstremno gustim uzorcima, ali povećava rizik od dvostruke detekcije istog peludnog zrna. S druge strane niski prag $\tau_{NMS}$ strože eliminira kandidate, osiguravajući čišći rezultat, ali može dovesti do uklanjanja stvarnih, blisko prislonjenih zrna.

### 3.4.3. Značaj za preciznost sustava

Implementacija NMS-a transformira skup sirovih geometrijskih hipoteza u strukturiran i biološki smislen rezultat. Ovaj korak je neophodan jer rješava problem "višestrukog odziva" na istom objektu, što je česta pojava kod metoda temeljenih na optimizaciji oblika. Rezultat ovog procesa je konačni skup elipsi $S_{\text{final}}$ koji predstavlja najvjerojatniju distribuciju peludnih zrna na slici, omogućujući precizno prebrojavanje jedinki i točnu statističku analizu njihovih morfoloških parametara.

**Tablica 1. Parametri algoritma. Za detalje vidjeti opis u tekstu.**

| Parametar | Opis | Parametar | Opis |
|---|---|---|---|
| **major_range** | Raspon dulje osi elipse | **min_marginal_score** | Minimalni doprinos nove elipse |
| **minor_range** | Raspon kraće osi elipse | **target_coverage** | Ciljana pokrivenost binarne maske |
| **angle_range** | Diskretizacija kuta rotacije elipse | **max_objects** | Maksimalan broj elipsi |
| **min_inside_ratio** | Minimalni udio elipse unutar binarne maske | **peak_kernel_size** | Veličina susjedstva za lokalne maksimume |
| **min_ellipse_area** | Minimalna dopuštena površina elipse | **min_peak_distance_value** | Minimalna vrijednost distance transformacije |
| **lambda_count** | Penalizacija za broj elipsi | **iou_threshold** | Prag za uklanjanje redundantnih elipsi (NMS) |
| **lambda_overlap** | Penalizacija preklapanja elipsi | **num_random_centers** | Broj dodatnih nasumičnih kandidatskih centara |
| **lambda_outside** | Penalizacija dijela elipse izvan maske | | |

Izvor: autor.

#### 3.4.4. Parametri algoritma

Parametri algoritma prikazani su u tablici 1. Odabrani su empirijski kako bi se postigla ravnoteža između preciznosti aproksimacije i složenosti modela. Rasponi dulje i kraće osi elipse definiraju skup kandidatskih oblika koji odgovaraju očekivanim dimenzijama peludnog zrna, dok diskretizacija kuta omogućuje fleksibilnu orijentaciju elipsi. Parametar *min_inside_ratio* kontrolira kvalitetu aproksimacije zahtijevajući da većina površine elipse pripada objektu, čime se eliminiraju geometrijski neprikladni kandidati. Optimizacijski dio algoritma temelji se na funkciji cilja koja uključuje penalizacijske članove. Parametri *lambda_count*, *lambda_overlap* i *lambda_outside* određuju redom utjecaj broja elipsi, njihovog međusobnog preklapanja i odstupanja od binarne maske. Na taj način algoritam izbjegava prekomjerno modeliranje i favorizira kompaktna rješenja. Dodatni kriteriji, poput minimalnog marginalnog doprinosa (*min_marginal_score*) i ciljane pokrivenosti (*target_coverage*), definiraju uvjete za zaustavljanje optimizacijskog procesa. Kandidatski centri elipsi određuju se kombinacijom lokalnih maksimuma distance transformacije i nasumično odabranih točaka unutar binarne maske. Parametri peak_kernel_size i *min_peak_distance_value* utječu na broj i raspored deterministčkih centara. Konačno, prag *iou_threshold* koristi se u postupku *non-maximum suppression* kako bi se uklonile redundantne elipse i osigurala konzistentnost rezultata.

### 3.5. Algoritamski tijek i računalna složenost

Predloženi optimizacijski postupak može se prikazati kao diskretizirani postupak pretraživanja nad konačnim skupom kandidatskih elipsi. Za razliku od kontinuiranih optimizacijskih metoda, u kojima se parametri iterativno mijenjaju do konvergencije, ovdje se najprije generira ograničen skup mogućih geometrijskih modela, a zatim se među njima odabire podskup koji najbolje aproksimira binarnu masku. Algoritam od predobrade do optimizacijskog pakiranja elipsi u binarnu masku može se svesti u sljedeće korake:

1. Učitati ulaznu sliku i provesti predobradu slike.

2. Dobiti binarnu masku ($B(x,y)$) koja razdvaja područje peludnih zrna od pozadine.
3. Izračunati transformaciju udaljenosti nad binarnom maskom.
4. Odrediti kandidatske centre elipsi kao lokalne maksimume transformacije udaljenosti te, po potrebi, dodati nasumično odabrane centre unutar maske.
5. Za svaki kandidatski centar generirati skup elipsi variranjem dulje poluosi, kraće poluosi i kuta rotacije.
6. Za svaku elipsu izračunati kriterije kvalitete: udio površine unutar binarne maske, dio površine izvan maske, površinu preklapanja s drugim kandidatima i morfološku prihvatljivost oblika.
7. Odbaciti kandidate koji ne zadovoljavaju minimalne uvjete, primjerice minimalnu površinu elipse ili minimalni udio elipse unutar binarne maske.
8. Rangirati preostale kandidate prema vrijednosti funkcije cilja.
9. Pohlepno odabirati elipse koje povećavaju ukupnu pokrivenost maske, uz penalizaciju broja elipsi, međusobnog preklapanja i izlaska izvan maske.
10. Zaustaviti odabir kada se postigne ciljana pokrivenost, maksimalan broj objekata ili kada dodatna elipsa više ne daje dovoljan marginalni doprinos.
11. Primijeniti postupak potiskivanja nemaksimalnih vrijednosti kako bi se uklonile redundantne elipse koje opisuju isti objekt.
12. Vratiti konačni skup elipsi i pripadajuće geometrijske parametre.

Ako je broj piksela u binarnoj maski označen s ($M$), broj kandidatskih centara s ($C$), a broj kombinacija parametara elipse, odnosno dulje poluosi, kraće poluosi i kuta rotacije, s ($P$), tada je ukupan broj generiranih kandidata približno ($N = C \cdot P$). Izračun transformacije udaljenosti provodi se nad cijelom binarnom maskom i ima približno linearnu složenost ($O(M)$). Generiranje i evaluacija kandidatskih elipsi ovisi o broju kandidata i prosječnom broju piksela obuhvaćenih elipsom. Ako se taj prosječni broj označi s ($E$), složenost evaluacije može se zapisati kao ($O(N \cdot E)$).

Rangiranje kandidata prema vrijednosti funkcije cilja ima složenost ($O(N \log N)$). Pohlepni odabir kandidata u praksi je ograničen maksimalnim brojem dopuštenih elipsi ($K$), pa se može aproksimirati složenošću ($O(N \cdot K)$), dok najjednostavnija implementacija postupka NMSa u najgorem slučaju zahtijeva usporedbu parova kandidata, odnosno ($O(N^2)$). U praktičnoj primjeni broj kandidata znatno se smanjuje korištenjem lokalnih maksimuma transformacije udaljenosti, pragova minimalne površine, minimalnog udjela elipse unutar maske i ograničenja maksimalnog broja prihvaćenih objekata. Zbog toga je postupak računski izvediv za analizirane mikroskopske slike.

## 4. Baza podataka

Skup podataka korišten u ovom radu preuzet je iz studije Khanzhina *et al.* (2022), a sastoji se od mikroskopskih slika peludnih zrna dobivenih primjenom svjetlosnog mikroskopa Olympus BX51. Uzorci su obojani fuksinom radi povećanja kontrasta, dok je digitalizacija i vizualizacija slika provedena korištenjem sustava Olympus DP71. Svi uzorci prikupljeni su na području Permskog kraja u Rusiji, pri čemu analizirane vrste peludi predstavljaju tipične predstavnike flore umjerenog europskog područja, što omogućuje širu primjenjivost dobivenih rezultata.

