

Marco Túlio Alves Rodrigues

Classificação Automática de Espécies de Peixes Baseada em Técnicas Robustas para Extração de Características e Sistemas Imunológicos Artificiais

Dissertação apresentada ao Curso de Mestrado em Modelagem Matemática e Computacional do Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Modelagem Matemática Computacional.

Orientador:

Prof. Dr. Flávio Luis Cardeal de Pádua

Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais

Co-orientador:

Prof. Dr. Rogério Martins Gomes

Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais

**MESTRADO EM MODELAGEM MATEMÁTICA E COMPUTACIONAL
CENTRO FEDERAL DE EDUCAÇÃO TECNOLÓGICA DE MINAS GERAIS
DIRETORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO**

Belo Horizonte – MG

Abril de 2009

Livros Grátis

<http://www.livrosgratis.com.br>

Milhares de livros grátis para download.

Resumo

Este trabalho aborda o problema de classificação automática de espécies de peixes, por meio do uso de técnicas de análise de imagens e sistemas imunológicos artificiais. Diferentemente da grande maioria das abordagens atuais, as quais se baseiam em procedimentos manuais de alto custo financeiro, baixa eficiência e baixa exatidão, este trabalho apresenta um novo sistema automático fundamentado em: (i) duas técnicas robustas para extração de características: *Scale-Invariant Feature Transform* (SIFT) e Análise de Componentes Principais (ACP) para parametrização da forma, aparência e movimento dos indivíduos, (ii) dois algoritmos imunológicos: *Artificial Immune Network* (AINET) e *Adaptive Radius Immune Algorithm* (ARIA) para agrupamento de indivíduos da mesma espécie e (iii) uma estratégia simples de classificação baseada na estimação do vizinho mais próximo. O sistema proposto foi validado com sucesso utilizando imagens de espécies de peixes de alto valor econômico, atingindo uma exatidão de até 92%.

PALAVRAS-CHAVE: Classificação automática de espécies de peixes, Análise de Componentes Principais, Sistemas Imunológicos Artificiais, *Scale-Invariant Feature Transform*.

Abstract

This work addresses the problem of automatic classification of fish species, by using image analysis techniques and artificial immune systems. Unlike most common methodologies, which are based on manual estimations that lead to significant time and financial constraints, we present an automatic framework based on (i) two well-known robust feature extraction techniques: Scale-Invariant Feature Transform and Principal Component Analysis for parameterizing shape, appearance and motion, (ii) two immunological algorithms: Artificial Immune Network and Adaptive Radius Immune Algorithm for clustering individuals of the same species, and (iii) a simple nearest neighbor classification strategy. The framework was successfully validated with images of fish species that have significant economic impact, achieving overall accuracy as high as 92%.

KEY-WORDS: Fish species classification, Principal Component Analysis, Artificial Immune Systems, Scale-Invariant Feature Transform.

Agradecimentos

Ao Prof. Flávio Luis Cardeal de Pádua pela confiança, dedicação, apoio, paciência, disposição e amizade na orientação deste trabalho.

Ao Prof. Rogério Martins Gomes pela amizade, apoio, paciência e disposição na orientação.

Ao Ricardo Violato, Fernando e Prof. José Von Zuben da Unicamp pelo apoio neste trabalho.

A minha mãe Lúcia e minha noiva Michelle pela paciência e compreensão.

Aos meus tios Catarina, Regina e Vargas pela paciência e compreensão.

Aos colegas de trabalho do Departamento de Recursos em Informática, Prof. Paulo Eduardo Maciel de Almeida, Luciana Guerra Silva, Cléver de Oliveira Júnior, Leonardo, Adriana, Lauro Dineli Rodrigues, Márcio Ferreira Gomes, Ricardo Gollner e Marconi pelo apoio, amizade e compreensão.

A Deus.

Lista de Abreviaturas e Siglas

ACP Análise de Componentes Principais

ARIA Adaptive Radius Immune Algorithm for Data Clustering

CEAGESP Companhia de Entrepósitos e Armazéns Gerais de São Paulo

CEFET-MG Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais

ICB Instituto de Ciências Biológicas

LSI Laboratório de Sistemas Inteligentes

PAC Programa de Aceleração do Crescimento

SIA Sistema Imunológico Artificial

SIFT Scale Invariant Feature Transform

Sumário

Lista de Figuras

Lista de Tabelas

1	Introdução	p. 17
1.1	Motivação	p. 20
1.2	Abordagem	p. 23
1.3	Objetivos Geral e Específicos	p. 24
1.4	Contribuições	p. 25
1.5	Organização do texto	p. 26
2	Trabalhos Relacionados	p. 27
3	Fundamentação Teórica	p. 35
3.1	Extração de Características	p. 35
3.1.1	Assinaturas de cor	p. 36
3.1.2	Características de Forma	p. 37
3.1.3	Características de Tamanho	p. 40
3.1.4	Características de Textura	p. 41
3.1.5	Análise de Componentes Principais (ACP)	p. 41
3.1.6	Transformação SIFT <i>Scale-Invariant Feature Transform</i>	p. 43
3.2	Técnicas de Agrupamento	p. 47
3.2.1	<i>K-means</i>	p. 47

3.2.2	Sistemas Imunológicos Artificiais: AINET e ARIA	p. 48
3.3	Sistemas de Classificação	p. 55
3.3.1	Vizinho mais Próximo	p. 55
3.3.2	Redes Neurais Artificiais	p. 56
3.3.3	Classificadores Bayesianos	p. 57
3.4	Conclusão	p. 59
4	Sistema de Classificação	p. 60
4.1	Extração de Características	p. 63
4.2	Agrupamento de dados e Classificação	p. 68
4.2.1	ACP + aiNet e ACP + ARIA	p. 68
4.2.2	SIFT + aiNet e SIFT + ARIA	p. 70
5	Resultados Experimentais	p. 72
5.1	Grupo 1: Indivíduos Conservados em Formol	p. 72
5.1.1	Resultados: ACP + aiNet e ACP + ARIA	p. 73
5.1.2	Resultados: SIFT + aiNet e SIFT + ARIA	p. 77
5.2	Grupo 2: Indivíduos em Uma Cena Subaquática	p. 82
5.2.1	Resultados: ACP + aiNet e ACP + ARIA	p. 83
5.2.2	Resultados: SIFT + aiNet e SIFT + ARIA	p. 85
5.3	Discussão	p. 87
6	Conclusões e Perspectivas Futuras	p. 90
	Referências Bibliográficas	p. 93
	Anexo A – Correspondências entre Imagens.	p. 97
	Anexo B – Banco de Dados de Imagens	p. 114

Lista de Figuras

1.1	Exemplos de peixes venenosos (a) Peixe-sapo, da espécie <i>Thalassophryne nattereri</i> , presente nas regiões Norte e Nordeste do país; (b) Peixe-escorpião, da espécie <i>Scorpaena maderensis</i> , presente no litoral brasileiro.	p. 17
1.2	Imagens de 09 (nove) espécies de peixes tratadas nos experimentos.	p. 19
1.3	(a) Mecanismo de transposição de peixes existente na barragem hidrelétrica de Igarapava em Minas Gerais, Brasil; (b) Elevador de peixes da Usina de Santa Clara em Minas Gerais, Brasil.	p. 21
1.4	Sala de observação situada junto ao mecanismo de transposição de peixes presente na barragem hidroelétrica de Igarapava em Minas Gerais, Brasil (MORAIS et al., 2005b).	p. 22
1.5	Inspenção de peixes em uma indústria de pescado no Chile.	p. 22
1.6	Inspenção de peixes em áreas portuárias.	p. 23
1.7	Visão geral do sistema de classificação de peixes.	p. 24
2.1	Espécie de peixe usada no trabalho de (ZION et al., 2008). (a) Peixe fêmea da espécie <i>Poecilia reticulata</i> ; (b) Peixe macho da espécie <i>Poecilia reticulata</i>	p. 27
2.2	Sistema de reconhecimento de peixes em tempo real construído por Zion et al. (2007).	p. 29
2.3	Exatidão conseguida do classificador de Nery et al. (2005), a medida do aumento de número de características. (a) Considerando 6 espécies de peixes; (b) Considerando 4 espécies de peixes.	p. 30
2.4	Abordagem usada para contagem dos peixes em (MORAIS et al., 2005a).	p. 31

2.5	Rastreamento de peixes nadando em um mecanismo de transposição. Cada quadro mostra a imagem adquirida pela câmera e a imagem gerada a partir da aplicação do algoritmo <i>BraMBLe</i> . A presença de uma elipse sobre o peixe na imagem gerada pelo sistema, caracteriza o rastreamento daquele peixe.	p. 32
2.6	Sistema de classificação de peixes construído por Kulinchenko, Simpson e Denny (2004), composto por um sonar que emite ondas FM entre 100KHZ e 200KHZ, com ganhos ajustáveis de 18 db, 41db, 64 db, 87db	p. 32
3.1	O espaço de cores <i>RGB</i> é conhecido como cubo de cores <i>RGB</i> : (a) A cor Branca é representada pelo ponto (1,1,1) e a cor amarela é representada pelo ponto (1,1,0). (b) Nos vértices do cubo estão as cores primárias (vermelho, azul e verde) e as cores secundárias (ciano, magenta e amarelo).	p. 36
3.2	As imagens da esquerda são as imagens $L(x,y,\sigma)$ obtidas a partir da convolução do filtro gaussiano $G(x,y,\sigma)$ em $I(x,y)$ e estão separadas por um fator k . As imagens da direita são os resultados da Diferença Gaussiana entre duas imagens da esquerda. Por conseguinte, a imagem é re-amostrada com um fator divisor 2 e o processo se repete para cada oitava.	p. 44
3.3	Pontos de máximo e mínimo de $G(x,y,\sigma)$ são detectados pela comparação do pixel marcado com X com seus 26 vizinhos em uma região 3×3 na escala atual.	p. 45
3.4	O descritor do ponto-chave é criado calculando o gradiente de magnitude e orientação de cada ponto em uma região ao redor da localização do ponto-chave, como ilustrado à esquerda. Estes valores são acumulados e sumarizados em um histograma em uma região 4×4 , como ilustrado à direita. As setas correspondem à soma das magnitudes. (a) Gradiente da Imagem; (b) Descritor do ponto chave.	p. 46
3.5	Estrutura multicamadas do Sistema Imunológico (SILVA, 2001).	p. 48
3.6	O Sistema Imune Adaptativo (SILVA, 2001).	p. 49
3.7	Neurônio biológico e a direção da propagação de sinais pelo neurônio (SILVA, 2001).	p. 56

3.8	Representação funcional de um neurônio artificial (SILVA, 2001).	p. 57
4.1	Diagrama de blocos do sistema automático para classificação de espécies de peixes.	p. 60
4.2	Espaços 2D de componentes principais associadas às imagens de espécies de peixes representadas no espaço YUV . (a), (b) e (c) correspondem às imagens de peixes em cenas não-subaquáticas nas bandas Y , U e V , respectivamente; (d), (e) e (f) correspondem às imagens de peixes em cenas subaquáticas nas bandas Y , U e V , respectivamente.	p. 66
4.3	Extração de características pela transformada SIFT em uma cena não subaquática.	p. 67
4.4	Extração de características pela transformada SIFT em uma cena subaquática.	p. 68
4.5	Resultado da aplicação do algoritmo Ainet sobre uma massa de dados. (a) Antígenos de entrada; (b) anticorpos resultantes. Fonte: Castro e Zuben (2001)	p. 69
4.6	Resultado da aplicação do algoritmo ARIA sobre uma massa de dados.(a) 200 antígenos de entrada; (b) anticorpos resultantes. Fonte: Bezerra, Barra e Castro (2005)	p. 69
5.1	Dispositivo construído para a obtenção das imagens que representam as características de nado dos peixes.	p. 74
5.2	Espaço de componentes principais 2D e conjunto de anticorpos obtidos após a utilização do algoritmo imunológico aiNet.	p. 74
5.3	Exatidão do sistema de classificação em função do número de componentes principais ($k = \{2, \dots, 10\}$).	p. 75
5.4	Espaço de componentes principais 2D e conjunto de anticorpos obtidos após a utilização do algoritmo imunológico ARIA.	p. 76
5.5	Exatidão do sistema de classificação em função do número de componentes principais ($k = \{2, \dots, 10\}$).	p. 77

5.6	Dada uma imagem de validação I_v , determina-se a espécie do indivíduo presente na mesma calculando-se as correspondências $C^i, i = 1, \dots, 6$ entre os antígenos desta imagem com os anticorpos das imagens dos indivíduos de referência de cada uma das seis espécies consideradas. O indivíduo pertencerá à espécie que gerar um maior número de correspondências.	p. 78
5.7	Correspondência entre os antígenos das imagens do indivíduo 3 da espécie Canivete e os anticorpos da espécies de referência.	p. 79
5.8	Correspondência entre os antígenos das imagens do indivíduo 2 da espécie Canivete e os anticorpos da espécies de referência.	p. 79
5.9	Influência do ângulo de rotação do indivíduo de referência da espécie Tucunaré no número de correspondências estimadas com um indivíduo de validação da mesma espécie rotacionado em um ângulo de -40°	p. 80
5.10	Influência do ângulo de rotação do indivíduo de referência da espécie Tucunaré no número de correspondências estimadas com um indivíduo de validação da mesma espécie rotacionado em um ângulo de 0°	p. 80
5.11	Influência do ângulo de rotação do indivíduo de referência da espécie Tucunaré no número de correspondências estimadas com um indivíduo de validação da mesma espécie rotacionado em um ângulo de 40°	p. 81
5.12	Exatidão para as 6 espécies usando SIFT e AINET.	p. 81
5.13	Exatidão para as 6 espécies usando SIFT e ARIA.	p. 82
5.14	Espaço de componentes principais 2D e conjunto de anticorpos obtidos após a utilização do algoritmo imunológico aiNet.	p. 84
5.15	Exatidão do sistema de classificação em função do número de componentes principais ($k = \{2, \dots, 10\}$).	p. 84
5.16	Espaço de componentes principais 2D e conjunto de anticorpos obtidos após a utilização do algoritmo imunológico ARIA.	p. 85
5.17	Exatidão do sistema de classificação em função do número de componentes principais ($k = \{2, \dots, 10\}$).	p. 86

5.18	Exatidão para as 6 espécies usando SIFT e aiNet.	p. 87
5.19	Exatidão para as 4 espécies usando SIFT e ARIA.	p. 87
A.1	Correspondências entre os antígenos das imagens de validação de indivíduos da espécie Canivete e os anticorpos das imagens dos indivíduos de referência de todas as espécies conservadas em formol. Utilizou-se, neste caso, o algoritmo aiNet como técnica de agrupamento de dados.	p. 98
A.2	Correspondências entre os antígenos das imagens de validação de indivíduos da espécie Canivete e os anticorpos das imagens dos indivíduos de referência de todas as espécies conservadas em formol. Utilizou-se, neste caso, o algoritmo aiNet como técnica de agrupamento de dados.	p. 99
A.3	Correspondências entre os antígenos das imagens de validação de indivíduos da espécie Cara e os anticorpos das imagens dos indivíduos de referência de todas as espécies conservadas em formol. Utilizou-se, neste caso, o algoritmo aiNet como técnica de agrupamento de dados.	p. 100
A.4	Correspondências entre os antígenos das imagens de validação de indivíduos da espécie Cascudo e os anticorpos das imagens dos indivíduos de referência de todas as espécies conservadas em formol. Utilizou-se, neste caso, o algoritmo aiNet como técnica de agrupamento de dados.	p. 101
A.5	Correspondências entre os antígenos das imagens de validação de indivíduos da espécie Lambari e os anticorpos das imagens dos indivíduos de referência de todas as espécies conservadas em formol. Utilizou-se, neste caso, o algoritmo aiNet como técnica de agrupamento de dados.	p. 102
A.6	Correspondências entre os antígenos das imagens de validação de indivíduos da espécie Tucunaré e os anticorpos das imagens dos indivíduos de referência de todas as espécies conservadas em formol. Utilizou-se, neste caso, o algoritmo aiNet como técnica de agrupamento de dados.	p. 103

- A.7 Correspondências entre os antígenos das imagens de validação de indivíduos da espécie Canivete e os anticorpos das imagens dos indivíduos de referência de todas as espécies conservadas em formol. Utilizou-se, neste caso, o algoritmo ARIA como técnica de agrupamento de dados. p. 104
- A.8 Correspondências entre os antígenos das imagens de validação de indivíduos da espécie Barbado e os anticorpos das imagens dos indivíduos de referência de todas as espécies conservadas em formol. Utilizou-se, neste caso, o algoritmo ARIA como técnica de agrupamento de dados. p. 105
- A.9 Correspondências entre os antígenos das imagens de validação de indivíduos da espécie Cara e os anticorpos das imagens dos indivíduos de referência de todas as espécies conservadas em formol. Utilizou-se, neste caso, o algoritmo ARIA como técnica de agrupamento de dados. p. 106
- A.10 Correspondências entre os antígenos das imagens de validação de indivíduos da espécie Cascudo e os anticorpos das imagens dos indivíduos de referência de todas as espécies conservadas em formol. Utilizou-se, neste caso, o algoritmo ARIA como técnica de agrupamento de dados. p. 107
- A.11 Correspondências entre os antígenos das imagens de validação de indivíduos da espécie Lambari e os anticorpos das imagens dos indivíduos de referência de todas as espécies conservadas em formol. Utilizou-se, neste caso, o algoritmo ARIA como técnica de agrupamento de dados. p. 108
- A.12 Correspondências entre os antígenos das imagens de validação de indivíduos da espécie Tucunaré e os anticorpos das imagens dos indivíduos de referência de todas as espécies conservadas em formol. Utilizou-se, neste caso, o algoritmo ARIA como técnica de agrupamento de dados. p. 109

A.13	Correspondências entre os antígenos das imagens de validação de indivíduos das espécies Carpa e Cascudo e os anticorpos das imagens dos indivíduos de referência de todas as espécies em uma cena subaquática. Utilizou-se, neste caso, o algoritmo aiNet como técnica de agrupamento de dados.	p. 110
A.14	Correspondências entre os antígenos das imagens de validação de indivíduos das espécies Pacu e Surubim e os anticorpos das imagens dos indivíduos de referência de todas as espécies em uma cena subaquática. Utilizou-se, neste caso, o algoritmo aiNet como técnica de agrupamento de dados.	p. 111
A.15	Correspondências entre os antígenos das imagens de validação de indivíduos das espécies Carpa e Cascudo e os anticorpos das imagens dos indivíduos de referência de todas as espécies em uma cena subaquática. Utilizou-se, neste caso, o algoritmo ARIA como técnica de agrupamento de dados.	p. 112
A.16	Correspondências entre os antígenos das imagens de validação de indivíduos das espécies Pacu e Surubim e os anticorpos das imagens dos indivíduos de referência de todas as espécies em uma cena subaquática. Utilizou-se, neste caso, o algoritmo aiNet como técnica de agrupamento de dados.	p. 113
B.1	Amostras de imagens dos três indivíduos da espécie Canivete considerados nos experimentos.	p. 115
B.2	Amostras de imagens dos três indivíduos da espécie Barbado considerados nos experimentos.	p. 116
B.3	Amostras de imagens dos três indivíduos da espécie Cara considerados nos experimentos.	p. 117
B.4	Amostras de imagens dos três indivíduos da espécie Cascudo considerados nos experimentos.	p. 118
B.5	Amostras de imagens dos três indivíduos da espécie Lambari considerados nos experimentos.	p. 119
B.6	Amostras de imagens dos três indivíduos da espécie Tucunaré considerados nos experimentos.	p. 120

B.7	Amostras de imagens do indivíduo da espécie Carpa considerado nos experimentos.	p. 121
B.8	Amostras de imagens do indivíduo da espécie Cascudo considerado nos experimentos.	p. 121
B.9	Amostras de imagens do indivíduo da espécie Pacu considerado nos experimentos.	p. 122
B.10	Amostras de imagens do indivíduo da espécie Surubim considerado nos experimentos.	p. 122

Lista de Tabelas

2.1	Relação dos principais trabalhos e a respectiva exatidão	p. 34
3.1	Significados dos parâmetros do Algoritmo 1.	p. 52
3.2	Significados dos parâmetros do Algoritmo 2.	p. 54
5.1	Parâmetros de treinamento da Sistema Imunológico Artificial - AINET.	p. 73
5.2	Parâmetros de treinamento da Sistema Imunológico Artificial - ARIA. .	p. 73
5.3	Exatidão das técnicas deste trabalho.	p. 88

1 Introdução

A necessidade de se classificar objetos é histórica para a humanidade. Devido à grande variedade de objetos ao seu redor, o homem primitivo tinha a necessidade de distribuir em grupos os objetos que tinham características semelhantes, de forma a classificá-los. Esta distribuição, na verdade um instinto de sobrevivência, permitia-lhe classificar as plantas e os animais entre comestíveis e não-comestíveis, venenosos e não-venenosos (veja Figura 1.1).

Hoje, a tarefa de classificar os objetos continua presente no dia-dia das pessoas. Em diagnósticos médicos de câncer, por exemplo, a classificação da doença tem um significado muito importante na determinação do tipo de tratamento.

Para processos industriais, a qualidade de uma produção é verificada com a classificação de produtos em defeituosos ou não-defeituosos. Esta classificação influi diretamente no negócio da indústria, o que permite definir critérios e ações corretivas.

Neste cenário, diversos sistemas computacionais têm sido desenvolvidos para auxiliar o homem na realização automática que envolvem tarefas de classificação de objetos, com o intuito de melhorar a eficiência desses sistemas.



Figura 1.1: Exemplos de peixes venenosos (a) Peixe-sapo, da espécie *Thalassophryne nattereri*, presente nas regiões Norte e Nordeste do país; (b) Peixe-escorpião, da espécie *Scorpaena maderensis*, presente no litoral brasileiro.

Entre os diversos tipos de algoritmos utilizados para problemas de classificação de objetos, pode-se citar os de Visão Computacional e Sistemas Imunológicos Artificiais. Os algoritmos de Visão Computacional são baseados em técnicas de processamento e análise de imagens, as quais permitem extrair informações de uma ou várias imagens (GONZALEZ RAFAEL C. & WOODS, 2000; TRUCCO; VERRI, 1998; FAUGERAS, 1993; HARTLEY; ZISSERMAN, 2004; FORSYTH; PONCE, 2003). Essas informações podem, por sua vez, ser aplicadas a um Sistema Imunológico Artificial, o qual auxiliará no processo de reconhecimento e classificação de padrões (DASGUPTA, 1998; CASTRO; TIMMIS, 2002; TIMMIS; NEAL; HUNT, 2000).

A classificação por meio da Visão Computacional e Sistemas Imunológicos Artificiais possibilita a identificação visual de objetos utilizando informações úteis como forma, cor e textura.

Especificamente, este trabalho aborda o problema de *classificação automática de espécies de peixes*, por meio do uso de Sistemas Imunológicos Artificiais e Visão Computacional. Diferentemente da grande maioria dos métodos atuais, os quais frequentemente se baseiam no uso de processos não automatizados, que são onerosos e demasiadamente demorados na exibição da informação para a tomada de decisão, o presente trabalho propõe uma nova abordagem robusta para equacionar este problema de forma automática.

Almeja-se, portanto, o uso de métodos inovadores para classificação automática de espécies de peixes. Isso é importante não só pela agilidade da disponibilização da informação, mas também, pela qualidade da mesma, amenizando-se a fadiga e as limitações físicas inerentes ao ser humano. Assim sendo, o problema abordado por esta pesquisa pode ser definido como se segue:

Dada uma imagem adquirida por uma câmera estacionária não-calibrada em um ambiente de interesse com iluminação controlada, deseja-se determinar a espécie de peixe associada ao indivíduo segmentado na imagem.

Um sistema para classificação automática de espécies de peixes está sujeito a diversos desafios e deve ser capaz de lidar, pelo menos, com os seguintes casos (NERY et al., 2005):

- *Espécies de peixes com tamanhos e orientações arbitrários*: o tamanho e a orientação de cada peixe são desconhecidos e podem ser totalmente arbitrários;
- *Variabilidade de características físicas*: diferentes espécies de peixes podem

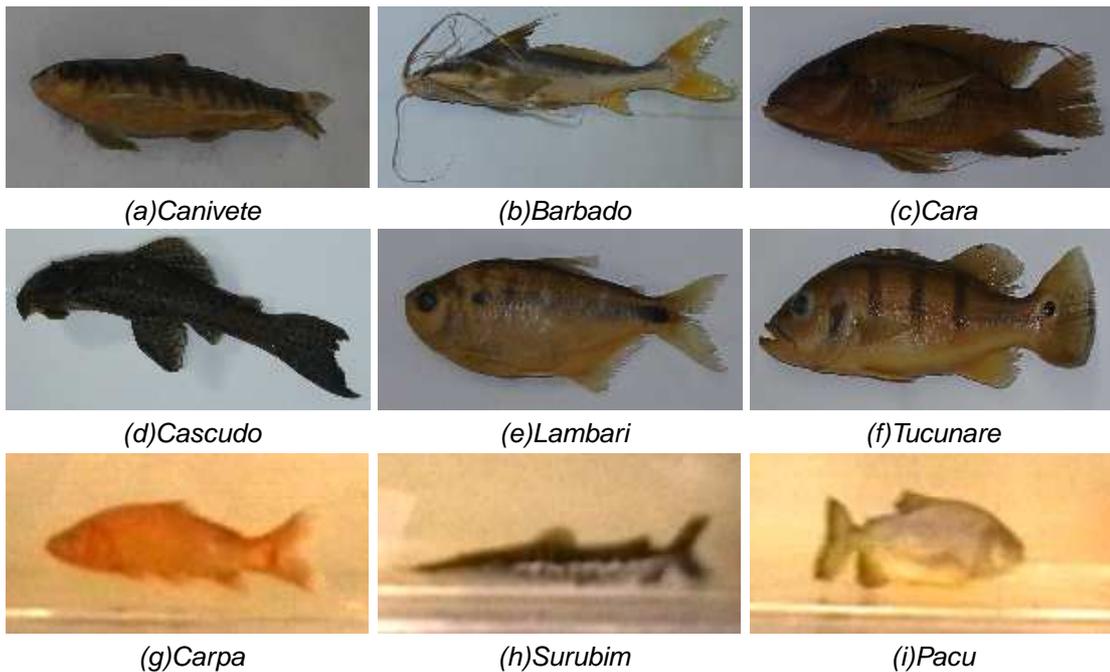


Figura 1.2: Imagens de 09 (nove) espécies de peixes tratadas nos experimentos.

possuir características físicas completamente distintas;

- *Baixa qualidade das imagens*: a aquisição das imagens pode ser afetada por ruídos provenientes de diversas fontes, bem como por distorções e aberrações no sistema óptico;
- *Variações ambientais*: variações nas condições de luminosidade e nas características da água, tais como cor e temperatura podem ser frequentes;
- *Falhas na segmentação dos peixes nas imagens*: devido às dificuldades inerentes a este processo, a segmentação pode ser incompleta ou até mesmo totalmente equivocada.

A técnica proposta neste trabalho opera de maneira eficaz em quase todos os cenários acima, com exceção dos dois últimos. Especificamente, assume-se que, sem perda de generalidade, a entrada do sistema de classificação seja a imagem devidamente segmentada de um único indivíduo, tendo sido tal imagem adquirida em um ambiente com iluminação controlada.

A Figura 1.2 ilustra imagens das espécies utilizadas neste trabalho. As imagens de (a) a (f) foram adquiridas por meio do dispositivo apresentado no Capítulo 5. As imagens subaquáticas (g) a (i) foram adquiridas em um protótipo de um mecanismo

de transposição de peixes existente no Centro de Pesquisas Hidráulicas e Recursos Hídricos da Universidade Federal de Minas Gerais.

1.1 Motivação

As informações a respeito da quantificação da abundância, distribuição e migração de espécies de peixes são críticas para ecologistas, estudiosos do meio-ambiente, governos e empresas de pescada. Para tanto, a automatização pode produzir agilidade e qualidade no processamento de coleta dos dados. A monitoração automática de um dado ambiente permite a adoção de medidas ou ações pontuais que vão desde o controle preventivo por algum órgão governamental sobre as espécies de peixes até à criação de sistemas industriais para o pescada.

O escoamento de agrotóxicos das plantações a beira rio, esgotos das cidades, resíduos industriais e construção de barragens afetam a distribuição, abundância e a cadeia alimentar, proporcionando a proliferação, a redução ou até mesmo a eliminação de determinadas espécies de peixes (GODINHO H. AND. GODINHO, 1994; WOYNAROVICH, 1991). Portanto, para o governo, informações sobre o comportamento das espécies de peixe nas bacias hidrográficas influenciam os investimentos em programas de revitalização dos rios, tal como, o Programa Brasileiro de Aceleração do Crescimento (PAC) do rio São Francisco (PROGRAMA. . . , 2009).

Aparatos jurídicos baseados na política ambiental dos recursos hídricos¹ são criados para coibir a ação ilegal do homem sobre os ecossistemas dos rios do Brasil. Com isso, muitas alternativas para minimizar os efeitos destas intervenções humanas sobre a fauna de peixes têm sido propostas (MESQUITA et al., 2007; SANTOS; POMPEU; MARTINEZ, ; POMPEU; MARTINEZ, 2005).

Entre os mecanismos criados para minimizar o impacto da construção de barragens na diversidade dos peixes, destacam-se os de transposição de peixes, chamados de *escadas de peixes* e os elevadores de peixes, chamados de *elevadores de caminhão tanque*. Estes dois representam uma das principais medidas adotadas pelo setor elétrico brasileiro com o propósito de mitigar os efeitos das barragens ou barreiras sobre a comunidades de peixes, sobretudo aqueles migradores, fenômeno conhecido no Brasil como Piracema (GODINHO H. AND. GODINHO, 1994).

¹Lei nº 9.433, de 8 de janeiro de 1997, e Lei nº 9.984, de 17 de julho de 2000



Figura 1.3: (a) Mecanismo de transposição de peixes existente na barragem hidrelétrica de Igarapava em Minas Gerais, Brasil; (b) Elevador de peixes da Usina de Santa Clara em Minas Gerais, Brasil.

O período da Piracema ocorre entre outubro e março, quando os peixes nadam contra a correnteza para realizar a desova, de modo a se reproduzirem. Tal evento é fundamental para a piscosidade² nos rios. Para tanto, medidas cautelares veem sendo tomadas pelas concessionárias do setor hidrelétrico brasileiro. As Figuras 1.3 (a) e 1.3 (b), ilustram exemplos de mecanismos de transposição de peixes situados, respectivamente, na barragem hidrelétrica de Igarapava e na barragem hidrelétrica de Santa Clara, ambas em Minas Gerais. Neste estado, tais dispositivos são regulamentados em forma de lei³.

É importante ressaltar que, além dos benefícios diretos, estes mecanismos viabilizam a aquisição de informações a respeito das espécies migratórias, tais como piscosidade, características de nado e tempos de migração de cada espécie.

A Figura 1.4 ilustra uma sala de observação construída junto à barragem hidrelétrica de Igarapava, com o objetivo de se criar um ambiente propício para pesquisas que possibilitem a aquisição de informações e o estudo referentes às espécies de peixes.

No que se refere à indústria pesqueira, a organização mundial de saúde recomenda 12 quilos de peixe por ano por indivíduo. Entretanto, no Brasil, o consumo de peixe está em 7 quilos por pessoa, havendo uma preocupação do governo com o aumento deste consumo. O crescimento da produção deve ser realizado por meio do aumento da mão-de-obra ou com a automação dos processos de beneficiamento

²Abundância de peixes.

³Lei estadual 12488 de 1997.



Figura 1.4: Sala de observação situada junto ao mecanismo de transposição de peixes presente na barragem hidroelétrica de Igarapava em Minas Gerais, Brasil (MORAIS et al., 2005b).

do pescado, sendo este último a melhor alternativa, uma vez que reduz o tempo de beneficiamento e elimina problemas inerentes à fadiga humana.

A Figura 1.5 ilustra uma esteira construída em uma indústria de pescado no Chile, com o objetivo de se criar um espaço onde os peixes chegam por meio de caminhões e são catalogadas informações referentes a tamanho, peso, quantidade e espécie.

A pesca predatória é uma das principais causas da diminuição das populações de peixes nos rios e mares. Ao adotar medidas coercivas em áreas portuárias, os gover-



Figura 1.5: Inspeção de peixes em uma indústria de pescado no Chile.



Figura 1.6: Inspecção de peixes em áreas portuárias.

nos podem aumentar a eficiência na autoação da pesca predatória, o que pode ser visto na Figura 1.6.

Especificamente no que se refere à piscosidade de uma determinada espécie, torna-se necessário a realização de uma tarefa preliminar de classificação dos indivíduos nos cenários aqui relatados. É neste contexto que o presente trabalho propõe uma nova técnica para classificação automática de espécies de peixes, que possa auxiliar biólogos, pesquisadores, engenheiros e empresários em seus trabalhos.

1.2 Abordagem

As tarefas de classificação de peixes, as quais hoje são frequentemente realizadas manualmente, podem ser automatizadas por meio da utilização de algoritmos de Visão Computacional e técnicas de classificação de padrões baseadas no uso de, por exemplo, Redes Neurais Artificiais, Sistemas Imunológicos Artificiais e Classificadores Bayesianos.

O diagrama da Figura 1.7 ilustra as principais etapas seguidas por um sistema de classificação automático: pré-processamento, segmentação, extração de características e classificação.

As imagens adquiridas pela câmera estacionária da Figura 1.7 passam por um pré-processamento eliminando ruídos e os efeitos de turbidez causados pela água no caso de cenas imagens subaquáticas. Em seguida os peixes são detectados e

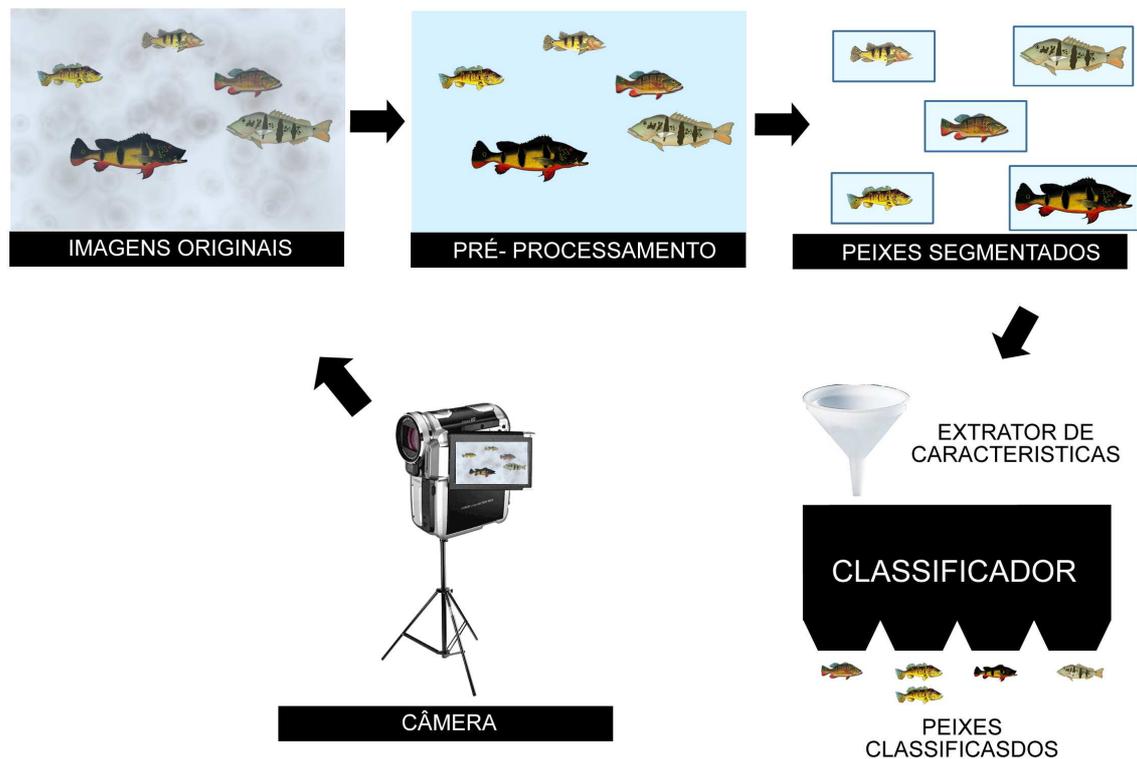


Figura 1.7: Visão geral do sistema de classificação de peixes.

segmentados. A etapa de segmentação⁴ dos indivíduos não é tratada neste trabalho. Dessa forma, assume-se que, sem perda de generalidade, a imagem segmentada de um único indivíduo foi obtida previamente por algoritmos específicos para tal fim.

A classificação é feita com base em um conjunto de características que possam descrever e representar cada espécie distintamente, por intermédio de um extrator de características. Especificamente, neste trabalho são propostas e avaliadas duas técnicas para extração de características das espécies de peixes: ACP (Análise de Componentes Principais) e a transformada SIFT (*Scale-Invariant Feature Transform*). Para a tarefa de agrupamento, são utilizadas sistemas imunológicos artificiais.

1.3 Objetivos Geral e Específicos

Pretende-se que este trabalho contribua para o desenvolvimento de sistemas de classificação automática de peixes que sejam eficazes, eficientes e robustos às inter-

⁴Segmentação se refere a uma etapa do processamento de imagens que visa dividir uma imagem em diversas regiões ou objetos, com o objetivo de simplificar a representação, por conseguinte, coadjuvar a análise (KORATH; ABBAS; ROMAGNOLI, 2008; LEVNER; ZHANG; GREINER, 2008).

péries inerentes aos ambientes. O produto final deste projeto será a apresentação de uma nova técnica para se abordar a classificação de peixes, baseada no uso de técnicas de extração de características e técnicas de reconhecimento e classificação de padrões. Para tanto, foram perseguidos os seguintes objetivos específicos:

1. Construção de uma base de dados que permitisse o desenvolvimento e validação do sistema de classificação automática de peixes.
2. Implementação em Matlab do protótipo do sistema de classificação. Nesta etapa foram feitas de maneira ágil as implementações necessárias de todos os módulos do software, tais como o módulo de extração de características e o módulo responsável pelo reconhecimento e a classificação de padrões.
3. Realização de experimentos com o protótipo em Matlab e a base de dados obtida, buscando-se definir a exatidão, a escalabilidade e a aplicabilidade do sistema projetado.

1.4 Contribuições

Este trabalho tem como contribuição a proposta de técnicas alternativas baseadas em Visão Computacional e Sistemas Imunológicos Artificiais para tarefas de classificação automática de espécies de peixes. Especificamente, as soluções propostas baseam-se no uso de extratores de características (*Scale-Invariant Feature Transform* e Análise de Componentes Principais) e um sistema bio-inspirado adaptativo para fazer o reconhecimento das espécies.

Diferentemente da maioria das técnicas atuais, as quais frequentemente se apoiam no uso de métodos manuais para se fazer a classificação, este trabalho proporciona o uso de descritores robustos relevantes para a tarefa de classificação de diferentes espécies de peixes de modo automatizado. Assim, pretende-se reduzir a fadiga humana inerente a um processo manual.

Dessa forma, uma contribuição é o desenvolvimento futuro de produtos que venham auxiliar empresários de pescadao, pesquisadores, engenheiros, biólogos e o governo, em atividades que envolvam classificação de espécies de peixes.

1.5 Organização do texto

Este trabalho está organizado como se segue. O Capítulo 1 apresentou uma introdução ao problema, com a motivação, definição e contribuições almejadas. O Capítulo 2 apresenta o estado-da-arte no que se refere a sistemas para classificação automática de espécies de peixes. O Capítulo 3 apresenta a fundamentação teórica deste trabalho, abordando os principais conceitos utilizados para desenvolver o sistema de classificação. O Capítulo 4 apresenta o sistema de classificação proposto. Os resultados preliminares obtidos com a metodologia proposta são mostrados no Capítulo 5. Por fim, no Capítulo 6 são apresentadas as conclusões e indicações de trabalhos futuros. O Anexo A apresenta os resultados das correspondências entre as imagens usando a técnica SIFT. O Anexo B apresenta as imagens da base de dados obtidas pelo uso do dispositivo tecnológico do Capítulo 5.

2 *Trabalhos Relacionados*

Este capítulo apresenta trabalhos relacionados ao problema de pesquisa de classificação automática de espécies de peixes. Embora seja bastante elevada a demanda por um sistema automático de classificação de espécies de peixes, pode-se encontrar na literatura apenas um pequeno grupo de trabalhos com enfoque no desenvolvimento de soluções para este problema (ZION et al., 2008; ROVA; MORI; DILL, 2007; BERMEJO; MONEGAL, 2007; ZION et al., 2007; STRANSKY et al., 2007; NERY et al., 2005; MORAIS et al., 2005a; KULINCHENKO; SIMPSON; DENNY, 2004; ZION; SHKLYAR; KARPLUS, 1999; DIOS; SERNA; OLLERO, 2003; LEE et al., 2003; CADIEUX; LALONDE; MICHAUD, 2000; BEEMAN J.W; TILSON, 1994; HATCH D. R. WAND; SCHWARTZBERG, 1993).

Na maioria das fazendas de peixe, peixes ornamentais dos sexos feminino e masculino são criados conjuntamente. Dessa forma, torna-se de extrema importância a tarefa de identificação do gênero de cada indivíduo para fins de comercialização e melhoramento genético das espécies. Neste cenário, Zion et al. (2008) propuseram recentemente uma nova técnica para classificar peixes ornamentais de acordo com as características de cores e de formas dos mesmos, visando diferenciar os gêneros dos indivíduos da espécie popularmente conhecido como Barrigudinho, denominada *Poecilia reticulata* (Figura 2.1). Um algoritmo para a determinação dos contornos dos



Figura 2.1: Espécie de peixe usada no trabalho de (ZION et al., 2008). (a) Peixe fêmea da espécie *Poecilia reticulata*; (b) Peixe macho da espécie *Poecilia reticulata*.

peixes foi implementado, permitindo a extração da forma e de cores da cauda e do corpo. Estas características foram usadas para descrever as imagens dos peixes e em conjunto com um Classificador Bayesiano, levaram a exatidão de classificação de aproximadamente 90% (quando utilizadas apenas características de forma), 96% (quando utilizadas apenas características de cor) e 98% (quando utilizadas características de cor e forma). Este trabalho não forneceu qualquer tipo de informação sobre as características da base de dados de imagens condições nas quais as mesmas foram obtidas (por exemplo, se foi utilizada iluminação controlada).

O trabalho de Rova, Mori e Dill (2007) teve como objetivo distinguir entre duas espécies de peixes (*Striped trumpeter* e *Western Butterfish*). Foi empregado um extrator de características baseado em informações de textura, pois as cores dos indivíduos não eram boas características para distinguir estas espécies. Este trabalho propôs uma solução elegante baseada essencialmente no estabelecimento de correspondências entre modelos paramétricos deformáveis, os quais combinavam informações de forma e textura a respeito das duas espécies de peixes de interesse. Para a tarefa de classificação, os autores empregaram duas Máquinas de Vetores Suporte (MVS). Estas duas MVS devem chegar a um resultado válido para se ter uma classificação correta. A quantidade de imagens usadas neste trabalho foi de 480 (320 para a espécie *Striped trumpeter* e 160 para a espécie *Western butterfly*). As fotos foram transformadas para tons de cinza, segmentadas e redimensionadas para 50×100 pixels. Os autores fizeram uso de dois métodos para o MVS, o polinomial, que teve uma exatidão de 86%, e o método linear, que obteve uma exatidão de 90%. Este trabalho considerou um número bastante reduzido de espécies (apenas duas) a serem classificadas, não informou quantos indivíduos de cada espécie foram empregadas nos experimentos e não descreveu as características do processo de aquisição das imagens.

O trabalho dos pesquisadores Zion et al. (2007) consistiu em um sistema de classificação de três espécies de peixe: Carpa (*Cyprinos carpa*), Peixe São Pedro (*Oreochromis sp*) e Tainha (*Mugil cephalus*). O habitat destas espécies é um lago no qual há algas e sedimentos que dificultam a classificação, sendo necessárias técnicas de Visão Computacional para facilitar a identificação do peixe. As imagens foram adquiridas por meio de um sistema de Visão Computacional implantado em um canal estreito onde a distância da câmera é constante. Foi utilizada uma iluminação de fundo para diminuir a influência da água (opaca) e também para geração de imagem de alto contraste. Na representação das características das imagens foi utilizado o método dos

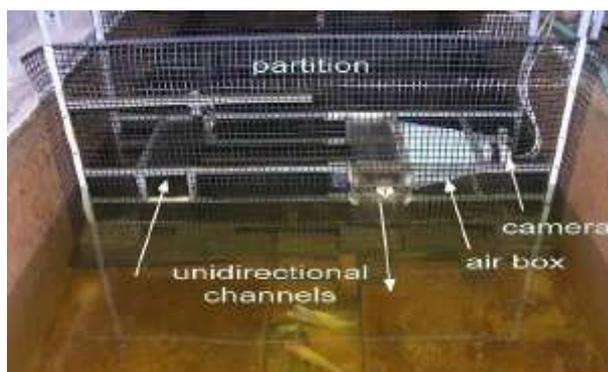


Figura 2.2: Sistema de reconhecimento de peixes em tempo real construído por Zion et al. (2007).

componentes principais e para a classificação foi empregada a técnica denominada classificar por distância mínima de *Mahalanobis*, que é um modelo estatístico similar ao Classificador Bayesiano. A exatidão foi de 98,9%, 94,2% e 97,7%, respectivamente, para a Carpa, Peixe São Pedro e Tainha. Dois conjuntos ,de 1701 e 2164 imagens, foram analisados com exatidão global de 97,8% e 98,9%, respectivamente. A Figura 2.2 ilustra o sistema construído, o qual é composto por uma câmera sub-aquática, caixa com ar, canal unidirecional à direita (que é usado para tirar as imagens para se fazer o reconhecimento) e o canal à esquerda (que é usado para os peixes voltarem para a piscina) . O nível da água foi mantido abaixo do nível canal, de modo a visualizá-los claramente.

Uma das técnicas propostas no presente trabalho para extração de características assemelha-se àquela empregada por Bermejo e Monegal (2007), a qual baseia-se no uso de Análise de Componentes Principais centrada em núcleos para descrever parametricamente imagens de otólitos de peixes. Os otólitos são pequenas estruturas brancas de carbonato de cálcio, que se encontram na cabeça dos peixes e que desempenham funções relacionadas com o equilíbrio e a audição. Por conseguinte, com base nesta descrição, os autores utilizam Máquinas de Vetores Suporte, semelhante ao trabalho de Rova, Mori e Dill (2007), para se classificar as idades dos peixes analisados e não suas espécies. Executou-se 100 variações da parametrização da MVS empregando os métodos polinomial e radial, tendo sido extraídas 5 componentes principais com maior representatividade de dados para a espécie do bacalhau. A base de dados é composta por 350 imagens de resolução de 1200×1600 pixels. Para treinamento do sistema proposto, foram empregadas trezentas imagens com peixes de idade de 1, 2, 3, 4, e 5 anos. Para cada ano, considerou-se 60 imagens. Já para validação do sistema, considerou-se 50 imagens, sendo que, para cada ano (de 1 a

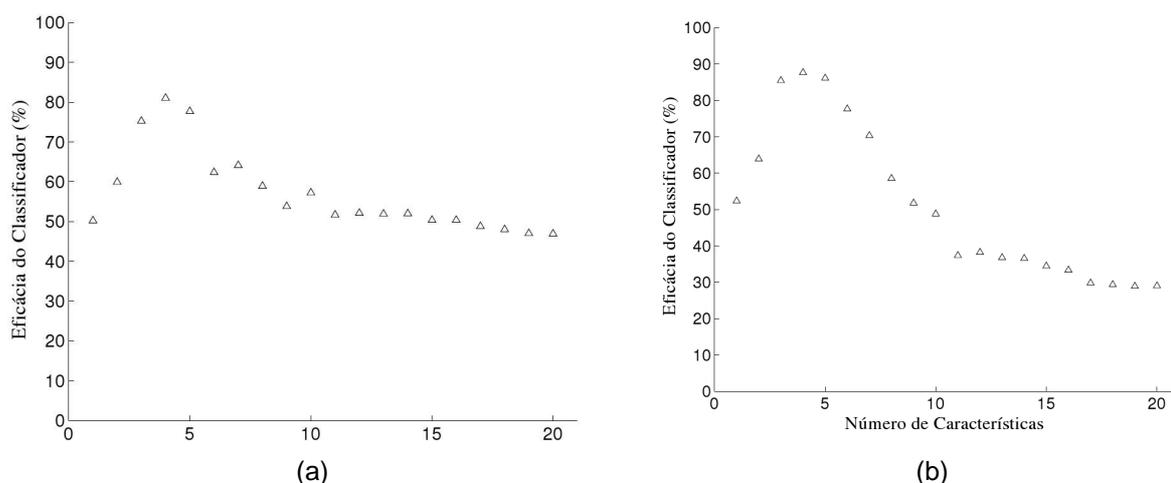


Figura 2.3: Exatidão conseguida do classificador de Nery et al. (2005), a medida do aumento de número de características. (a) Considerando 6 espécies de peixes; (b) Considerando 4 espécies de peixes.

5), foram empregadas 10 imagens. Neste artigo, não é mencionada a quantidade de indivíduos para cada ano e também não é informado quantos componentes principais são empregados para chegar a exatidão de 68% de classificação.

Como em (BERMEJO; MONEGAL, 2007) e visando a gestão sustentável de pescado, os pesquisadores STRANSKY et al. (2007) investigaram a variabilidade geográfica dos otólitos da espécie Carapau (*Trachurus trachurus*). Uma grande quantidade de imagens de otólitos foram coletadas durante dois anos em 20 áreas que abrangem o nordeste Atlântico e o Mediterrâneo. O uso de descritores baseado na análise de Fourier permitiu descobrir a incidência de três grupos com uma exatidão de 95%: um norte Atlântico, um mauritano e um Ibero-leste do Mediterrâneo. Neste artigo, não é informado como são obtidas as imagens dos otólitos.

Buscando determinar vetores descritores mais robustos quanto à representação de diferentes espécies de peixes, Nery et al. (2005) propuseram o uso de um conjunto de 47 características relacionadas com cor, forma, textura e tamanho das espécies. Adicionalmente, são determinados os pesos de cada uma destas características, os quais são utilizados como informação *a priori* por um Classificador Bayesiano. Os autores apresentam diferentes exatidões de classificação (veja Figura 2.3) para vetores descritores com combinações distintas de características, sendo que o melhor resultado ficou em torno de 82%.

Visando estimar a quantidade de peixes que passam por um mecanismo de trans-

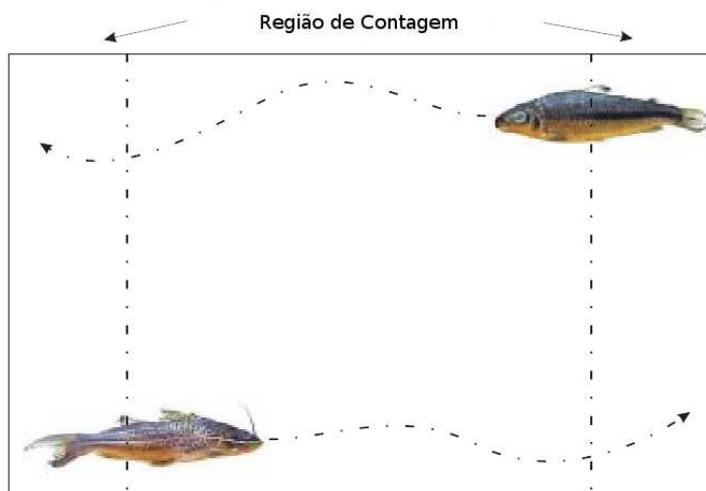


Figura 2.4: Abordagem usada para contagem dos peixes em (MORAIS et al., 2005a).

posição, os autores do trabalho (MORAIS et al., 2005a) desenvolveram um método para contagem de peixes, o qual permite obter informações sobre características de nado, tempo de migração e estimar as trajetórias dos peixes. O trabalho é focado no uso do rastreador Bayesiano de múltiplos objetos *BraMBLe*, cuja finalidade principal está na realização de um rastreamento mais confiável de peixes, mesmo diante de variações ambientais bruscas, como variações de luminosidade de propriedades da água. Com esta técnica consegue-se detectar a presença dos objetos de interesse em uma cena e relacionar as ocorrências do mesmo objeto ao longo dos quadros, atribuindo a elas o mesmo rótulo de identificação. Na Figura 2.4 observa-se um exemplo, onde a imagem é dividida em duas regiões, os peixes são detectados nas laterais e rastreados até as laterais onde são contados. A Figura 2.5, mostra os resultados da aplicação do algoritmo em um conjunto de quadros de entrada. A metodologia foi validada, alcançando exatidão de contagem de cerca de 81%.

Os pesquisadores Kulinchenko, Simpson e Denny (2004) desenvolveram um dispositivo classificador de espécies de peixes baseado em um sonar composto por um emissor e um receptor de ondas que ficam dentro da água, além de uma placa de aquisição de dados que fica acoplada a um computador em um barco. Com este equipamento foram extraídos os sinais que representam a forma de duas espécies de peixes consideradas neste trabalho (*RockFish* e *Halibut*). O classificador usado foi uma rede neuro-fuzzy com uma exatidão entre 68% e 88%. A deficiência observada desta metodologia é o alto custo associado à coleta de dados, pois para aquisição de informações é necessário um barco para os experimentos. Na Figura 2.6, encontra-se

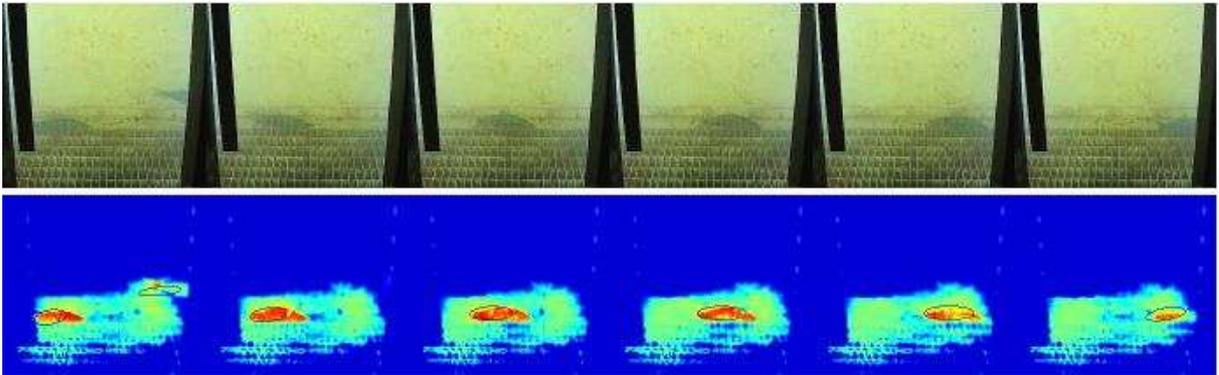


Figura 2.5: Rastreamento de peixes nadando em um mecanismo de transposição. Cada quadro mostra a imagem adquirida pela câmera e a imagem gerada a partir da aplicação do algoritmo *BraMBLe*. A presença de uma elipse sobre o peixe na imagem gerada pelo sistema, caracteriza o rastreamento daquele peixe.

o modelo do sonar construído.

Lee et al. (2003) propõem uma estratégia de classificação com enfoque na aquisição de informações a respeito das formas de nove espécies de peixes. Neste caso, são propostos vetores descritores compostos por pontos específicos na região dorsal do peixe. Um classificador extremamente simples é utilizado, baseado no cálculo da distância Euclidiana. Os autores apresentam como exatidão para a metodologia proposta 80% de acerto. No trabalho, são consideradas 22 imagens para nove espécies, sendo portanto um número reduzido para a quantidade de espécies que o sistema se

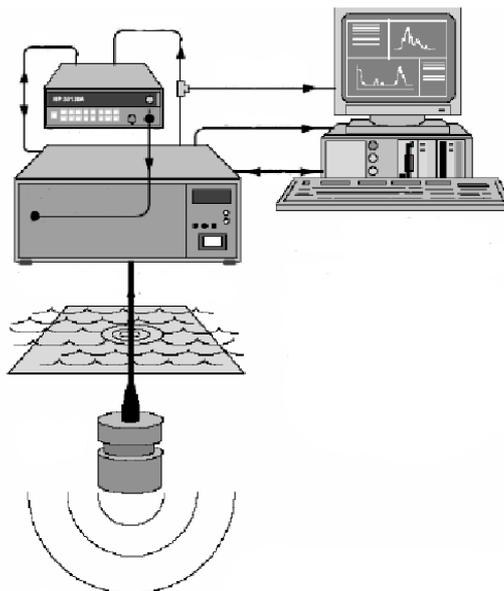


Figura 2.6: Sistema de classificação de peixes construído por Kulinchenko, Simpson e Denny (2004), composto por um sonar que emite ondas FM entre 100KHZ e 200KHZ, com ganhos ajustáveis de 18 db, 41db, 64 db, 87db

propõe a resolver.

Dios, Serna e Ollero (2003) implementaram um sistema baseado em visão computacional, o qual permite a automação da estimação do peso do pescado. O método baseia-se na detecção de características morfométricas tais como a detecção da calda e tamanho do peixe, em conjunto com técnicas de compensação de iluminação. A estimação do peso é feita a partir da relação entre tamanho e peso já conhecido da aquicultura. A exatidão alcançada nos experimentos foi de 96%, contudo não é feito testes com um número variado de espécies.

Cadieux, Lalonde e Michaud (2000) propuseram um sistema automático para contagem de espécies de peixes, por meio da captura da silhueta dos mesmos com o uso de sensores infravermelhos. Para a representação das imagens, foram empregados descritores de Fourier, de área e perímetro. Como classificador foi usado o de máxima verossimilhança que obteve uma exatidão de 77.78%. Os pesquisadores tentaram verificar o desempenho do sistema com o uso de redes neurais, contudo, obtiveram uma queda de 8% na exatidão de classificação.

A pesquisa feita por Zion, Shklyar e Karplus (1999) apresentou um conjunto de métodos para auxiliar a indústria de pescado na inspeção de peixes. Neste trabalho, foi usado um algoritmo de momentos invariantes acoplados com informações geométricas para descrever as imagens e, por conseguinte, fazer a classificação da espécie. As espécies consideradas neste trabalho foram: a Carpa com 96 imagens para 16 indivíduos; São Pedro com 140 imagens para 35 indivíduos; e a Tainha com 146 imagens para 73 indivíduos. Todas estas imagens estavam em diferentes angulações. A taxa de acertos foi acima de 89%. Os pesquisadores não relatam informações de condições de iluminação do ambiente em que foram coletadas as imagens e de angulações dos peixes.

Os pesquisadores Beeman J.W e Tilson (1994) desenvolveram uma metodologia de classificação para auxiliar os biólogos na pesquisa do processo de adaptação dos salmões da água doce para a água salgada com o mínimo de *stress* (*smoltification*). O método consiste na marcação de 13 pontos em torno da imagem do peixe, obtendo-se 34 relações entre pares dessas marcações. O emprego da Análise de Componentes Principais permitiu a compactação dos dados e a representação por meio de 6 componentes. Para a classificação, usou-se a análise canônica de discriminância, obtendo uma exatidão superior a 92%.

O trabalho de Hatch D. R. Wand e Schwartzberg (1993) consiste de uma aplicação

Trabalho	Características	Classificador	Exatidão
(ZION et al., 2008)	Cor	Bayesiano	96%
(ROVA; MORI; DILL, 2007)	Morfométricas	Classificador	90%
(BERMEJO; MONEGAL, 2007)	Textura	MVS	68%
(ZION et al., 2007)	ACP	Mahalanobis	98.9%
(STRANSKY et al., 2007)	otólitos+Fourier	-	95%
(NERY et al., 2005)	Morfométricas	Bayesiano	90%
(MORAIS et al., 2005a)	-	Bramble	80%
(KULINCHENKO; SIMPSON; DENNY, 2004)	Sonar	Neuro-Fuzzy	88%
(DIOS; SERNA; OLLERO, 2003)	Fourier	Max. Verossimilhança	96%
(LEE et al., 2003)	Morfométricas	Dist. Euclidiana	80%
(ZION; SHKLYAR; KARPLUS, 1999)	Características	Classificador	89%
(BEEMAN J.W; TILSON, 1994)	ACP	Anal. Canônica	92%
(HATCH D. R. WAND; SCHWARTZBERG, 1993)	Morfométricas	Redes neurais	80%

Tabela 2.1: Relação dos principais trabalhos e a respectiva exatidão

baseada no estudo sobre o ganho computacional ao aplicar um sistema automático de contagem automático de salmões em uma hidrelétrica, o qual representou uma redução de custo de $2/3$ em relação à técnica *on site*. O método basea-se em diferentes características morfométricas da espécie *Oncorhynchus tshawytscha*, como detecção da cauda de cada peixe (empregado para contar a quantidade de peixes na cena) razão de aspecto e distâncias entre a cauda e a nadadeira. O sistema foi capaz de reconhecer 80% dos indivíduos analisados.

Diferentemente dos trabalhos relatados, muito dos quais obtiveram resultados expressivos para os objetivos propostos (veja Tabela 2.1), este trabalho implementa e avalia o uso de duas técnicas para a extração de características (Análise de Componentes Principais e *Scale-Invariant Feature Transform*) e propõe o uso de algoritmos imunológicos (aiNet e ARIA) para agrupar os dados eficientemente. Neste contexto, este trabalho propõe não só as técnicas de representação de características, mas também métodos para se fazer o agrupamento das informações que representam tais características.

Portanto, a técnica proposta neste trabalho busca determinar uma melhor forma de representação dos dados que preserve as características das imagens, tais como, cor, forma, textura e orientação, permitindo, dessa forma, que um algoritmo de agrupamento mantenha essas informações, reduzindo a cardinalidade e proporcionando a representação compacta dos dados.

3 *Fundamentação Teórica*

Este capítulo tem o propósito de descrever alguns dos principais conceitos que fundamentam o desenvolvimento do sistema automático para classificação de peixes proposto neste trabalho. Aqui, serão discutidos os métodos extratores de características em imagens, as técnicas de agrupamento de padrões, e por fim, as técnicas de classificação.

3.1 Extração de Características

A exatidão de um classificador automático está relacionada diretamente com a extração de características. Ponderando-se que o sistema deve ser capaz de distinguir diferentes imagens de peixes, é de essencial relevância o critério de escolha das características destas imagens, pois produzirão parâmetros descritivos para a representação de uma imagem para um determinado peixe. Portanto, de maneira geral, quanto melhor a representação das imagens em questão, melhor os resultados apresentados pelo classificador. Parâmetros descritivos correspondem às assinaturas, também denominadas de vetores de características, que são capazes de identificar um objeto em uma imagem. Algumas das principais características comumente utilizadas por sistemas de classificação de padrões são:

- Assinaturas de cor;
- Características de forma;
- Características de tamanho;
- Características de textura;
- Componentes principais (JOLLIFFE, 2002; PEARSON, 1901);

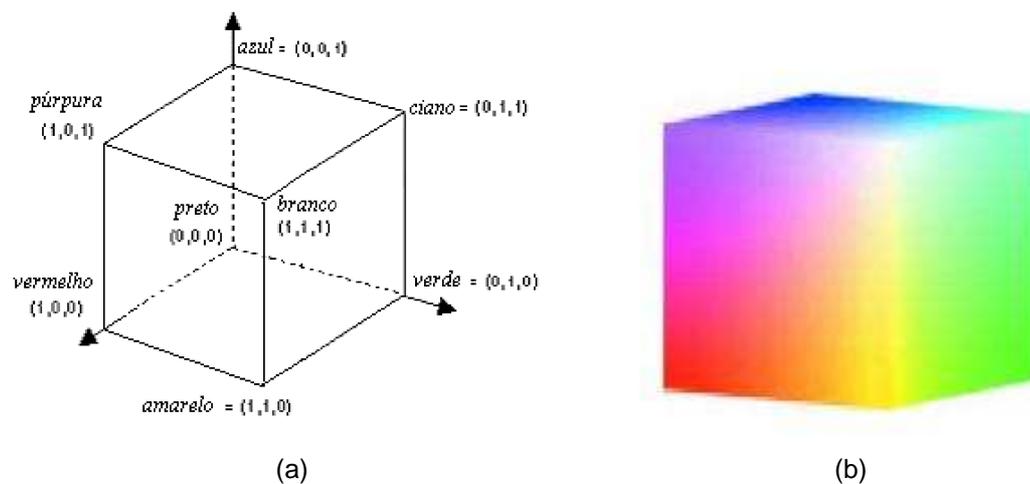


Figura 3.1: O espaço de cores *RGB* é conhecido como cubo de cores *RGB*: (a) A cor Branca é representada pelo ponto $(1,1,1)$ e a cor amarela é representada pelo ponto $(1,1,0)$. (b) Nos vértices do cubo estão as cores primárias (vermelho, azul e verde) e as cores secundárias (ciano, magenta e amarelo).

- Pontos-chave (*keypoints*) obtidos pela Transformação SIFT (*Scale-Invariant Feature Transform*) (LOWE, 2004; LINDBERG, 1998);

3.1.1 Assinaturas de cor

Cor é a representação visual proporcionada pela ação de feixe de fótons (luz) sobre as células da retina. Há dois tipos de células sensíveis à luz, os bastonetes e os cones. Os bastonetes são sensíveis aos detalhes e aos movimentos, contudo detectam apenas a luminosidade (brilho). Já os cones são sensíveis à cor.

A conversão de uma cena do mundo real para uma representação digital é necessário em adotar um modelo abstrato matemático para formalizar a descrição das cores. Tais modelos são denominados espaços de cores. A partir de então, as assinaturas de cor permitem descrever as imagens dos peixes no espaço de cores. Dois modelos são adotados no desenvolvimento neste trabalho.

O primeiro espaço de modelo é o cubo *RGB*, empregado em câmeras e monitores de vídeo. É descrito como sendo um arranjo de $N \times M \times 3$ pixels, onde cada pixel é uma tripla correspondente às cores vermelho (*R*), verde (*G*) e azul (*A*) em uma localização espacial específica (veja Figura 3.1). As imagens originalmente estão representadas neste modelo de cores, incluem contudo, informações misturadas de saturação, luminosidade e cromaticidade.

O segundo modelo de espaço de modelo de cores empregado neste trabalho é o YUV , padrão usado pelo sistema de televisão analógico norte-americano conhecido como *National Television System Committee (NTSC)*, o qual permite a separação das informações de cromaticidade e luminância.

A componente Y tem informação de luminância (brilho), enquanto as componentes U e V representam a cromaticidade. A componente U contém informação de tonalidade laranja-ciano, e a componente V representa a informação de tonalidade verde-magenta. As equações (3.1), (3.2) e (3.3) expressam o processo de conversão de informações no espaço RGB para o espaço YUV (NERY et al., 2005):

$$Y = 0.229 * R + 0.587 * G + 0.114 * B. \quad (3.1)$$

$$U = 0.596 * R - 0.257 * G - 0.321 * B. \quad (3.2)$$

$$V = 0.212 * R - 0.523 * G + 0.311 * B. \quad (3.3)$$

3.1.2 Características de Forma

Sistemas de classificação automático de objetos podem fazer uso das características de forma para representar os objetos que compõem uma cena. A seguir serão apresentadas algumas das principais maneiras de se representar a forma dos objetos: Retangularidade, Razão de Aspecto, Circularidade, Orientação, Momentos, Momentos de HU (GONZALEZ RAFAEL C. & WOODS, 2000).

Retangularidade

A representação da retangularidade de um objeto é dada pela equação (3.4). Nesta equação, o valor A_O é a área do objeto na cena, enquanto que o valor de A_R corresponde à área do menor retângulo que envolve o objeto (GONZALEZ RAFAEL C. & WOODS, 2000).

$$R = \frac{A_O}{A_R}. \quad (3.4)$$

Razão de Aspecto

O cálculo da razão de aspecto é dado pela equação (3.5), na qual as medidas do menor retângulo que envolve o objeto são usadas para diferenciar objetos delgados de outros: quadrados ou circulares. O valor L representa o comprimento do retângulo mínimo e o valor H a altura deste (GONZALEZ RAFAEL C. & WOODS, 2000).

$$R = \frac{L}{H}. \quad (3.5)$$

Circularidade

A medida de circularidade mostra o quão é complexo o contorno de um objeto em uma cena. Como representado pela equação (3.6), o cálculo é dado pela razão do quadrado do perímetro (ρ) pela sua área A_o , ou seja, área real do objeto (GONZALEZ RAFAEL C. & WOODS, 2000).

$$C = \frac{\rho^2}{A_o}. \quad (3.6)$$

Momentos

Dada a função de intensidade bidimensional $f(x,y)$, correspondente a uma imagem I , normalizada de forma que o volume sob ela é igual a 1, tem-se que o cálculo dos momentos sobre a imagem I pode ser obtido pela equação (3.7). Os valores de x e y representam as coordenadas de um ponto em I , os valores M e N são as dimensões de I , $f(x,y)$ é função de intensidade associada a imagem I e os valores j e k indicam a ordem do momento. Os momentos são usados de acordo com a sua ordem: momentos de ordem 0 (M_{00}), momentos de ordem 1 (M_{01} e M_{10}), e de ordem 2 (M_{02} , M_{20} e M_{11}), de ordem 3, e assim sucessivamente. A principal vantagem em se usar momentos está em reduzir a tarefa de descrição de objetos à descrição de funções bidimensionais. O momento de ordem 0 representa a área de um determinado objeto. Os momentos de ordem 1 descrevem as médias de distribuição m_x e m_y para as coordenadas x e y . Os momentos de ordem 2 mostram as variâncias S_x^2 e S_y^2 e a covariância S_{xy} entre x e y , assim, sucessivamente. Objetos de uma cena que são bem diferentes uns dos outros apresentam os valores únicos de momentos (GONZALEZ

RAFAEL C. & WOODS, 2000).

$$M_{jk} = \sum_{x=0}^{M-1} \sum_{y=0}^{N-1} x^j y^k f(x, y). \quad (3.7)$$

Orientação

Define-se orientação pelo eixo de inclinação do objeto. A partir dela que se pode alinhar as imagens dos peixes e calcular outras características, tais como, as características relacionadas à textura. A equação (3.8) mostra o cálculo da orientação usando momentos (GONZALEZ RAFAEL C. & WOODS, 2000).

$$\tan 2\theta = \frac{2(M_{11} - \frac{M_{10}M_{01}}{M_{00}})}{A_o}. \quad (3.8)$$

Momentos de HU

Os chamados momentos de HU são um conjunto de 7 momentos definidos por Hu (1962) que são invariantes à escala, rotação, e translação, sendo obtidos a partir das equações (3.9) a (3.15). Os valores de μ_{jk} representam os momentos centrais normalizados (GONZALEZ RAFAEL C. & WOODS, 2000).

$$\phi_1 = \mu_{20} + \mu_{02} \quad (3.9)$$

$$\phi_2 = (\mu_{20} - \mu_{02})^2 + 4\mu_{11}^2 \quad (3.10)$$

$$\phi_3 = (\mu_{30} - 3\mu_{12})^2 + (3\mu_{21} - \mu_{03})^2 \quad (3.11)$$

$$\phi_4 = (\mu_{30} + \mu_{12})^2 + (\mu_{21} + \mu_{03})^2 \quad (3.12)$$

$$\phi_5 = (\mu_{30} - 3\mu_{12})(\mu_{30} + \mu_{12}) [(\mu_{30} + \mu_{12})^2 - 3(\mu_{21} + \mu_{03})^2] + (3\mu_{21} - \mu_{03})(\mu_{21} + \mu_{03}) [(3\mu_{30} + \mu_{12})^2 - (\mu_{21} + \mu_{03})^2] \quad (3.13)$$

$$\phi_6 = (\mu_{20} - \mu_{02}) [(\mu_{30} + \mu_{12})^2 - (\mu_{21} + \mu_{03})^2] + 4\mu_{11}(\mu_{30} + \mu_{12})(\mu_{21} + \mu_{03}) \quad (3.14)$$

$$\begin{aligned} \phi_7 = & (3\mu_{21} - \mu_{03})(\mu_{30} + 3\mu_{12}) [(\mu_{30} + \mu_{12})^2 - 3(\mu_{21} + \mu_{03})^2] + \\ & (3\mu_{12} - \mu_{30})(\mu_{21} + \mu_{03}) [3(\mu_{30} + \mu_{12})^2 - (\mu_{21} + \mu_{03})^2] \end{aligned} \quad (3.15)$$

3.1.3 Características de Tamanho

As características pertinentes a tamanho são boas para o auxílio no cálculo de características de um objeto. Tais características são de área, centro de área, perímetro, comprimento e largura. Estas características serão apresentadas a seguir (GONZALEZ RAFAEL C. & WOODS, 2000).

Área

A propriedade de área tem o propósito de descrever um objeto em determinada cena pela quantidade de pixels que o compõe. A característica principal desta técnica é que a mesma não sofre efeito da variação de tons de cinza da imagem, mas é sensível à mudança de escala. A função (3.16) mostra o cálculo desta propriedade, onde M corresponde ao número de linhas e N corresponde ao número de colunas da matriz que representa à imagem (GONZALEZ RAFAEL C. & WOODS, 2000).

$$A = \sum_{x=0}^{M-1} \sum_{y=0}^{N-1} f(x,y). \quad (3.16)$$

Centro de área

A propriedade de Centro de Área identifica o centro de massa de um objeto em uma determinada cena. Esta propriedade pode ser calculada a partir de momentos como é possível ver pelas equações (3.17) (3.17). A vantagem desta técnica é que ela é invariante à translação (GONZALEZ RAFAEL C. & WOODS, 2000).

$$x_c = \frac{M_{10}}{M_{00}} \quad (3.17)$$

$$y_c = \frac{M_{01}}{M_{00}} \quad (3.18)$$

Perímetro

A informação de perímetro permite obter características de diferentes tipos de objetos, sejam estes de forma simples ou de forma complexa. Forma de objeto complexa usa um perímetro maior para fechar o contorno do objeto, comparado com um objeto de dimensões menores.

3.1.4 Características de Textura

O cálculo das características de textura pode ser feito usando matrizes de co-ocorrência (HARRALICK; SHANMUGANM, 1973; GONZALEZ RAFAEL C. & WOODS, 2000). Estas matrizes representam a distância e a relação espacial angular de tons de cinza sobre um objeto de tamanho específico em uma imagem I . Cada elemento da matriz é a medida da probabilidade de ocorrência de dois valores de tons de cinza separados por uma distância em uma dada região. Seja a matriz de co-ocorrência P , de dimensões $N \times M$. P contém a probabilidade da ocorrência de determinados valores para cada par de pixels da imagem. A separação dessas matrizes pode ser feita por meio de equações de distância e direção. Sobre essas matrizes, obtém-se alguns descritores de inércia, dados pela equação (3.19), e energia (E) pela equação (3.20) (GONZALEZ RAFAEL C. & WOODS, 2000).

$$I = \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N (i - j)^2 P_{ij}. \quad (3.19)$$

$$E = \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N P_{ij}^2. \quad (3.20)$$

3.1.5 Análise de Componentes Principais (ACP)

A Análise de Componentes Principais (JOLLIFFE, 2002; PEARSON, 1901) permite extrair conjuntos de características representativas das espécies de peixes detectadas nas imagens.

Basicamente, o princípio fundamental desta ferramenta consiste em encontrar um novo sistema de coordenadas para representar o conjunto de dados original de forma que estes dados apresentem máxima variabilidade sobre os novos eixos.

Eixos relacionados a pequenos valores de variância são desconsiderados por não possuírem muita informação sobre os dados com os quais se está lidando. Desta forma, o conjunto de dados original pode ser representado em um espaço com dimensão menor do que a anteriormente utilizada, eliminando-se assim informações redundantes.

Considere p imagens de espécies de peixes (padrões), representadas por vetores coluna \mathbf{x}_i , $i = 1 \dots p$, da seguinte forma:

$$\mathbf{x}_i = [x_1^i, x_2^i, \dots, x_m^i]^\top, \quad (3.21)$$

onde m corresponde ao número total de pixels da imagem.

Assuma também que estes padrões possuam média zero, ou seja, $E[\mathbf{x}_i] = \mathbf{0}$, $\forall i$. Este conjunto de padrões pode ser agrupado numa única matriz \mathbf{X} dada por:

$$\mathbf{X} = [\mathbf{x}_1 \ \mathbf{x}_2 \ \dots \ \mathbf{x}_p] \quad (3.22)$$

onde

$$\mathbf{E}[\mathbf{x}] = \sum_i \mathbf{x}_i \text{prob}(\mathbf{x}_i). \quad (3.23)$$

Considere também um novo sistema de coordenadas representado pelos vetores $\mathbf{v}_1, \mathbf{v}_2, \dots, \mathbf{v}_p$ ou, matricialmente:

$$\mathbf{V} = [\mathbf{v}_1 \ \mathbf{v}_2 \ \dots \ \mathbf{v}_p] \quad (3.24)$$

Estabelecendo-se que este novo sistema deva ser ortonormal, tem-se que a representação de \mathbf{X} neste novo sistema de coordenadas pode ser dada por $\hat{\mathbf{X}}$, da seguinte maneira:

$$\hat{\mathbf{X}} = \mathbf{V}^\top \mathbf{X} \quad (3.25)$$

Como os vetores que formam \mathbf{X} têm média zero, a matriz de covariância de $\hat{\mathbf{X}}$ é dada por:

$$\sigma^2 = \mathbf{V}^\top E[\mathbf{X}\mathbf{X}^\top] \mathbf{V} \quad (3.26)$$

Fazendo-se $\mathbf{R} = E[\mathbf{X}\mathbf{X}^\top] \simeq \frac{1}{p} \mathbf{X}\mathbf{X}^\top$, a matriz covariância pode ser reescrita como:

$$\sigma^2 = \mathbf{V}^\top \mathbf{R} \mathbf{V} \quad (3.27)$$

Para se determinar qual matriz \mathbf{V} deve ser utilizada de forma que a covariância seja a

maior possível, pode-se aplicar a decomposição em valores singulares em \mathbf{R} , ou seja:

$$\mathbf{R} = \mathbf{U}\mathbf{S}\mathbf{V}^{\top} \quad (3.28)$$

Como \mathbf{R} é simétrica, tem-se que $\mathbf{U} = \mathbf{V}$, ou seja $\mathbf{R} = \mathbf{V}\mathbf{S}\mathbf{V}^{\top}$. Fazendo-se as operações necessárias:

$$\mathbf{S} = \mathbf{V}^{\top}\mathbf{R}\mathbf{V}, \quad (3.29)$$

onde a matriz \mathbf{S} irá apresentar em sua diagonal principal os valores singulares de $\mathbf{V}^{\top}\mathbf{R}\mathbf{V}$ e zero nas outras posições.

Comparando as Equações (3.27) e (3.29) fica evidente que a matriz \mathbf{S} , ou seja, a matriz contendo os valores singulares de \mathbf{R} , é a matriz procurada.