Skup podataka obuhvaća dvije domene, i to alergološku palinologiju i melisopalinologiju, te uključuje ukupno 13 taksona alergogenih biljaka i 8 taksona medonosnih biljaka (Khanzhina *et al.,* 2022), koji je moguće preuzeti s mrežne platforme Kaggle: https://www.kaggle.com/datasets/nataliakhanzhina/pollen20ldet. Alergeni podskup, označen kao POLLEN13L-det, obuhvaća vrste poput breze, johe, lipe, koprive i pelina, dok skup medonosnih biljaka uključuje, među ostalim, heljdu, djetelinu i vrbovicu. Izražena varijabilnost u obliku, veličini i gustoći objekata, kao i prisutnost međusobnog preklapanja, čine ovaj skup podataka posebno pogodnim za evaluaciju predložene metode temeljene na geometrijskoj aproksimaciji.

## 5. Rezultati

Rezultati su analizirani i prikazani odvojeno za slučajeve manjih i većih nakupina peludi, kako bi se omogućila jasnija procjena učinkovitosti predložene metode u uvjetima različite gustoće i stupnja preklapanja objekata. Uočeno je da odabrani parametri algoritma ovise o gustoći raspodjele objekata, budući da različiti scenariji zahtijevaju različitu ravnotežu između preciznosti aproksimacije i broja detektiranih objekata. Stoga je u praksi potrebno prilagoditi parametre, osobito pragove vezane uz pokrivenost, penalizaciju preklapanja i broj kandidatskih centara, kako bi se postigla stabilna i robusna detekcija, odnosno prebrojavanje objekata.

### 5.1. Manje nakupine objekata

Na slici 2. prikazani su rezultati detekcije i prebrojavanja peludnih zrna vrbovice (rod *Epilobium,* u podatkovnom skupu naznačena engl. nazivom *fireweed*), koja je u korištenom skupu podataka (Khanzhina *et al.*, 2022), klasificirana unutar domene melisopalinologije. Parametara elipsi prilagođeni su kako bi odgovarali većim objektima, pri čemu dulja os varira od 30 do 72 piksela, a kraća od 10 do 64 piksela, uz diskretizaciju kuta rotacije od 3 stupnja. Minimalni udio elipse unutar binarne maske postavljen je na 0.75, dok je minimalna površina elipse povećana na 300 piksela kako bi se eliminirali manji i nerelevantni kandidati. Parametar *lambda_count = 100* kontrolira ukupni broj elipsi, čime se izbjegava prekomjerno modeliranje, dok *lambda_overlap = 2.0* penalizira međusobno preklapanje elipsi, čime se potiče razdvajanje objekata. Parametar *lambda_outside = 0.8* ograničava dio elipse koji izlazi izvan binarne maske, čime se poboljšava geometrijska točnost aproksimacije. Dodatno, prag minimalnog marginalnog doprinosa (*min_marginal_score = 50)*, određuje hoće li nova elipsa biti prihvaćena u model, dok ciljna pokrivenost (*target_coverage = 0.92*), definira uvjet za zaustavljanje algoritma. Maksimalan broj objekata ograničen je na 30 u konkretnom slučaju budući da je riječ o manjoj nakupini objekata.

U tablici 2. prikazan je skup elipsi koje pokrivaju binarne maske s koordinatama središta, velikom i malom poluosi, kutom orijentacije koji zatvara velika poluos i horizontalna os slike za slučaj peludnih zrna prikazanih na slici 2. Analiza površina pokazuje da većina aproksimiranih objekata zadržava stabilan morfološki raspon između 2000 i 2600 piksela. Elipse kojima se aproksimiraju peludna zrna imaju dulju poluos u rasponu od 45 do 69 piksela i kraću poluos između 28 do 49 piksela. Udio površine koji se nalazi unutar binarne maske prelazi 90% za svaku elipsu, što odgovara površini izvan maske u vrijednosti između 0 i 248 piksela. Ipak, identificirana su tri značajnija odstupanja koja ilustriraju specifične scenarije detekcije. Prvi slučaj odnosi se na elipsu pod rednim brojem 7 (1514 piksela), koja se nalazi u izravnom dodiru s elipsom broj 5 te se djelomično preklapa s elipsom broj 2. Unatoč složenoj prostornoj interakciji, algoritam uspijeva očuvati geometrijski integritet pojedinačnih objekata. Preostala dva slučaja, s površinama od 717 i 532 piksela, predstavljaju rubne artefakte na dnu slike. Riječ je o nepotpunim prikazima peludnih zrna koja su samo djelomično obuhvaćena vidnim poljem, što potvrđuje osjetljivost algoritma na detekciju objekata čak i uz značajan nedostatak vizualnih informacija na rubovima binarne maske.

Usporedna analiza učinkovitosti različitih metoda detekcije na istom uzorku zrna vrbovice pruža jasan uvid u prednosti parametarske aproksimacije. Dok predložena metoda temeljena na optimizacijskom pakiranju elipsi ispravno identificira 10 peludnih zrna (slika 2), standardna blob detekcija implementirana putem OpenCV biblioteke prepoznaje samo 7 objekata (slika 3.) (OpenCV, 2024). Ova značajna razlika u rezultatima izravna je posljedica ograničenja tradicionalnih metoda koje se oslanjaju na analizu povezanih komponenata. U uvjetima gdje se zrna dodiruju, takvi algoritmi tretiraju cijelu aglomeraciju kao jedan nepravilan entitet, što dovodi do izražene podsegmentacije. S druge strane, suvremeni alat za segmentaciju zasnovan na dubokom učenju, Cellpose, verzija 4.1.1, (Stringer *et al.*, 2021), identificira 9 zrna (slika 4.). Trenutnu verziju je moguće preuzeti s https://github.com/MouseLand/cellpose. Iako Cellpose pokazuje iznimnu preciznost u razdvajanju stanica međusobno, ali i od pozadine, predloženi model u ovom specifičnom slučaju omogućuje još finiju distinkciju objekata. To se postiže korištenjem *a priori* znanja o eliptičnoj formi peludi, što algoritmu omogućuje „nametnuti" geometrijski integritet tamo gdje su vizualne granice između dva ili više zrna, ili između zrna i površine gotovo nestale. Ovakav rezultat, prikazan u okviru ovog rada,

potvrđuje da modelom vođena aproksimacija nudi robusnu alternativu općim metodama segmentacije, posebno kada je uz detekciju nužna i precizna ekstrakcija geometrijskih parametara.

Na slici 5. prikazani su rezultati detekcije i aproksimacije peludnih zrna anđelike (rod *Angelica,* u podatkovnom skupu pod engl. nazivom *angelica*), taksona koji pripada porodici štitarki (*Apiaceae*) unutar medonosnog (pod)skupa podataka (Khanzhina et al., 2022). Karakteristična morfološka značajka ovog taksona je izrazito prolatna, odnosno izdužena forma zrna, što ga čini izvrsnim modelom za evaluaciju preciznosti procjene kuta rotacije i omjera poluosi. Rezultati pokazuju kako predloženi algoritam uspješno prilagođava parametarske elipse ovakvoj geometriji, međutim u slučaju preklapanja objekata, ponekad umjesto dva objekta može rezultirati detekcijom nakupine.

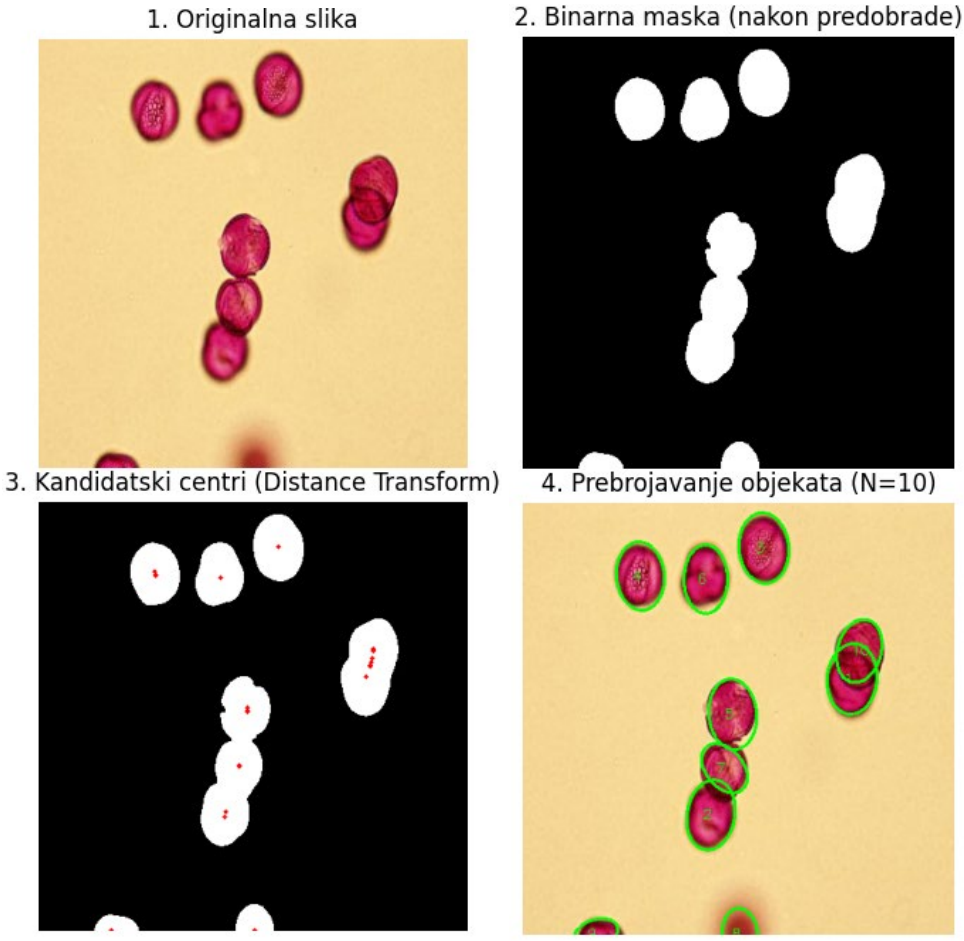
Tablica 3. pruža detaljne biometrijske parametre za detektirana peludna zrna anđelike, potvrđujući stabilnu prolatnu morfologiju s duljom osi u rasponu od 65 do 80 piksela. Većina detektiranih elipsi ostvaruje iznimno visoku vrijednost udjela unutar maske od preko 0.98, što ukazuje na to da se geometrijski modeli gotovo savršeno preklapaju s binarnom maskom zrna. Iskazano u apsolutnim vrijednostima, površina izvan binarne maske iznosi između 1 i 52 piksela. Bodovi ostvareni optimizacijskom funkcijom izravno koreliraju s površinom zrna unutar maske, pri čemu najveće zrno pod rednim brojem 1 postiže najvišu vrijednost od 2658.4, dok poslije nje svega 1439 bodova. Ovi rezultati demonstriraju kako predložena metoda učinkovito transformira sirove mikroskopske snimke u strukturirane podatke pogodne za taksonomsku klasifikaciju, zadržavajući visoku preciznost čak i u gustim nakupinama.

**Tablica 2. Konačni skup elipsi dobiven predloženom metodom za uzorak peludi vrbovice**

| red. br. | X | Y | a | b | θ[°] | P | $P_{unutra}$ | $P_{izvan}$ | r | bodovi |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 1 | 317 | 169 | 69 | 49 | 95 | 2650 | 2613 | 37 | 0.986 | 2483.4 |
| 2 | 181 | 300 | 69 | 46 | 100 | 2539 | 2459 | 80 | 0.968 | 2295 |
| 3 | 232 | 43 | 69 | 49 | 85 | 2650 | 2506 | 144 | 0.946 | 2290.8 |
| 4 | 113 | 70 | 66 | 46 | 85 | 2473 | 2269 | 204 | 0.918 | 2005.8 |
| 5 | 202 | 203 | 69 | 46 | 85 | 2547 | 2299 | 248 | 0.903 | 2000.6 |
| 6 | 176 | 73 | 66 | 43 | 90 | 2255 | 2061 | 194 | 0.914 | 1805.8 |
| 7 | 194 | 255 | 54 | 37 | 50 | 1597 | 1514 | 83 | 0.948 | 1125.6 |
| 8 | 209 | 415 | 51 | 34 | 85 | 717 | 717 | 0 | 1 | 617 |
| 9 | 70 | 415 | 45 | 28 | 160 | 532 | 481 | 51 | 0.904 | 340.2 |
| 10 | 324 | 142 | 63 | 43 | 105 | 2125 | 2087 | 38 | 0.982 | 278.1 |

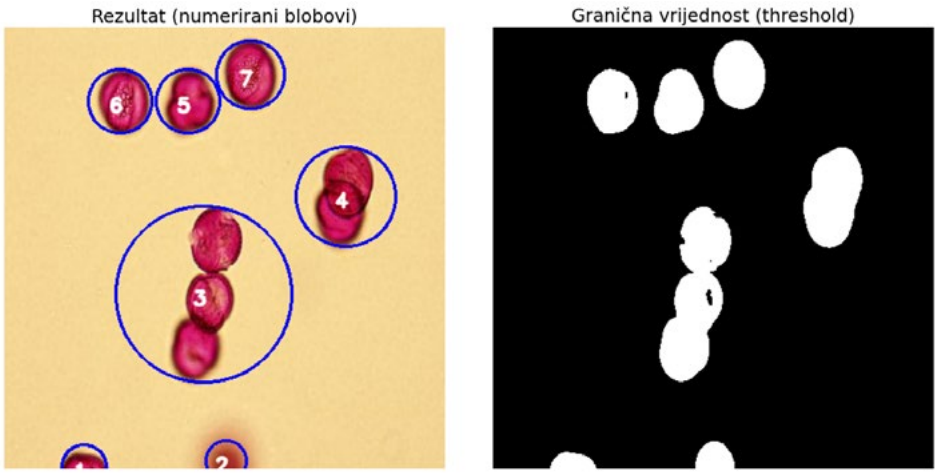
Napomena: Parametri $(X, Y)$ označavaju koordinate centroida, dok $a$ i $b$ predstavljaju veliku i malu poluos elipse. Orijentacija $\theta$ definira kut velike poluosi u odnosu na horizontalnu os. Stupci $P$, $P_{unutra}$ i $P_{izvan}$ odnose se na ukupnu površinu elipse, dijelove površine unutar i izvan binarne maske i iskazani su u pikselima, dok se $r$ odnosi na udio površine elipse unutar binarne maske. Stupac bodovi prikazuje doprinos elipse optimizacijskoj funkciji cilja $J(S)$ nakon postupka rangiranja i eliminiranja redundancije.
Izvor: rezultati istraživanja.

**Slika 2. Originalna slika, predobrada, određivanje kandidacijskih centara i rezultat prebrojavanja predloženom metodom**



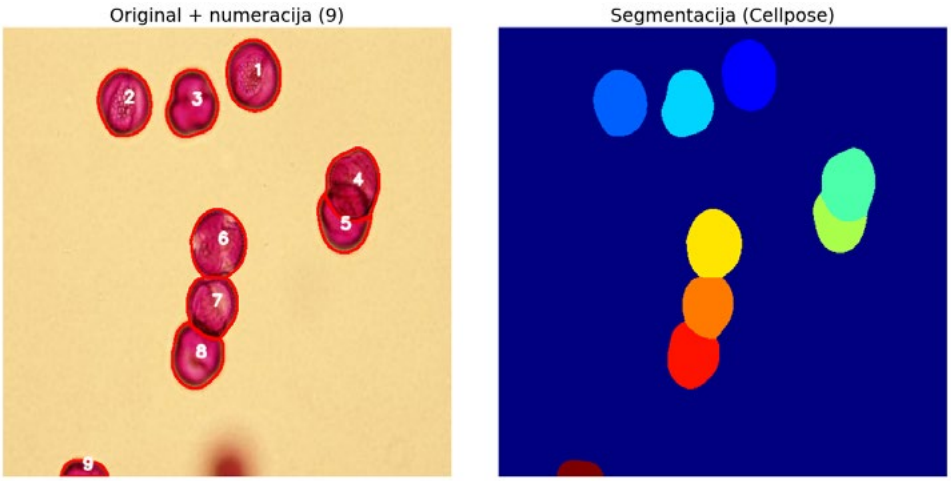

Izvor: originalna slika preuzeta je s https://www.kaggle.com/datasets/nataliakhanzhina/pollen20ldet.