Uma vez que \mathbf{R} representa a matriz de correlação entre todas as coordenadas dos vetores \mathbf{x}_i , a transformação aplicada em \mathbf{R} pela Equação (3.29) é tal que a diagonaliza, passando a representá-la em um novo sistema ortogonal. Isto é muito interessante pois permite afirmar que, neste novo sistema de coordenadas dado pela base \mathbf{V} , cada coordenada j de um vetor \mathbf{x}_i apresentará variância máxima com relação ao eixo \mathbf{v}_j e zero em relação aos demais. É exatamente esta informação que a técnica necessita para realizar a redução de dimensão. Por exemplo, poderia-se usar apenas os k primeiros vetores de \mathbf{V} para representar a nova base:

$$\mathbf{V}_k = [\mathbf{v}_1 \ \mathbf{v}_2 \ \dots \ \mathbf{v}_k] \quad (k < m) \quad (3.30)$$

A representação de \mathbf{X} neste novo sistema de coordenadas de menor dimensão seria então:

$$\hat{\mathbf{X}}_k = \mathbf{V}_k^t \mathbf{X} \quad (3.31)$$

3.1.6 Transformação SIFT *Scale-Invariant Feature Transform*

SIFT é uma técnica, desenvolvida por Lowe (1999), empregada frequentemente em Visão Computacional para o processamento de imagens. Este método permite extrair um conjunto de descritores, robustos à variação de iluminação, ruído, escala e rotação (LOWE, 2004; LINDBERG, 1998). Estes descritores são altamente distintos, permitindo assim a extração de características únicas de um objeto, cuja correspondência pode vir a ser encontrada em uma cena (LOWE, 2004).

A obtenção dos descritores SIFT é feita por meio das seguintes etapas (LOWE, 2004):

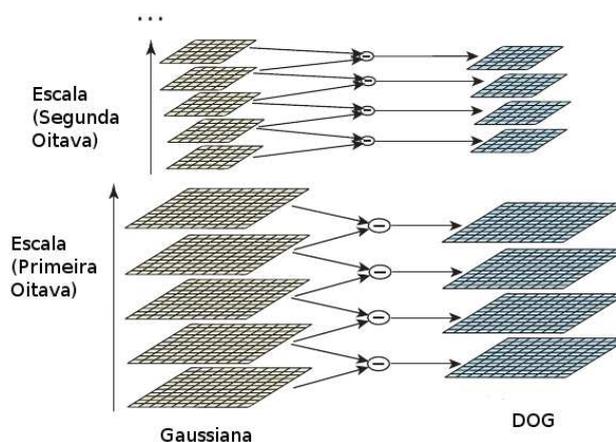


Figura 3.2: As imagens da esquerda são as imagens $L(x, y, \sigma)$ obtidas a partir da convolução do filtro gaussiano $G(x, y, \sigma)$ em $I(x, y)$ e estão separadas por um fator k . As imagens da direita são os resultados da Diferença Gaussiana entre duas imagens da esquerda. Por conseguinte, a imagem é re-amostrada com um fator divisor 2 e o processo se repete para cada oitava.

- **detecção dos extremos:** nesta primeira etapa é feita a pesquisa por potenciais pontos de interesse, os quais sejam invariantes à escala e à orientação, por meio de filtros gaussianos
- **localização de pontos chaves:** para cada ponto candidato são determinados a escala e a localização. Pontos-chaves (ou *keypoints*) são selecionados por meio de medidas de estabilidade.
- **definição de orientação:** uma ou mais orientações são associadas a cada *keypoint* baseado no gradiente local da imagem, de forma a obter invariação à orientação, escala e localização.
- **construção dos *keypoints*:** neste ponto, é realizada a construção dos descritores ao se medir gradientes locais em uma região vizinha a cada ponto-chave. Estas medidas, por conseguinte, são transformadas para uma representação que permita níveis significativos de distorção e modificações na iluminação.

O primeiro estágio desta técnica consiste em localizar os valores extremos máximos e mínimos em uma imagem, por meio da função $D(x, y, \sigma)$, chamada de Diferença Gaussiana (*DoG*). Para isso, aplica-se à imagem $I(x, y)$ um filtro Gaussiano passa baixa:

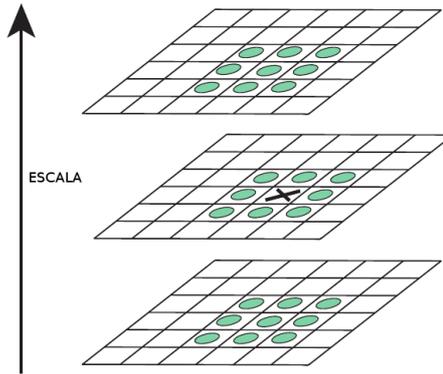


Figura 3.3: Pontos de máximo e mínimo de $G(x, y, \sigma)$ são detectados pela comparação do pixel marcado com X com seus 26 vizinhos em uma região 3×3 na escala atual.

$$L(x, y, \sigma) = G(x, y, \sigma) * I(x, y), \quad (3.32)$$

onde $L(x, y, \sigma)$ é o resultado da convolução ($*$) do filtro gaussiano em $I(x, y)$, σ corresponde à escala e

$$G(x, y, \sigma) = \frac{1}{2\pi\sigma^2} e^{-\frac{(x^2+y^2)}{2\sigma^2}}. \quad (3.33)$$

A função $D(x, y, \sigma)$ pode ser computada pela diferença de duas imagens em escalas separadas por meio de um fator k (esta operação é ilustrada na Figura 3.2.):

$$\begin{aligned} D(x, y, \sigma) &= (G(x, y, k\sigma) - G(x, y, \sigma)) * I(x, y) \\ &= L(x, y, k\sigma) - L(x, y, \sigma). \end{aligned} \quad (3.34)$$

Em seguida, são calculados os extremos de máximos e mínimos para cada oitava. Os extremos são valores de máximo e mínimo para cada $D(x, y, \sigma)$. Cada ponto é comparado com os seus oitos pontos vizinhos na imagem atual, mais seus nove vizinhos na escala superior e nove vizinhos na escala inferior, como ilustrado na Figura 3.3. Estes pontos extremos são denominados por pontos-chave. Pode-se concluir que a geração de pontos-chave depende da frequência da amostragem dos fatores k e σ . Em um segundo estágio, os pontos-chave são filtrados por meio da determinação de estabilidade, por exemplo, descartando pontos sensíveis a ruído.

Antes da representação do descritor dos pontos-chave é necessário determinar a orientação, de maneira que proporcione invariância à rotação. A orientação é cal-

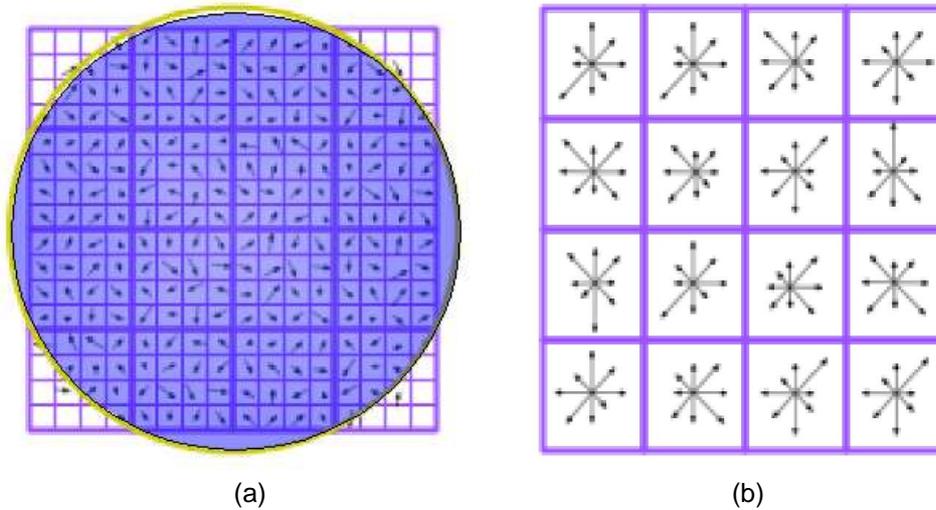


Figura 3.4: O descritor do ponto-chave é criado calculando o gradiente de magnitude e orientação de cada ponto em uma região ao redor da localização do ponto-chave, como ilustrado à esquerda. Estes valores são acumulados e sumarizados em um histograma em uma região 4×4 , como ilustrado à direita. As setas correspondem à soma das magnitudes. (a) Gradiente da Imagem; (b) Descritor do ponto chave.

culada por meio de um histograma de gradientes. Para cada ponto de cada imagem $L(x, y, \sigma)$, referentes às escalas e às oitavas utilizadas, são calculados os gradientes de magnitude $m(x, y)$ e orientação $\theta(x, y)$, por meio das equações (3.35) e (3.36).

$$m(x, y) = \sqrt{((L(x+1, y) - L(x-1, y)))^2 + (L(x, 1+y) - L(x, y-1))^2} \quad (3.35)$$

$$\theta(x, y) = \tan^{-1}((L(x, 1+y) - L(x, y-1)) / (L(x+1, y) - L(x-1, y))) \quad (3.36)$$

Por fim, têm-se o estágio da construção do vetor descritor do pontos-chave, invariante à escala e à rotação. Para cada um destes pontos, são criados histogramas de sua vizinhança contendo os valores das magnitudes, calculados por meio da equação (3.35). Regiões $n \times n$ são definidas em torno do ponto-chave, com $k \times k$ pixels. Lowe (2004) sugere regiões com $k = n = 4$ contendo um histograma com 8 valores. Portanto, o descritor tem a representação de um vetor, de 128 posições como ilustra a Figura 3.4. Para se obter um descritor que tenha invariância à iluminação, este é normalizado. Conseqüentemente, após a normalização, todos os valores acima de um determinado limiar são ajustados para este limiar. Isto é feito para que direções

com magnitude muito grandes não dominem a representação do descritor. (LOWE, 2004) sugere usar limiar de 0.2. Por fim, o vetor é normalizado novamente. Para cada imagem, são construídos diversos descritores, cada um referente a um *keypoint*.

3.2 Técnicas de Agrupamento

Técnicas de agrupamento também chamadas de técnicas de clusterização (*clustering*) exploram semelhanças entre padrões e agrupam esses padrões parecidos em grupos ou classes. O agrupamento é feito a partir de medidas de similaridade ou distâncias entre seus componentes, uma técnica muito usada para se definir a similaridade é o uso da *distância euclidiana* (ZUCHINI, 2003). A discussão sobre sistemas imunológicos foi inspirada essencialmente nos trabalhos de Silva (2001), Castro e Zuben (2001) e Bezerra, Barra e Castro (2005).

3.2.1 *K-means*

K-means é uma técnica que utiliza o algoritmo de agrupamento de dados por *K*-médias. O propósito deste algoritmo é descobrir o melhor particionamento de P dados em K grupos $C_i, i = 1, \dots, K$, de forma que a distância total entre os dados de um grupo e o seu respectivo centro, somada por todos os grupos, seja minimizada (ZUCHINI, 2003).

Este método consiste em usar os valores dos primeiros n casos em um arquivo de dados, como estimativas temporárias das médias dos K *clusters*, onde K é o número de clusters especificado pelo usuário. Assim, o centro do cluster inicial é formado para cada caso em torno dos dados mais próximos e, então, comparados com os pontos mais distantes e os outros clusters formados. A partir daí, dentro de um processo de atualização contínua e de um processo iterativo encontram-se os centros dos *clusters* finais (ZUCHINI, 2003).

Em outras palavras, o algoritmo atribui aleatoriamente os P pontos a K grupos e calcula as médias dos vetores de cada grupo. Em seguida, cada ponto é deslocado para o grupo correspondente ao vetor médio do qual ele está mais próximo. Com este novo rearranjo dos pontos em K grupos, novos vetores médios são calculados. O processo de realocação de pontos a novos grupos cujos vetores médios são os mais próximos deles continua até que se chegue a uma situação em que todos os pontos

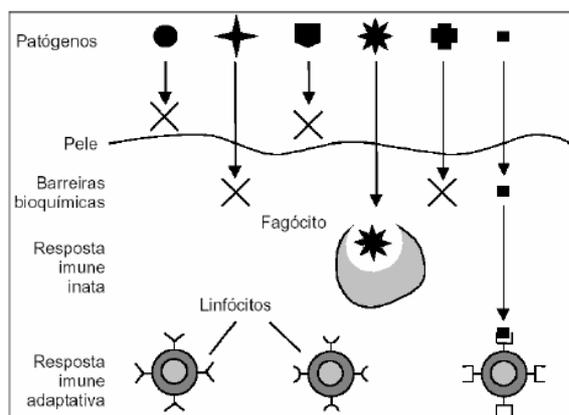


Figura 3.5: Estrutura multicamada do Sistema Imunológico (SILVA, 2001).

já estejam nos grupos dos seus vetores médios mais próximos (ZUCHINI, 2003).

3.2.2 Sistemas Imunológicos Artificiais: AINET e ARIA

Conceitualmente, o sistema imunológico de um ser vivo está associado aos mecanismos pelos quais um organismo multicelular se protege de ameaças internas ou externas, tais como bactérias, vírus ou parasitas. Estes mecanismos são compostos por células, moléculas e órgãos (SILVA, 2001).

O sistema imunológico de um organismo vertebrado está estruturado em múltiplas camadas (SILVA, 2001), como pode ser visto na Figura 3.5:

- **Barreiras físicas:** a pele e o sistema respiratório atuam como o primeiro nível de defesa.
- **Barreiras bioquímicas:** fluidos como a saliva, lágrima, suor, ácidos estomacais, etc; eliminam ou neutralizam alguns microorganismos invasores.
- **Sistema imune inato:** formado por células fagocitárias, como os macrófagos e os neutrófilos, além de fatores solúveis. Este nível desempenha um papel importante na iniciação e posterior direcionamento das respostas imunes adaptativas. Atua no controle das infecções enquanto o sistema imune adaptativo é ativado por completo.
- **Sistema imune adaptativo:** formado por células (linfócitos) que evoluem para proporcionar meios de defesas mais versáteis e um maior nível de proteção face

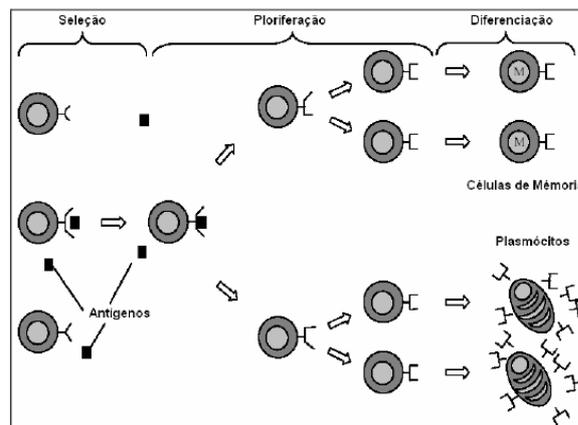


Figura 3.6: O Sistema Imune Adaptativo (SILVA, 2001).

às novas infecções pelo mesmo agente. As características que inspiram a teoria dos sistemas imunológicos artificiais são baseadas nas funcionalidades do Sistema Imune Adaptativo.

Sistemas Imune Adaptativo

Os linfócitos, os quais são células produzidas pela medula óssea e pelo timo, compreendem os principais recursos ou células que compõem este sistema. Estão presentes nos animais vertebrados, cujo o principal desempenho está no desencadeamento e posterior regulação das respostas imunes inatas (SILVA, 2001). Cada linfócito que entra na corrente circulatória é portador de receptores de um único antígeno, com uma única especialidade. Somente aqueles linfócitos que encontram um antígeno com o qual o seu receptor pode interagir serão ativados para a proliferação (SILVA, 2001). São capazes, portanto, de se aderir ao antígeno com o objetivo de neutralizá-los e marcá-los para que outras células do sistema imunológico os eliminem (SILVA, 2001).

Por conseguinte, mediante a ligação do anticorpo ao antígeno, o linfócito é ativado para proliferar por clonagem. Estes clones irão se diferenciar em plasmócitos secretando os anticorpos com a mesma especialidade do receptor ou células de memória. Quando o Sistema Imunológico estiver novamente exposto a um determinado antígeno, estas células são ativadas a fim de obter uma resposta futura mais eficiente (Veja Figura 3.6). Este princípio recebeu o nome de teoria da Seleção clonal (SILVA, 2001).

Após a clonagem das células de alta afinidade, a hipermutação somática é acionada para refinar, por trocas de bases nucleotídicas, a resposta imunológica ao anti-

geno reconhecido (SILVA, 2001). Isso permite a criação de moléculas de imunoglobulina (anticorpos) capazes de reconhecer aquele antígeno com maior eficiência. Estes mecanismos de geração e mutação proporcionam um reconhecimento poderoso de antígenos, uma vez que o Sistema Imunológico pode produzir um número praticamente infinito de receptores celulares a partir de um genoma finito (SILVA, 2001).

Uma propriedade importante do sistema imunológico é a contínua produção de novos anticorpos. Existe uma constante renovação do repertório linfocitário e, conseqüentemente, a morte de elementos não estimulados (SILVA, 2001).

O sistema imunológico natural possui uma grande variedade de componentes e funcionalidades. Para desenvolver um sistema computacional inspirado no natural, faz-se necessário uma simplificação de maneira a enquadrar os conceitos biológicos, julgados mais relevantes, para aplicação no problema em questão (SILVA, 2001).

Sistemas Imunológicos Artificiais

Sistemas imunológicos artificiais surgiram a partir de tentativas de modelar e aplicar os mecanismos imunológicos naturais no desenvolvimento de novas ferramentas computacionais para, por exemplo, classificação de padrões, detecção de faltas, otimização, controle e robótica (SILVA, 2001).

A seguir são brevemente descritos alguns aspectos comentados associados a sistemas imunológicos artificiais identificados em (SILVA, 2001):

- **unicidade:** cada indivíduo possui seu próprio Sistema Imunológico, com suas capacidades e vulnerabilidades particulares.
- **reconhecimento de padrões internos e externos ao sistema:** as células e moléculas que não pertencem ao organismo são reconhecidas e eliminadas pelo sistema imunológico.
- **detecção de anomalias:** o sistema imunológico pode detectar e reagir a agentes patogênicos.
- **detecção imperfeita:** uma detecção perfeita não é necessária (tolerância a ruídos).
- **detecção distribuída:** as células do Sistema Imunológico estão distribuídas por todo o corpo e não estão sujeitas a um mecanismo de controle central.

- **diversidade:** existe uma quantidade limitada de células e moléculas no Sistema Imunológico que são utilizadas para se obter o reconhecimento de um número praticamente infinito de elementos.
- **aprendizagem por reforço:** a cada encontro com o mesmo patógeno o Sistema Imunológico melhora a qualidade de sua resposta.
- **memória:** os componentes do Sistema Imunológico bem sucedidos no reconhecimento e combate às patologias são armazenados para uma resposta futura mais intensa e efetiva.

A seguir serão descritos dois algoritmos imunológicos fundamentados nos conceitos acima descritos e que são amplamente empregados como técnicas de agrupamento (clusterização) de dados. Devido à comprovada eficácia de tais algoritmos em tarefas desta natureza observado nos trabalhos de V. et al. (2007) e Garrett (2005), optou-se pela utilização dos mesmos no projeto e desenvolvimento do sistema de classificação automática de peixes, proposto neste trabalho.

Artificial Immune Network (AINET)

Originalmente, este algoritmo foi proposto por (SILVA, 2001) e tem o propósito geral de encontrar um modelo reduzido de representação de dados pela eliminação de redundância interna de um conjunto de dados (antígenos). Também, este modelo apresenta características importantes, tais como, capacidade de descrever a estrutura interna dos antígenos, seus perfis de distribuição de probabilidade e suas relações de vizinhança.

A aiNet é um grafo com conexões ponderadas, não necessariamente totalmente interconectado, composto por um conjunto de nós, denominados anticorpos, e conjunto de pares de nós, denominados conexões, com um valor característico associado, chamado de peso de conexão.

Neste modelo de rede imunológica, o princípio da seleção clonal controla a quantidade e forma dos anticorpos da rede, enquanto técnicas de clusterização hierárquica são utilizadas para definir e interpretar a sua estrutura final (SILVA, 2001).

Dessa forma, buscando-se detectar *clusters*, o algoritmo da rede imunológica procura inicialmente reduzir a cardinalidade da informação a ser armazenada. Nesta primeira fase, a qual compõe o treinamento do sistema imunológico, os antígenos são

Algoritmo 1 AINET

1 Para cada antígeno \hat{x}^i , $i = 1, \dots, p$:

1.1 Determinar afinidade em relação a um conjunto aleatório de anticorpos A .

1.2 Selecionar em A um subconjunto A_n composto pelos n anticorpos que apresentem maior afinidade com o antígeno \hat{x}^i .

1.3 Clonar os n indivíduos selecionados proporcionalmente às suas afinidades ao antígeno.

1.4 Realizar maturação de afinidade ou mutação em cada população de clones.

1.5 Determinar afinidade entre o conjunto de clones mutados e o antígeno.

1.6 Re-selecionar $\zeta\%$ dos melhores anticorpos e armazená-los em um conjunto de memória de anticorpos A_m .

1.7 Eliminar clones de memória com afinidade ao antígeno superior a um limiar σ_d .

1.8 Determinar a afinidade entre os clones de memória.

1.9 Eliminar os clones de memória com afinidade ao antígeno inferior a um limiar de supressão σ_s .

1.10 Concatenar a matriz total de anticorpos de memória com a matriz de clones de memória.

1.2 Calcular a afinidade entre todos os anticorpos de memória.

1.3 Eliminar os anticorpos de memória cuja afinidade seja menor que σ_s .

1.4 Concatenar d novos anticorpos com a matriz de memória A_m .

1.5 Avaliar o número de gerações g .

apresentados aos anticorpos e estes por sua vez fazem o reconhecimento da patologia.

A descrição do algoritmo imunológico é apresentada no Algoritmo 1 (SILVA, 2001) e os significados dos parâmetros do Algoritmo 1 são listados na Tabela 3.1.

Após a execução dos passos descritos no Algoritmo 1, os anticorpos de memória

Parâmetros	Significado
g	Número de gerações
p	Número de antígenos
σ_d	Limiar de morte natural
σ_s	Limiar de supressão
d	Nº de novos anticorpos inseridos na rede
n	Nº de anticorpos clonados
$\zeta\%$	Percentual de anticorpos maduros selecionados

Tabela 3.1: Significados dos parâmetros do Algoritmo 1.

Algoritmo 2 ARIA**1 Inicialização das variáveis****2** Para iteração 1 até *gen* faça: **2.1** Para cada antígeno *Ag* faça: **2.1.1 Selecionar** o anticorpo que mais se aproxime do antígeno *Ag*. **2.1.2 Mutar** *Ab* com taxa *mi* **fim** **2.2 Eliminar** os anticorpos que não foram estimulados. **2.3 Clonar** os anticorpos que reconhecem os antígenos. **2.4 Calcular** a densidade local para cada *Ab*. **2.5 Calcular** o limiar de supressão para cada *Ab* fazendo $R_{ab} = r * (den_{max}/den)^{(1/dim)}$. **2.6 Suprimir** anticorpos que reconhecem outros anticorpos dando prioridade para o menor *R*. **2.7 Faça** $E = mean(R)$ **2.8 Se** a geração atual é maior que *gen/2*: **2.8.2 Reduza** *mi* ($mi = mi * mi * decay$) **fim****fim**

armazenados no conjunto \mathbf{A}_m bem como suas correspondentes afinidades são submetidos a um processo de agrupamento. Este processo é capaz de detectar separações inerentes ao conjunto de dados de treinamento (vetores de características $\hat{\mathbf{x}}^i$) e gerar um conjunto de centróides referentes aos diversos *clusters* encontrados.

Os *clusters* determinados e seus respectivos centróides compõe a base de conhecimento do classificador, a qual é consultada durante o processo de classificação, mediante o cálculo da distância euclidiana entre cada vetor de características $\hat{\mathbf{x}}^i$ e os centróides estimados durante o treinamento da rede imunológica. Neste cenário, um determinado indivíduo detectado, representado por $\hat{\mathbf{x}}^i$, será associado à espécie de peixe (*cluster*) mais próximo.

ARIA: Adaptive Radius Immune Algorithm

O ARIA é um algoritmo de agrupamento (*clustering*), proposto por Bezerra, Barra e Castro (2005), que tem como princípio promover a compressão e a redução do volume de dados do problema (veja o pseudo-código do Algoritmo 2, cujos parâmetros são descritos na Tabela 3.2). É inspirado nos princípios da imunologia, produzindo uma imagem interna dos antígenos de maneira a gerar um arranjo com os anticorpos separados em grupos ou *clusters* (BEZERRA; BARRA; CASTRO, 2005).

Parâmetros	Significado
R	Raio de cada anticorpo
r	Raio multiplicador. Determina o tamanho do menor raio
mi	Taxa de mutação
$decay$	Constante usada para decrescer a taxa de mutação
E	Raio que define a estimação da densidade da rede
gen	Número de iterações
dim	Dimensão dos dados de entrada

Tabela 3.2: Significados dos parâmetros do Algoritmo 2.

Diferentemente da maioria dos algoritmos agrupadores, ele preserva a informação de densidade dos dados, por meio da implementação de uma técnica em que um anticorpo adaptativo possui um raio de supressão que varia inversamente com a densidade local do espaço. Assim, permite a representação mais precisa da informação presente nos antígenos (BEZERRA; BARRA; CASTRO, 2005).

Entre os diversos problemas tratados pelo algoritmo ARIA, destaca-se: a ampla variabilidade das densidades dos clusters, além do fato de as fronteiras entre os mesmos ser difusa, existindo sobreposição de dados.

Em linhas gerais, o algoritmo ARIA pode ser dividido em três fases principais:

1. **Cálculo da afinidade:** para cada antígeno (dados), é calculado a afinidade deste em relação a todos os anticorpos. O anticorpo que tiver melhor afinidade sofre uma hipermutação em relação ao antígeno reconhecido.
2. **Expansão clonal:** os anticorpos que foram estimulados são clonados e a população cresce.
3. **Quantificação da interação entre os anticorpos:** a interação entre os anticorpos é quantificada e se um anticorpo reconhece outro, ele é removido do *pool* de células.

A fase do cálculo da afinidade ocorre no laço de repetição exibido na linha 2.1 do Algoritmo 2. Para cada antígeno é calculada a afinidade com todos os anticorpos, aquele anticorpo com melhor afinidade (menor distância euclidiana) é selecionado e mutado em relação a este antígeno com uma taxa mi de mutação. Os anticorpos que são incapazes de reconhecer antígenos são eliminados.

A fase de expansão clonal ocorre no passo 2.3 do Algoritmo 2, onde os anticorpos que reconhecem a maior quantidade de antígenos localizados dentro do raio de

supressão são clonados. Um simples anticorpo pode reconhecer diversos antígenos, satisfazendo portanto esta condição. Contudo, apenas um clone por anticorpo é permitido ser gerado. Esta restrição faz com que a população cresça devagar e não sejam clonadas grandes quantidades de anticorpos.

Já a fase de supressão da rede ocorre no passo 2.6 do Algoritmo 2. Se a distância entre dois anticorpos é menor que um raio de um deles (ou seja, eles se reconhecem), o anticorpo que tiver maior raio é removido do *pool* de células. Note que é dada uma função importante para o anticorpo com o menor raio, pois anticorpos em regiões esparsas são *gulosos* (BEZERRA; BARRA; CASTRO, 2005).

3.3 Sistemas de Classificação

A análise de imagens é um processo de descobrimento, de identificação e de entendimento de padrões que sejam relevantes ao desempenho de uma dada tarefa. Neste contexto, dotar o computador com a capacidade de reconhecer cada objeto presente na imagem e associá-lo ao objeto real é chamada de classificar. Por esta razão os sistemas computacionais que desempenham esta função são denominados de classificadores.

3.3.1 Vizinho mais Próximo

Para se encontrar a correspondência ou identificar similaridade entre dois vetores, pode-se empregar a técnica do Vizinho mais Próximo. Esta técnica definida por (COVER; HART, 1967), é muito simples e fácil de ser implementada. O Algoritmo 3 apresenta o pseudo código desta técnica, a qual está centrada no cálculo da menor distância euclidiana. Dado um padrão P_d desconhecido, o Algoritmo 3 consulta no conjunto *CLUSTERS* pelo padrão P_x conhecido, que possua a menor distância euclidiana em relação ao P_d , classificando-o pertencente a mesma classe que pertence o padrão conhecido.

A exatidão desta técnica pode ser calculada pela seguinte equação:

$$Exatidao = 100 * \frac{Nc}{Nv}, \quad (3.37)$$

onde Nc corresponde ao número de padrões classificados corretamente e Nv corresponde ao número de padrões de validação.

Algoritmo 3 Procedimento para obter o vizinho mais próximo**1 Inicialização das variáveis****2** Para cada padrão desconhecido P_d faça:

2.1 Pesquisar um padrão $P_x \in [CLUSTERS]$, tal que P_x seja o padrão com a menor distância euclidiana em relação a P_d .

2.2 Classificar P_d como sendo da classe de P_x .

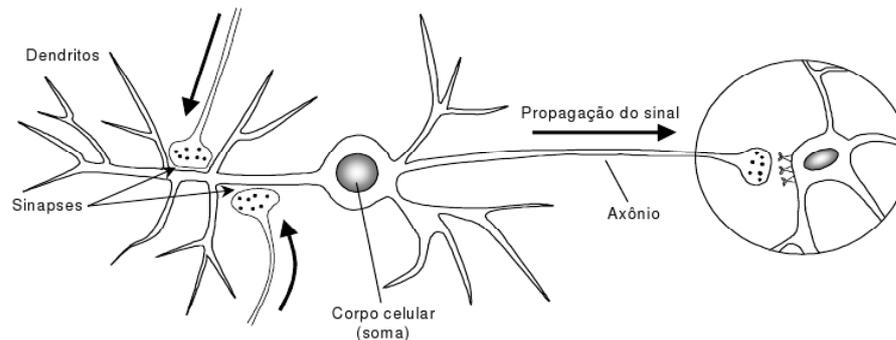
fim**fim**

Figura 3.7: Neurônio biológico e a direção da propagação de sinais pelo neurônio (SILVA, 2001).

3.3.2 Redes Neurais Artificiais

Redes Neurais Artificiais (RNA) são mecanismos computacionais bio-inspirados na estrutura neural, as quais adquirem conhecimento por meio da experiência. Aplicados à automatização de processos, elas podem ser utilizadas com sucesso em tarefas de classificação (HAYKIN, 1998; BRAGA; CARVALHO; LUDERMIR, 2000; SILVA, 2001).

As Redes Neurais Artificiais assemelham-se ao cérebro em dois aspectos principais (HAYKIN, 1998):

1. O conhecimento é adquirido pela rede com base em seu ambiente por meio de um processo de aprendizagem;
2. Forças de conexão entre neurônios, conhecidas como pesos sinápticos são usadas para armazenar o conhecimento adquirido.

Os neurônios biológicos apresentam-se de várias formas. Entretanto, de maneira geral, possuem os seguintes elementos principais: o corpo celular, as ramificações de entrada (dendritos), a ramificação de saída (axônio) e as conexões sinápticas que

interligam os neurônios, conectando dendritos a axônios. A Figura 3.7 apresenta um modelo de neurônio biológico com a sequência de propagação dos sinais pela célula (SILVA, 2001).

Na Figura 3.8 é apresentada um modelo simples de neurônio artificial proposto por McCulloch e Pitts (1943). Este modelo trouxe uma grande contribuição para as discussões sobre a construção dos primeiros computadores digitais. Matematicamente, o neurônio da Figura 3.8 pode ser expresso da seguinte forma (MCCULLOCH; PITTS, 1943; SILVA, 2001):

$$y = f(k) = f(x_1w_1 + x_2w_2 + \dots + x_nw_n) = f(\mathbf{w}^T \mathbf{x}) \quad (3.38)$$

onde y é a variável de saída do neurônio, k é a variável de ativação do neurônio, $f(\cdot)$ sua função de ativação, x_i ($i = 1, \dots, n$) é o vetor de entradas, e w_i ($i = 1, \dots, n$) é o vetor de pesos do neurônio.

Os principais benefícios das Redes Neurais Artificiais são:

1. Generalização, que se refere ao fato de a rede neural produzir saídas adequadas para entradas que não estavam presentes durante o treinamento;
2. Poder de processamento por meio de sua estrutura paralela;
3. Habilidade de aprender.

3.3.3 Classificadores Bayesianos

Um classificador bayesiano recebe este nome por se basear no teorema de probabilidade de Bayes (DUDA R. E HART, 1973). É também conhecido como classificador Naive Bayes ou somente algoritmo de Bayes.

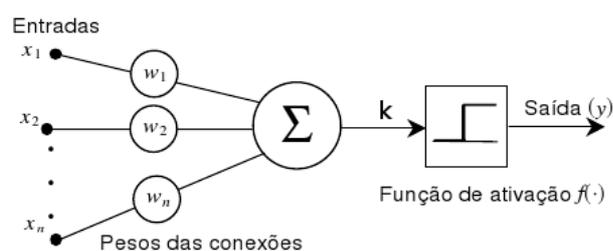


Figura 3.8: Representação funcional de um neurônio artificial (SILVA, 2001).

O algoritmo tem como propósito o cálculo da probabilidade que uma amostra desconhecida pertença a cada uma das classes possíveis. Este tipo de predição é uma classificação estatística, pois é baseada em probabilidades (DUDA R. E HART, 1973).

Outra característica deste classificador é que requer um conjunto de dados previamente já classificados, ou seja, um conjunto de dados que já tenham sido separados em *clusters*. Baseado neste conjunto prévio de dados classificados é que o classificador determinará qual classe mais provável que pertence a amostra de acordo com os cálculos probabilísticos (DUDA R. E HART, 1973).

O classificador tem quatro etapas (DUDA R. E HART, 1973):

1. **Cálculo das probabilidades das classes.** Nesta etapa, cada classe do conjunto de treinamento possui sua probabilidade calculada. O cálculo é feito dividindo-se o número de instâncias pelo número total de instâncias do conjunto de treinamento.
2. **Cálculo das probabilidades da amostra desconhecida.** Agora, cada valor de cada amostra desconhecida possui sua probabilidade calculada para cada possível classe. É o processamento mais pesado do classificador, pois, dependendo do número de amostras e instâncias do conjunto de treinamento, é possível que muitos cálculos sejam necessários para se obter as probabilidades. Supondo que existam k classes no conjunto de testes e m atributos no conjunto de testes será necessário calcular $k \times m$ probabilidades.
3. **Calcular a probabilidade da amostra desconhecida.** Nesta etapa, as probabilidades que foram calculadas para os valores da amostra desconhecida de uma classe são multiplicadas. Posteriormente, o valor que foi obtido é multiplicado pela probabilidade da classe calculada na etapa 1.
4. **Com todas as probabilidades das classes calculadas, é verificada qual classe possui a maior probabilidade para a amostra desconhecida.** Com isso, o algoritmo finaliza retornando a classe que possui a maior probabilidade de conter a amostra desconhecida.

3.4 Conclusão

Neste capítulo, foram abordadas algumas das principais técnicas de extração de características, técnicas de agrupamento e algoritmos de classificação de padrões, os quais foram considerados durante o desenvolvimento do Sistema para Classificação automática de Peixes. Duas técnicas, em particular, para extração de características, foram utilizadas neste trabalho. Primeiro, optou-se pela Análise de Componentes Principais, a qual possibilita a redução do número de características, de cada imagem a um pequeno número de índices explicativos. Ou seja, esta técnica procura um mínimo de combinações lineares que possam ser utilizadas para explicar a dispersão de uma nuvem de pontos que, geometricamente caracteriza a matriz que corresponde a imagem de um peixe. O segundo extrator de características escolhido foi a transformação SIFT, por ser uma ferramenta robusta às variações de escala, rotação e iluminação.

Uma vez apresentadas as técnicas de extração de características, foram vistas as principais técnicas de agrupamento, empregadas neste trabalho, e uma em especial, o Algoritmo ARIA, que preserva a densidade local das classes que representam as imagens dos peixes.

Quanto ao algoritmo de classificação de padrões utilizado, embora tenham sido estudos e implementados classificadores neurais e bayesianos, verificou-se ser desnecessário a utilização dos mesmos, uma vez que, para os conjuntos de dados tratados nos experimentos, um processo simples baseado no cálculo do vizinho mais próximo mostrou-se aceitável.

4 Sistema de Classificação

Este capítulo descreve o sistema desenvolvido para classificação automática de espécies de peixes, baseado em técnicas de análise de imagens e algoritmos bio-inspirados no sistema imunológico humano.

Em linhas gerais, o sistema proposto pode ser dividido em duas etapas principais, especificamente, uma etapa de estimação da base de conhecimento e uma etapa de classificação. A Figura 4.1 fornece uma visão geral destas etapas e dos módulos correspondentes.

A etapa de estimação da base de conhecimento tem como objetivo principal gerar uma *base de dados*, que será frequentemente consultada durante a tarefa de classificação das espécies dos indivíduos. Esta etapa é executada *offline*, sendo composta

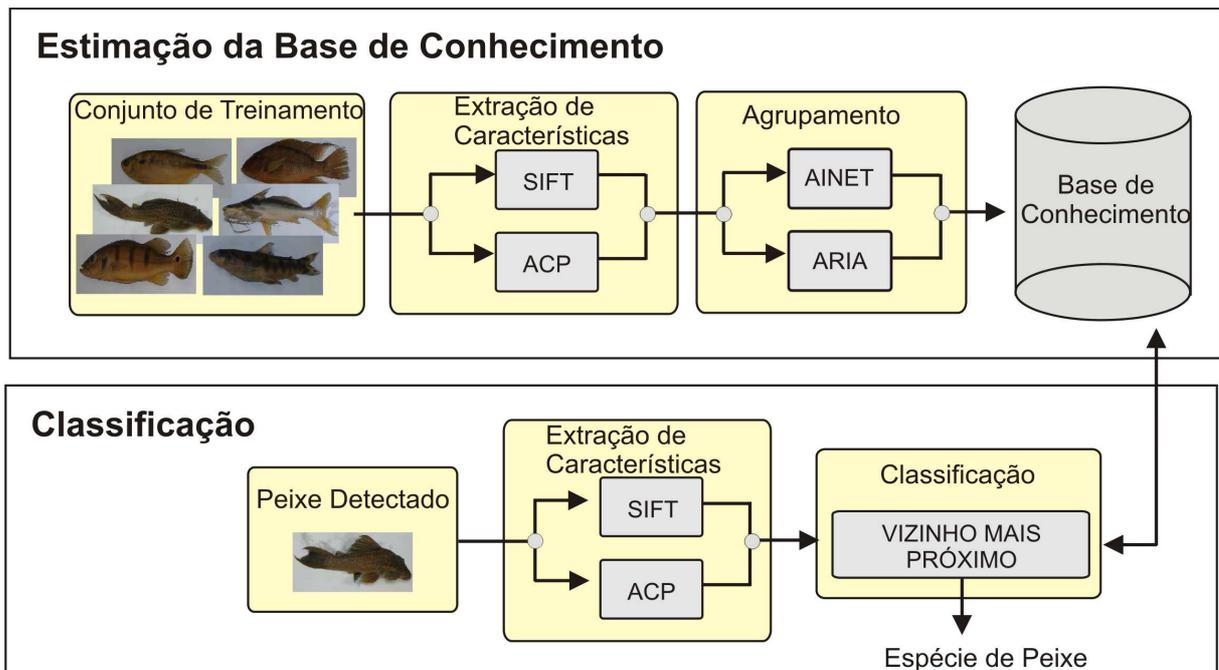


Figura 4.1: Diagrama de blocos do sistema automático para classificação de espécies de peixes.

pelos módulos de extração de características e agrupamento de dados (*clustering*). O módulo de extração de características desempenha um papel fundamental, buscando representar e preservar os detalhes principais de cada espécie de peixe, por meio de um conjunto reduzido de dados. O módulo de agrupamento de dados, por sua vez, tem como objetivo estimar classes ou conjuntos de características associadas a indivíduos de uma mesma espécie. Por meio da execução deste módulo, o sistema de classificação realiza o processamento das características extraídas, criando uma representação própria para o problema (*base de conhecimento*).