**Slika 3. Originalna slika s prebrojavanjem objekata u slučaju blob detekcije i granična vrijednost binarne maske.**




Izvor: Originalna slika preuzeta je s https://www.kaggle.com/datasets/nataliakhanzhina/pollen20ldet.

**Slika 4. originalna slika s obrubima i prebrojavanjem objekata (lijevo), ostvarane pomoću segmentacije Cellpose paketom (desno)**



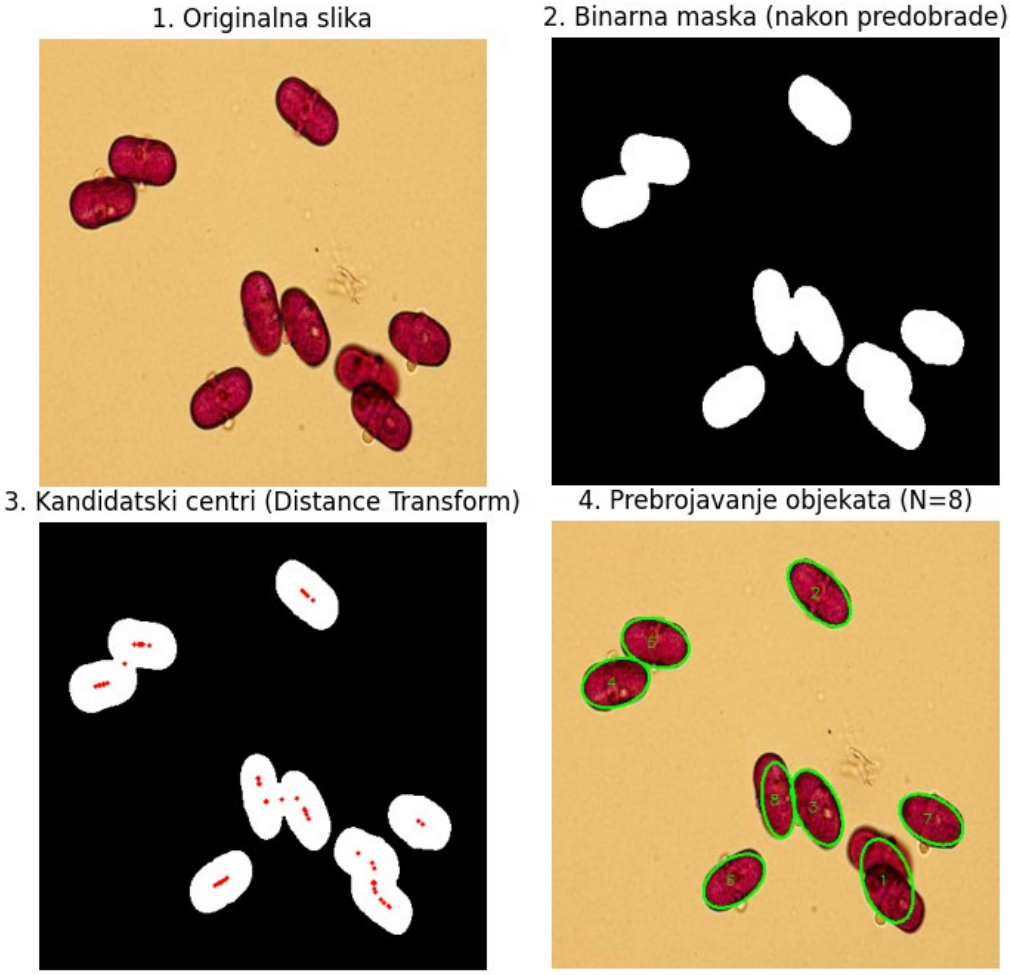

Izvor: originalna slika preuzeta je s https://www.kaggle.com/datasets/nataliakhanzhina/pollen20ldet.

**Tablica 3. Slično kao u tablici 2. za uzorak peludi anđelike**

| red. br. | X | Y | a | b | θ[°] | P | $P_{unutra}$ | $P_{izvan}$ | r | bodovi |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 1 | 311 | 334 | 80 | 45 | 72 | 2852 | 2800 | 52 | 0.982 | 2658.4 |
| 2 | 248 | 67 | 75 | 40 | 48 | 2410 | 2365 | 45 | 0.981 | 2229 |
| 3 | 246 | 266 | 75 | 40 | 66 | 2409 | 2363 | 46 | 0.981 | 2226.2 |
| 4 | 59 | 150 | 65 | 45 | 162 | 2289 | 2269 | 20 | 0.991 | 2153 |
| 5 | 96 | 113 | 65 | 45 | 18 | 2289 | 2255 | 34 | 0.985 | 2112.8 |
| 6 | 169 | 334 | 65 | 40 | 144 | 2089 | 2088 | 1 | 1 | 1987.2 |
| 7 | 352 | 277 | 65 | 40 | 30 | 2089 | 2051 | 38 | 0.982 | 1920.6 |
| 8 | 210 | 259 | 70 | 30 | 84 | 1728 | 1718 | 10 | 0.994 | 1439 |

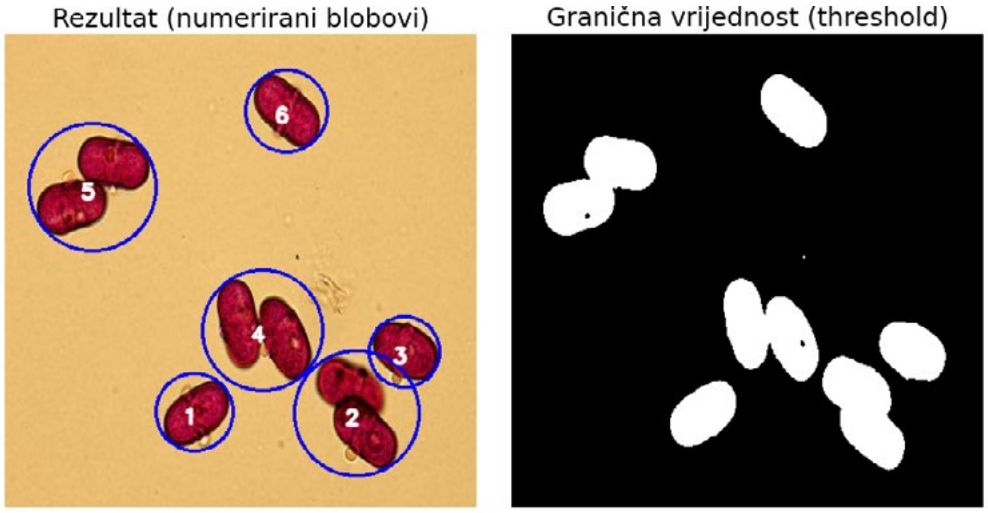
Izvor: rezultati istraživanja.

**Slika 5. Slično kao na slici 2. za uzorak peludi anđelike**



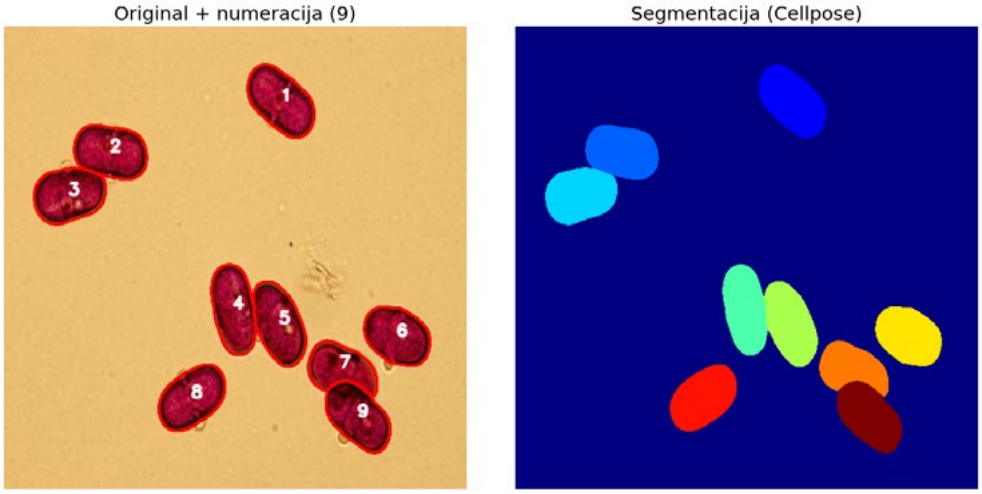

Izvor: originalna slika preuzeta je s https://www.kaggle.com/datasets/nataliakhanzhina/pollen20ldet.

**Slika 6. Slično kao na slici 3. za uzorak peludi anđelike**




Izvor: originalna slika preuzeta je s https://www.kaggle.com/datasets/nataliakhanzhina/pollen20ldet.

**Slika 7. Slično kao na slici 4. za uzorak peludi anđelike.**




Izvor: originalna slika preuzeta je s https://www.kaggle.com/datasets/nataliakhanzhina/pollen20ldet.

Usporedna analiza prikazana na slikama 6. i 7. fokusira se na detekciju peludnih zrna anđelike, pri čemu se dodatno ilustriraju prednosti i ograničenja pojedinih pristupa u uvjetima složene prostorne distribucije. Standardna *blob* detekcija (OpenCV, 2024) u ovom je slučaju ponovno pokazala najslabije rezultate, prepoznavši svega 6 objekata. Takav je ishod izravna posljedica neuspjeha u razdvajanju dodirujućih zrna, čime se potvrđuje da tradicionalne metode segmentacije temeljene na intenzitetu redovito ne uspijevaju razdvojiti guste nakupine. S druge strane, predložena metoda aproksimacije elipsama identificirala je 8 peludnih zrna, dok se paket Cellpose (Stringer et al., 2021) u ovom konkretnom scenariju pokazao još uspješnijim s ukupno 9 detektiranih zrna.

## 5.2. Veće nakupine objekata

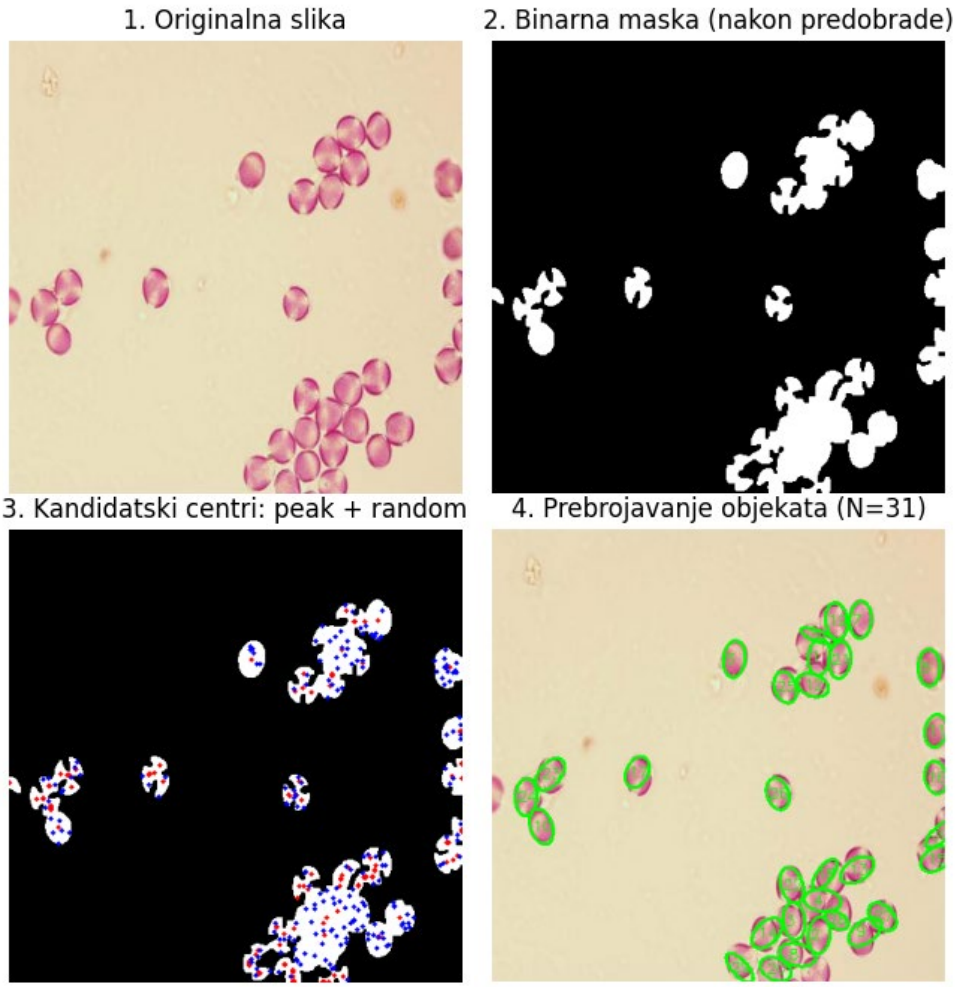
Primjer peludi javora (rod *Acer*, u podatkovnom skupu ima engl. naziv *maple*) iz baze podataka (Khanzhina *et al.*, 2022) prikazan je na slici 8. Parametri algoritma odabrani su tako da omoguće dovoljno fleksibilno modeliranje peludi, ali uz kontrolu složenosti i stabilnosti rješenja. Rasponi dulje i kraće osi elipsi definiraju skup mogućih geometrijskih oblika koji aproksimiraju pelud, pri čemu dulja os varira u intervalu od 25 do 40 piksela, a kraća od 5 do 25 piksela, s diskretnim korakom od 5 piksela. Orijentacija elipsi modelira se diskretizacijom kuta u rasponu od 0 do 180 stupnjeva, s korakom od 3 stupnja, čime se omogućuje precizno prilagođavanje različitim orijentacijama objekata. Minimalna površina elipse *(min_ellipse_area = 200)* sprječava detekciju premalih i nerelevantnih oblika. Kandidatski centri elipsi određuju se kombinacijom determinističkog i stohastičkog pristupa. Lokalni maksimumi distance transformacije definiraju inicijalne centre, pri čemu parametri *peak_kernel_size = 5* i *min_peak_distance_value = 1.0* određuju gustoću i raspored tih točaka. Kako bi se dodatno istražio prostor mogućih rješenja, uvodi se i skup od 200 nasumično odabranih točaka unutar binarne maske. Ovakva kombinacija omogućuje balans između geometrijski smislenih i dodatnih kandidata koji mogu poboljšati pokrivenost. Konačno, redundancija u detekcijama uklanja se primjenom metode *non-maximum suppression* s pragom preklapanja (*iou_threshold = 0.6*), čime se osigurava da svako peludno zrno bude predstavljena jednom dominantnom elipsom.

Analiza distribucije za uzorak od 31 objekta pokazuje visoku morfološku ujednačenost (vidjeti tablicu 4.), pri čemu se 75% populacije kreće unutar vrlo uskih geometrijskih granica s duljom osi između 30 i 35 piksela te stabilnom kraćom osi od 20 piksela za gotovo 85% uzorka. Unutar ovog dominantnog dijela populacije, ukupna površina elipsi varira od 408 do 582 piksela, dok parametar udjela unutar binarne maske oscilira između 0.75 i idealnih 1.0, što potvrđuje visoku preciznost aproksimacije za većinu detektiranih zrna. Vrijednosti bodova za ovaj prag populacije kreću se od 217.8 do maksimalnih 482 boda, pri

čemu viši rezultati izravno koreliraju s potpunim preklapanjem modela i binarne maske. Nasuprot uniformnim dimenzijama, kutna orijentacija obuhvaća širok spektar od 6° do 147°, što dokazuje sposobnost algoritma da u velikoj mjeri uspješno identificira nasumično položene objekte i transformira sirove slikovne podatke u strukturirane biometrijske parametre.