A etapa de classificação, tal como a etapa de estimação da base de conhecimento, contém um módulo de extração de características além do módulo de classificação propriamente dito. Esta etapa é executada *online*, recebendo como entrada novas imagens de peixes não utilizadas na etapa de estimação da base de conhecimento.

Por meio de consultas à base de conhecimento construída, identifica-se as espécies dos indivíduos ao se utilizar como chaves de pesquisa os vetores de características associados às imagens de peixes apresentadas ao sistema.

O sistema proposto foi projetado para discriminar espécies de peixes tanto em imagens de cenas subaquáticas como não-subaquáticas, adquiridas por câmeras estacionárias não calibradas, em condições controladas de luminosidade da cena. Assume-se que, sem perda de generalidade, a entrada do sistema de classificação seja a imagem devidamente segmentada de um único indivíduo.

Todas as imagens de entrada utilizadas em ambas as etapas de estimação da base de conhecimento e classificação são redimensionadas para uma mesma resolução espacial mínima de referência. Com isso, reduz-se o custo computacional dos algoritmos utilizados, bem como ajusta-se os dados de entrada às especificidades das técnicas de extração de características utilizadas, as quais exigem que todos os padrões de entrada possuam as mesmas dimensões.

A ampla variedade de espécies de peixes nos rios brasileiros torna o problema de classificação uma tarefa extremamente difícil. Portanto, com o objetivo de se tornar este problema tratável, este trabalho propõe um sistema automático capaz de classificar um conjunto composto por apenas nove espécies, consideradas mais relevantes dos pontos de vista social e econômico. A seguir são brevemente descritas algumas das características físicas principais de cada uma das espécies de peixes consideradas neste trabalho (FISH... , 2009; GUIA... , 2009), cujas imagens utilizadas nos experimentos são apresentadas no Anexo A deste texto:

- **Canivete** (*Apareiodon piracicabae*): corpo com coloração clara a prateada. Nadadeiras levemente escurecidas. Presença de uma faixa longitudinal dorsal e uma lateral, esta última estendo-se pelos raios caudais medianos. Faixas transversais tênues presentes, sendo mais visíveis na região dorsal. Boca subterminal com a maxila inferior em forma de pá.
- **Barbado** (*Pinirampus pirinampu*): corpo de coloração parda escura, sendo o ventre claro. Nadadeiras de coloração escura, seguindo o padrão observado no corpo. Nadadeiras peitorais e dorsal com primeiro raio fracamente ossificado. Nadadeira adiposa longa. Barbilhões longos, achatados em forma de fita.
- **Cará** (*Cichlasoma fasciatum*): corpo de coloração esverdeada, apresentando faixas transversais mais escuras. Nadadeiras claras, sendo que a dorsal e anal apresentam raios rijos em forma de espinhos. Linha lateral dividida em dois ramos. Boca terminal e protátil com dentes cônicos. Olhos laterais grandes.
- **Carpa** (*Cyprinus carpio*): corpo de coloração parda clara, sendo pouco mais escura no dorso. Escamas com uma mancha escura junto a sua margem anterior. Nadadeiras pardas, sendo as peitorais, dorsal e caudal mais escuras que o corpo, enquanto as ventrais e anal são normalmente mais claras. Nadadeira dorsal longa. Boca terminal com lábios espessos.
- **Cascudo** (*Rinelepis aspera*): corpo revestido por cinco séries de placas ósseas, de coloração escura uniforme. Nadadeiras acompanhando o padrão de colorido do corpo, apresentando o primeiro raio ossificado. Nadadeira adiposa ausente. Cabeça levemente achatada e fortemente ossificada, fundida a estrutura óssea que sustenta as nadadeiras peitorais. Boca ventral oval, sustentando série de dentes depressíveis implantados nas maxilas.
- **Lambari** (*Astyanax scabripinnis*): corpo levemente escurecido no dorso, com faixa lateral escura na metade posterior do corpo, formando uma mancha na base da cauda. Tênue mancha alongada na região umeral. Nadadeiras vermelhas. Dentes cuspidados em duas séries na maxila superior. Linha lateral completa.
- **Pacu** (*Piractus mesopotamicus*): corpo alto e arredondado, de coloração parda, sendo mais escura no dorso e pálida no ventre. Nadadeiras escuras, nadadeira adiposa arredondada. Escamas pequenas e em grande número na linha late-

ral. Boca pequena, terminal, portando dentes molariformes. Ventre levemente comprimido.

- **Surubim** (*Steindachneridion scripta*): corpo robusto, de coloração parda no dorso e clara no ventre, apresentando pequenas manchas difusas. Nadadeiras de coloração similar a do corpo, sendo que as peitorais e dorsal apresentam o primeiro raio fortemente ossificado. Olhos não recobertos por pele.
- **Tucunaré** (*Cichla monoculus*): corpo de coloração esverdeada, apresentando faixas transversais mais escuras e uma mancha circular na base da nadadeira caudal. Nadadeiras esverdeadas com manchas claras difusas, sendo que a dorsal e anal apresentam raios rijos em forma de espinhos. Linha lateral dividida em dois ramos. Boca terminal ampla e protátil.

4.1 Extração de Características

O módulo para extração de características (ver Figura 4.1) baseia-se no uso de duas técnicas: Análise de Componentes Principais (ACP) ou Transformação SIFT (*Scale-Invariant Feature Transform*). Como parâmetro de entrada deste módulo, é passada uma imagem I contendo um único peixe. Como saída obtém-se um ou mais vetores de características.

Formalmente, um vetor de características \mathbf{v} de uma imagem I pode ser visto como um ponto no espaço \mathbb{R}^n : $\mathbf{v} = (v_1, v_2, \dots, v_n)^T$, onde n é o número de coordenadas do vetor de características. Estes vetores codificam informações visuais representativas do objeto na imagem, tais como, cor, forma e textura.

Dessa forma, estes vetores contém informações descritivas, que permitem determinar as espécies de peixes. Por exemplo, os vetores de características que representam a espécie *Cichla monoculus* podem encapsular informações de sua mancha circular, a qual representa uma das principais maneiras de caracterizar esta espécie de acordo com os biólogos.

Considerando-se a utilização da técnica de Análise de Componentes Principais pelo módulo de extração de características, cada imagem foi representada com resolução espacial mínima de referência de 200×100 pixels e convertida do espaço RGB para o espaço YUV , o qual permite separar informações de luminância (banda Y) das informações de crominância (bandas U e V).

Em seguida, cada uma das bandas Y , U e V de uma imagem específica são transformadas, respectivamente, nos vetores coluna \mathbf{y} , \mathbf{u} e \mathbf{v} correspondentes. Em linhas gerais, considerando-se, por exemplo a banda Y , obtém-se o vetor coluna correspondente \mathbf{y} , transpondo-se cada uma das linhas de Y e concatenando-as sob a forma de um vetor coluna. Ou seja, dado que:

$$Y = \begin{bmatrix} y_{11} & y_{12} & \cdots & y_{1n} \\ y_{21} & y_{22} & \cdots & y_{2n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ y_{m1} & y_{m2} & \cdots & y_{mn} \end{bmatrix},$$

obtém-se o vetor coluna equivalente como a seguir:

$$\mathbf{y} = \left[y_{11} \ y_{12} \ \cdots \ y_{1n} \ y_{21} \ y_{22} \ \cdots \ y_{2n} \ y_{m1} \ y_{m2} \ \cdots \ y_{mn} \right]^T.$$

Para cada imagem i de entrada, onde $i = 1, 2, \dots, p$, obtém-se, assim uma tupla $(\mathbf{y}_i, \mathbf{u}_i, \mathbf{v}_i)$ cujos elementos são agrupados em três matrizes X^1, X^2 e X^3 como a seguir:

$$X^1 = \left[\mathbf{y}_1, \mathbf{y}_2, \dots, \mathbf{y}_p \right],$$

$$X^2 = \left[\mathbf{u}_1 \ \mathbf{u}_2 \ \dots \ \mathbf{u}_p \right],$$

$$X^3 = \left[\mathbf{v}_1, \mathbf{v}_2, \dots, \mathbf{v}_p \right].$$

Neste caso, a matriz X^1 agrupa as informações de luminância, enquanto as matrizes X^2 e X^3 agrupam as informações de crominância de todas as p imagens de peixes.

O processo de extração de características das p imagens, por meio da técnica de Análise de Componentes Principais é feita de acordo com as equações a seguir:

$$\hat{\mathbf{X}}_k^1 = \mathbf{V}_k^1 \mathbf{X}^1,$$

$$\hat{\mathbf{X}}_k^2 = \mathbf{V}_k^2 \mathbf{X}^2,$$

$$\hat{\mathbf{X}}_k^3 = \mathbf{V}_k^3 \mathbf{X}^3,$$

onde k corresponde ao número de componentes principais, \mathbf{V}_k^1 , \mathbf{V}_k^2 e \mathbf{V}_k^3 são as matrizes de transformação calculadas pela técnica ACP (ver Seção 3.1.5) e $\hat{\mathbf{X}}_k^1$, $\hat{\mathbf{X}}_k^2$ e $\hat{\mathbf{X}}_k^3$ são as matrizes que armazenam as características extraídas das imagens de peixes, representadas nos espaços de componentes principais correspondentes.

A Figura 4.2 exibe espaços 2D das componentes principais ($k = 2$), onde cada um dos pontos presente em tais espaços corresponde a uma das três bandas (Y , U ou V) de cada uma das imagens do banco de imagens utilizado neste trabalho. Especificamente, as Figuras 4.2 (a) - (c) representam espaços de componentes principais associadas às bandas Y , U e V , respectivamente, de imagens referentes a uma cena não subaquática usadas neste trabalho. Similarmente, as Figuras 4.2 (d) - (f) representam espaços de componentes principais associadas às bandas Y , U e V , respectivamente, de imagens referentes a uma cena subaquática.

Observa-se nas Figuras 4.2 (b) e (e) que as componentes principais calculadas a partir da banda U de cada uma das imagens de peixes resultaram em representações nas quais os indivíduos de uma mesma espécie encontram-se mais agrupados no espaço, havendo uma menor sobreposição entre grupos de indivíduos de espécies distintas. Neste contexto, optou-se neste trabalho pela utilização da banda U das imagens de peixes como fonte principal de dados para a tarefa de extração de características baseada na técnica ACP. Trabalhando-se com uma única banda, ao invés de três, reduz-se o custo computacional do sistema de classificação, o que favorece sua futura utilização em aplicações em tempo real.

No uso da Transformada SIFT para a extração de características, o vetor de características obtidos apresenta pouca variação em relação as bandas de cores (JUNIOR, 2007). Isso ocorre pelo fato da técnica SIFT codificar informações de gradiente (LOWE, 2004), as quais são preservadas em todas as bandas. Dessa forma, cada imagem I com resolução espacial mínima de 200×100 em tons de cinza pode ser representada como uma matriz:

$$I = \begin{bmatrix} I_{11} & I_{12} & \cdots & I_{1n} \\ I_{21} & I_{22} & \cdots & I_{2n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ I_{m1} & I_{m2} & \cdots & I_{mn} \end{bmatrix}.$$

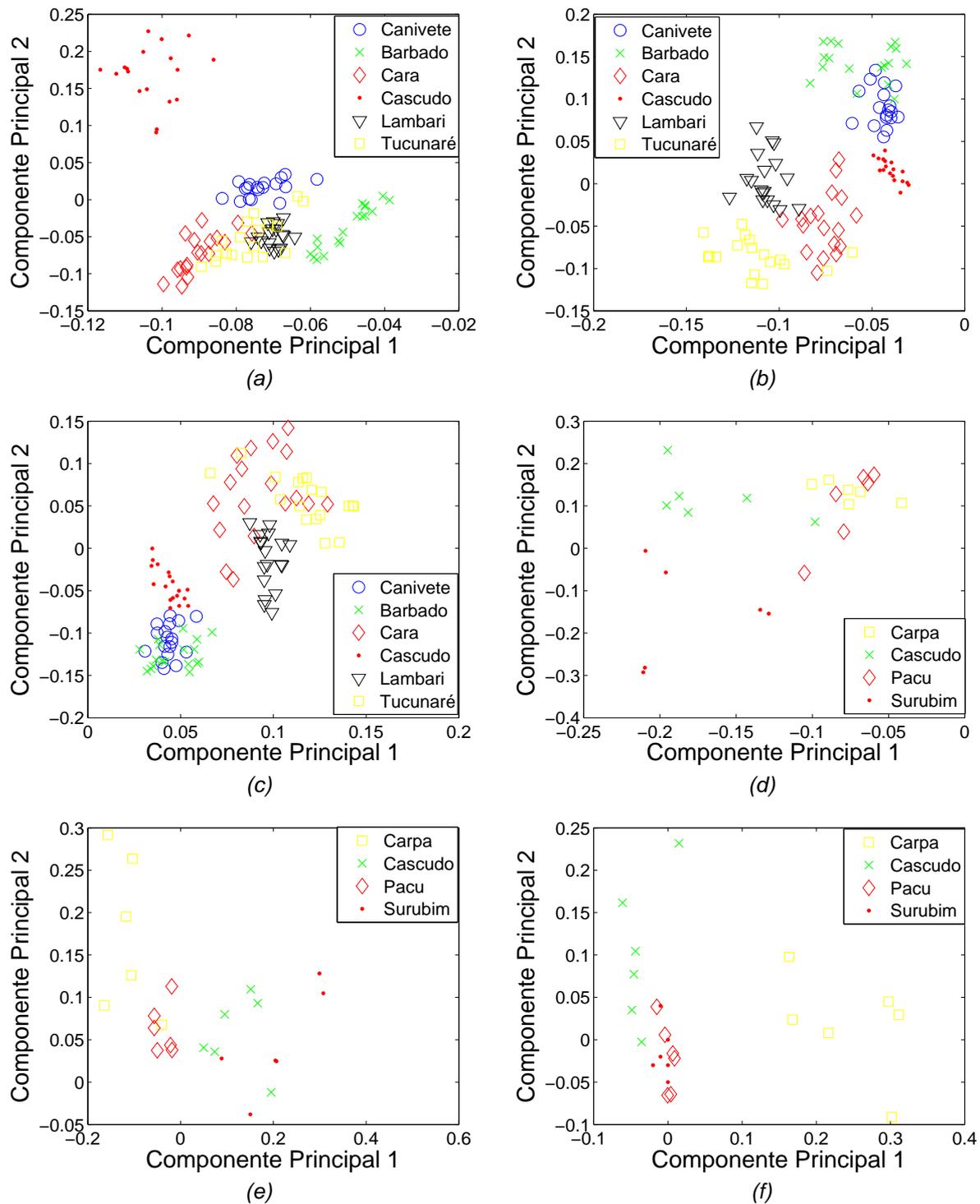


Figura 4.2: Espaços 2D de componentes principais associadas às imagens de espécies de peixes representadas no espaço YUV . (a), (b) e (c) correspondem às imagens de peixes em cenas não-subaquáticas nas bandas Y , U e V , respectivamente; (d), (e) e (f) correspondem às imagens de peixes em cenas subaquáticas nas bandas Y , U e V , respectivamente.

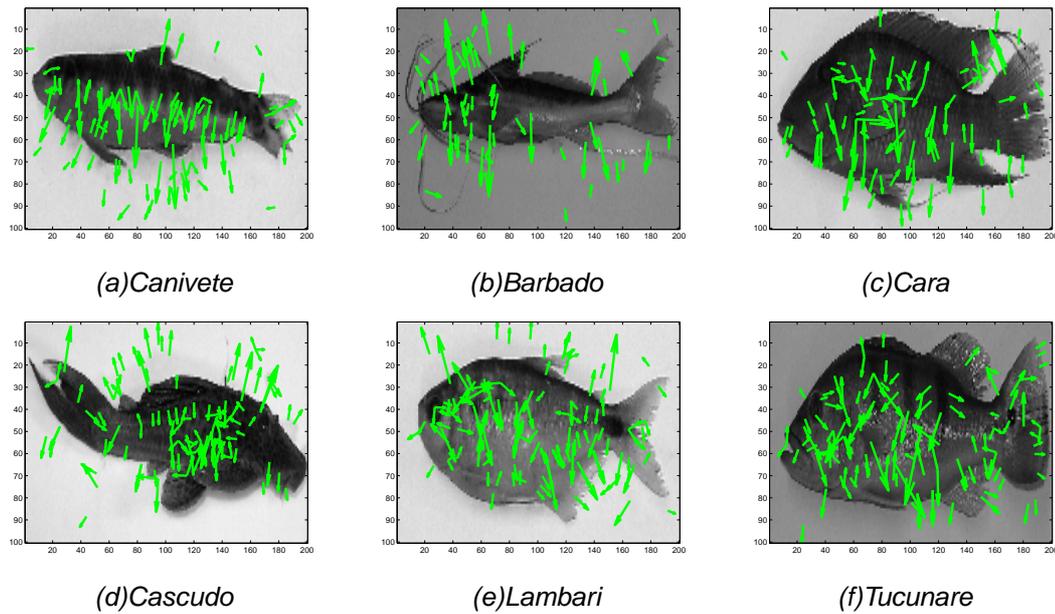


Figura 4.3: Extração de características pela transformada SIFT em uma cena não subaquática.

Nesta Imagem é aplicado um filtro gaussiano $G(x, y, \sigma) * I(x, y)$ em diferentes escalas. A partir destes filtros, calcula-se as diferença gaussianas $D(x, y, \sigma)$, com as quais são determinadas extremos de máximo e mínimos. Estes valores correspondem aos pontos-chave. Para representar os descritores do pontos-chave optou-se por trabalhar com 128 características (LOWE, 2004). Neste caso, cada vetor de características obtido pela técnica SIFT é composto por um histograma de informações de gradiente de vizinhança do ponto-chave. Este histograma acumula informações de gradiente ao longo de 8 orientações. Para cada ponto é analisada uma região de 16×16 pixels, a partir da qual são obtidos 4×4 histogramas, como ilustra a Figura 3.4. Dessa forma, um vetor de características é composto por $4 \times 4 \times 8 = 128$ dimensões, e

$$X = \begin{bmatrix} V_{11} & V_{12} & \cdots & V_{1128} \\ V_{21} & V_{22} & \cdots & V_{2128} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ V_{k1} & V_{k2} & \cdots & V_{k128} \end{bmatrix},$$

representa k vetores de características (pontos-chave) obtidos da imagem I .

As Figuras 4.3 (a) - (f) exibem os resultados da aplicação do SIFT quando aplicado sobre imagens em tons de cinza de peixes em uma cena não-subaquática. As Figuras 4.4 (a) - (d) exibem os resultados para imagens em uma cena subaquática. As setas representam a posição, a orientação e a escala de cada ponto chave.

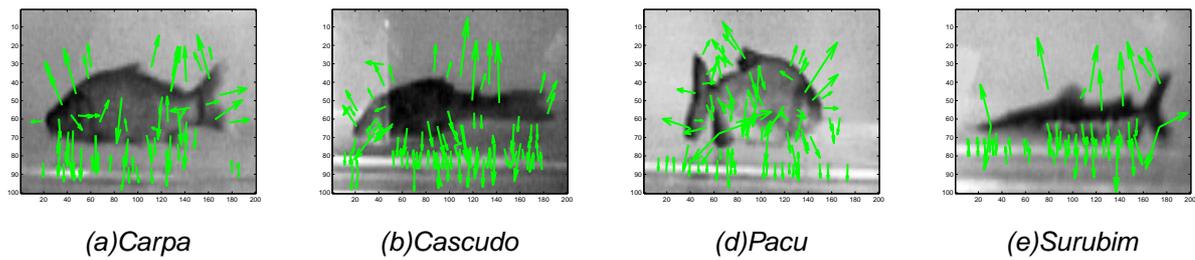


Figura 4.4: Extração de características pela transformada SIFT em uma cena subaquática.

4.2 Agrupamento de dados e Classificação

O módulo de agrupamento de dados baseia-se no uso de dois algoritmos imunológicos artificiais: *Artificial Immune Network* (aiNet) ou *Adaptive Radius Immune Algorithm* (ARIA). A entrada de dados deste módulo é composta pelos vetores de características obtidos pelo módulo de extração, os quais representam os antígenos do sistema imunológico artificial. Estes antígenos serão agrupados e reconhecidos pelos anticorpos estimulados, permitindo a representação das espécies.

O propósito geral deste módulo é encontrar classes ou conjuntos de dados que compartilham características em comum levando a um modelo reduzido de representação de dados pela eliminação da redundância interna de um conjunto de dados.

Neste contexto, o sistema desenvolvido, neste trabalho possibilita o uso de quatro combinações de técnicas para classificação automática de espécies de peixes:

- Análise de Componentes Principais (ACP) + *Artificial Immune Network* (aiNet);
- Análise de Componentes Principais (ACP) + *Adaptive Radius Immune Algorithm* (ARIA);
- *Scale-Invariant Feature Transform* (SIFT) + *Artificial Immune Network* (aiNet);
- *Scale-Invariant Feature Transform* + *Adaptive Radius Imune Algorithm* (ARIA).

4.2.1 ACP + aiNet e ACP + ARIA

As características usadas para construir a base de conhecimento podem ser obtidas a partir da técnica de Análise de Componentes Principais como descrito na seção

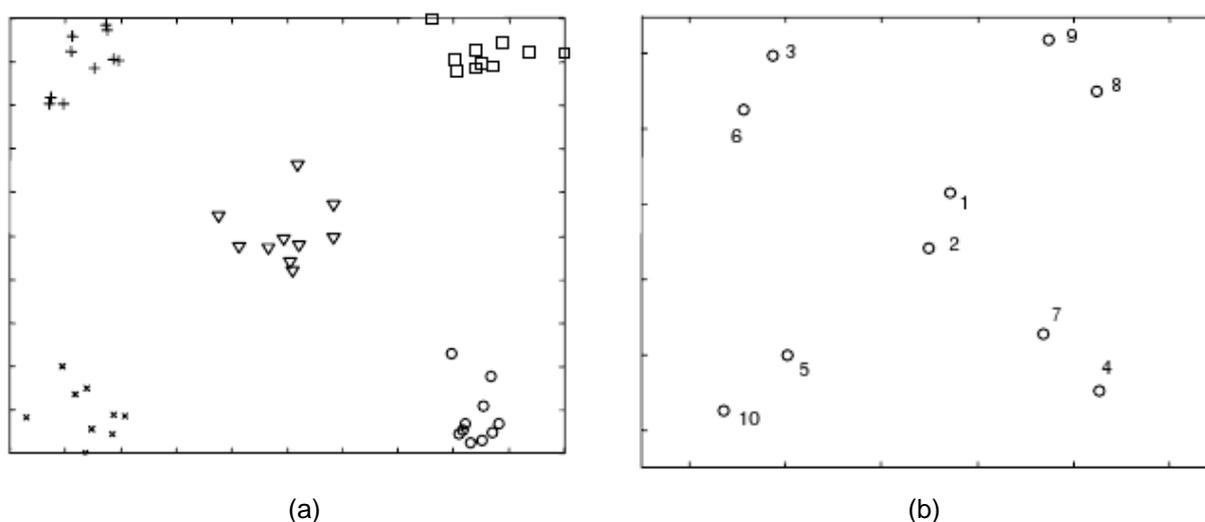


Figura 4.5: Resultado da aplicação do algoritmo Ainet sobre uma massa de dados. (a) Antígenos de entrada; (b) anticorpos resultantes. Fonte: Castro e Zuben (2001)

4.1. Neste caso, obtêm-se \hat{X}_k antígenos (características extraídas), onde k representa o número de componentes principais com maior variabilidade sobre os dados.

Estes \hat{X}_k antígenos constituem, assim a entrada dos sistemas imunológicos aiNet e ARIA, os quais correspondem aos Algoritmos 1 e 2 da seção 3.2.2.

Ao final do processamento dos algoritmos imunológicos, ocorre a redução do nú-

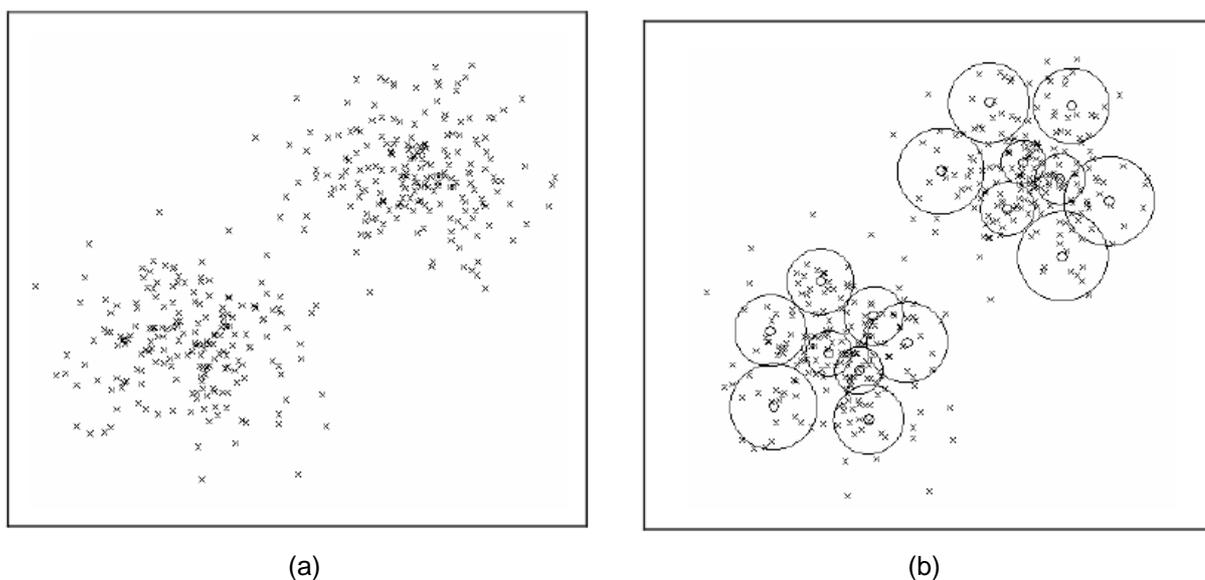


Figura 4.6: Resultado da aplicação do algoritmo ARIA sobre uma massa de dados. (a) 200 antígenos de entrada; (b) anticorpos resultantes. Fonte: Bezerra, Barra e Castro (2005)

Algoritmo 4 Procedimento para cálculo da correspondência entre um antígeno e os anticorpos de uma imagem de um indivíduo de referência.

1 Inicialização das variáveis

2 Para cada antígeno X_k (vetor de característica) de uma imagem desconhecida faça:

2.1 Calcular a distância euclidiana entre X_k e os anticorpos de uma imagem de um indivíduo de referência.

2.2 Ordenar em ordem crescente as distâncias calculadas.

2.8 Se o valor da distância euclidiana do anticorpo mais próximo ao antígeno for menor que 60% do segundo anticorpo mais próximo ao antígeno.

2.8.2 Considera-se que houve correspondência.

fim

fim

mero de anticorpos presentes no sistema imunológico. Por exemplo, almeja-se obter resultados tais como os apresentados nas Figuras 4.5 (b) e 4.6 (b), os quais representam o conjunto de dados encontrados após a aplicação dos algoritmos aiNet e ARIA. Estas classes constituem imagens internas dos grupos correspondentes ao conjunto de antígenos (vetores de características principais \hat{X}_k). Cada classe corresponde a uma determinada espécie de peixe e quanto mais separadas as classes, ou seja, quanto mais disjuntas, mais as espécies de peixe se diferenciam.

Os antígenos são agrupados e reconhecidos pelos anticorpos estimulados, permitindo a representação das espécies. Técnicas de agrupamento baseada na densidade local de cada anticorpo são empregadas de forma a interpretar e definir a estrutura final dos agrupamentos, eliminando a redundância interna do conjunto de dados.

Na etapa de classificação, o método empregado é o vizinho mais próximo (*nearest neighbor*), por meio do Algoritmo 3 descrito na Seção 3.3.1. Aquele antígeno que possuir a menor distância euclidiana em relação a um dos anticorpos, ou seja, melhor afinidade, será classificado como pertencente à classe daquele anticorpo. A exatidão é dada pela equação (3.37), que corresponde à razão entre o número de acertos e o número de padrões de teste de uma determinada espécie de peixe.

4.2.2 SIFT + aiNet e SIFT + ARIA

Alternativamente, as características usadas para construir a base de conhecimento podem ser obtidas a partir da utilização da Transformada SIFT. Neste caso, é definido um indivíduo referência que melhor representa a sua espécie. Para cada imagem I deste indivíduo são extraídos k vetores de características (antígenos), que

constituem a entrada para o algoritmo imunológico artificial: aiNet ou ARIA. Da consequência da aplicação do algoritmo, um conjunto de anticorpos é gerado para cada imagem I , os quais representam as características de referência para a espécie.

O cálculo da afinidade é feito por meio da correspondência entre um antígeno e um anticorpo, por meio do uso do Algoritmo 4. Se o valor da distância euclidiana do anticorpo mais próximo ao antígeno for menor que 60% do valor da distância do segundo anticorpo mais próximo ao antígeno, considera-se que houve correspondência.

Na etapa de classificação, para cada imagem não treinada I são extraídos os antígenos (vetores de características), com os quais são feitas as correspondências entre estes e os anticorpos de cada imagem dos indivíduos de referência de cada espécie de peixe. A imagem do indivíduo de validação é classificada como pertencente a uma determinada classe de acordo com o maior número de correspondências.

A exatidão do sistema é dada pela equação (3.37), isto é, corresponde ao número de imagens corretamente classificadas pelo número total de imagens de validação de uma determinada espécie de peixe.

5 Resultados Experimentais

Este capítulo apresenta e discute os resultados experimentais obtidos por meio da utilização do sistema desenvolvido para classificação automática de espécies de peixes.

Os experimentos realizados neste trabalho são divididos em dois grupos principais. O primeiro grupo de experimentos foi realizado com imagens de indivíduos conservados em formol. Neste caso, dois objetivos principais foram perseguidos: (1) avaliar de forma criteriosa e metodológica a exatidão do sistema de classificação contra variações significativas da orientação 3D dos indivíduos e (2) avaliar a exatidão do sistema diante da ausência da influência do meio aquático.

O segundo grupo de experimentos, por sua vez, foi realizado com imagens de espécies de peixes em um protótipo de um mecanismo de transposição existente no Centro de Pesquisas Hidráulicas e Recursos Hídricos da Universidade Federal de Minas Gerais. Neste caso, por meio do uso de imagens de peixes em uma cena subaquática, buscou-se demonstrar a eficácia do sistema em um cenário mais desafiador que contempla a influência de variáveis do meio aquático no processo de classificação das espécies, tais como, turbidez da água.

As Tabelas 5.1 e 5.2 exibem os parâmetros de configuração dos algoritmos imunológicos (ARIA e aiNet da Seção 3.2.2) empregados na fase estimativa da base de conhecimento. A seguir, os resultados experimentais obtidos são descritos.

5.1 Grupo 1: Indivíduos Conservados em Formol

Para a realização dos experimentos deste grupo, construiu-se uma base de dados composta por imagens de 6 espécies de peixes, a saber: Canivete, Barbado, Cará, Cascudo, Lambari e Tucunaré. Para cada espécie, por sua vez, foram utilizados 3 indivíduos distintos nos experimentos, buscando-se obter uma melhor representatividade

Parâmetros	Significado	Valor
g	Número de gerações	10
σ_d	Limiar de morte natural	1
σ_s	Limiar de supressão	0.01
d	Nº novos anticorpos inseridos na rede	10
n	Nº anticorpos clonados	4

Tabela 5.1: Parâmetros de treinamento da Sistema Imunológico Artificial - AINET.

das características de uma dada espécie. O Anexo B, ao final deste documento, exhibe as imagens do banco de dados criado para os experimentos deste grupo.

De acordo com especialistas da área biológica, durante o nado, os peixes se movimentam com rotações que podem variar de -40° a 40° em torno de um eixo que passe paralelamente ao seu corpo (NERY et al., 2005). Neste contexto, buscando-se simular tais condições de nado, construiu-se o dispositivo ilustrado na Figura 5.1, inspirado naquele proposto por Nery et alii (NERY et al., 2005). Este dispositivo é composto por uma base giratória, a qual é utilizada para sustentar um indivíduo, cuja imagem se deseja obter. Por meio de uma manivela, rotacionou-se a base de -40° a 40° , com saltos de 10° , obtendo-se para cada indivíduo de uma dada espécie 9 imagens representando-o em 9 orientações 3D distintas. Sendo assim, construiu-se uma base de dados composta por 162 imagens (6 espécies \times 3 indivíduos por espécie \times 9 imagens por indivíduo = 162 imagens).

5.1.1 Resultados: ACP + aiNet e ACP + ARIA

No experimento baseado no uso dos algoritmos ACP e aiNet foi aplicado, inicialmente, à entrada da rede Imunológica Artificial, um conjunto de antígenos representado por apenas duas componentes principais ($k = 2$). O resultado desse processo pode ser visto na Figura 5.2, onde as estrelas representam os anticorpos, os quais constituem imagens internas correspondentes ao conjunto de antígenos (vetores de

Parâmetros	Significado	Valor
r^*	Menor Raio	0.01
$decay^*$	Decréscimo da Mutaç�o	1
gen	Número de iterações	10
dim	Dimens�o dos dados de entrada	10 ou 128

Tabela 5.2: Parâmetros de treinamento da Sistema Imunológico Artificial - ARIA.



Figura 5.1: Dispositivo construído para a obtenção das imagens que representam as características de nado dos peixes.

características \hat{x}_k).

Na fase de estimação da base de conhecimento, o uso da técnica ACP permitiu representar bem o conjunto de imagens de entrada, por conseguinte, os indivíduos (padrões) de cada espécie estão bem separados no espaço. Usando idéias inspiradas em mecanismos do sistema imunológico, tais como seleção clonal e supressão da rede (SILVA, 2001), o aiNet encontrou um reduzido número de anticorpos, os quais

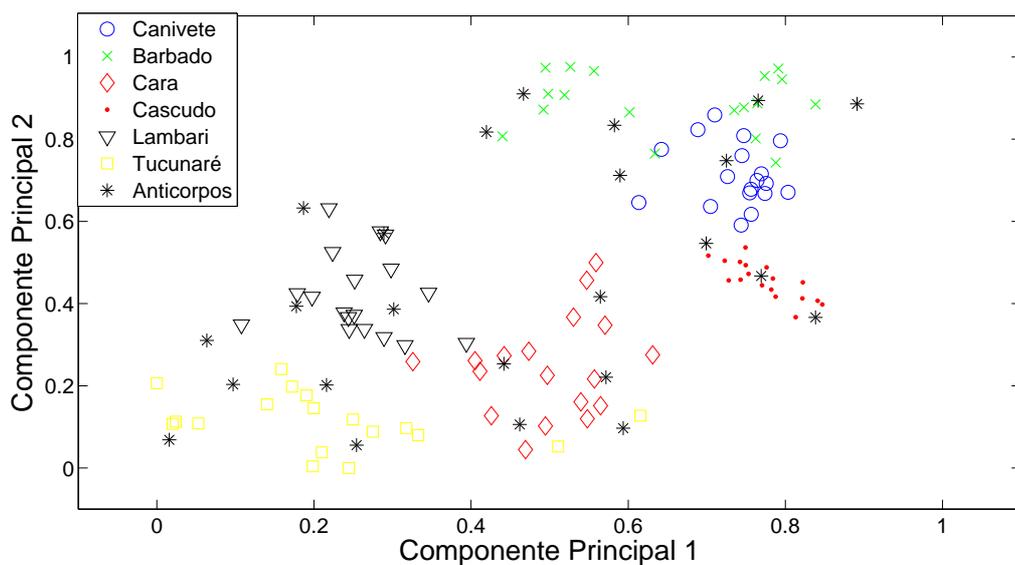


Figura 5.2: Espaço de componentes principais 2D e conjunto de anticorpos obtidos após a utilização do algoritmo imunológico aiNet.

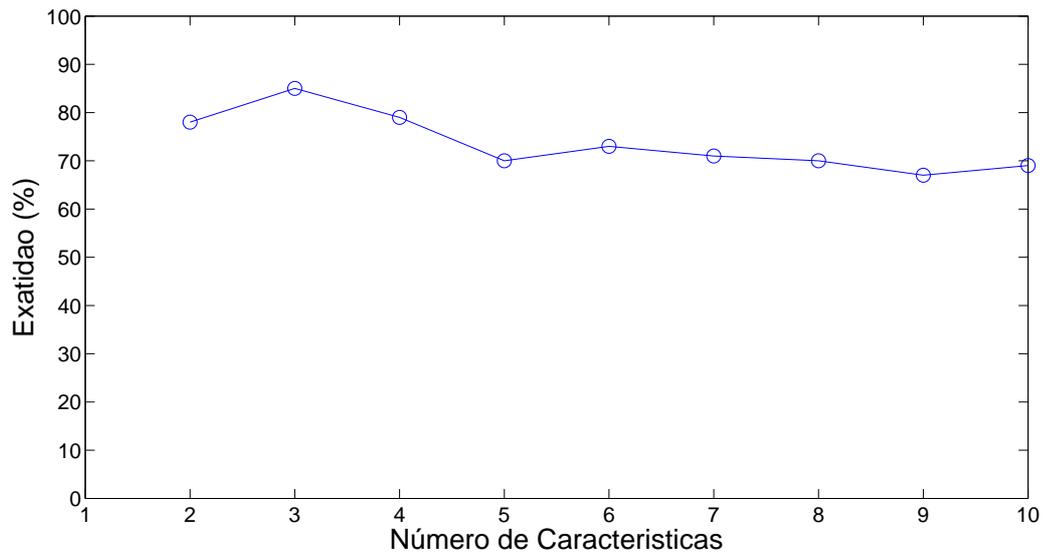


Figura 5.3: Exatidão do sistema de classificação em função do número de componentes principais ($k = \{2, \dots, 10\}$).

competiram entre si para o reconhecimento dos antígenos. Dessa forma, a interpretação das espécies é feita através de uma representação mais compacta. Na fase de classificação, os antígenos obtidos das imagens de validação por meio da técnica ACP foram apresentados aos anticorpos gerados pela aiNet (veja 5.2), os quais foram classificados de acordo com o uso do algoritmo do vizinho mais próximo da Seção 3.3.1 com exatidão de 78%.

A Figura 5.3 ilustra a exatidão do sistema de classificação quando o número de componentes principais ou características discriminantes utilizados no processo de treinamento é aumentado ($k = \{2, \dots, 10\}$). Nesta Figura, pode-se observar que a exatidão máxima de classificação (85%) foi alcançada quando os antígenos com apenas 3 características mais discriminantes, foram apresentados como entrada do classificador. A inclusão de novas características decrementou a eficácia da classificação até atingir a exatidão de 67% ($k = 10$), uma vez que ocorre a queda na taxa de classificação. Estes resultados estão de acordo com a literatura que mostra que o erro está relacionado com o número de características e o número de imagens de exemplo (DUDA R. E HART, 1973). Na fase de classificação, à medida em que se aumentava o número de características, os antígenos obtidos pela transformação da imagem de validação para o espaço ACP foram apresentados aos anticorpos. Aquele antígeno com maior afinidade dada pela técnica do vizinho mais próximo, foi classificado de acordo com a espécie à qual este anticorpo está associado.

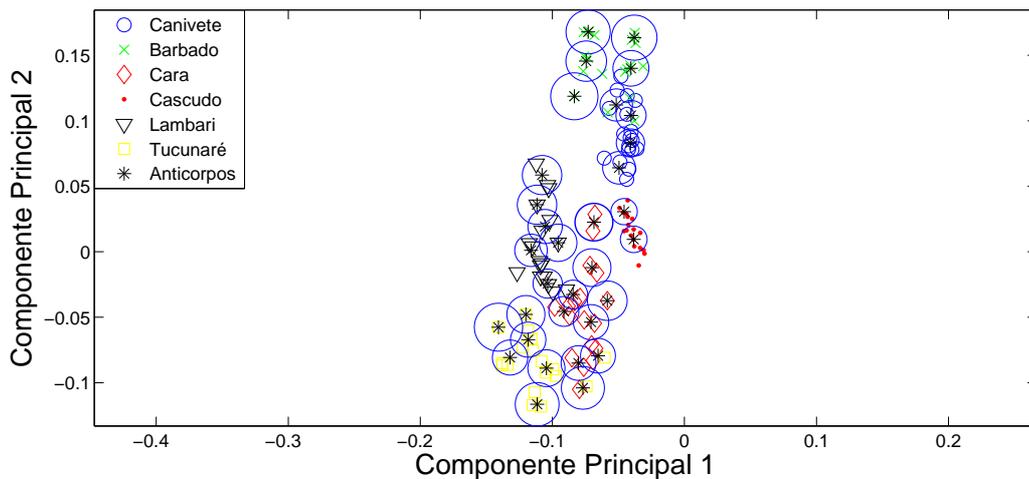


Figura 5.4: Espaço de componentes principais 2D e conjunto de anticorpos obtidos após a utilização do algoritmo imunológico ARIA.

No experimento baseado no uso dos algoritmos ACP e ARIA, tal como no experimento anterior, foi aplicado à entrada de um sistema imune adaptativo, um conjunto de antígenos representado por duas componentes principais ($k = 2$). O resultado pode ser visto na Figura 5.4, onde as estrelas representam os anticorpos e os círculos representam as áreas de cada anticorpo. Estes anticorpos constituem imagens internas do conjunto de antígenos (vetores de características \hat{x}_k). Repare que o número de anticorpos em regiões com maior densidade é maior que na região de menor densidade, mostrando que, embora os dados tenham sido compactados, a informação de densidade foi preservada dentro dos limites possíveis. Os anticorpos em regiões densas possuem menor raio, enquanto que em regiões esparsas tem raios maiores. Na fase de estimação da base de conhecimento, tal como o aiNet, o ARIA permitiu uma representação compacta dos antígenos, através de anticorpos, que competem entre si para o reconhecimento das espécies de uma maneira auto-organizada. Neste caso, o comportamento adaptativo proporcionou uma melhora na exatidão do classificador de 4%.

A seguir e de forma semelhante ao experimento anterior, o classificador foi testado considerando mais características principais ($k = \{2, \dots, 10\}$). A Figura 5.5 ilustra a variação da exatidão do classificador quando o número de componentes principais ou características discriminantes, utilizado no processo de treinamento foi variado.

Nesta Figura, observa-se que o uso do ARIA ao invés do aiNet melhorou o desempenho do classificador: o seu comportamento adaptativo permitiu separar melhor os dados. É possível, também, verificar um comportamento similar ao aiNet, onde o

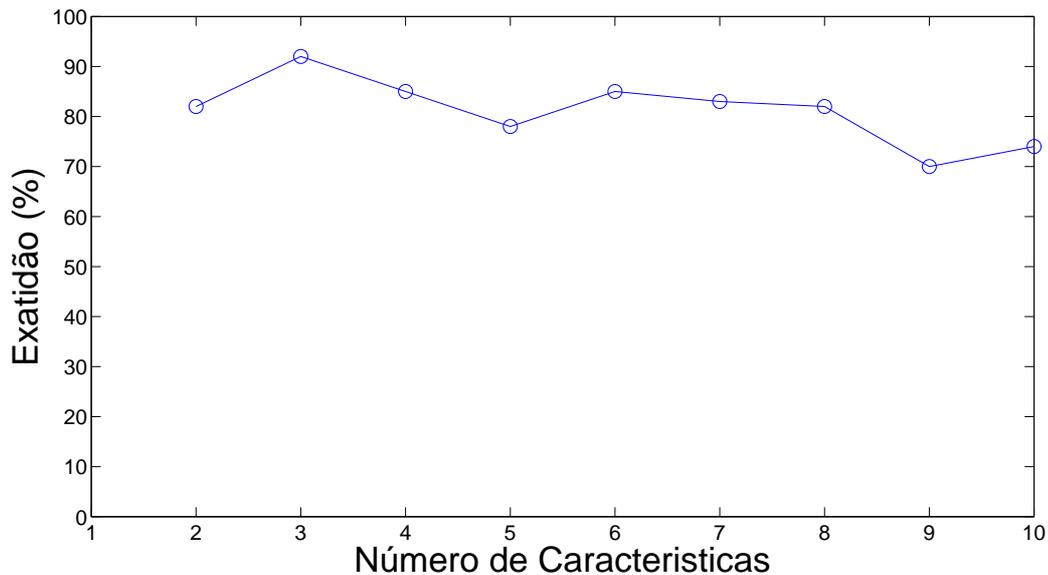


Figura 5.5: Exatidão do sistema de classificação em função do número de componentes principais ($k = \{2, \dots, 10\}$).

número de componentes principais ideal para a representação das espécies do problema em questão é de $k = 3$. Neste caso, a exatidão máxima foi melhorada em 7% quando os antígenos com apenas 3 características mais discriminantes das imagens, foram apresentadas como entrada do classificador. O aumento do número de características impactou na performance do sistema, implicando no decréscimo da exatidão, chegando a 70%.

5.1.2 Resultados: SIFT + aiNet e SIFT + ARIA

No experimento baseado no uso dos algoritmos SIFT e aiNet definiu-se um indivíduo de referência para cada espécie. Para cada uma das 9 imagens (de -40 a 40 graus) deste indivíduo, foram extraídos um conjunto de vetores de características, os quais representam os antígenos de entrada para a rede imunológica artificial. Como resultado têm-se um conjunto de anticorpos que representam aquela espécie em diferentes posições.

Na Figura 5.6, ilustra-se de maneira esquemática a aplicação da técnica. Dada uma imagem I_v de um indivíduo de validação estima-se as correspondências entre os antígenos, que representam esta imagem e os anticorpos de todas as imagens dos indivíduos de referência. Especificamente, calcula-se números de correspondências c_j^i , entre cada par (I_v, I_j^i) , onde i indexa a espécie considerada ($i = 1, \dots, 6$) e j indexa

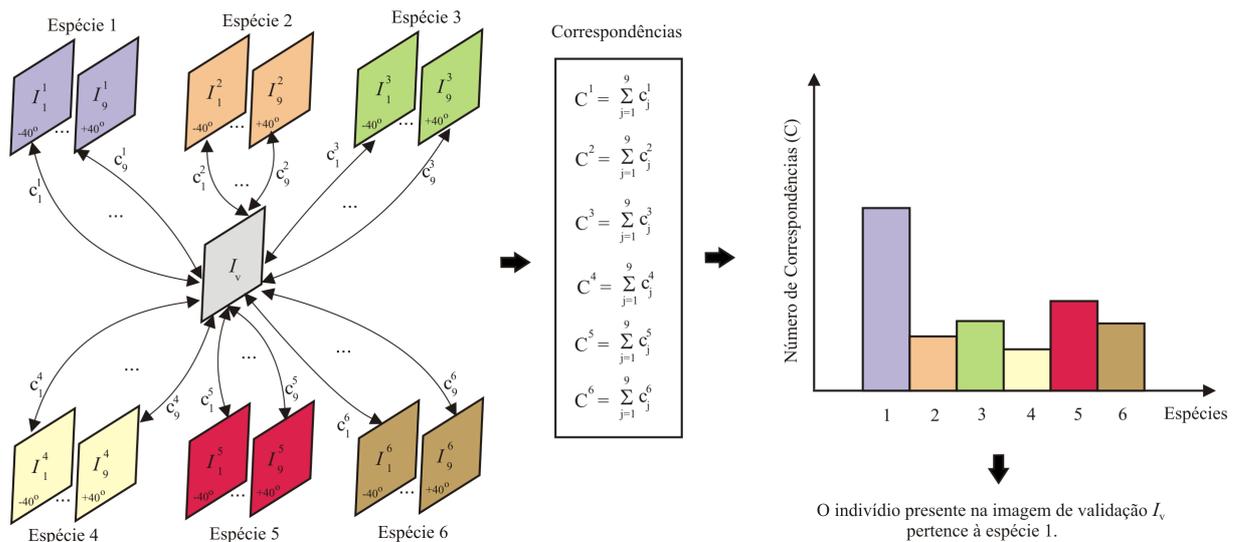


Figura 5.6: Dada uma imagem de validação I_v , determina-se a espécie do indivíduo presente na mesma calculando-se as correspondências $C^i, i = 1, \dots, 6$ entre os antígenos desta imagem com os anticorpos das imagens dos indivíduos de referência de cada uma das seis espécies consideradas. O indivíduo pertencerá à espécie que gerar um maior número de correspondências.

a amostra de imagem do indivíduo de referência a desta espécie ($j = 1, \dots, 9$).

Para cada espécie i , calcula-se então o valor $C^i = \sum_{j=1}^9 c_j^i$, o qual representa o total de correspondências entre os antígenos da imagem de validação I_v e os anticorpos das imagens do indivíduo de referência da espécie em consideração. O indivíduo presente na imagem de validação I_v pertencerá à espécie i que gerar o maior valor C^i . Os valores de C^i podem ser exibidos em gráficos de barras que permitem visualizar a associação do indivíduo presente na imagem I_v a uma dada espécie.

Por exemplo, na Figura 5.7, a amostra de imagem *Img01* de um dos indivíduos de validação da espécie Canivete obteve o maior número de correspondências com indivíduo de referência da espécie Canivete, sendo portanto, classificado corretamente como sendo um peixe desta espécie. Contudo na Figura 5.8, a amostra de imagem *Img01* de um outro indivíduo de validação da espécie Canivete, obteve um maior número de correspondências com o indivíduo de referência Barbado. Portanto, este indivíduo foi classificado de maneira incorreta. O mesmo procedimento foi estendido para todo o banco de dados de imagens de validação. As Figuras A.1 a A.6 do Anexo A exibem as correspondências entre os anticorpos de cada imagem do indivíduo de referência e os antígenos extraídos de cada imagem dos indivíduos de validação.

Os gráficos das Figuras 5.9, 5.10 e 5.11, por sua vez, exibem a influência da

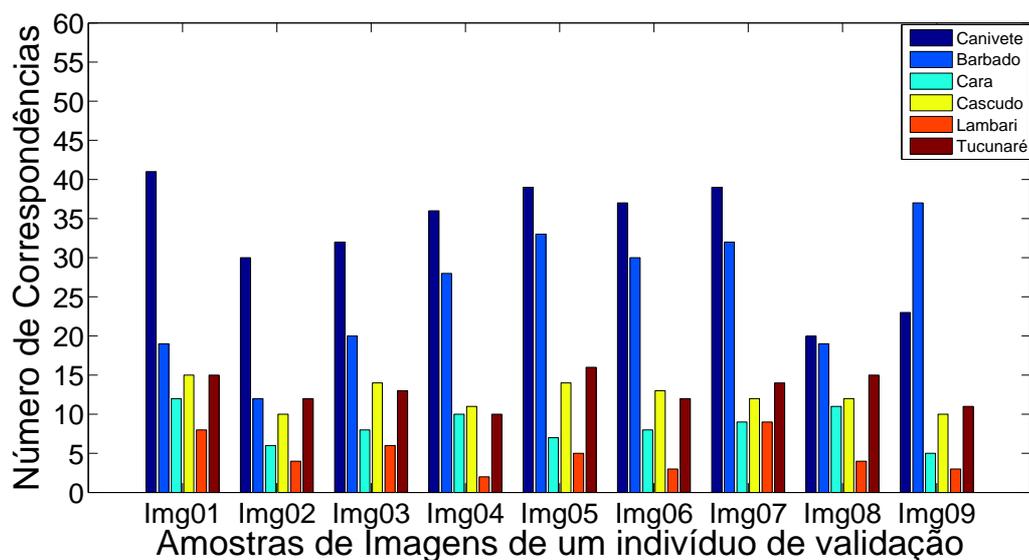


Figura 5.7: Correspondência entre os antígenos das imagens do indivíduo 3 da espécie Canivete e os anticorpos da espécies de referência.

rotação dos indivíduos nos números de correspondências entre os anticorpos das imagens do indivíduo de referência e os antígenos da imagem validação.

Por exemplo, para os antígenos de uma imagem de validação de um dos indivíduos da espécie Tucunaré visualizado num ângulo de -40° , obteve-se o gráfico da Figura 5.9. Os gráficos das Figuras 5.10 e 5.11 exibem os resultados de números de correspondências para o mesmo indivíduo, porém visualizado a 0° e 40° , respectiva-

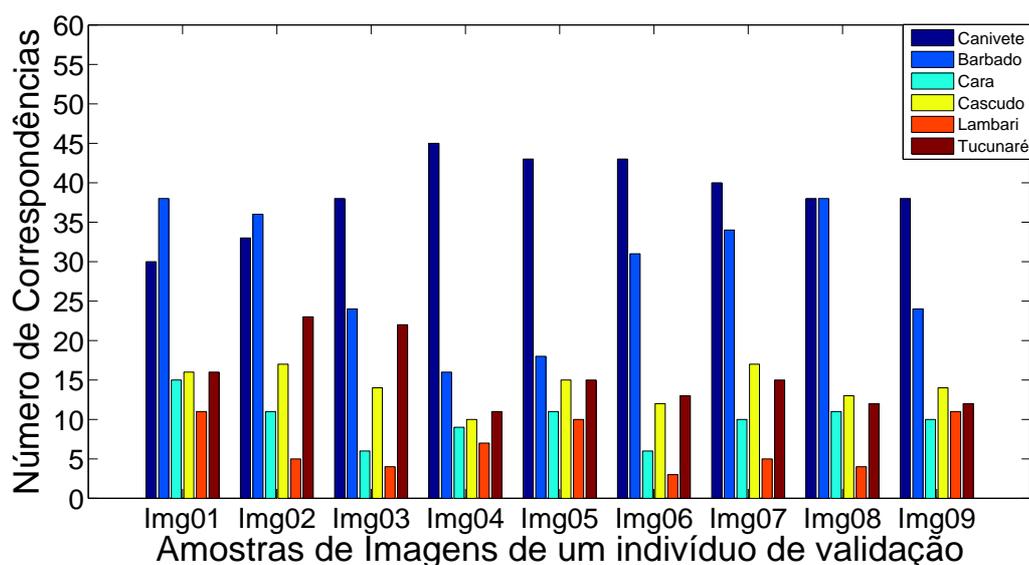


Figura 5.8: Correspondência entre os antígenos das imagens do indivíduo 2 da espécie Canivete e os anticorpos da espécies de referência.

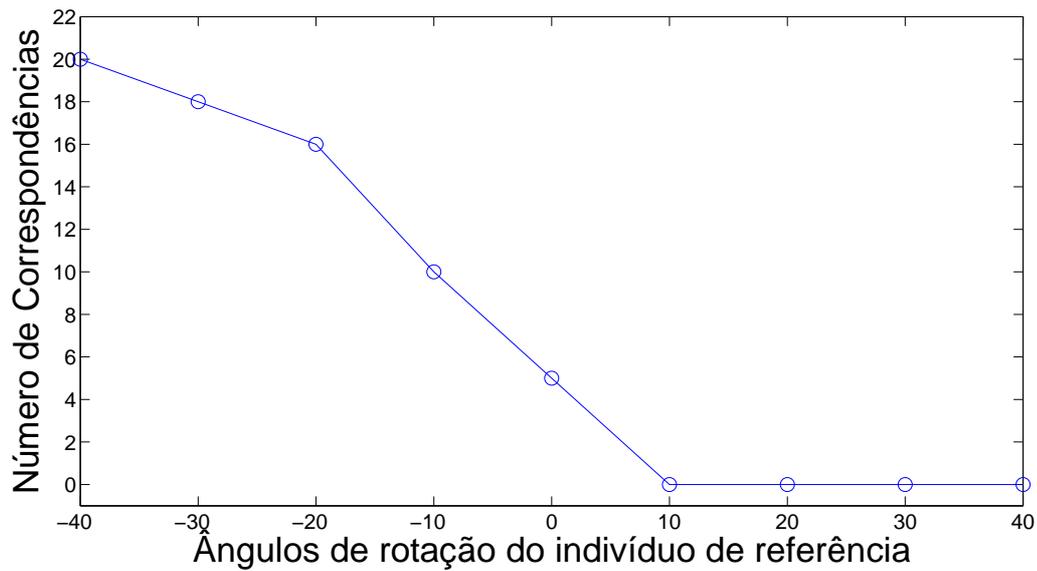


Figura 5.9: Influência do ângulo de rotação do indivíduo de referência da espécie Tucunaré no número de correspondências estimadas com um indivíduo de validação da mesma espécie rotacionado em um ângulo de -40° .

mente. Nestas Figuras observa-se que quanto mais próximo o ângulo do indivíduo de referência do ângulo de rotação do indivíduo de validação, maior o número de correspondências. Portanto, nestes experimentos, SIFT não demonstrou ser invariante a

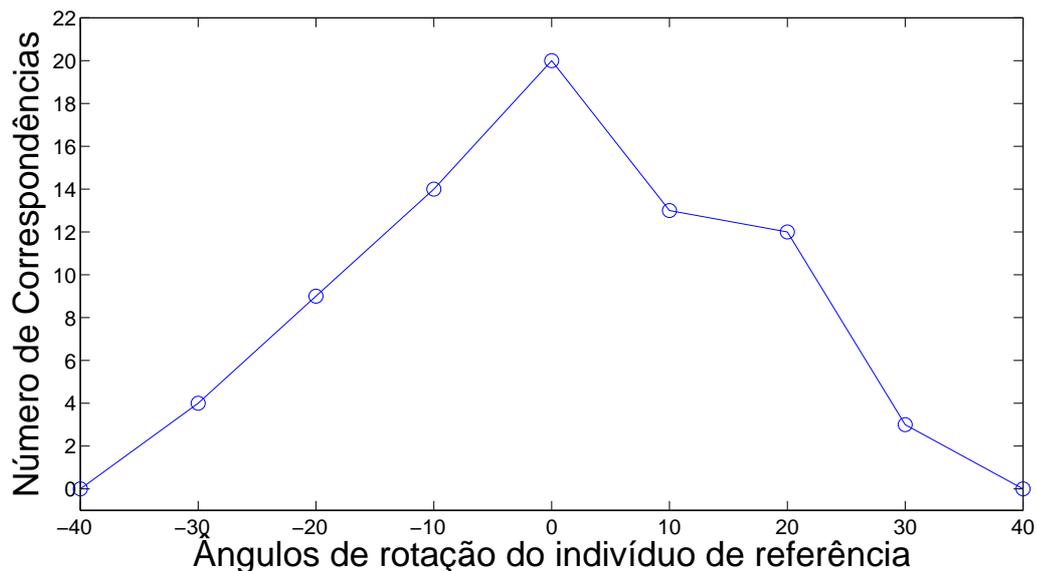


Figura 5.10: Influência do ângulo de rotação do indivíduo de referência da espécie Tucunaré no número de correspondências estimadas com um indivíduo de validação da mesma espécie rotacionado em um ângulo de 0° .

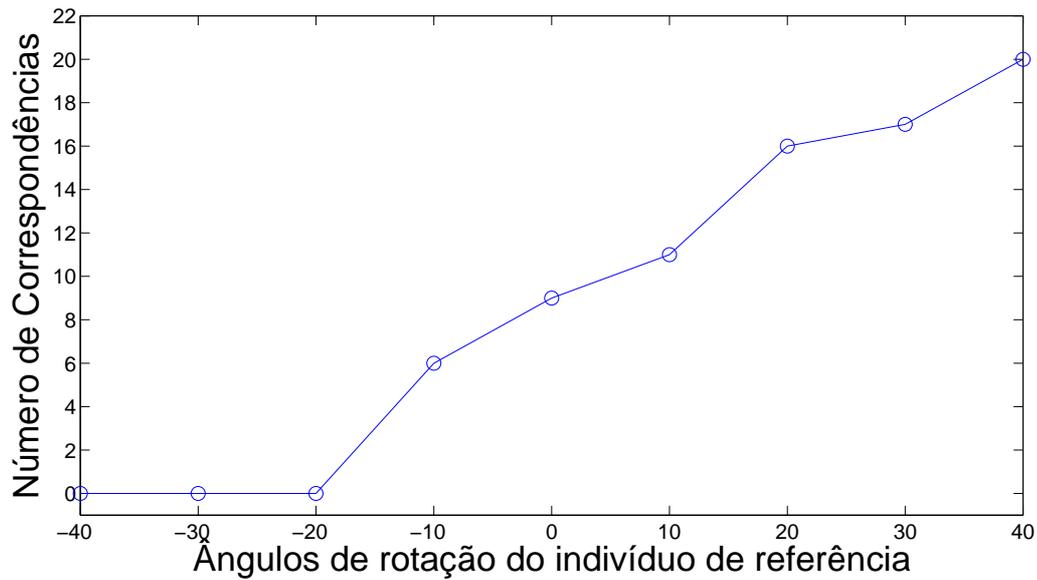


Figura 5.11: Influência do ângulo de rotação do indivíduo de referência da espécie Tucunaré no número de correspondências estimadas com um indivíduo de validação da mesma espécie rotacionado em um ângulo de 40° .

rotação empregada nos indivíduos deste trabalho.

A Figura 5.12 exibe a exatidão do sistema usando SIFT e aiNet para imagens do grupo 1. Na média, o sistema apresentou uma exatidão de 82%. para o uso destas técnicas.

Para o experimento utilizando SIFT e ARIA, um conjunto de antígenos foram ob-

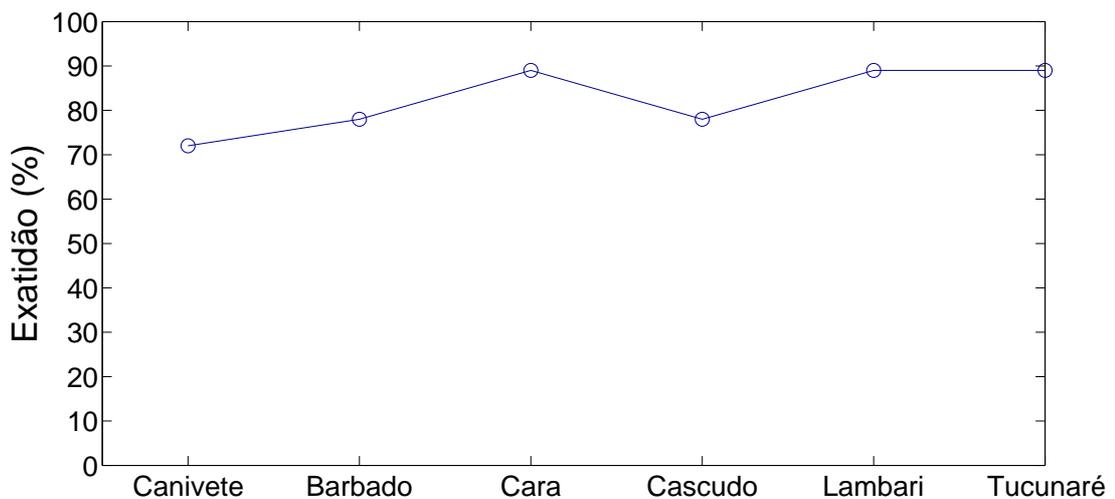


Figura 5.12: Exatidão para as 6 espécies usando SIFT e AINET.

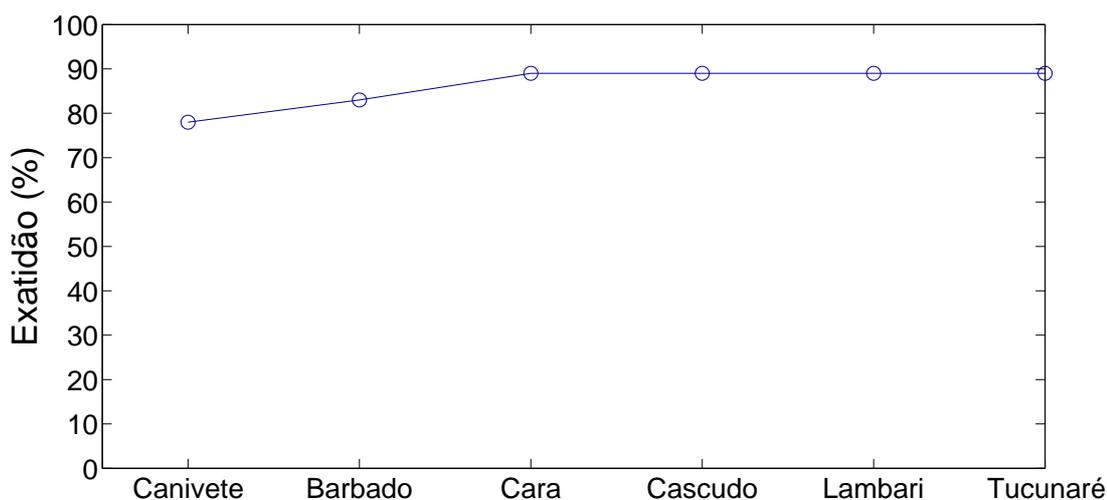


Figura 5.13: Exatidão para as 6 espécies usando SIFT e ARIA.

tidos utilizando-se a mesma técnica do experimento SIFT e aiNet, os quais foram usados para treinar o sistema imune adaptativo (ARIA). Como resultado, obtêve-se um conjunto de anticorpos, os quais constituem representação das imagens dos indivíduos de referências.

Como no experimento SIFT e aiNet, as Figuras A.7 a A.12 do Anexo A exibem as correspondências entre os anticorpos de cada imagem do indivíduo de referência com os antígenos extraídos de cada imagem dos indivíduos de validação.

A Figura 5.13, semelhantemente, exhibe a exatidão do sistema usando as técnicas SIFT e ARIA para imagens do grupo 1. Na média, o sistema apresentou uma exatidão de 86% para o uso destas técnicas.

Observou-se uma melhora na exatidão do classificador usando a técnica ARIA, sendo que a diferença entre a exatidão do primeiro experimento e o segundo foi de 4%. Esta melhor exatidão deve-se, provavelmente, ao fato que o ARIA, que usa um comportamento adaptativo, conseguiu separar melhor os dados.

5.2 Grupo 2: Indivíduos em Uma Cena Subaquática

Para a realização dos experimentos deste grupo, construiu-se uma base de dados composta por imagens de indivíduos vivos em um protótipo de um mecanismo de transposição de peixes existente no Centro de Pesquisas Hidráulicas e Recursos

Hídricos da Universidade Federal de Minas Gerais. Neste caso, testou-se o sistema quanto a sua capacidade de classificar quatro espécies: Carpa, Surubim, Pacu e Cascudo. O Anexo B, ao final deste documento, exibe as imagens do banco de dados criado para os experimentos deste grupo.

Para cada uma das quatro espécies consideradas, havia um único indivíduo presente no mecanismo de transposição. Sabe-se que esta restrição deve ser evitada e que um número maior de indivíduos de uma mesma espécie deve ser utilizado para construir a base de conhecimento do sistema de classificação, buscando-se assim ampliar a representatividade das características da espécie. Esta restrição, contudo, pode ser pouco relevante para algumas espécies de peixes, nas quais indivíduos adultos não costumam apresentar variações significativas em suas características físicas.

Para cada indivíduo foram adquiridas 12 imagens distintas, exibindo os peixes com diferentes orientações e posicionamentos no mecanismo de transposição. Sendo assim, construiu-se uma base de dados composta por 48 imagens ($4 \text{ espécies} \times 1 \text{ indivíduo por espécie} \times 12 \text{ imagens por indivíduo} = 48 \text{ imagens}$).

5.2.1 Resultados: ACP + aiNet e ACP + ARIA

No experimento ACP e aiNet, a rede imunológica artificial foi treinada, inicialmente, com um conjunto de antígenos representado por apenas duas componentes principais ($k = 2$). A distribuição espacial dos antígenos e a distribuição dos anticorpos estimados pela rede imunológica artificial podem ser visto na Figura 5.14. Semelhante ao experimento do grupo 1, na fase de estimação da base de conhecimento, o uso da técnica ACP permitiu representar bem o conjunto de imagens de entrada, por conseguinte, os indivíduos (padrões) de cada espécie estão bem separados no espaço. Por fim, o aiNet encontrou um conjunto compacto de anticorpos que representam as 4 espécies de peixes deste grupo. Na fase de classificação, os antígenos obtidos das imagens de validação por meio da técnica ACP foram apresentados aos anticorpos gerados pela aiNet, os quais foram classificados de acordo com o uso do algoritmo do vizinho mais próximo da Seção 3.3.1 com exatidão de 86%.

A Figura 5.15 ilustra a exatidão do sistema de classificação quando o número de componentes principais ou características discriminantes utilizados no processo de treinamento foi variado. Nesta Figura, pode-se observar que a exatidão máxima de classificação de 92% foi alcançada quando os antígenos com apenas 3 características

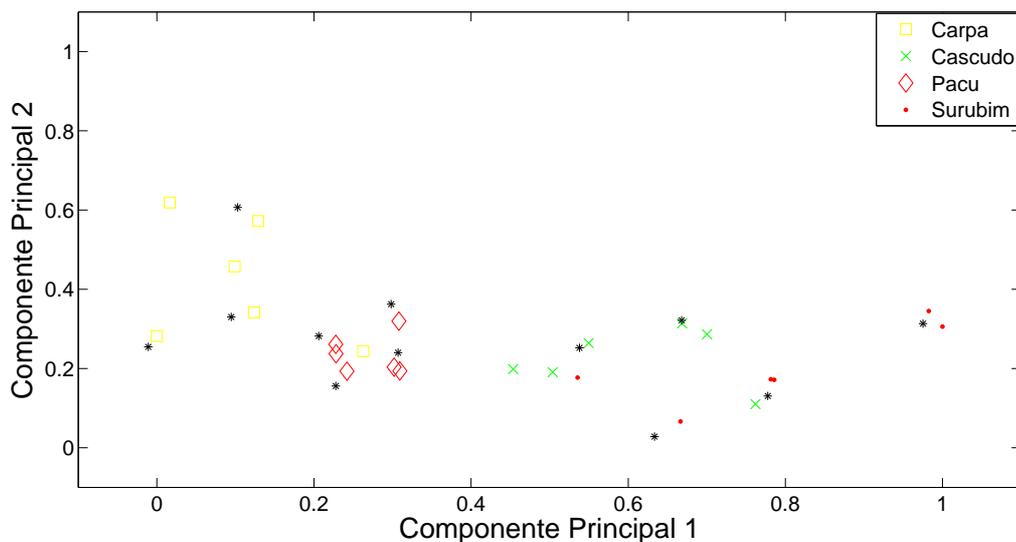


Figura 5.14: Espaço de componentes principais 2D e conjunto de anticorpos obtidos após a utilização do algoritmo imunológico aiNet.

mais discriminantes, foram apresentados como entrada do classificador. A inclusão de novas características decrementou a eficácia da classificação até atingir 71%.

No experimento baseado no uso dos algoritmos ACP e ARIA, tal como no experimento anterior, foi aplicado à entrada de um sistema imune adaptativo um conjunto de antígenos representado por duas componentes principais ($k = 2$). O resultado pode ser visto na Figura 5.16, onde as estrelas representam os anticorpos e os círculos representam as áreas de cada anticorpo. Observa-se que no posicionamento dos anticorpos

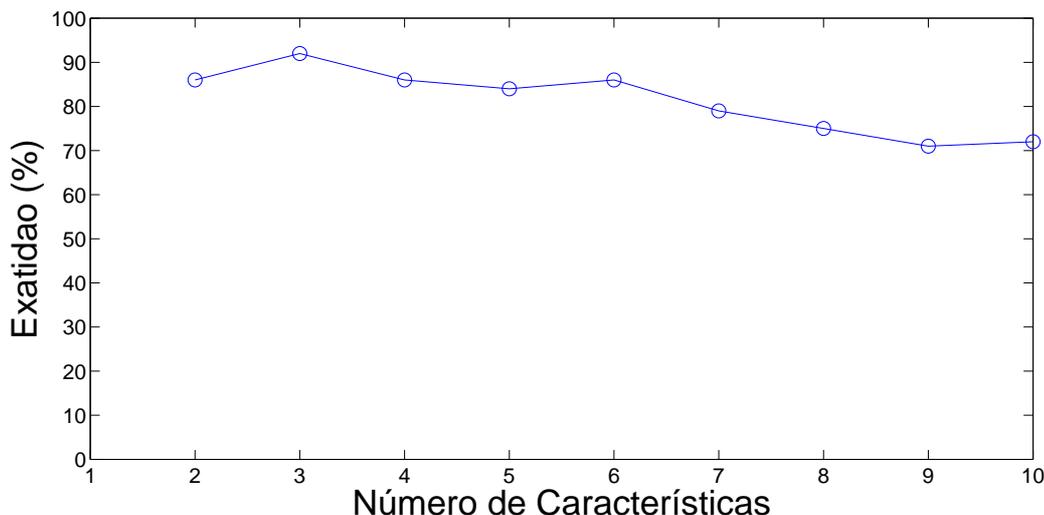


Figura 5.15: Exatidão do sistema de classificação em função do número de componentes principais ($k = \{2, \dots, 10\}$).

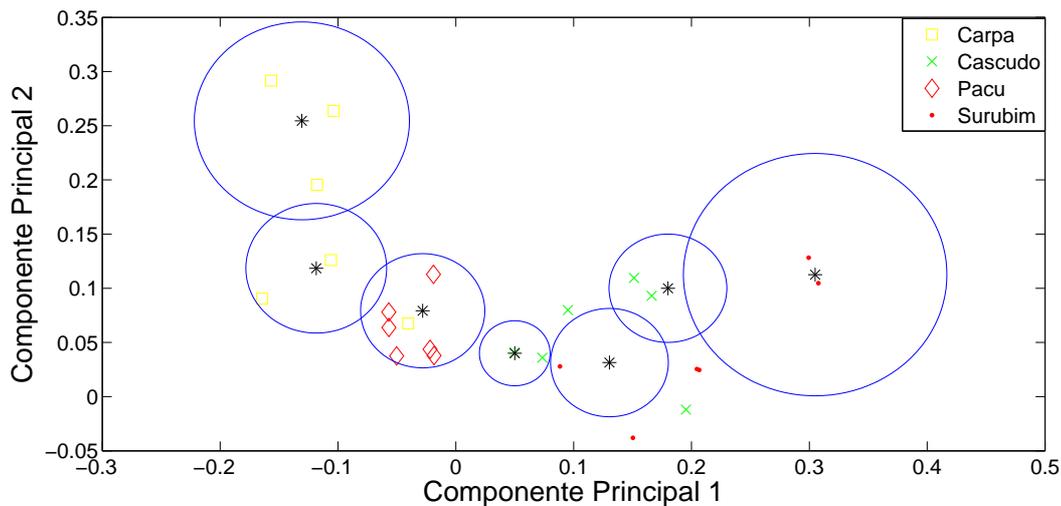


Figura 5.16: Espaço de componentes principais 2D e conjunto de anticorpos obtidos após a utilização do algoritmo imunológico ARIA.

nas regiões mais densas entre o Pacu e a Carpa, e entre o Cascudo e o Suburim, obteve-se um anticorpo com um raio menor em relação as regiões mais esparsas, isto é, o sistema imunológico se adapta a região da distribuição dos antígenos. Na fase de estimação da base de conhecimento, tal como o aiNet, o ARIA permitiu uma representação compacta dos antígenos, através de anticorpos, que competem entre si para o reconhecimento das espécies de uma maneira auto-organizada. Neste caso, o comportamento adaptativo proporcionou uma melhora na exatidão do classificador de 3%.

A seguir e de forma semelhante ao experimento anterior, o classificador foi testado considerando mais características principais ($k = \{2, \dots, 10\}$). A Figura 5.17 ilustra a variação da exatidão do classificador quando o número de componentes principais ou características discriminantes, utilizado no processo de treinamento foi variado. Nesta Figura, é possível observar um comportamento semelhante ao do aiNet, onde o número de componentes principais ideal para a representação das espécies do problema é de $k = 3$. Neste caso, com exatidão máxima de 92% nos dois experimentos. A inclusão de novas características decrementou a eficácia da classificação até atingir 71%.

5.2.2 Resultados: SIFT + aiNet e SIFT + ARIA

Nestes experimentos, semelhantemente ao experimento usando SIFT e aiNet do grupo 1, para cada espécie i , que varia de $i = 1, \dots, 4$, calcula-se então o valor $C^i =$

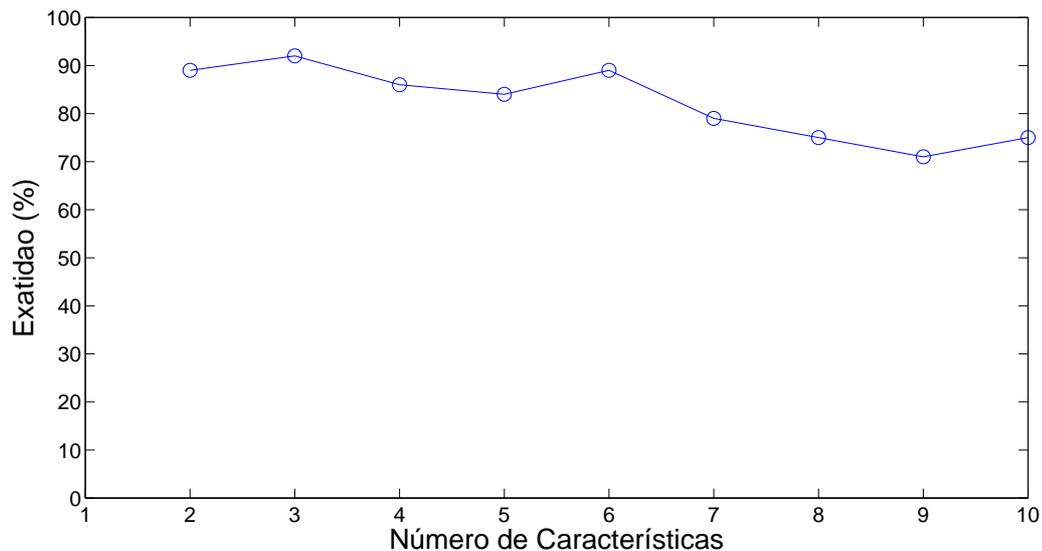


Figura 5.17: Exatidão do sistema de classificação em função do número de componentes principais ($k = \{2, \dots, 10\}$).

$\sum_{j=1}^6 c_j^i$, onde j de $j = 1, \dots, 6$. O indivíduo presente na imagem de validação I_v pertencerá à espécie i que gerar o maior valor C^i .

No experimento do grupo 2 com SIFT e aiNet, durante a fase de estimação da base de conhecimento, um conjunto de antígenos foram obtidos pela técnica SIFT, os quais foram usados para treinar a rede imunológica artificial (aiNet), como resultado obtêve-se um conjunto de anticorpos que representam as imagens do indivíduo. Na fase de classificação, tal como no experimento SIFT e aiNet do grupo 1, as Figuras A.13 e A.14 do anexo A exibem os resultados desta fase.

A Figura 5.18 exhibe a exatidão do sistema usando SIFT e aiNet para imagens do grupo 2. Na média, o sistema apresentou uma exatidão de 75%. para o uso destas técnicas.