Usporedna analiza trećeg primjera, karakteriziranog visokom gustoćom i kompleksnošću uzorka, dodatno naglašava značajne razlike između razmatranih metodologija. Standardna blob detekcija (OpenCV, 2024) u ovom je scenariju uočila svega 13 objekata, što još jednom potvrđuje njezinu neadekvatnost u uvjetima gdje izražena aglomeracija peludnih zrna onemogućuje razlučivanje pojedinačnih granica na razini piksela. Nasuprot tome, Cellpose paket (Stringer *et al.*, 2021) identificirao je 33 objekta, dok je predloženi algoritam detektirao 31 peludno zrno. Važno je napomenuti da u ovako zasićenim uzorcima situacija nije uvijek u potpunosti „čista", te se kod predložene metode u par slučajeva može uočiti pojava gdje jedna elipsa uključuje i dijelove susjednog zrna. Ovakve situacije proizlaze iz nastojanja optimizacijske funkcije da maksimizira pokrivenost binarne maske u regijama gdje su granice između objekata vizualno nestale ili su znatno zamagljene. Unatoč tim povremenim preklapanjima modela, metoda i dalje osigurava znatno vjerniju reprezentaciju broja i morfologije jedinki u odnosu na tradicionalne pristupe, što je od ključne važnosti za točnost biometrijske analize u okviru ovog prethodnog priopćenja.

**Slika 8. Slično kao na slici 2. za uzorak peludi javora**



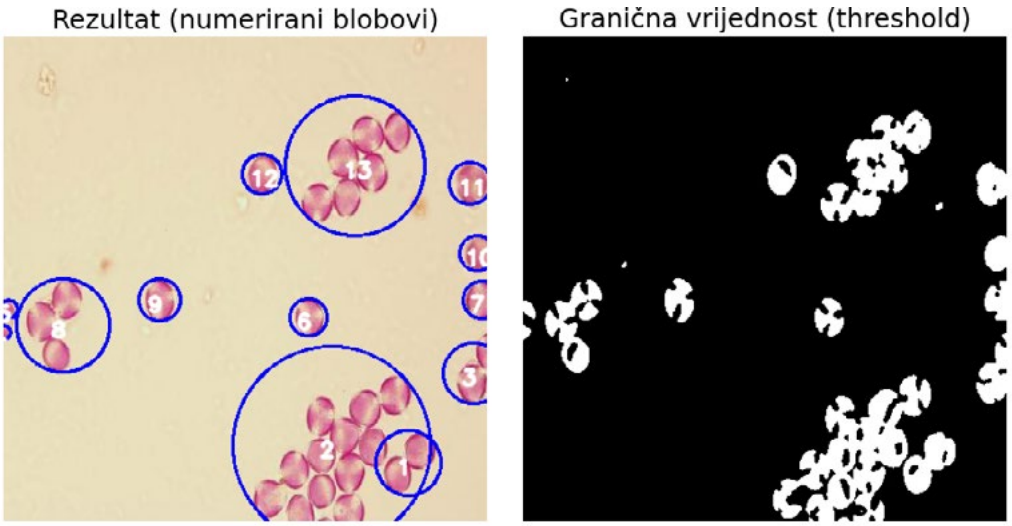

Izvor: originalna slika preuzeta je s https://www.kaggle.com/datasets/nataliakhanzhina/pollen20ldet.

**Tablica 4. Slično kao u tablici 2 za uzorak peludi javora**

| red. br. | X | Y | a | b | θ[°] | P | $P_{unutra}$ | $P_{izvan}$ | r | bodovi |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 1 | 300 | 117 | 35 | 20 | 96 | 582 | 582 | 0 | 1 | 482 |
| 2 | 300 | 373 | 35 | 20 | 96 | 582 | 582 | 0 | 1 | 482 |
| 3 | 277 | 360 | 35 | 20 | 84 | 582 | 582 | 0 | 1 | 482 |
| 4 | 303 | 341 | 35 | 20 | 6 | 582 | 582 | 0 | 1 | 482 |
| 5 | 401 | 127 | 35 | 20 | 90 | 579 | 578 | 1 | 0.998 | 477.2 |
| 6 | 222 | 119 | 35 | 20 | 96 | 582 | 576 | 6 | 0.99 | 471.2 |
| 7 | 338 | 83 | 35 | 20 | 93 | 578 | 573 | 5 | 0.991 | 469 |
| 8 | 280 | 391 | 35 | 20 | 15 | 580 | 568 | 12 | 0.979 | 446.4 |
| 9 | 342 | 370 | 35 | 20 | 144 | 576 | 555 | 21 | 0.964 | 438.2 |
| 10 | 45 | 273 | 35 | 20 | 72 | 575 | 550 | 25 | 0.957 | 430 |
| 11 | 407 | 185 | 30 | 20 | 99 | 483 | 450 | 33 | 0.932 | 323.6 |
| 12 | 294 | 143 | 30 | 20 | 21 | 508 | 465 | 43 | 0.915 | 315.6 |
| 13 | 335 | 313 | 35 | 20 | 147 | 574 | 471 | 103 | 0.821 | 288.6 |
| 14 | 252 | 371 | 35 | 20 | 135 | 577 | 467 | 110 | 0.809 | 279 |
| 15 | 407 | 303 | 30 | 20 | 147 | 440 | 404 | 36 | 0.918 | 275.2 |
| 16 | 407 | 228 | 30 | 20 | 81 | 483 | 421 | 62 | 0.872 | 271.4 |
| 17 | 133 | 223 | 30 | 20 | 114 | 507 | 421 | 86 | 0.83 | 252.2 |
| 18 | 305 | 317 | 35 | 15 | 126 | 408 | 387 | 21 | 0.949 | 252.2 |
| 19 | 316 | 84 | 35 | 20 | 84 | 582 | 453 | 129 | 0.778 | 249.8 |
| 20 | 260 | 404 | 30 | 20 | 24 | 507 | 407 | 100 | 0.803 | 227 |
| 21 | 319 | 120 | 35 | 20 | 96 | 582 | 468 | 114 | 0.804 | 225.8 |
| 22 | 275 | 327 | 35 | 20 | 72 | 575 | 440 | 135 | 0.765 | 220 |
| 23 | 53 | 225 | 35 | 20 | 129 | 577 | 433 | 144 | 0.75 | 217.8 |
| 24 | 31 | 246 | 35 | 20 | 93 | 578 | 438 | 140 | 0.758 | 217 |
| 25 | 269 | 145 | 30 | 20 | 72 | 515 | 392 | 123 | 0.761 | 193.6 |
| 26 | 262 | 243 | 30 | 20 | 72 | 515 | 388 | 127 | 0.753 | 186.4 |
| 27 | 358 | 356 | 30 | 20 | 45 | 513 | 501 | 12 | 0.977 | 184.4 |
| 28 | 316 | 359 | 25 | 15 | 33 | 294 | 294 | 0 | 1 | 155 |
| 29 | 227 | 403 | 35 | 15 | 48 | 402 | 304 | 98 | 0.756 | 125.6 |
| 30 | 411 | 280 | 35 | 15 | 138 | 287 | 252 | 35 | 0.878 | 124 |
| 31 | 299 | 98 | 35 | 10 | 21 | 306 | 306 | 0 | 1 | 56 |

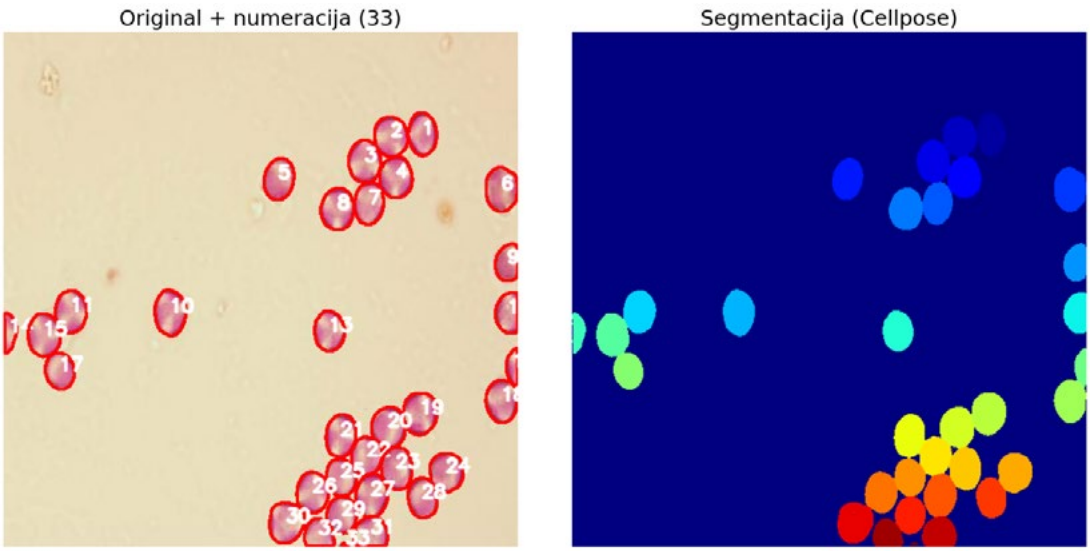
Izvor: rezultati istraživanja.