Semelhantemente a técnica anterior, as Figuras A.15 e A.16 do Anexo A exibem as correspondências entre os anticorpos de cada imagem do indivíduo de referência e os antígenos extraídos de cada imagem dos indivíduos de validação por meio da técnica SIFT+ARIA.

A Figura 5.19 exhibe a exatidão do sistema usando SIFT e ARIA para imagens do grupo 2. Na média, o sistema apresentou uma exatidão de 79%. Neste caso, é possível observar que houve uma melhora da exatidão do classificador usando a técnica ARIA, sendo que a diferença entre a exatidão do primeiro experimento e o

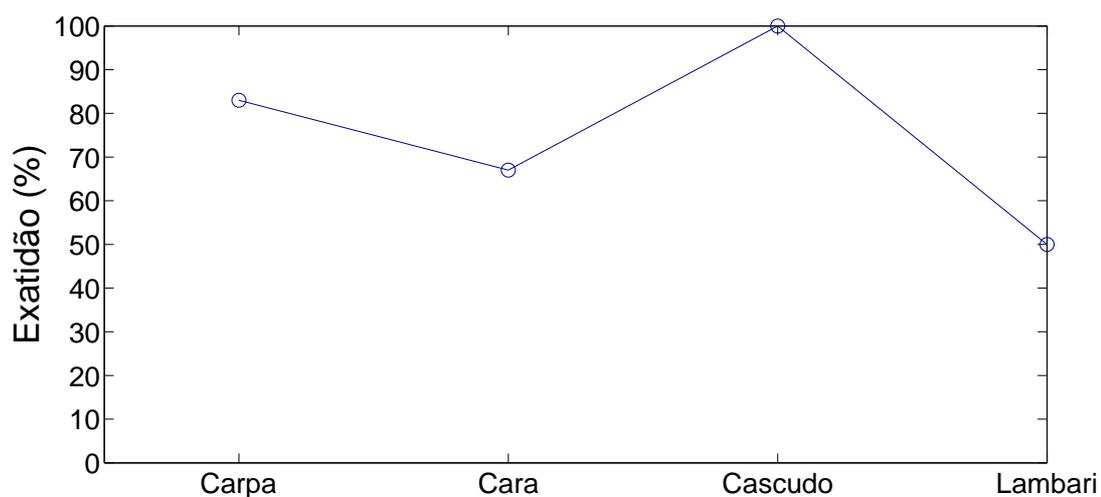


Figura 5.18: Exatidão para as 6 espécies usando SIFT e aiNet.

segundo foi de 4%.

5.3 Discussão

Neste capítulo foram realizados diversos experimentos com o propósito de validar os métodos propostos. Técnicas de extração de características e de agrupamento serviram como base para o sistema de classificação automática de espécies de peixes.

A Análise de Componentes Principais permitiu uma representação compacta dos

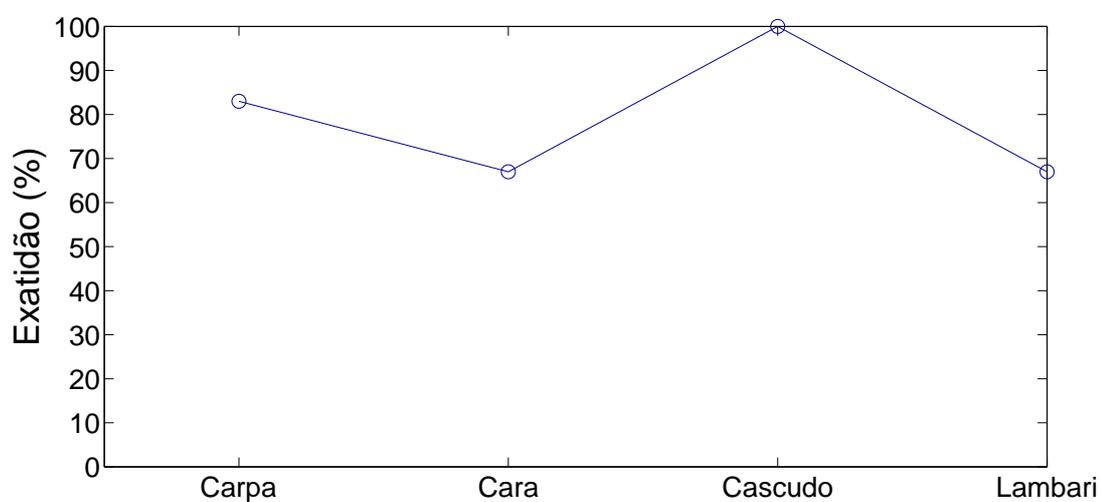


Figura 5.19: Exatidão para as 4 espécies usando SIFT e ARIA.

Técnica	Grupo de Experimentos	Exatidão da classificação
ACP+aiNet	1	85%
ACP+ARIA	1	92%
SIFT+aiNet	1	82%
SIFT+ARIA	1	86%
ACP+aiNet	2	92%
ACP+ARIA	2	92%
SIFT+aiNet	2	75%
SIFT+ARIA	2	79%

Tabela 5.3: Exatidão das técnicas deste trabalho.

dados, conseguindo de maneira adequada representar as espécies de peixes, ou seja, as classes ficaram bem representadas com pouca sobreposição dos dados. A transformada SIFT, por sua vez, obteve bons resultados, porém não se mostrou robusta às rotações empregadas nos indivíduos usados nos experimentos.

Os algoritmos de agrupamento foram aplicados à massa de dados resultantes da extração de características. Apesar das técnicas terem apresentado bons resultados, o algoritmo imunológico ARIA, por meio do raio que se adapta à densidade dos dados, mostrou-se mais adequado.

A Tabela 5.3 sumariza a exatidão dos experimentos realizados. Observa-se que o melhor resultado foi obtido, quando se empregou as técnicas ACP e ARIA nos dois grupos de imagens na fase de estimação da base de dados. A preservação da densidade local dos dados foi determinante para a boa taxa de exatidão do classificador, o que permitiu uma exatidão de 92% para os dois conjuntos de imagens.

Os experimentos, nos quais empregou-se as técnicas SIFT e aiNet e SIFT e ARIA para estimar a base de conhecimento, observa-se a influência do meio aquático nos resultados, fazendo com que a exatidão do classificador piorasse em 7% em ambos os casos.

A razão para o melhor resultado do experimento do grupo 2 em relação ao resultado do grupo 1, nos quais foram empregados as técnicas ACP e aiNet para estimar a base de conhecimento, em primeiro lugar, deve-se ao fato de que os dados já estão bem separados pela técnica ACP. Em segundo lugar, deve-se ao pequeno número de imagens do banco de dados em relação ao número de indivíduos e ao número de amostras. Neste caso, esperava-se que a influência do meio aquático piorasse os resultados.

Ainda é necessário um maior quantidade de experimentos, utilizando técnicas es-

estatísticas de teste de hipóteses, para que se possa determinar realmente a superioridade da técnica usando o algoritmo ARIA e o algoritmo aiNet.

Por fim, além dos bons resultados obtidos pelo sistema de classificação automática de peixes, este possui uma outra importante propriedade: *modularidade*. Por exemplo, independentemente de qual método é empregado no módulo de extração de características da fase de estimação da base de conhecimento, o módulo de agrupamento continua a funcionar normalmente. O mesmo conceito de modularidade pode ser estendido para a fase de classificação. Neste caso, profissionais da área podem trabalhar com o sistema de classificação de acordo com a técnica que melhor se adapte ao problema.

6 Conclusões e Perspectivas Futuras

Um sistema de classificação de objetos deve ser eficaz e eficiente. A eficácia está relacionada com a representação abstrata do objeto na imagem, enquanto a eficiência vem da organização destas representações. Este trabalho apresenta técnicas ou estratégias para melhorar a eficiência e a eficácia dos sistemas de classificação automática de espécies de peixes, baseando-se no uso de Análise de Componentes Principais, transformação SIFT e Sistemas Imunológicos Artificiais. Dessa forma, a partir de uma imagem adquirida por uma câmera estacionária não calibrada, com um único objeto (peixe) em um ambiente com iluminação controlada é possível determinar a qual classe pertence o objeto (peixe) segmentado na imagem.

Quanto à eficácia da representação das características, este trabalho apresenta primeiramente a técnica ACP, a qual permite representar a imagem de uma maneira compacta. Em um segundo momento, é apresentada a transformada SIFT para a representação de pontos chaves da imagem.

Em relação as questões de eficiência, este trabalho apresenta o aiNet e o ARIA, que são algoritmos bio-inspirados no sistema imunológico, os quais a partir da eficácia da representação das imagens, buscam a otimização de soluções candidatas, denominadas anticorpos. Aumentando a concentração de soluções e as submetendo a um processo de mutação, estes algoritmos visam obter novas e possivelmente melhores soluções. Cada, anticorpo, na população representa uma possível solução candidata para a descrição dos antígenos, que correspondem aos vetores de características.

No Capítulo 5 foram efetuados experimentos que mostraram o desempenho das técnicas de extração de características e de agrupamento, segundo a modelagem proposta do Capítulo 4. Através de seu funcionamento na prática, o sistema de classificação é validado. Uma vez feita a representação das características das imagens são aplicados algoritmos de agrupamento baseados no sistema imunológico artificial,

o que permite a separação dos vetores de características em classes de espécies. Os experimentos em grupos de imagens subaquáticas e de imagens conservadas em formol demonstram a relevância da técnica, obtendo exatidão superior à 90% de classificação, o que sugere o uso com sucesso da técnica, similar ao de sistemas de classificação apresentados na literatura.

Assim sendo, a principal contribuição é a implementação de um sistema de classificação automática de espécies de peixes modular, baseado em análise de imagens e sistemas imunológicos artificiais, diferentemente dos sistemas manuais que se demonstram onerosos ao processo produtivo, seja na escada de peixe de uma usina hidrelétrica, seja na inspeção das espécies em processos automatizados da indústria pesqueira.

Como consequência dos resultados experimentais, alguns trabalhos foram publicados:

1. RODRIGUES, Marco T. A.; PÁDUA, Flávio L. C. & ROGÉRIO, Martins G. *Classificação de espécies de peixes por meio de Sistemas Imunológicos Artificiais e análise de componentes principais*. XVII Congresso Brasileiro de Automática. 2008.
2. RODRIGUES, Marco T. A.; PÁDUA, Flávio L. C. & ROGÉRIO, Martins G. *Visão Computacional e Sistemas Imunológicos Artificiais aplicados à classificação automática de espécies de peixes*. X Encontro de Modelagem Matemática Computacional. 2008.
3. RODRIGUES, Marco T. A.; PÁDUA, Flávio L. C. & ROGÉRIO, Martins G. *Classificação de faces por meio de Redes Neurais artificiais e análise de componentes principais*. X Encontro de Modelagem Matemática Computacional. 2007.

Além dos artigos listados acima, um artigo para o Simposium Brasileiro de Computação Gráfica e Processamento de Imagens (Sibgrapi-2009) resumindo todos os resultados obtidos por esta dissertação está sendo escrito. De forma similar, pretende-se escrever para a revista Controle e Automação da Sociedade Brasileira de Automação.

Como perspectivas futuras, pretende-se investigar a eficiência e escalabilidade do sistema de classificação automática de espécies de peixes em tempo real. Para isso objetiva-se adicionar estruturas de indexação de forma a reduzir o tempo computa-

cional e aumentar o número de indivíduos e amostras. As estruturas de indexação, são técnicas mais utilizadas na recuperação de imagens, para reduzir o tempo de processamento de uma consulta de acordo com uma métrica (por exemplo, distância euclidiana). Contudo, na maioria dessas técnicas, é comprometida pela sobreposição dos dados, características comum na recuperação de imagem. Nesse contexto, um trabalho futuro consiste em comparar essas técnicas tanto do ponto de vista quantitativo quanto qualitativo (JR et al., 2002; MUJA; LOWE, 2009).

Uma importante informação a ser incluída é a ocorrência de cada espécie. Tal informação constitui um dado importante para discriminar duas imagens que, eventualmente, são erroneamente classificadas. Com tal informação, o classificador tenderá classificar uma determinada imagem na classe w_i ao invés de w_j , uma vez que a probabilidade da classe w_i seja maior que a da classe w_j .

Por fim, uma possível melhoria futura para o sistema de classificação é a inclusão do conceito de *relevance feedback* - realimentação de relevância (XU et al., 2003; YAN; HAUPTMANN, 2007; LEW, 2001), ou seja, para cada imagem de peixe que for classificada de forma correta, os vetores de características, que a compõe, serão inseridos na Base de Conhecimento, de maneira a permitir uma possível melhora na exatidão do classificador para uma nova classificação.

Referências Bibliográficas

- BEEMAN J.W, R. D. W.; TILSON, M. E. Assessing smoltification of juvenile spring chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*) using changes in body morphology. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, v. 198, p. 169–177, 1994.
- BERMEJO, S.; MONEGAL, B. Fish Age Analysis and Classification with Kernel Methods. *Pattern Recognition Letters Archive*, v. 28, n. 10, p. 1164–1171, 2007.
- BEZERRA, G. B.; BARRA, T. V.; CASTRO, L. N. d. Adaptive radius immune algorithm for data clustering. *ICARIS*, v. 3627, p. 290–303, 2005. ISSN 0302-9743.
- BRAGA, A. P.; CARVALHO, A. C.; LUDERMIR, T. B. *Redes Neurais Artificiais: Teoria e Aplicações*. [S.l.]: LTC, 2000.
- CADIEUX, S.; LALONDE, F.; MICHAUD, F. Intelligent System for Automated Fish Sorting and Counting. *Proceedings of the IEEE/RSJ International Conference on Intelligent Robots and Systems (IROS)*, v. 2, n. 6859238, p. 1279–1284, 2000.
- CASTRO, L. N. d.; TIMMIS, J. *Artificial Immune Systems: A New Computational Intelligence Approach*. [S.l.]: Paperback, 2002.
- CASTRO, L. N. d.; ZUBEN, F. J. V. ainet: An artificial immune network for data analysis. *Idea Group Publishing*, mar. 2001.
- COVER, T. M.; HART, P. E. Nearest neighbor pattern classification. *IEEE: Trans. on Information Theory*, v. 13, n. 1, p. 21–27, 1967.
- DASGUPTA, D. *Artificial Immune Systems and their Applications*. Berlin: Springer Verlag, 1998.
- DIOS, J. R. M. de; SERNA, C.; OLLERO, A. Computer vision and robotics techniques in fish farms. *Robotica*, Cambridge University Press, New York, NY, USA, v. 21, n. 3, p. 233–243, 2003. ISSN 0263-5747.
- DUDA R. E HART, P. Pattern classification and scene analysis. *Wiley*, 1973.
- FAUGERAS, O. *Three-dimensional computer vision : a geometric viewpoint*. [S.l.]: MIT Press, 1993.
- FISH Base. mar. 2009. Disponível em: <<http://www.fishbase.org>>.
- FORSYTH, D. A.; PONCE, J. *Computer Vision: A Modern Approach (Hardcover)*. [S.l.]: Prentice Hall, 2003.
- GARRETT, S. How do we evaluate artificial immune systems? *Evolutionary Computation*, v. 13, n. 2, 2005.

- GODINHO H. AND. GODINHO, A. Fish Communities in Southeastern Brazilian River Basins Submitted to Hydroelectric Impoundments. *Acta Lim. Brasiliensia*, v. 5, p. 187–197, 1994.
- GONZALEZ RAFAEL C. & WOODS, E. R. *Processamento de Imagens Digitais*. First. [S.l.]: Edgar Blücher, 2000.
- GUIA Peixes. mar. 2009. Disponível em: <<http://www.duke-energy.com.br>>.
- HARRALICK, R.; SHANMUGANM, K. Textural features for image classification. *IEEE: Transactions on Systems, Man and Cybernetics*, v. 2, n. 10, p. 610–621, 1973.
- HARTLEY, R.; ZISSERMAN, A. *Multiple View Geometry in Computer Vision*. Second. [S.l.]: Cambridge University Press, 2004.
- HATCH D. R. WAND, A. P. D. R.; SCHWARTZBERG. The feasibility of documenting and estimating adult fish passage at large hydroelectric facilities in the snake river using video technology. *U.S. Department of Energy, Bonneville Power Administration - Division of Fish and Wildlife*, 1993.
- HAYKIN, S. *Neural Network*. [S.l.]: Prentice Hall PTR, 1998.
- HU, M. K. Visual pattern recognition by moment invariants. *IRE Transactions Information Theory*, p. 8(2):179–187, 1962.
- JOLLIFFE, I. *Principal Component Analysis*. 2. ed. [S.l.]: Springer, 2002.
- JR, C. T. et al. Fast indexing and visualization of metric data sets using slim trees. *IEEE: Transactions on Knowledge and data Engineering*, v. 14, n. 2, p. 244–260, 2002.
- JUNIOR, J. G. d. A. *Recuperação de Imagens por Cor Utilizando Análise de Distribuição Discreta de Características*. Dissertação (Mestrado) — Unicamp, ago. 2007.
- KORATH, J. M.; ABBAS, A.; ROMAGNOLI, J. A. A clustering approach for the separation of touching edges in particle images. *PARTICLE & PARTICLE SYSTEMS CHARACTERIZATION*, WILEY-VCH VERLAG GMBH, PO BOX 10 11 61, D-69451 WEINHEIM, GERMANY, 25, n. 2, p. 142–153, 2008.
- KULINCHENKO, A.; SIMPSON, P.; DENNY, G. Tethered fish data collection and species classification: Prince William Sound bottomfish. *Geoscience and Remote Sensing Symposium, 2004. IGARSS '04. Proceedings. 2004 IEEE International*, v. 2, p. 1439–1443 vol.2, Sept. 2004.
- LEE, D. et al. An Automated Fish Species Classification and Migration Monitoring System. In: *The 29th Annual Conference of the IEEE Industrial Electronics Society*. [S.l.: s.n.], 2003. p. 1080–1085.
- LEVNER, I.; ZHANG, H.; GREINER, R. Heterogeneous stacking for classification-driven watershed segmentation. *EURASIP JOURNAL ON ADVANCES IN SIGNAL PROCESSING*, HINDAWI PUBLISHING CORPORATION, 410 PARK AVENUE, 15TH FLOOR, #287 PMB, NEW YORK, NY 10022 USA, 2008.

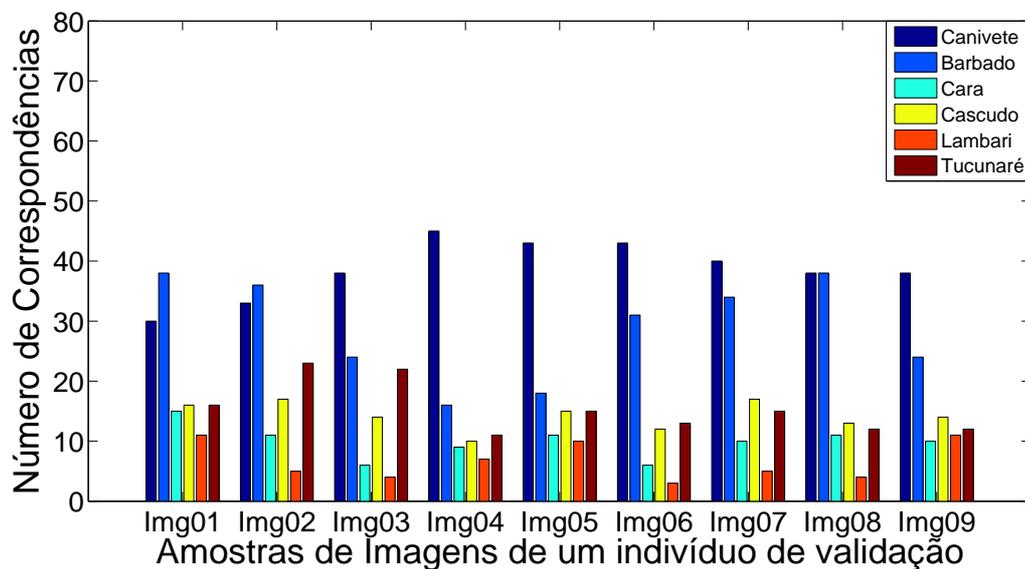
- LEW, M. S. *Principles of Visual Information Retrieval (Advances in Patter Recognition)*. [S.l.]: Springer, 2001.
- LINDEBERG, T. Feature detection with automatic scale selection. *International Journal of Computer Vision* 30, v. 38, n. 10, p. 20–30, 1998.
- LOWE, D. G. Object recognition from local scale-invariant features. *Proceedings of the International Conference on Computer Vision 2*, v. 13, n. 2, p. 109–126, 1999.
- LOWE, D. G. Distinctive image features from scale-invariant keypoints. *International Journal of Computer Vision*, v. 3627, n. 12, p. 91–110, 2004.
- MCCULLOCH, W.; PITTS, W. A logical calculus of the ideas immanent in nervous activity. *Bulletin of Mathematical Biophysics*, 1943.
- MESQUITA, F. O. et al. A Preliminary Study into the Effectiveness of Stroboscopic Light as an Aversive Stimulus for Fish. *Applied Animal Behaviour Science*, v. 12, n. 10, p. 12–17, 2007.
- MORAIS, E. et al. Particle filter-based predictive tracking for robust fish counting. *Computer Graphics and Image Processing, 2005. SIBGRAPI 2005. 18th Brazilian Symposium on*, p. 367–374, Oct. 2005. ISSN 1530-1834.
- MORAIS, E. et al. Particle Filter-based Predictive Tracking for Robust Fish Counting. In: *Brazilian Symposium on Computer Graphics and Image Processing*. [S.l.: s.n.], 2005. p. 367–374.
- MUJA, M.; LOWE, D. G. Fast approximate nearest neighbors with automatic algorithm configuration. *International Conference on Computer Vision Theory and Applications*, v. 2, n. 10, p. 20–12, 2009.
- NERY, M. et al. Determining the Appropriate Feature Set for Effective Fish Classification Tasks. In: *Brazilian Symposium on Computer Graphics and Image Processing*. [S.l.: s.n.], 2005. p. 173–180.
- PEARSON, K. On Lines and Planes of Closest Fit to Systems of Points in Space. *Philosophical Magazine*, v. 2, p. 559–572, 1901.
- POMPEU, P. S.; MARTINEZ, C. B. Study of the Necessary Mechanical Modifications for the Operational Optimization of the Santa Clara dam's Fish Lift. In: *18th International Congress of Mechanical Engineering*. Ouro Preto: [s.n.], 2005.
- PROGRAMA de Aceleração do Crescimento. janeiro 2009. Disponível em: <<https://www.pac.gov.br>>.
- ROVA, A.; MORI, G.; DILL, L. One Fish, Two Fish, Butterfish, Trumpeter: Recognizing Fish in Underwater Video. In: *IAPR Conference on Machine Vision Applications*. [S.l.: s.n.], 2007.
- SANTOS, H. A.; POMPEU, P. S.; MARTINEZ, C. B. In: . [S.l.: s.n.].
- SILVA, L. N. C. *Engenharia Imunológica: Desenvolvimento e aplicação de ferramentas computacionais inspiradas em sistemas imunológicas artificias*. Tese (Doutorado) — Universidade Estadual de Campinas, May 2001.

- STRANSKY, C. et al. Otolith shape analysis as a tool for stock separation of horse mackerel (*trachurus trachurus*) in the northeast atlantic and mediterranean. *Fisheries research*, 2007. ISSN 0165-7836.
- TIMMIS, J.; NEAL, M.; HUNT, J. M. An artificial immune system for data analysis. *Byosystems*, 2000.
- TRUCCO, E.; VERRI, A. *Introductory Techniques for 3-D Computer Vision Year of Publication*. [S.l.]: Prentice Hall PTR., 1998.
- V., C. et al. An immune algorithm for protein structure prediction on lattice models. *Transactions on Evolutionary Computation*, v. 11, n. 1, p. 30–40, 2007.
- WOYNAROVICH, E. The Hydroelectric Power Plants and the Fish Fauna. *Verh. Int. Verein. Limnol.*, v. 24, p. 2531–2536, 1991.
- XU, Z. et al. A hybrid relevance feedback approach to text retrieval. *Proceedings of 25th European Conference on Information Retrieval Research*, p. 2633: 81–193, 2003.
- YAN, R.; HAUPTMANN, A. G. A review of text and image retrieval approaches for broadcast news video information retrieval. *Information Retrieval*, 2007.
- ZION, B. et al. Real-time underwater sorting of edible fish species. *Comput. Electron. Agric.*, Elsevier Science Publishers B. V., Amsterdam, The Netherlands, The Netherlands, v. 56, n. 1, p. 34–45, 2007. ISSN 0168-1699.
- ZION, B. et al. Classification of guppie's (*poecilia reticulata*) gender by computer vision. *Aquacultural Engineering*, v. 38, n. 2, p. 97–104, abr. 2008.
- ZION, B.; SHKLYAR, A.; KARPLUS, I. Sorting fish by computer vision. *Institute of Agricultural Engineering, Agricultural Research Organization, The Volcani Center PO Box 6, Bet Dagan 50250, Israel*, 1999.
- ZUCHINI, M. H. *Aplicação de métodos auto organizáveis em mineração de dados e recuperação da informação*. Dissertação (Mestrado) — UNICAMP, 2003.

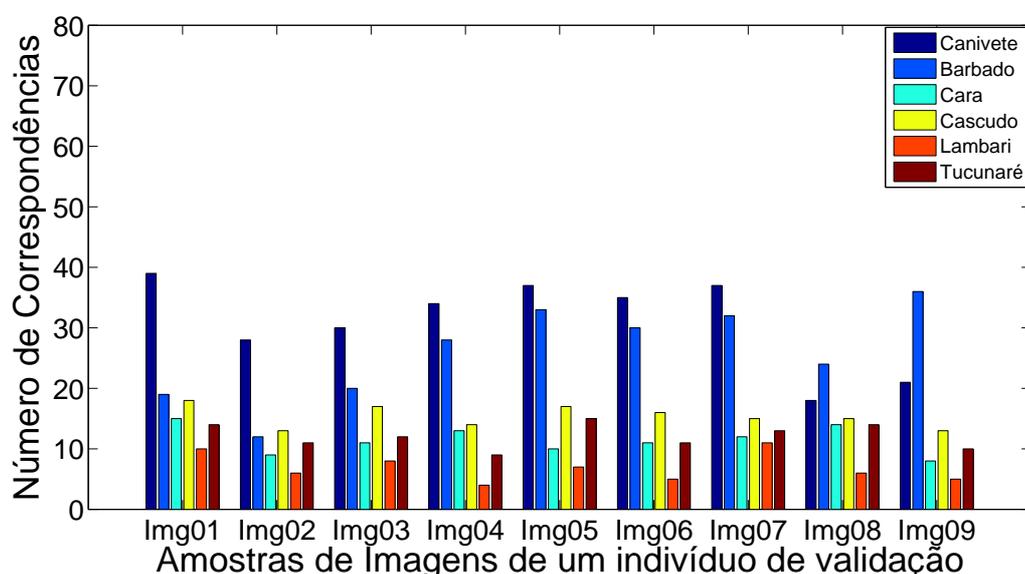
ANEXO A – Correspondências entre Imagens.

As Figuras A.1 a A.12 exibem os resultados dos cálculos de correspondências entre imagens de indivíduos conservados em formol. Especificamente, as Figuras A.1 a A.6 exibem as correspondências entre os anticorpos de cada imagem do indivíduo de referência e os antígenos extraídos de cada imagem dos indivíduos de validação por meio do algoritmo aiNet. Por outro lado, as Figuras A.7 a A.12 exibem as correspondências entre os anticorpos de cada imagem do indivíduo de referência com os antígenos extraídos de cada imagem dos indivíduos de validação por meio do algoritmo ARIA.

Finalmente, as Figuras A.13 a A.16 exibem os resultados dos cálculos de correspondências entre imagens obtidas em um protótipo de um mecanismo de transposição de peixes existente no Centro de Pesquisas Hidráulicas e Recursos Hídricos da Universidade Federal de Minas Gerais. As Figuras A.13 e A.14 exibem as correspondências entre os anticorpos de cada imagem do indivíduo de referência e os antígenos extraídos de cada imagem dos indivíduos de validação por meio do algoritmo aiNet. As Figuras A.15 e A.16 exibem as correspondências entre os anticorpos de cada imagem do indivíduo de referência e os antígenos extraídos de cada imagem dos indivíduos de validação por meio do algoritmo ARIA.

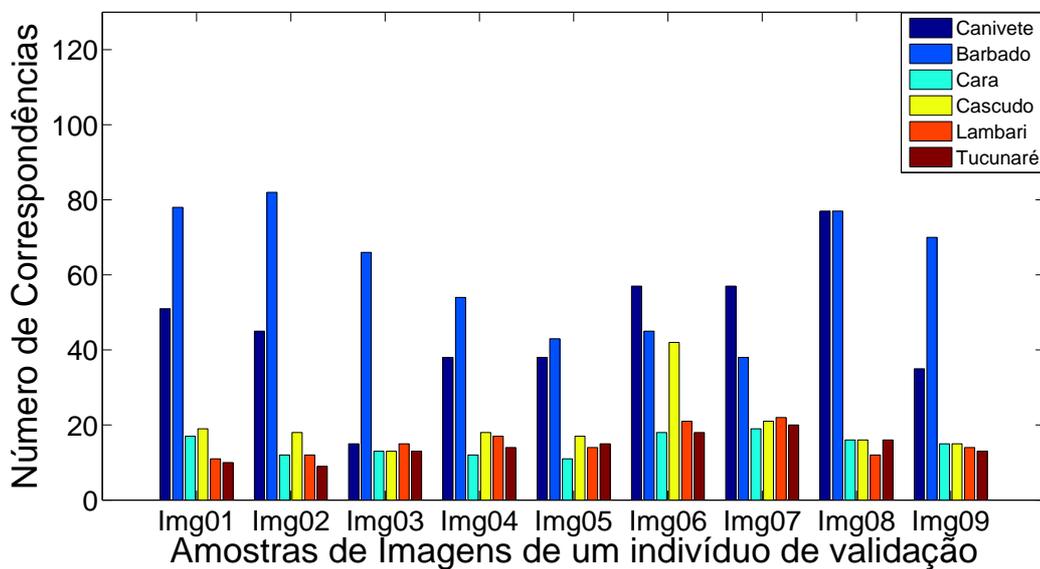


(a) 2º Indivíduo da espécie Canivete

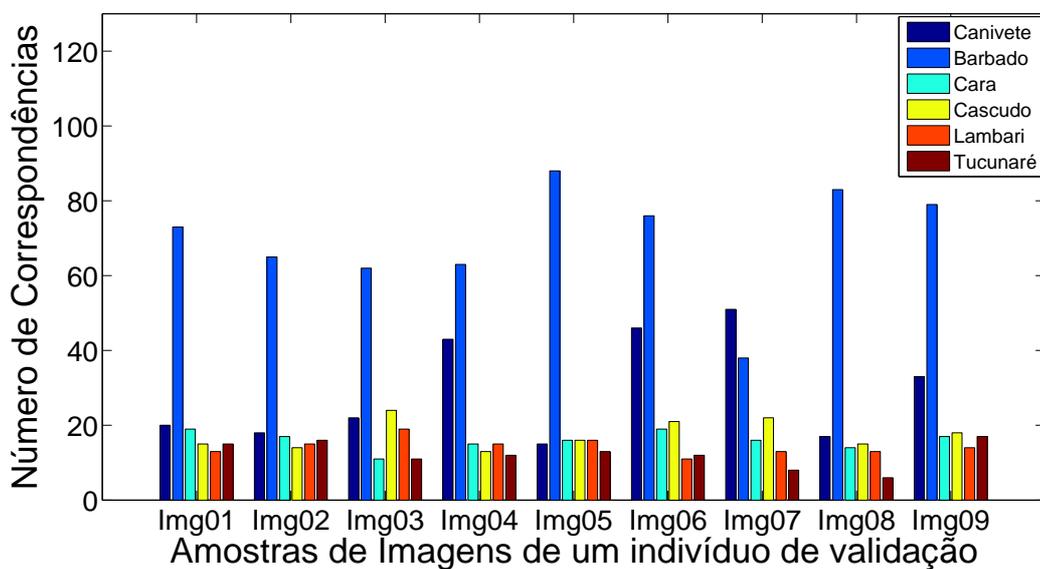


(b) 3º Indivíduo da Espécie Canivete

Figura A.1: Correspondências entre os antígenos das imagens de validação de indivíduos da espécie Canivete e os anticorpos das imagens dos indivíduos de referência de todas as espécies conservadas em formol. Utilizou-se, neste caso, o algoritmo aiNet como técnica de agrupamento de dados.

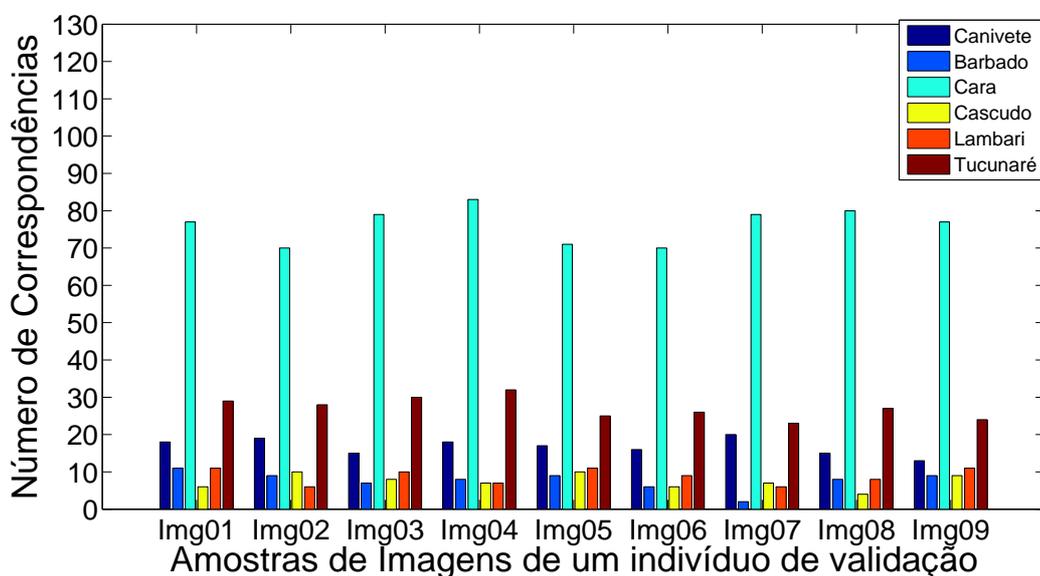


(a) 2º Indivíduo da espécie Barbado

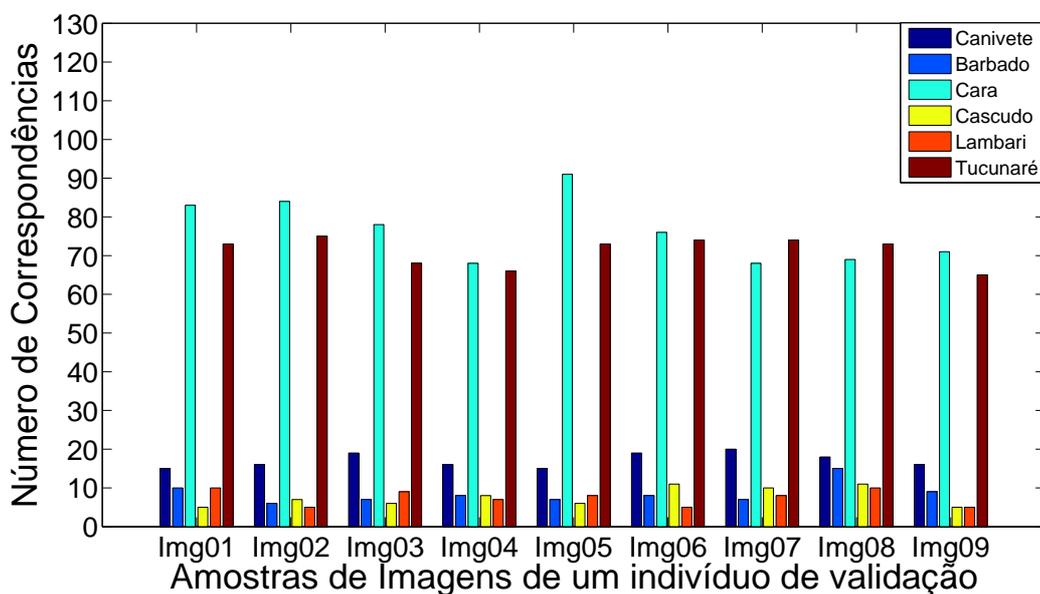


(b) 3º Indivíduo da Espécie Barbado

Figura A.2: Correspondências entre os antígenos das imagens de validação de indivíduos da espécie Canivete e os anticorpos das imagens dos indivíduos de referência de todas as espécies conservadas em formol. Utilizou-se, neste caso, o algoritmo aiNet como técnica de agrupamento de dados.

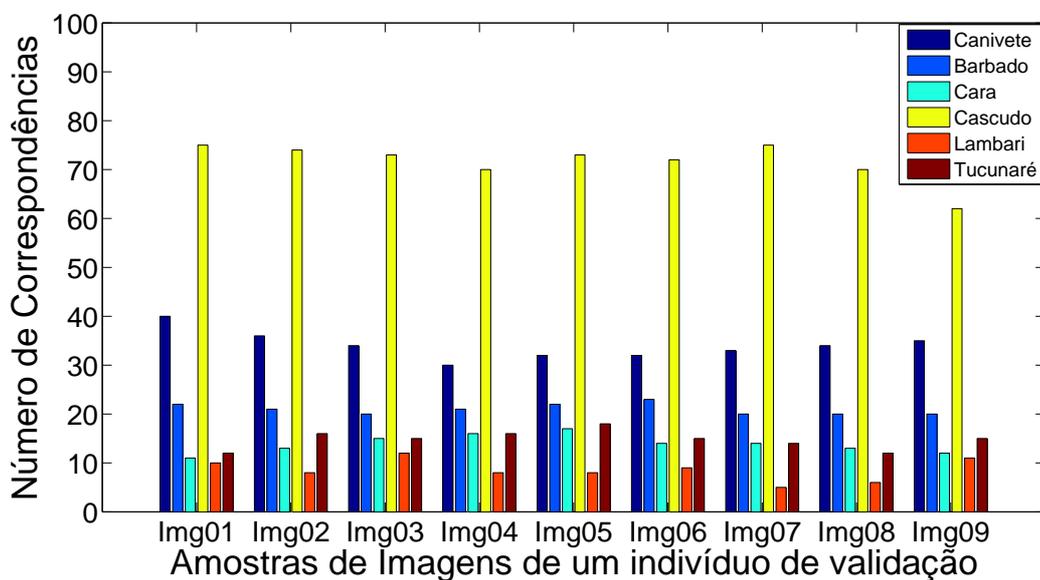


(a) 2º Indivíduo da espécie Cara

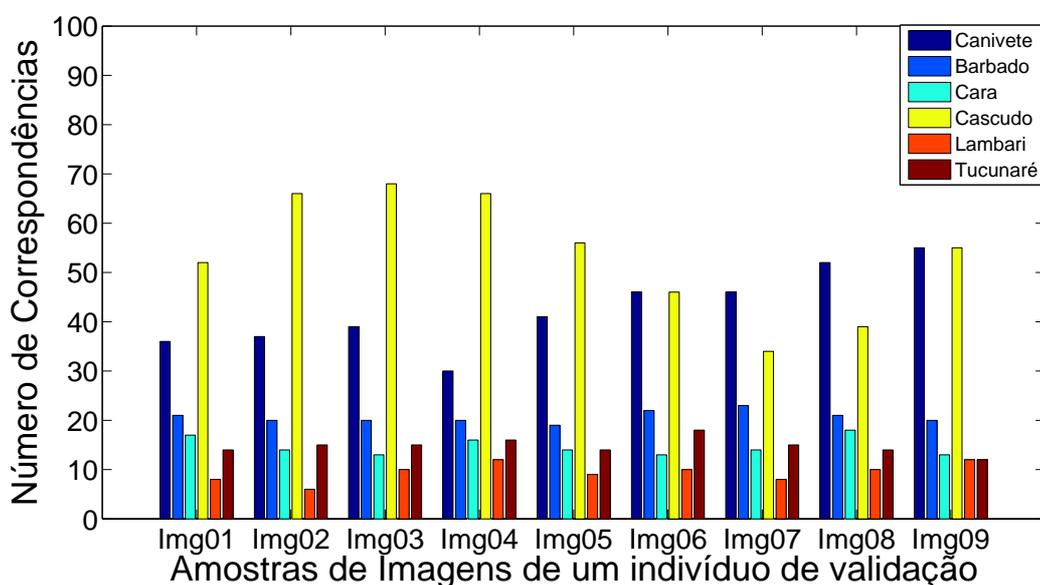


(b) 3º Indivíduo da Espécie Cara

Figura A.3: Correspondências entre os antígenos das imagens de validação de indivíduos da espécie Cara e os anticorpos das imagens dos indivíduos de referência de todas as espécies conservadas em formol. Utilizou-se, neste caso, o algoritmo aiNet como técnica de agrupamento de dados.

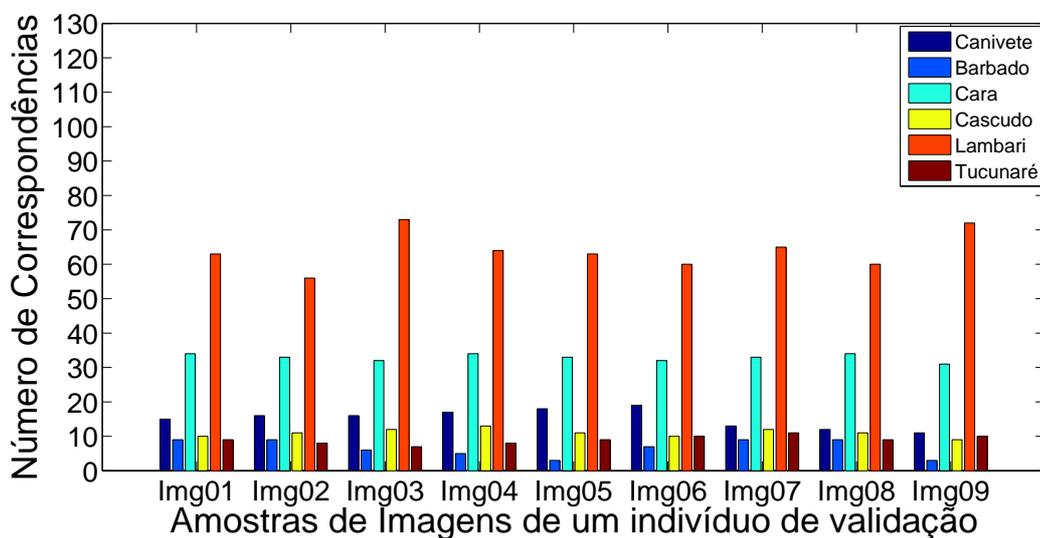


(a) 2º Indivíduo da espécie Cascudo

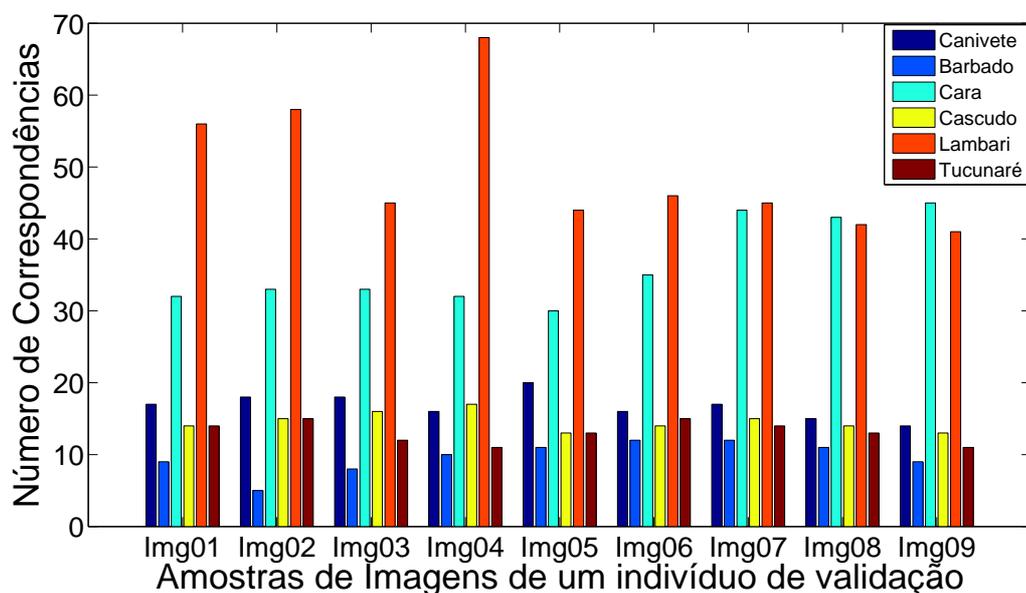


(b) 3º Indivíduo da Espécie Cascudo

Figura A.4: Correspondências entre os antígenos das imagens de validação de indivíduos da espécie Cascudo e os anticorpos das imagens dos indivíduos de referência de todas as espécies conservadas em formol. Utilizou-se, neste caso, o algoritmo aiNet como técnica de agrupamento de dados.

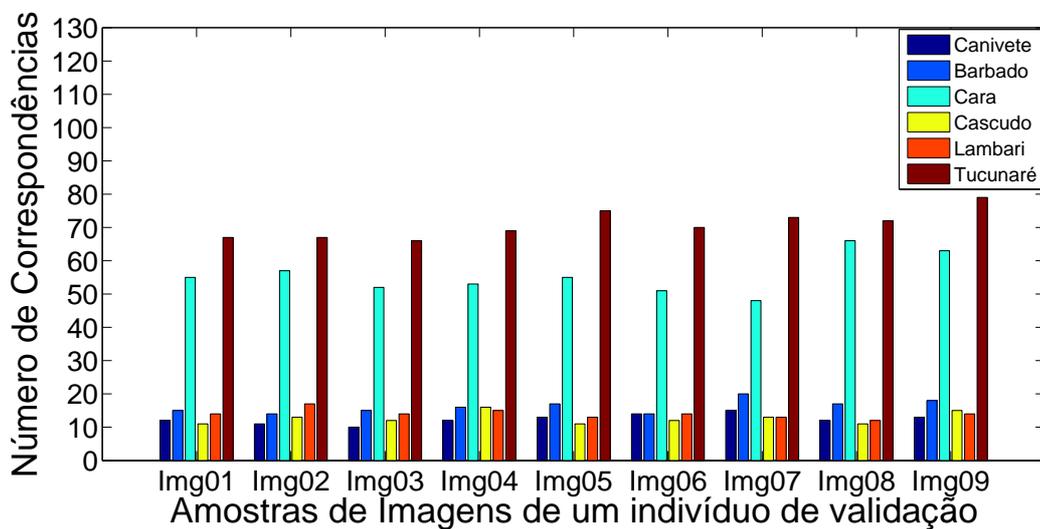


(a) 2º Indivíduo da espécie Lambari

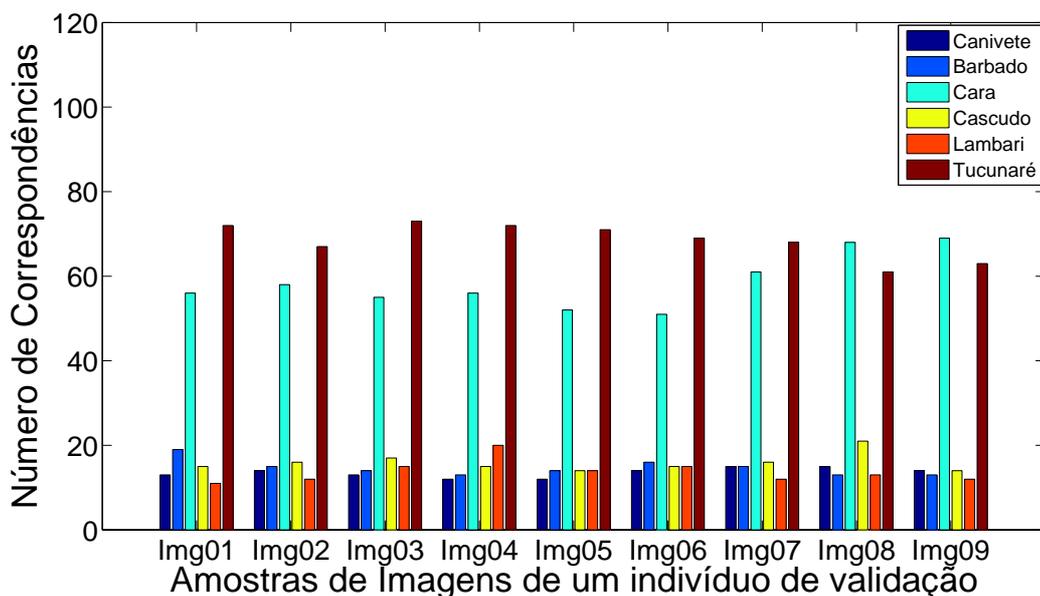


(b) 3º Indivíduo da Espécie Lambari

Figura A.5: Correspondências entre os antígenos das imagens de validação de indivíduos da espécie Lambari e os anticorpos das imagens dos indivíduos de referência de todas as espécies conservadas em formol. Utilizou-se, neste caso, o algoritmo aiNet como técnica de agrupamento de dados.

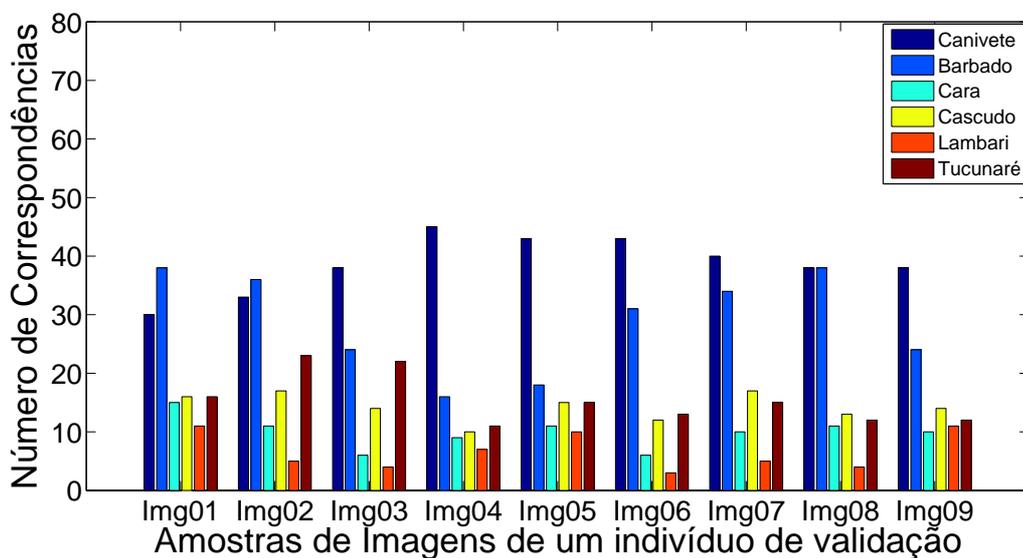


(a) 2º Indivíduo da espécie Tucunaré

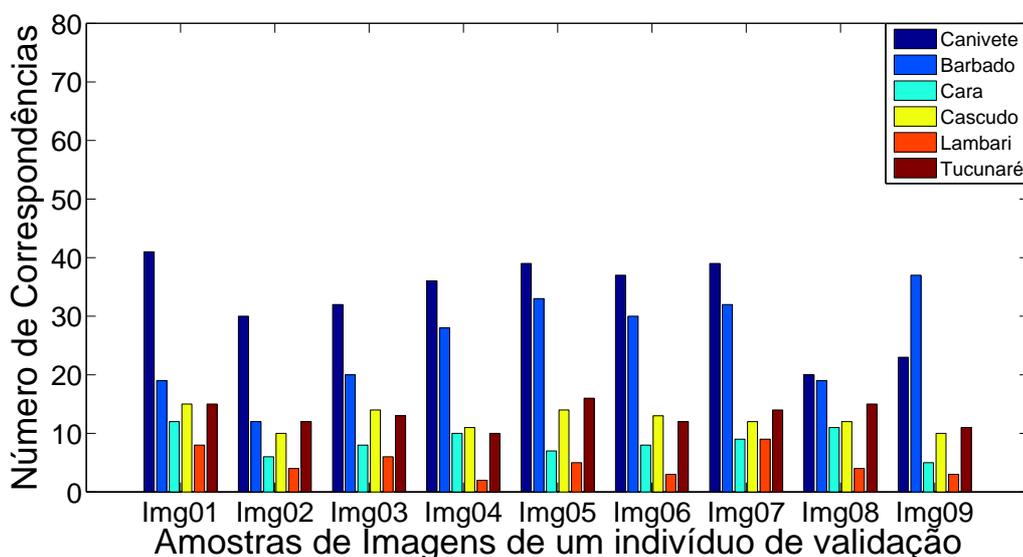


(b) 3º Indivíduo da Espécie Tucunaré

Figura A.6: Correspondências entre os antígenos das imagens de validação de indivíduos da espécie Tucunaré e os anticorpos das imagens dos indivíduos de referência de todas as espécies conservadas em formol. Utilizou-se, neste caso, o algoritmo aiNet como técnica de agrupamento de dados.

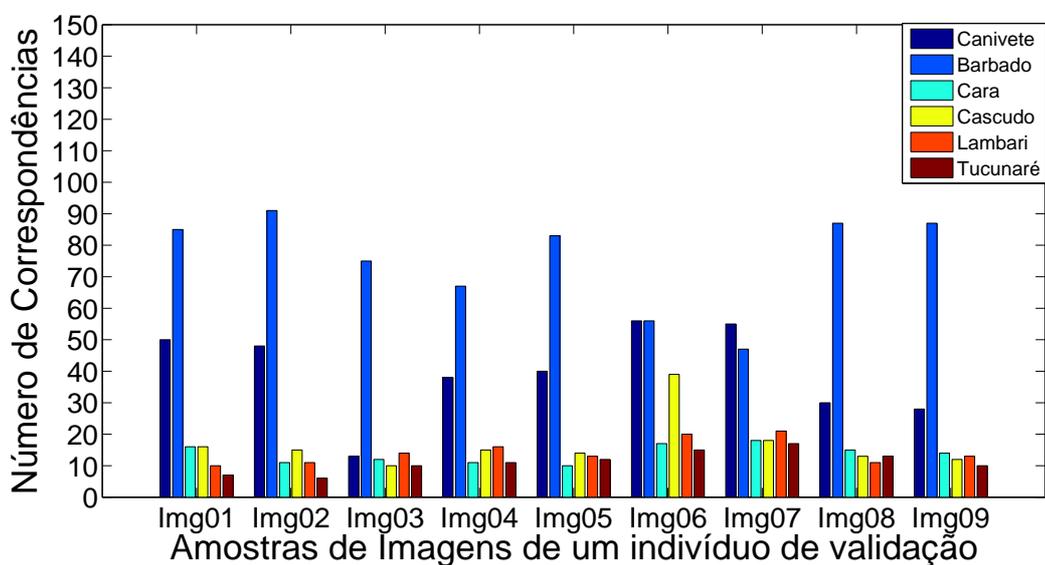


(a) 2º Indivíduo da espécie Canivete

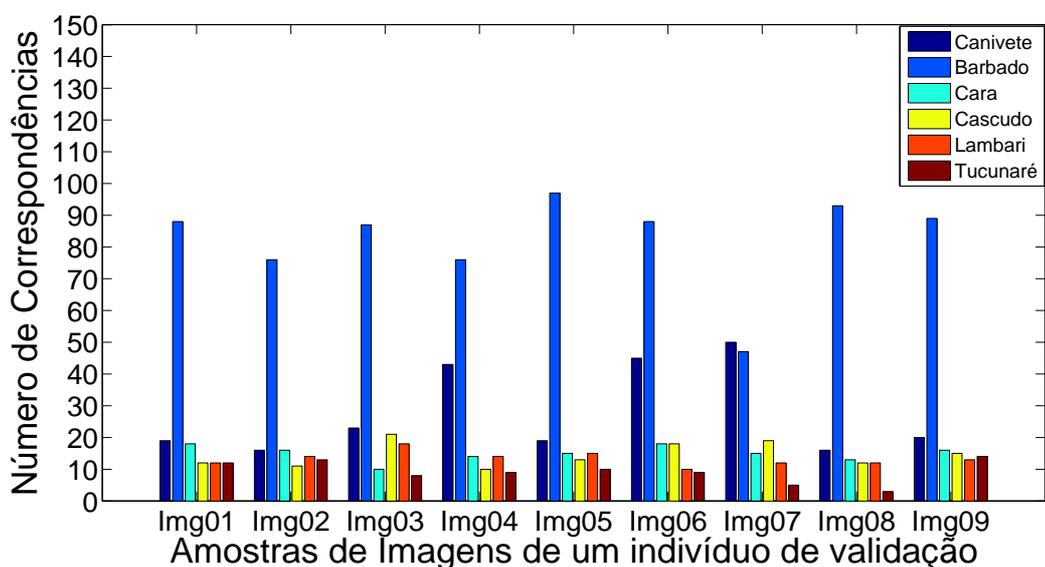


(b) 3º Indivíduo da Espécie Canivete

Figura A.7: Correspondências entre os antígenos das imagens de validação de indivíduos da espécie Canivete e os anticorpos das imagens dos indivíduos de referência de todas as espécies conservadas em formol. Utilizou-se, neste caso, o algoritmo ARIA como técnica de agrupamento de dados.

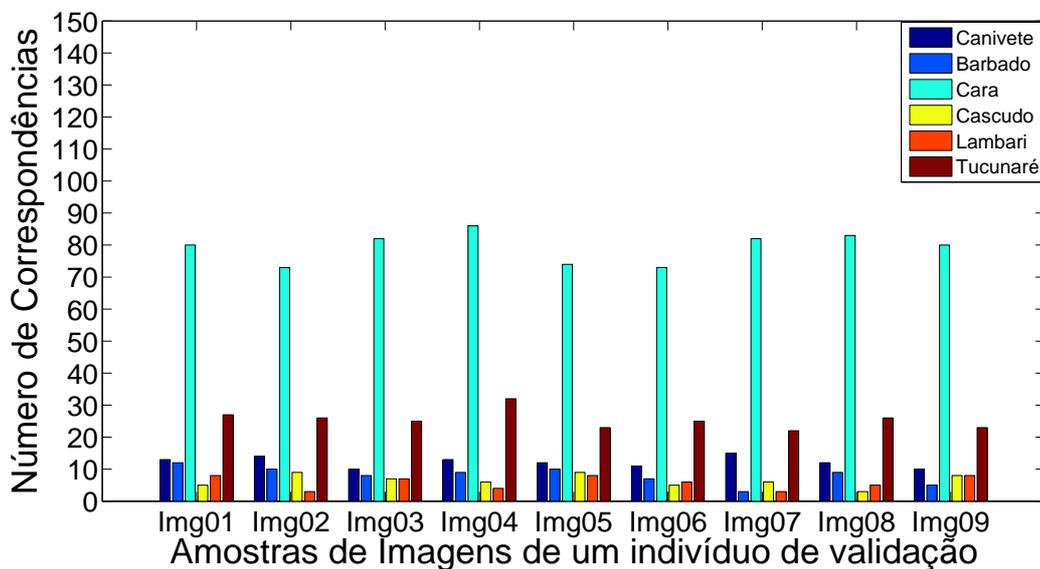


(a) 2º Indivíduo da espécie Barbado

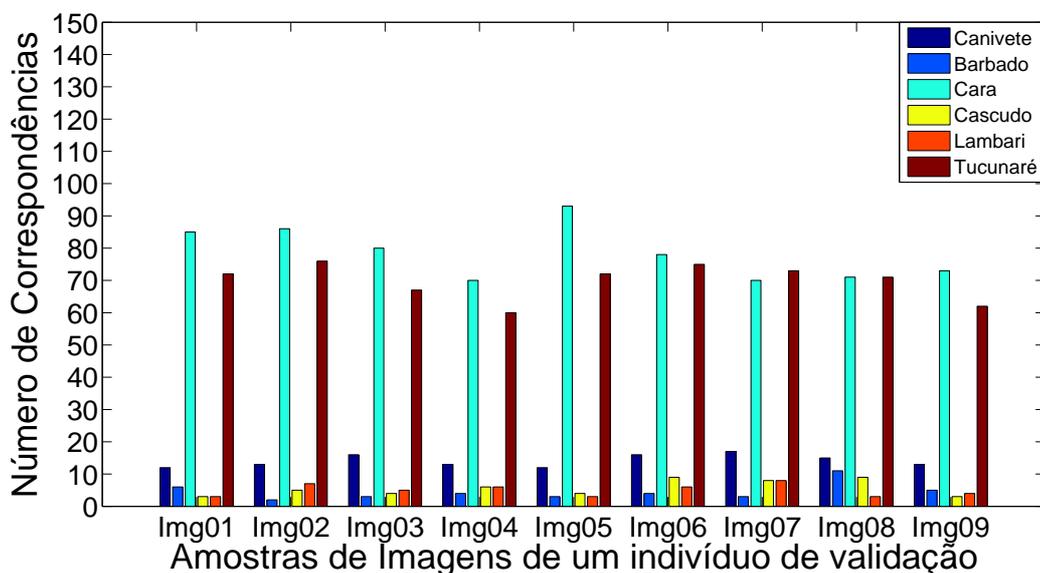


(b) 3º Indivíduo da Espécie Barbado

Figura A.8: Correspondências entre os antígenos das imagens de validação de indivíduos da espécie Barbado e os anticorpos das imagens dos indivíduos de referência de todas as espécies conservadas em formol. Utilizou-se, neste caso, o algoritmo ARIA como técnica de agrupamento de dados.

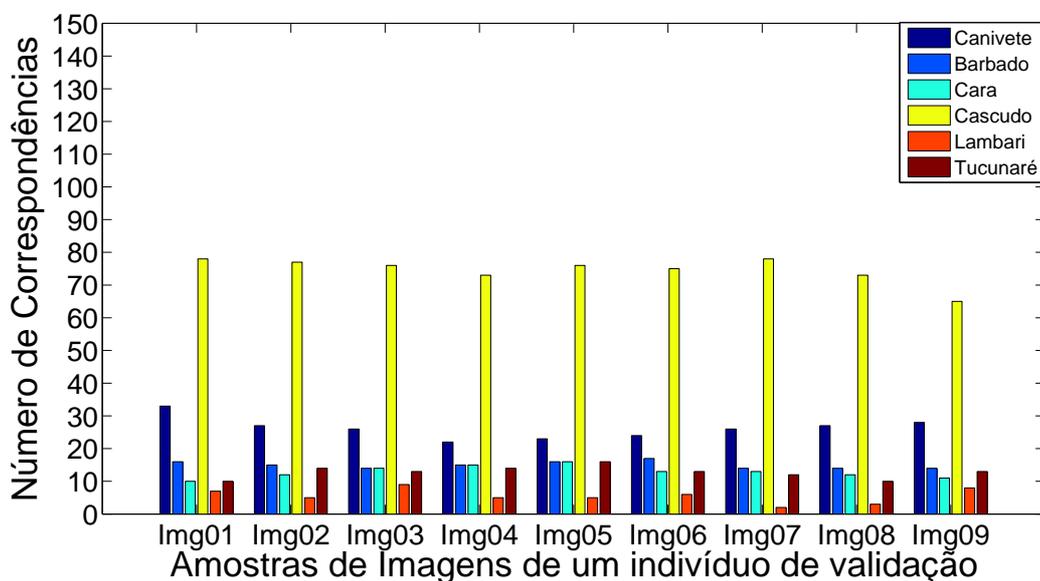


(a) 2º Indivíduo da espécie Cara

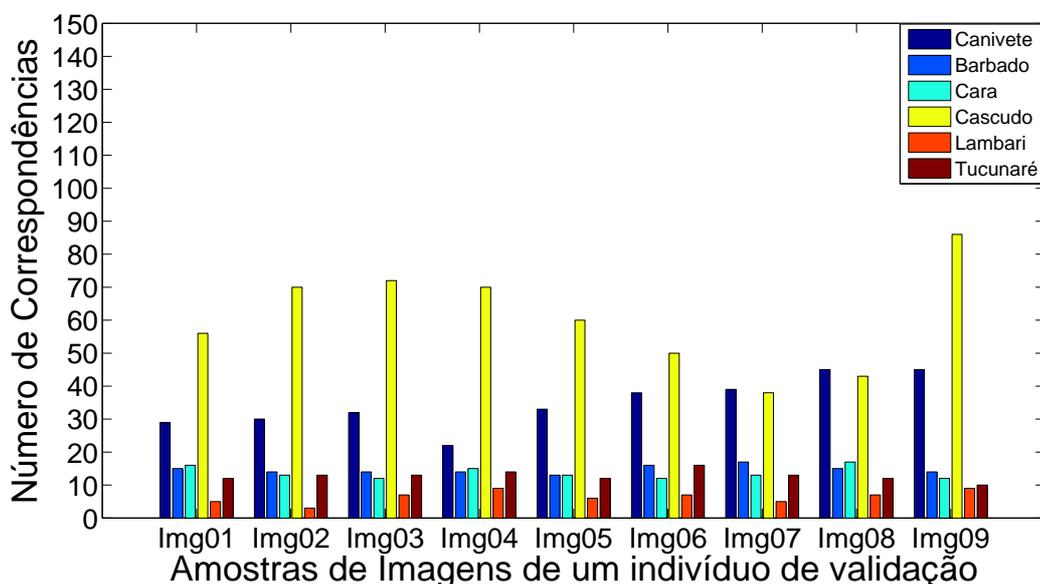


(b) 3º Indivíduo da Espécie Cara

Figura A.9: Correspondências entre os antígenos das imagens de validação de indivíduos da espécie Cara e os anticorpos das imagens dos indivíduos de referência de todas as espécies conservadas em formol. Utilizou-se, neste caso, o algoritmo ARIA como técnica de agrupamento de dados.

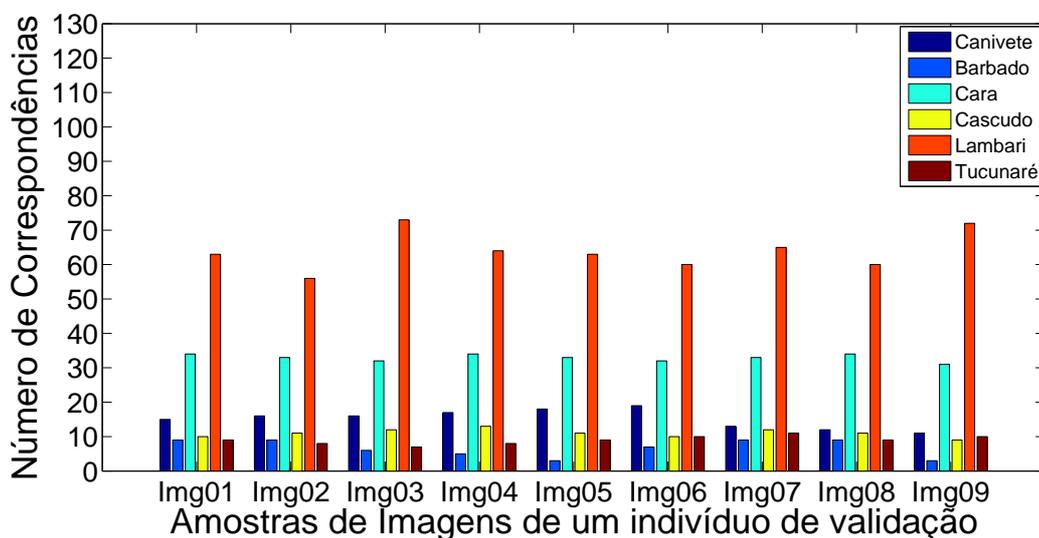


(a) 2º Indivíduo da espécie Cascudo

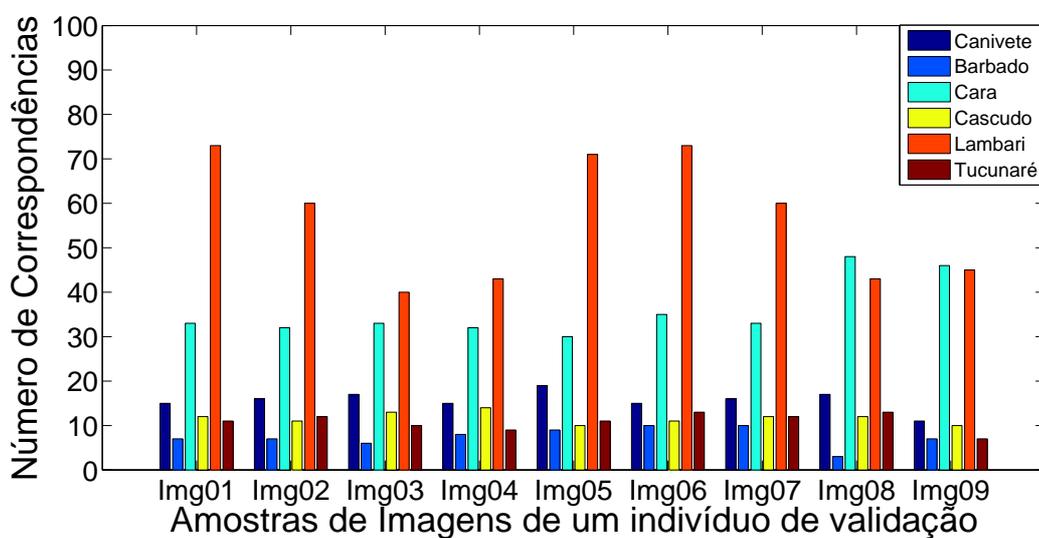


(b) 3º Indivíduo da Espécie Cascudo

Figura A.10: Correspondências entre os antígenos das imagens de validação de indivíduos da espécie Cascudo e os anticorpos das imagens dos indivíduos de referência de todas as espécies conservadas em formol. Utilizou-se, neste caso, o algoritmo ARIA como técnica de agrupamento de dados.

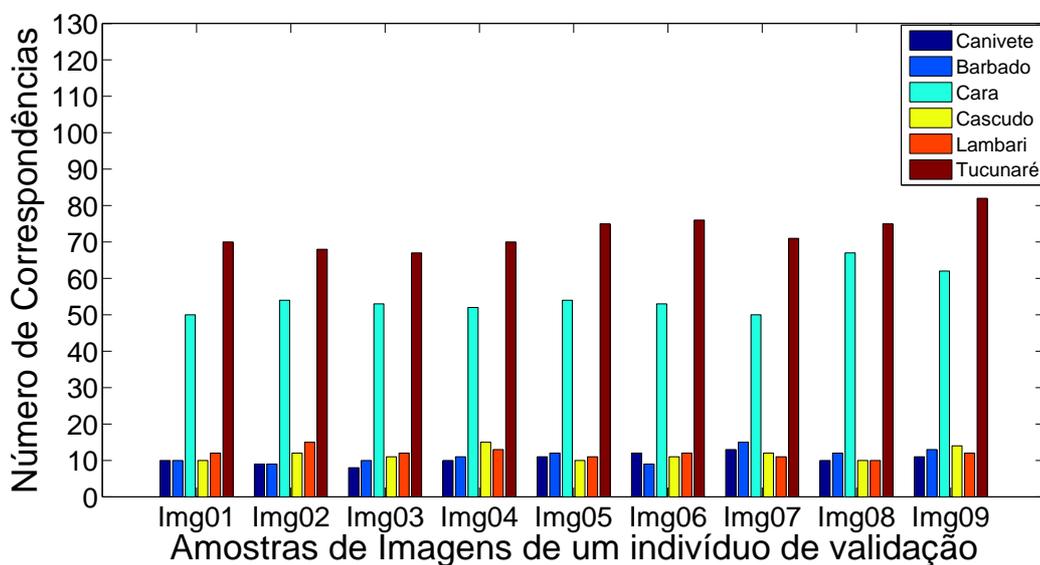


(a) 2º Indivíduo da espécie Lambari

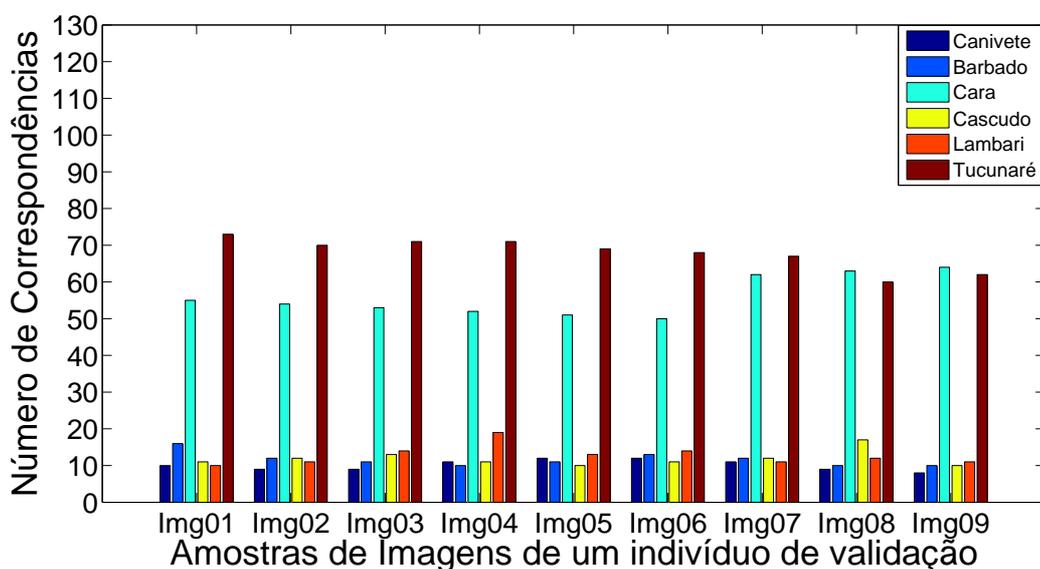


(b) 3º Indivíduo da Espécie Lambari

Figura A.11: Correspondências entre os antígenos das imagens de validação de indivíduos da espécie Lambari e os anticorpos das imagens dos indivíduos de referência de todas as espécies conservadas em formol. Utilizou-se, neste caso, o algoritmo ARIA como técnica de agrupamento de dados.



(a) 2º Indivíduo da espécie Tucunaré



(b) 3º Indivíduo da Espécie Tucunaré

Figura A.12: Correspondências entre os antígenos das imagens de validação de indivíduos da espécie Tucunaré e os anticorpos das imagens dos indivíduos de referência de todas as espécies conservadas em formol. Utilizou-se, neste caso, o algoritmo ARIA como técnica de agrupamento de dados.

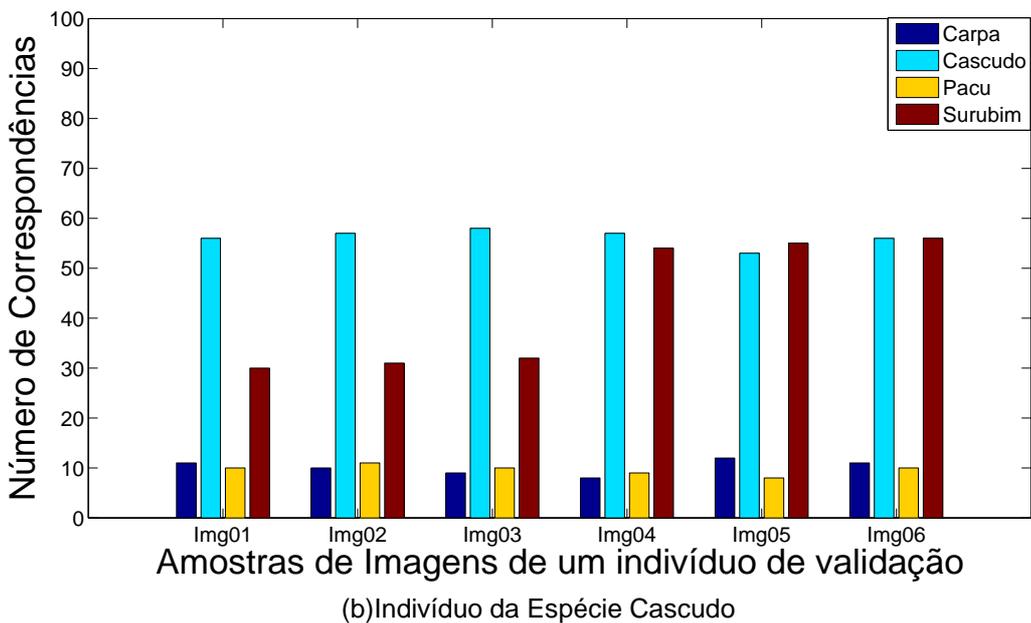
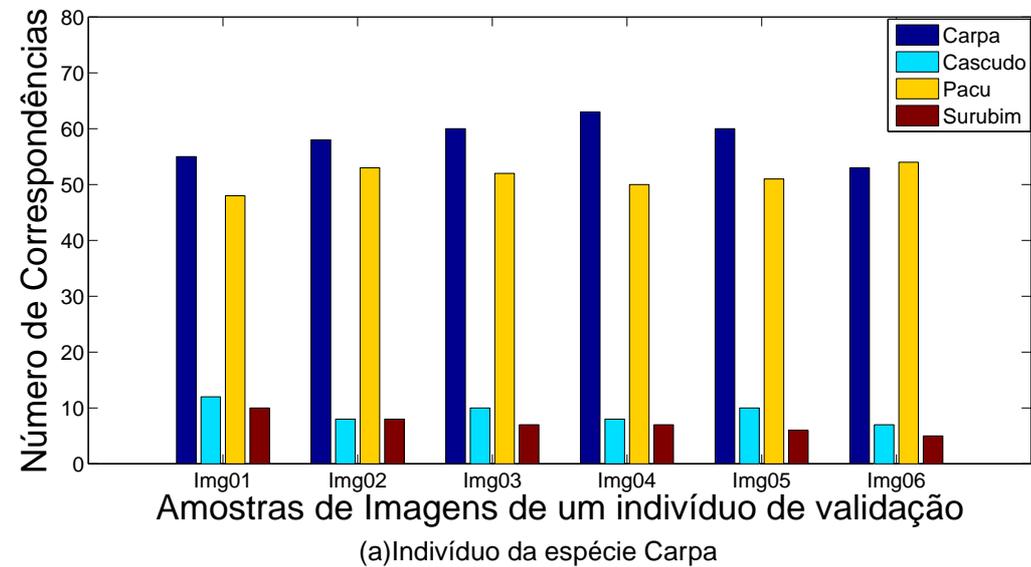


Figura A.13: Correspondências entre os antígenos das imagens de validação de indivíduos das espécies Carpa e Cascudo e os anticorpos das imagens dos indivíduos de referência de todas as espécies em uma cena subaquática. Utilizou-se, neste caso, o algoritmo aiNet como técnica de agrupamento de dados.