**Slika 9. Slično kao na slici 3. za uzorak peludi javora**




Izvor: originalna slika preuzeta je s https://www.kaggle.com/datasets/nataliakhanzhina/pollen20ldet.

**Slika 10. Slično kao na slici 4. za uzorak peludi javora**




Izvor: Originalna slika preuzeta je s https://www.kaggle.com/datasets/nataliakhanzhina/pollen20ldet.

## 6. Zaključak

Glavni doprinos ovog rada ogleda se u novoj formulaciji problema detekcije peludnih zrna. Umjesto klasičnog pristupa koji se temelji na eksplicitnoj segmentaciji, problem se definira kao aproksimacija binarne maske skupom parametarskih elipsi. Takva formulacija omogućuje izbjegavanje potrebe za preciznim određivanjem granica između objekata, što je posebno problematično u uvjetima međusobnog dodira i preklapanja zrna peludi.

Stoga je u ovom radu uveden koncept modeliranja objekata putem geometrijskih primitiva, čime se pojednostavljuje analiza složenih struktura te omogućuje izravno povezivanje geometrijskih svojstava objekata s procesom detekcije. U tom kontekstu, predložena metoda predstavlja odmak od standardnih segmentacijskih paradigmi i uvodi alternativni okvir za analizu biomedicinskih slika. U odnosu na postupke koji ovise o jasno definiranim granicama ili povezanim komponentama, predloženi pristup posebno je prikladan za slučajeve

podsegmentacije, dodira i djelomičnog preklapanja zrna jer odluku o pojedinačnim objektima ne temelji isključivo na razdvajanju piksela, nego na geometrijskoj konzistentnosti eliptičnog modela.

Drugi značajan doprinos odnosi se na integraciju transformacije udaljenosti s pristupom temeljenim na modelu. Transformacija udaljenosti koristi se za određivanje kandidatskih centara elipsi, čime se iskorištava topološka informacija o strukturi objekata, pri čemu se centri prirodno smještaju u područja koja odgovaraju središtima peludi. Kod uzoraka s većom gustoćom populacije, sustav generira dodatne kandidacijske centroide kombinacijom determinističkih i stohastičkih metoda kako bi se osigurala potpuna pokrivenost. Dodatno, uveden je optimizacijski model koji istovremeno maksimizira pokrivenost binarne maske, minimizira broj korištenih elipsi te penalizira njihovo međusobno preklapanje i odstupanje od stvarne maske. Time se postiže ravnoteža između preciznosti i složenosti modela, što omogućuje fleksibilno podešavanje ponašanja algoritma

Konačno, doprinos rada uključuje primjenu metode za potiskivanje nemaksimalnih vrijednosti (NMS) na geometrijske primitive, čime se uklanjaju redundantne detekcije i poboljšava konzistentnost rezultata. U sklopu istraživanja provedena je usporedna analiza predloženog modela sa standardnom *blob* detekcijom (OpenCV, 2024) te naprednim sustavom *Cellpose (*Stringer *et al.,* 2021). Važno je istaknuti da primjena *Cellpose* modela na peludnim zrnima predstavlja testiranje njegove svestranosti izvan izvorne namjene, koja je primarno usmjerena na segmentaciju stanica i bakterija, dok predložena metoda u tom kontekstu nudi i mogućnost korištenja segmentacije kod različitih vrsta peludi.

Ograničenje predloženog pristupa proizlazi iz pretpostavke da se peludna zrna mogu dovoljno dobro aproksimirati elipsama. Iako je takva pretpostavka prikladna za početnu modelom vođenu detekciju i ekstrakciju osnovnih geometrijskih parametara, buduća istraživanja mogu uključiti usporedbu s fleksibilnijim oblicima, poput superelipsi (Laméovih linija) ili spline-modela (Gielis, 2003), uz kvantitativnu analizu pogreške aproksimacije. Unatoč početno pokazanoj primjenjivosti, metoda posjeduje i određena ograničenja, prvenstveno vezana uz kvalitetu inicijalne binarne maske te nemogućnost eliptičnog modela pratiti izrazito nepravilne rubove egzine. U situacijama ekstremne aglomeracije, jedna elipsa povremeno može obuhvatiti manje dijelove susjednog zrna, a rijetko se može dogoditi i da se generira elipsa koja je raspodijeljena na više objekata istovremeno, osobito u središtima nakupina gdje su vizualne granice potpuno iščezle. Ovakve pojave odražavaju kompromis optimizacijske funkcije u pokušaju postizanja maksimalne pokrivenosti unutar zasićenih regija uzorka.

Dodatno ograničenje ovog istraživanja odnosi se na činjenicu da robusnost metode na različite razine šuma i promjene uvjeta osvjetljenja nije sustavno ispitana. U radu su korištene dostupne mikroskopske slike iz postojećeg skupa podataka, zbog čega autor nije imao kontrolu nad parametrima snimanja. Buduća laboratorijska mjerenja na uzorcima meda s područja Republike Hrvatske omogućit će prikupljanje vlastitog skupa podataka pod kontroliranim uvjetima te sustavnu procjenu utjecaja osvjetljenja, kontrasta i šuma na stabilnost predložene metode.

U ovoj fazi istraživanja parametri algoritma odabrani su empirijski s ciljem postizanja stabilne aproksimacije analiziranih uzoraka. Iako su njihove uloge opisane u okviru algoritamskog postupka, sustavna analiza osjetljivosti hiperparametara nije provedena jer bi zahtijevala opsežniji eksperimentalni protokol i veći broj kontroliranih uzoraka. U budućem istraživanju planira se provesti kvantitativna analiza utjecaja ključnih parametara, uključujući prag pokrivenosti, penalizaciju preklapanja, penalizaciju broja elipsi, minimalni udio elipse unutar maske i prag NMS-a, uz grafički prikaz njihova utjecaja na broj detekcija, stabilnost aproksimacije i pogrešku prebrojavanja. Prikazani rezultati u ovoj fazi imaju karakter početne i ilustrativne provjere predložene metode. Sustavna statistička analiza, uključujući procjenu varijance, intervale pouzdanosti i testiranja značajnosti razlika između metoda, nije provedena jer zahtijeva veći evaluacijski skup, ponovljiva mjerenja i jasno definiran validacijski protokol. Stoga će buduća istraživanja biti usmjerena na razvoj mehanizama za automatsko i adaptivno podešavanje parametara optimizacije ovisno o gustoći uzorka. Također, planira se integracija predloženog modela s metodama dubokog učenja radi postizanja stabilnije binarizacije te proširenje metodologije na složenije geometrijske primitive koje bi omogućile

još vjerniju aproksimaciju raznolikih morfoloških oblika peludi. Sveukupno, predloženi pristup nudi kombinaciju interpretabilnosti i robusnosti koja ga čini perspektivnim alatom za naprednu analizu zahtjevnih biomedicinskih snimaka.

## Citirani izvori

*Astolfi, G., Gonçalves, A. B., Menezes, G. V., Borges, F. S. B., Astolfi, A. C. M. N., Matsubara, E. T., Alvarez, M., & Pistori, H. (2020). POLLEN73S: An image dataset for pollen grains classification. Ecological Informatics, 60, 101165. https://doi.org/10.1016/j.ecoinf.2020.101165*

*Behrendt, H., Kasche, A., Ebner von Eschenbach, C., Risse, U., Huss-Marp, J., & Ring, J. (2001). Secretion of proinflammatory eicosanoid-like substances precedes allergen release from pollen grains in the initiation of allergic sensitization. International Archives of Allergy and Immunology, 124(1–3), 121–125. https://doi.org/10.1159/000053688*

*Berg, S., Kutra, D., Kroeger, T., Straehle, C. N., Kausler, B. X., Haubold, C., Schiegg, M., Ales, J., Beier, T., Rudy, M., Eren, K., Cervantes, J. I., Xu, B., Beuttenmueller, F., Wolny, A., Zhang, C., Koethe, U., Hamprecht, F. A., & Kreshuk, A. (2019).*
*ilastik: Interactive machine learning for (bio)image analysis. Nature Methods, 16(12), 1226–1232. https://doi.org/10.1038/s41592-019-0582-9*

*Bousquet, J., Khaltaev, N., Cruz, A. A., Denburg, J., Fokkens, W. J., Togias, A., Zuberbier, T., … & Burney, P. (2008). Allergic rhinitis and its impact on asthma (ARIA) 2008 update. Allergy, 63(Suppl. 86), 8–160. https://doi.org/10.1111/j.1398-9995.2007.01620.x*

*Coelho, L. P., Shariff, A., & Murphy, R. F. (2009). Nuclear segmentation in microscope cell images: A hand-segmented dataset and comparison of algorithms. 2009 IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: From Nano to Macro, 518–521.*

*D'Amato, G., Vitale, C., De Martino, A., Viegi, G., Lanza, M., Molino, A., Sanduzzi, A., Vatrella, A., Annesi-Maesano, I., & D'Amato, M. (2015). Effects on asthma and respiratory allergy of climate change and air pollution. Multidisciplinary Respiratory Medicine, 10(1), 39. https://doi.org/10.1186/s40248-015-0036-x*

*Daood, A., Ribeiro, E., & Bush, M. (2016). Pollen grain recognition using deep learning.*
*In G. Bebis et al. (Eds.), Advances in Visual Computing (ISVC 2016)*
*(Lecture Notes in Computer Science, Vol. 10072, pp. 321–330). Springer.*

*Daunys, G., Šukienė, L., Vaitkevičius, L., et al. (2024). Comparison of computer vision models in application to pollen classification using light scattering. Aerobiologia, 40, 109–121. https://doi.org/10.1007/s10453-022-09769-0*

*Edwards, K. J. (1990). Book review: Fægri, K., & Iversen, J. (1989). Textbook of pollen analysis (4th ed.). Progress in Physical Geography: Earth and Environment, 14(3), 423–425. https://doi.org/10.1177/030913339001400307*

*Esteva, A., Kuprel, B., Novoa, R. A., Ko, J., Swetter, S. M., Blau, H. M., & Thrun, S. (2017). Dermatologist-level classification of skin cancer with deep neural networks. Nature, 542(7639), 115–118. https://doi.org/10.1038/nature21056*

*Flenley, J. R. (1968). The problem of pollen identification. New Zealand Journal of Botany, 6(2), 107–115.*

*Garga, B., Abboubakar, H., Sourpele, R. S., Gwet, D. L. L., & Bitjoka, L. (2024). Pollen Grain Classification Using Some Convolutional Neural Network Architectures. Journal of Imaging, 10(7), 158. https://doi.org/10.3390/jimaging10070158*

*Gielis, J. (2003). Inventing the circle: The geometry of nature. Geniaal Press.*

*Girshick, R. (2015). Fast R-CNN. In Proceedings of the IEEE International Conference on Computer Vision (ICCV) (pp. 1440–1448). https://doi.org/10.1109/ICCV.2015.169*

*Gonzalez, R. C., & Woods, R. E. (2018). Digital image processing (4th ed.). Pearson.*

*He, K., Gkioxari, G., Dollár, P., & Girshick, R. (2017). Mask R-CNN. In Proceedings of the IEEE International Conference on Computer Vision (ICCV) (pp. 2980–2988). https://doi.org/10.1109/ICCV.2017.322*

*IPCC. (2021). Climate change 2021: The physical science basis. Cambridge University Press.*

*Khanzhina, N., Filchenkov, A., Minaeva, N., Novoselova, L., Petukhov, M., Kharisova, I., Pinaeva, J., Zamorin, G., Putin, E., & Zamyatina, E. (2022). Combating data incompetence in pollen images detection and classification for pollinosis prevention. Computers in Biology and Medicine, 140, 105064. https://doi.org/10.1016/j.compbiomed.2021.105064*

*Litjens, G., Kooi, T., Bejnordi, B. E., Setio, A. A. A., Ciompi, F., Ghafoorian, M., van der Laak, J. A. W. M., van Ginneken, B., & Sánchez, C. I. (2017). A survey on deep learning in medical image analysis. Medical Image Analysis, 42, 60–88. https://doi.org/10.1016/j.media.2017.07.005*

*Meijering, E. (2012). Cell segmentation: 50 years down the road. IEEE Signal Processing Magazine, 29(5), 140–145.*

*Moen, E., Bannon, D., Kudo, T., Graf, W., Covert, M., & Van Valen, D. (2019). Deep learning for cellular image analysis. Nature Methods, 16(12), 1233–1246. https://doi.org/10.1038/s41592-019-0403-1*

*OpenCV. (2024). Open Source Computer Vision Library. https://opencv.org/*

*Otsu, N. (1979). A threshold selection method from gray-level histograms. IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, 9(1), 62–66. https://doi.org/10.1109/TSMC.1979.4310076*

*Roerdink, J. B. T. M., & Meijster, A. (2000).The watershed transform: Definitions, algorithms and parallelization strategies. Fundamenta Informaticae, 41(1–2), 187–228, https://doi.org/10.3233/FI-2000-411207*

*Ronneberger, O., Fischer, P., & Brox, T. (2015). U-Net: Convolutional networks for biomedical image segmentation. In N. Navab, J. Hornegger, W. M. Wells, & A. F. Frangi (Eds.), Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention – MICCAI 2015 (pp. 234–241). Springer International Publishing. https://doi.org/10.1007/978-3-319-24574-4_28*

*Shamrat, F. M. J. M., Idris, M. Y., Zhou, X., Khalid, M., Sharmin, S., Sharmin, Z., Ahmed, K., & Moni, M. A. (2024). PollenNet: A novel architecture for high precision pollen grain classification through deep learning and explainable AI. Heliyon, 10(19), e38596. https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2024.e38596*

*Stringer, C., Wang, T., Michaelos, M., & Pachitariu, M. (2021). Cellpose: A generalist algorithm for cellular segmentation. Nature Methods, 18(1), 100–106. https://doi.org/10.1038/s41592-020-01018-x*

*Szeliski, R. (2010). Computer vision: Algorithms and applications. Springer, https://doi.org/10.1007/978-1-84882-935-0*

*Taha, A. A., & Hanbury, A. (2015). Metrics for evaluating 3D medical image segmentation: Analysis, selection, and tool. BMC Medical Imaging, 15, 29. https://doi.org/10.1186/s12880-015-0068-x*

*Traidl-Hoffmann, C., Kasche, A., Jakob, T., Huger, M., Plötz, S., Feussner, I., Ring, J., & Behrendt, H. (2002). Lipid mediators from pollen act as chemoattractants and activators of polymorphonuclear granulocytes. Journal of Allergy and Clinical Immunology, 109(5), 831–838. https://doi.org/10.1067/mai.2002.124655*

# Geometric approximation of pollen grains using ellipse packing optimization

## Summary

*This paper presents a new methodology for pollen grain detection that solves the problem of subsegmentation in dense clusters. Instead of classical segmentation at the pixel level, the problem is defined as a geometric approximation of a binary mask by a set of parametric ellipses. Initial positioning of candidate centers is performed using a distance transformation, which significantly narrows the search space. The main phase involves the optimization of a multi-criteria objective function that balances mask coverage and the number of objects while penalizing mutual overlaps. Redundancy in detections is removed by applying a non-maximum suppression (NMS) procedure adapted to geometric primitives. Preliminary validation on willow, angelica and maple samples showed high accuracy of the method even in conditions where the boundaries between grains visually disappeared. While standard blob detection shows significant inadequacy in saturated regions, the proposed method achieves results comparable to the advanced Cellpose system. Although Cellpose was originally intended for cell and bacterial segmentation, its application to pollen confirms the competitiveness of the proposed model in the extraction of biometric parameters. This approach lays a solid foundation for further automation and increasing the objectivity of melissopalynological analysis.*

***Keywords:*** *pollen grain detection, object counting, morphological processing, multi-criteria model evaluation, geometric approximation by ellipses*