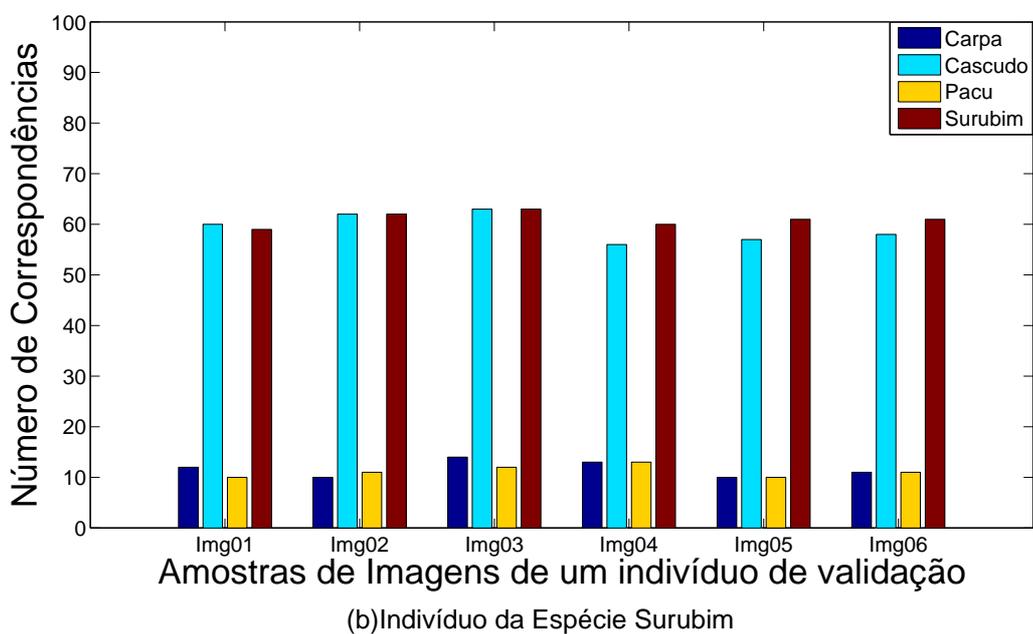
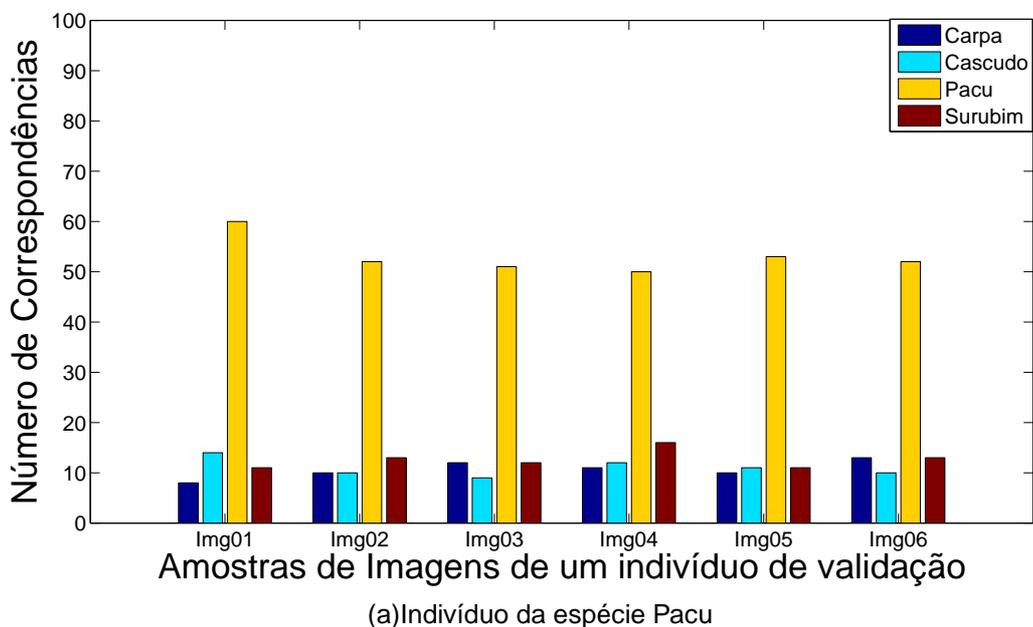
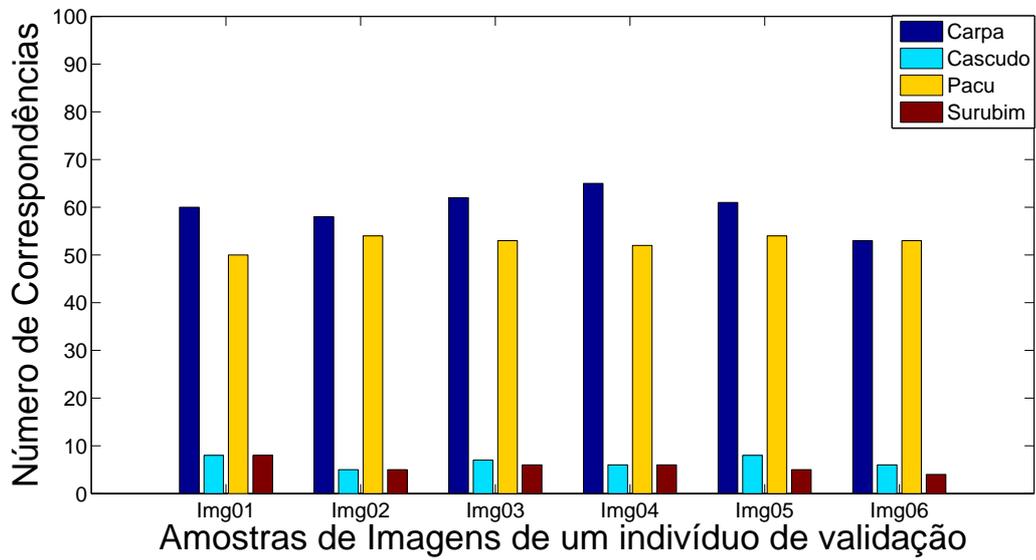
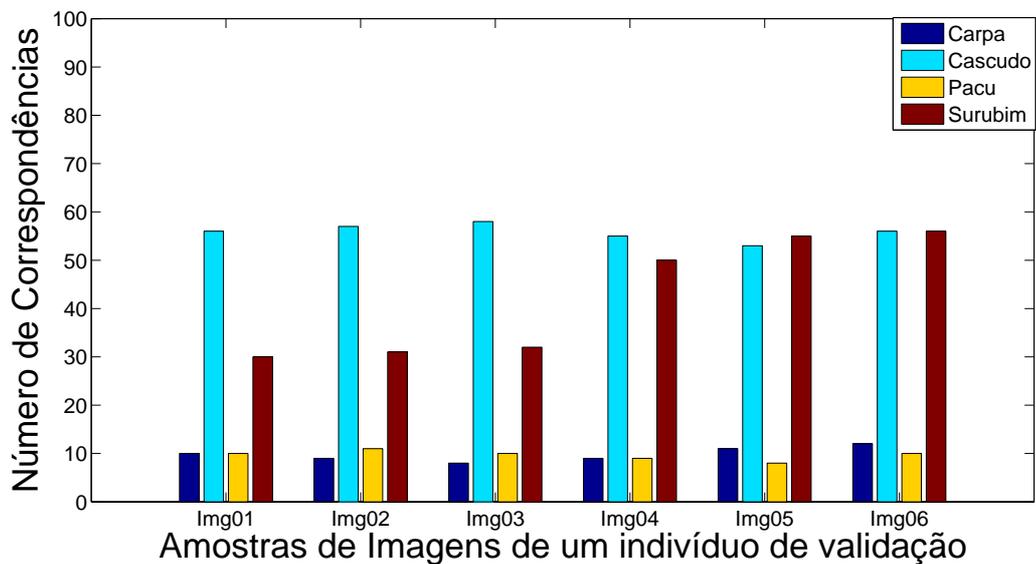


Figura A.14: Correspondências entre os antígenos das imagens de validação de indivíduos das espécies Pacu e Surubim e os anticorpos das imagens dos indivíduos de referência de todas as espécies em uma cena subaquática. Utilizou-se, neste caso, o algoritmo aiNet como técnica de agrupamento de dados.

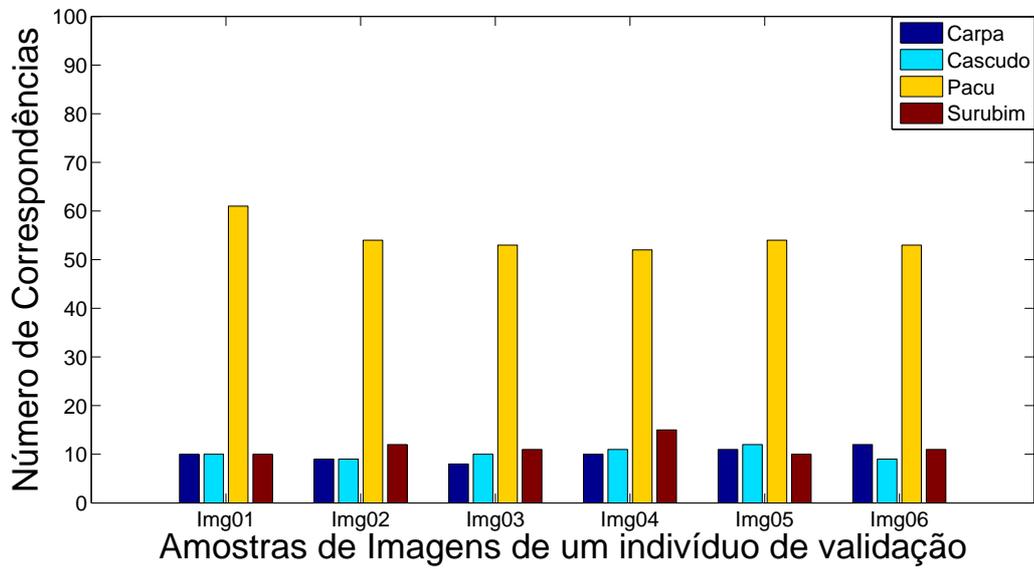


(a)Indivíduo da espécie Carpa

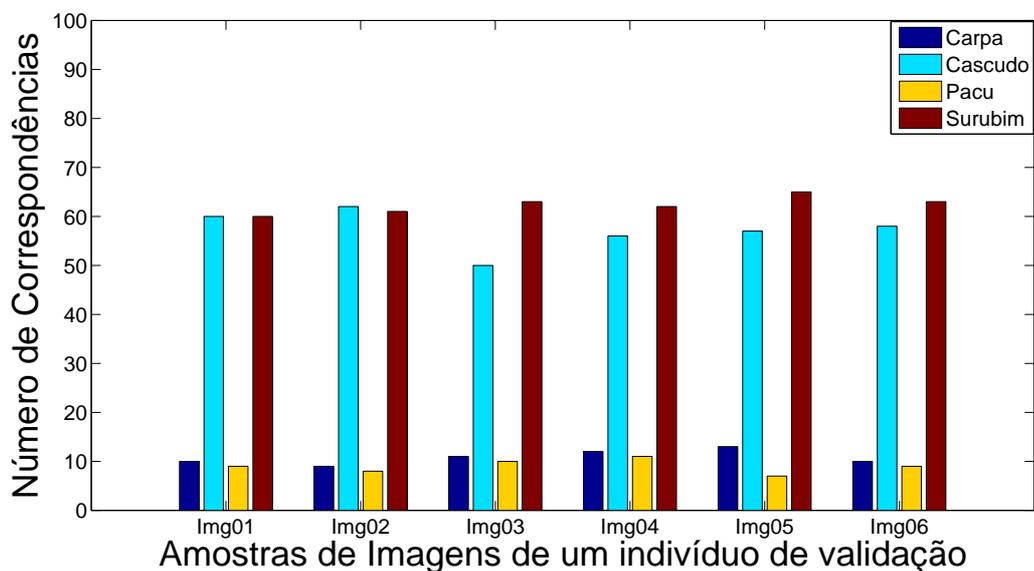


(b)Indivíduo da Espécie Cascudo

Figura A.15: Correspondências entre os antígenos das imagens de validação de indivíduos das espécies Carpa e Cascudo e os anticorpos das imagens dos indivíduos de referência de todas as espécies em uma cena subaquática. Utilizou-se, neste caso, o algoritmo ARIA como técnica de agrupamento de dados.



(a)Indivíduo da espécie Pacu



(b)Indivíduo da Espécie Surubim

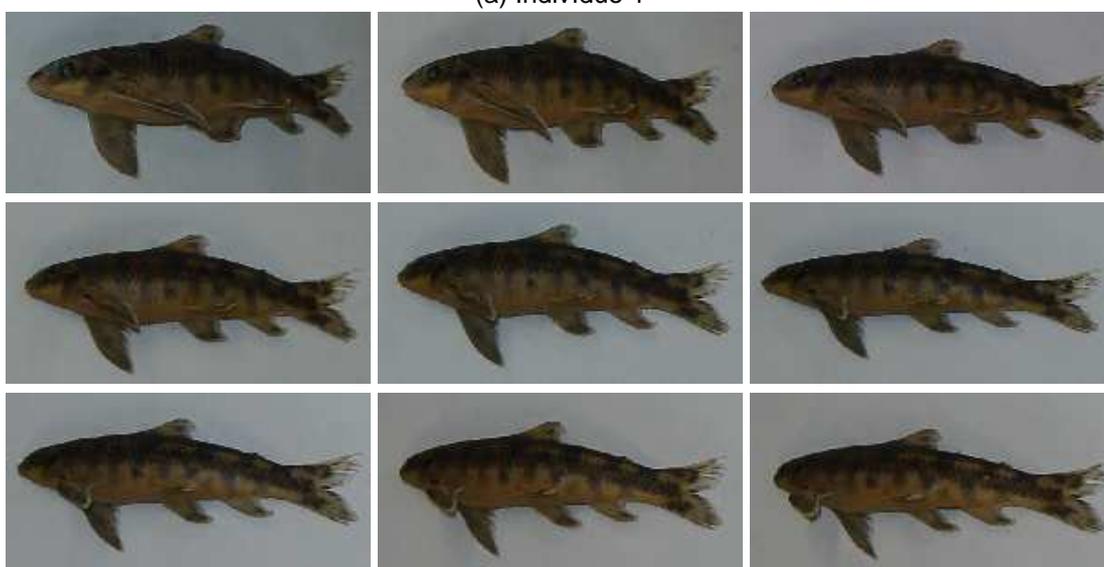
Figura A.16: Correspondências entre os antígenos das imagens de validação de indivíduos das espécies Pacu e Surubim e os anticorpos das imagens dos indivíduos de referência de todas as espécies em uma cena subaquática. Utilizou-se, neste caso, o algoritmo aiNet como técnica de agrupamento de dados.

ANEXO B – Banco de Dados de Imagens

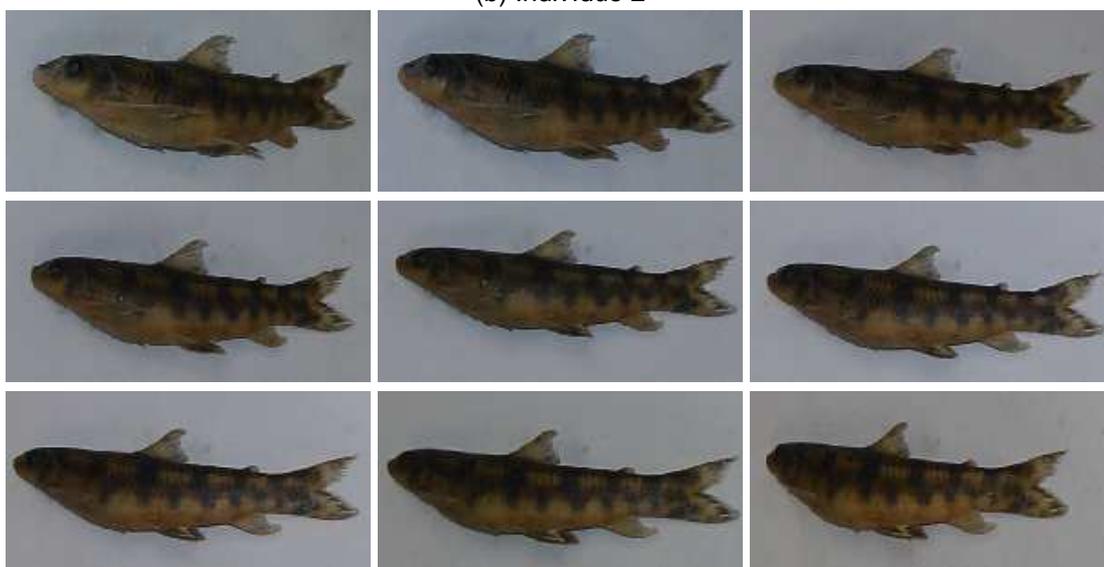
Este anexo apresenta o banco de dados de imagens de todos indivíduos usados nos experimentos. As Figuras B.1 a B.6 apresentam as imagens de peixes conservados em formol, as quais foram obtidas por meio do dispositivo ilustrado na Figura 5.1. Por outro lado, as Figuras B.7 a B.10 apresentam as imagens de peixes obtidas em um protótipo de um mecanismo de transposição de peixes existente no Centro de Pesquisas Hidráulicas e Recursos Hídricos da Universidade Federal de Minas Gerais.



(a) Indivíduo 1

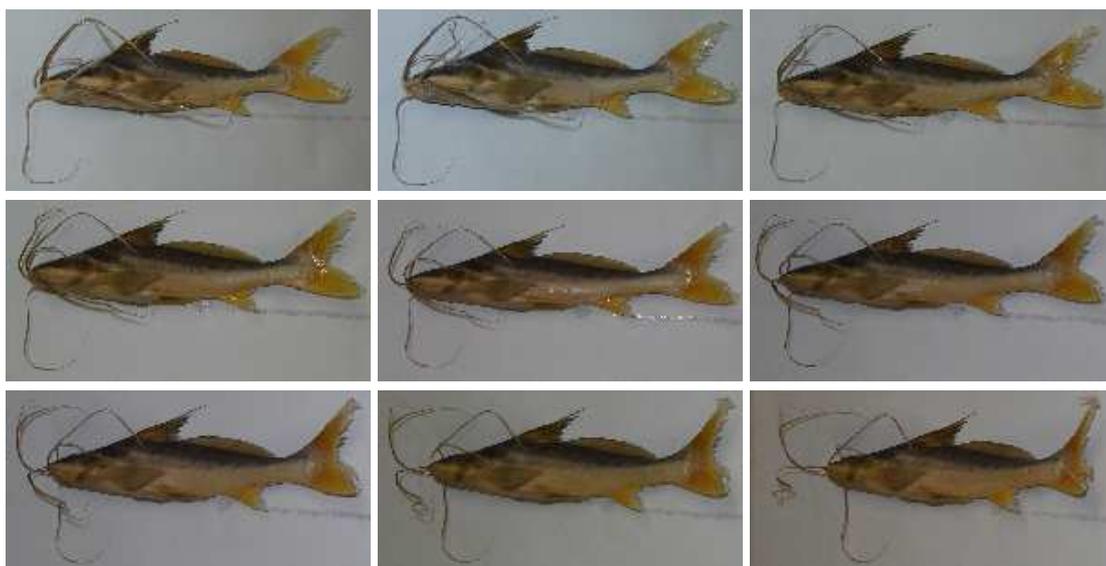


(b) Indivíduo 2

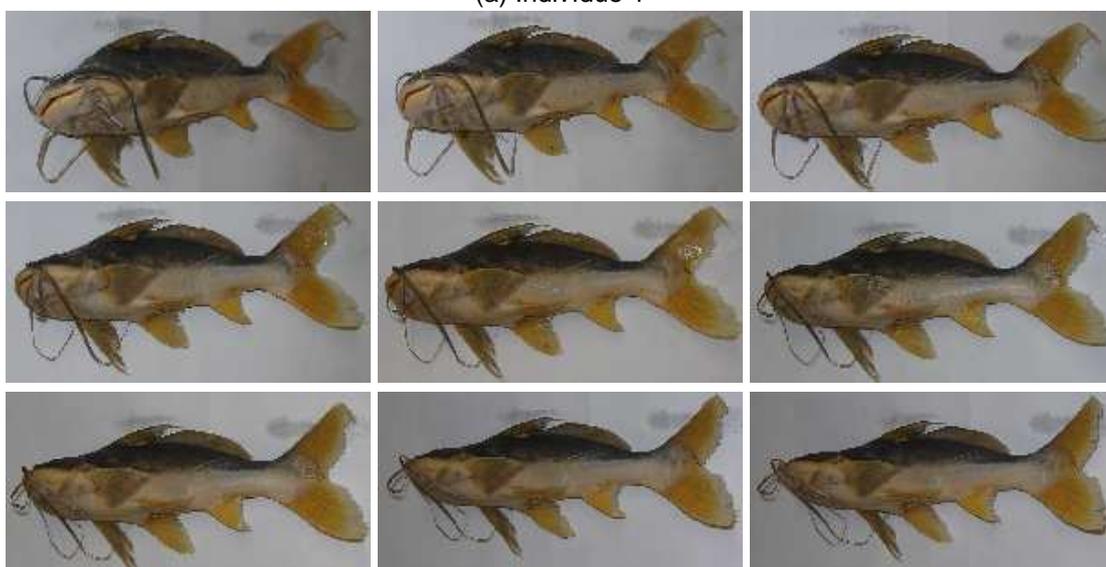


(c) Indivíduo 3

Figura B.1: Amostras de imagens dos três indivíduos da espécie Canivete considerados nos experimentos.



(a) Indivíduo 1



(b) Indivíduo 2



(c) Indivíduo 3

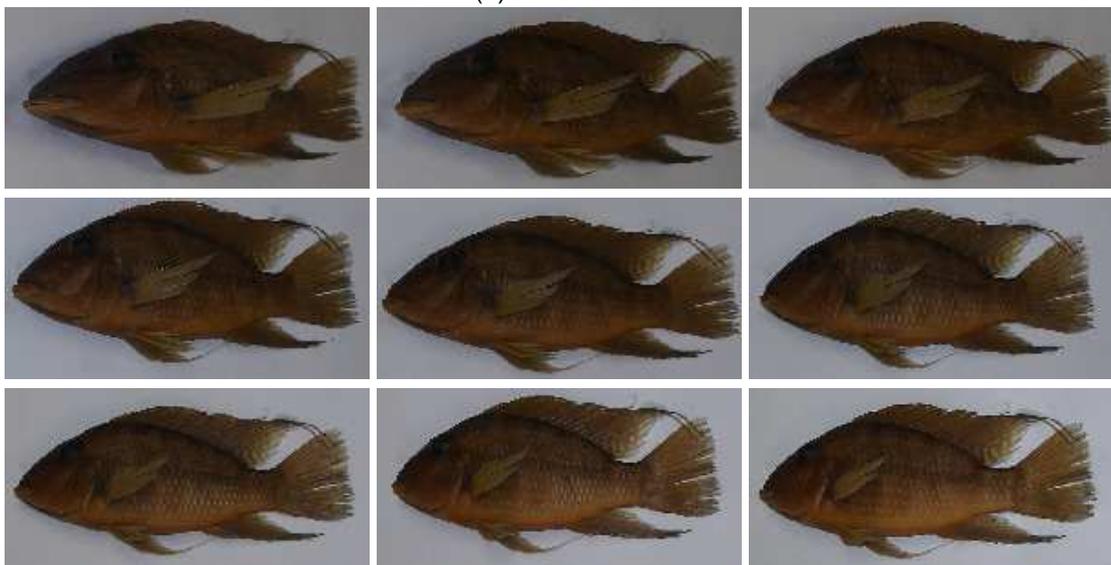
Figura B.2: Amostras de imagens dos três indivíduos da espécie Barbado considerados nos experimentos.



(a) Indivíduo 1



(b) Indivíduo 2



(c) Indivíduo 3

Figura B.3: Amostras de imagens dos três indivíduos da espécie *Cara* considerados nos experimentos.



(a) Indivíduo 1



(b) Indivíduo 2

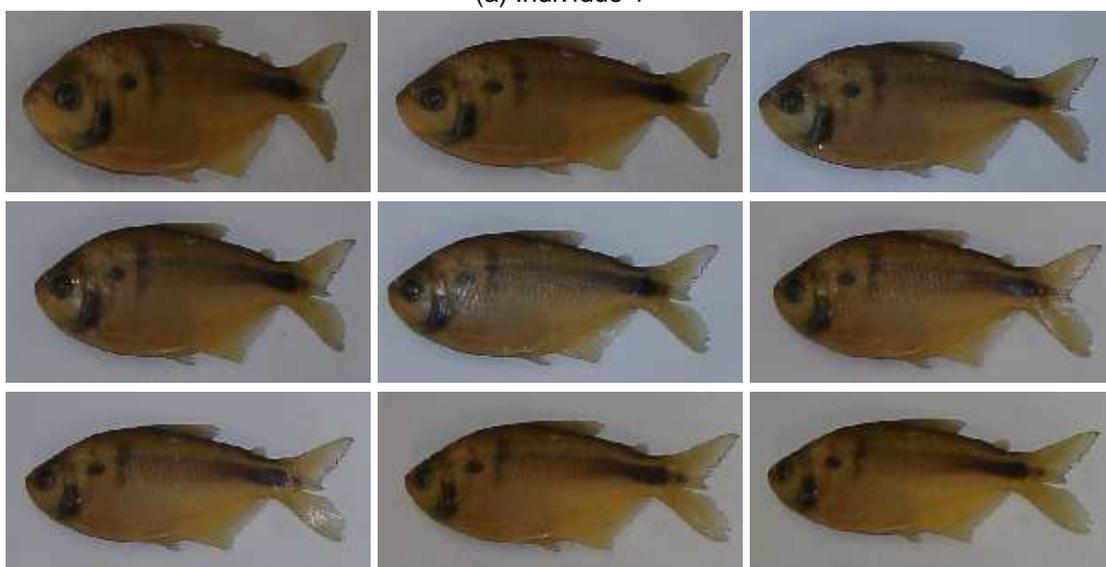


(c) Indivíduo 3

Figura B.4: Amostras de imagens dos três indivíduos da espécie Cascudo considerados nos experimentos.



(a) Indivíduo 1



(b) Indivíduo 2



(c) Indivíduo 3

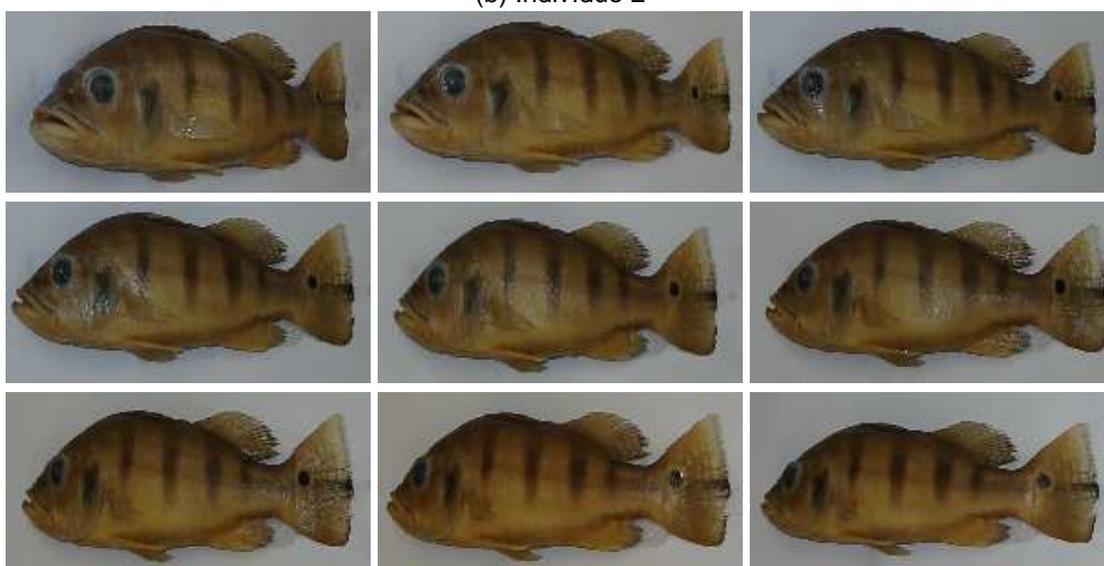
Figura B.5: Amostras de imagens dos três indivíduos da espécie Lambari considerados nos experimentos.



(a) Indivíduo 1



(b) Indivíduo 2



(c) Indivíduo 3

Figura B.6: Amostras de imagens dos três indivíduos da espécie Tucunaré considerados nos experimentos.

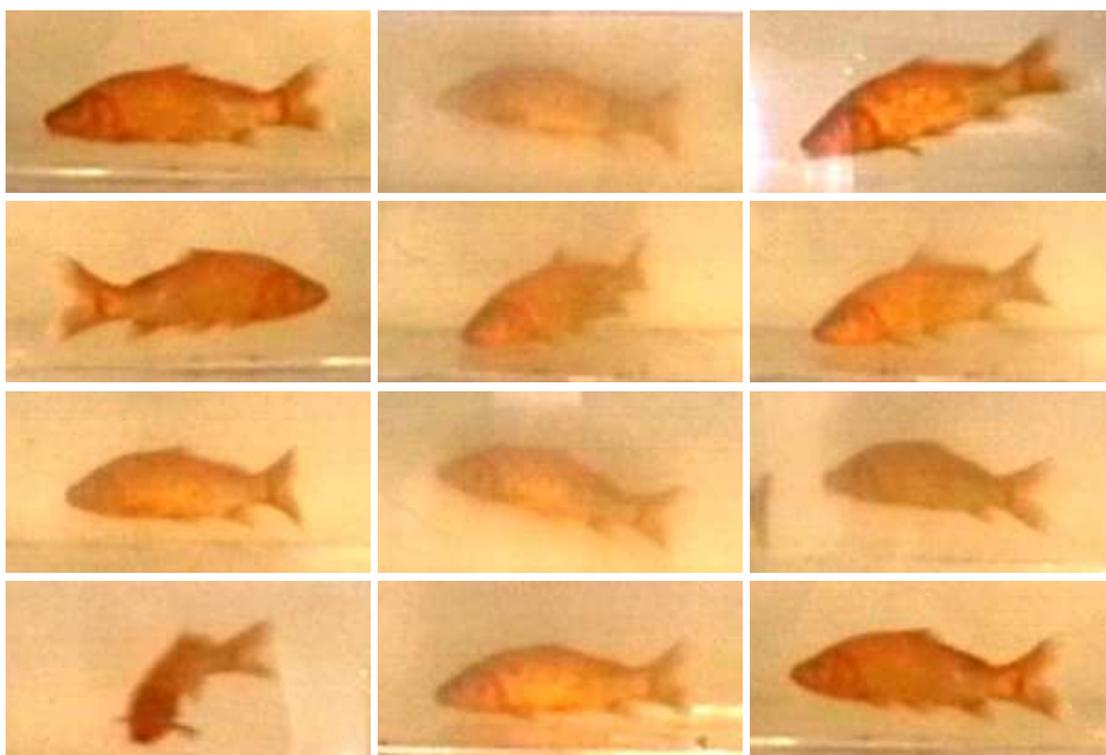


Figura B.7: Amostras de imagens do indivíduo da espécie Carpa considerado nos experimentos.

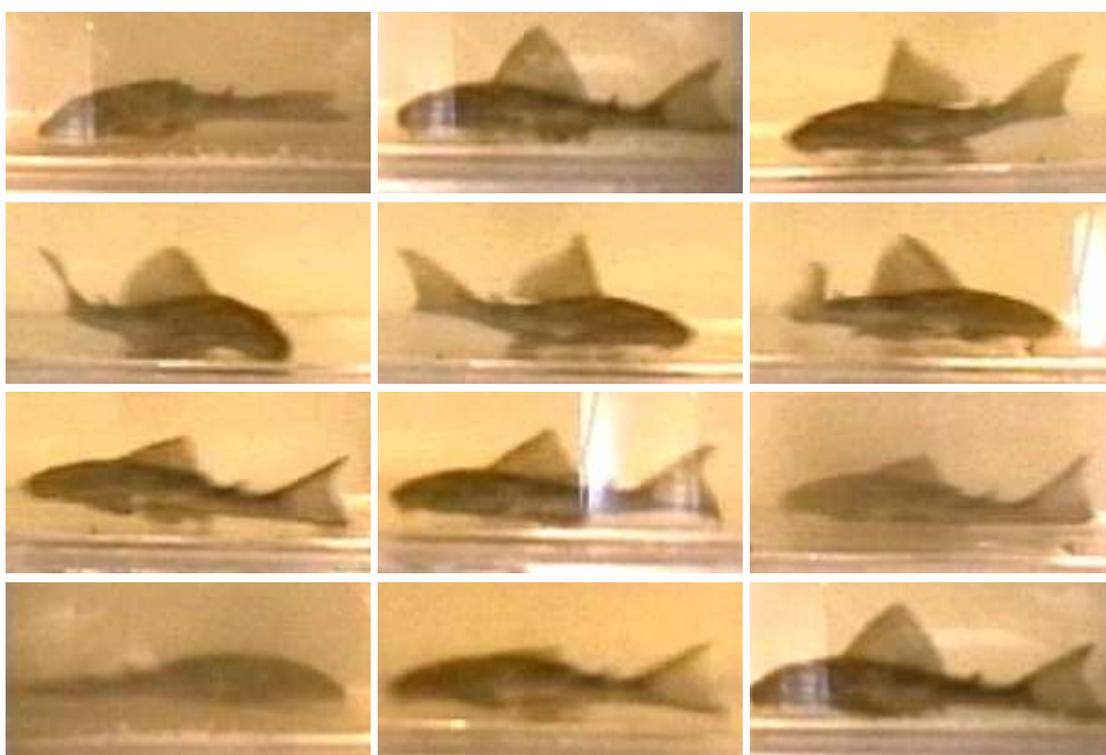


Figura B.8: Amostras de imagens do indivíduo da espécie Cascudo considerado nos experimentos.

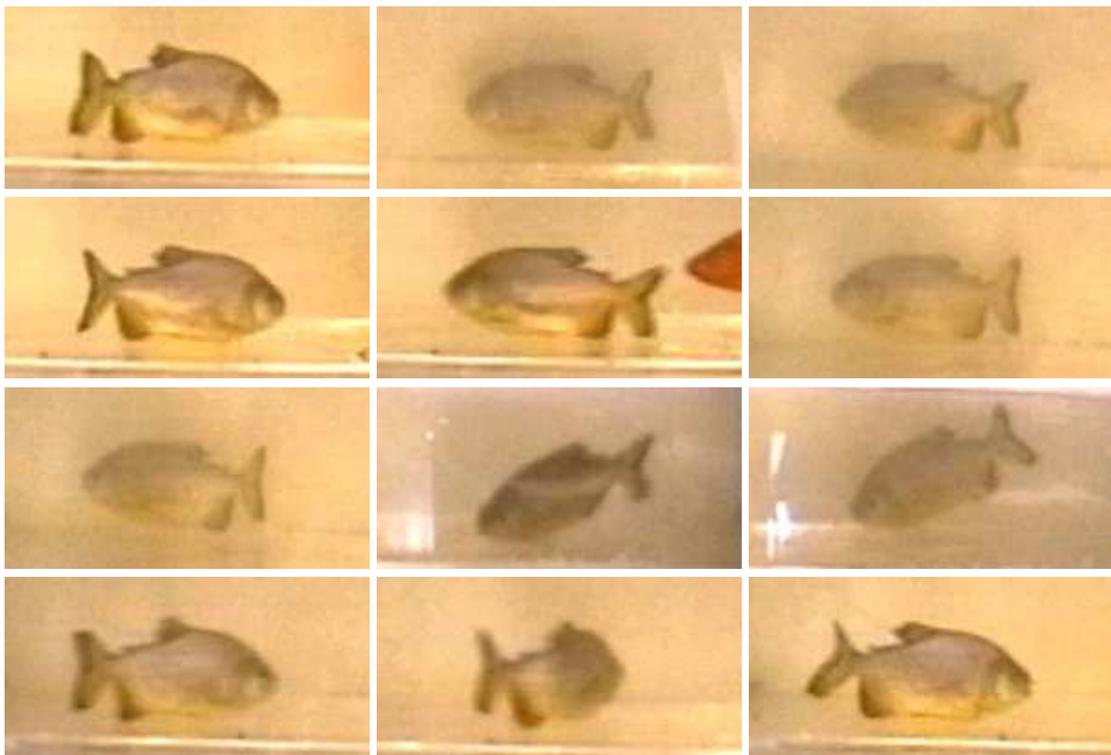


Figura B.9: Amostras de imagens do indivíduo da espécie Pacu considerado nos experimentos.

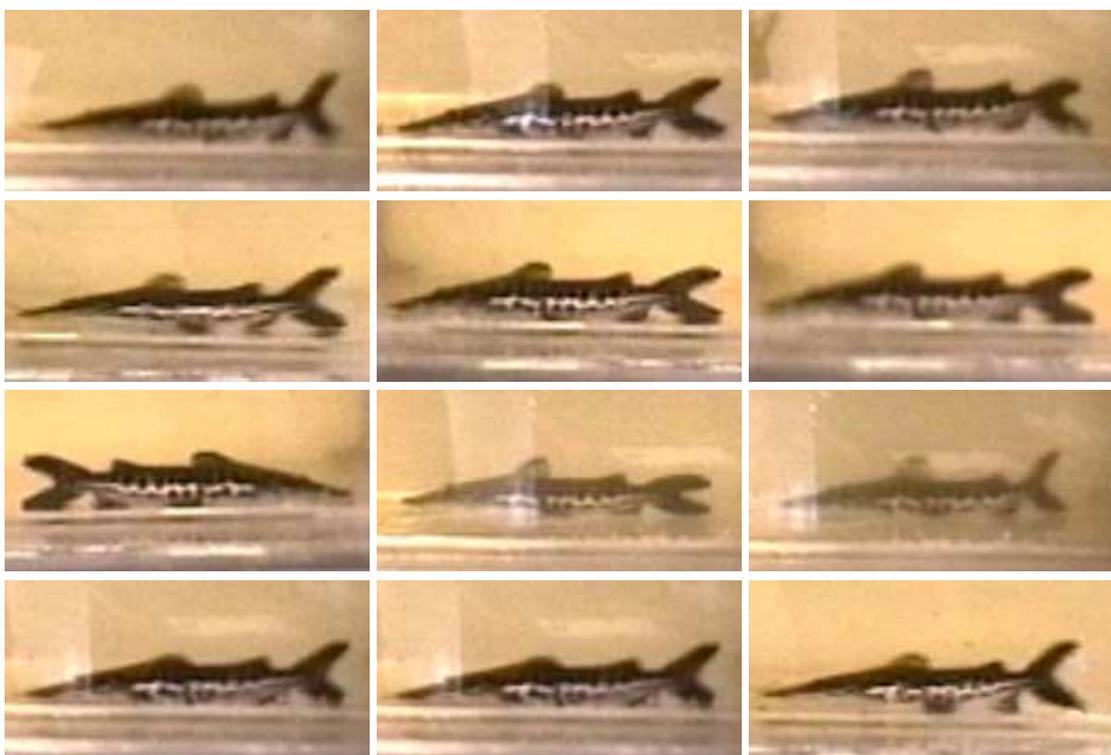


Figura B.10: Amostras de imagens do indivíduo da espécie Surubim considerado nos experimentos.

Livros Grátis

(<http://www.livrosgratis.com.br>)

Milhares de Livros para Download:

[Baixar livros de Administração](#)

[Baixar livros de Agronomia](#)

[Baixar livros de Arquitetura](#)

[Baixar livros de Artes](#)

[Baixar livros de Astronomia](#)

[Baixar livros de Biologia Geral](#)

[Baixar livros de Ciência da Computação](#)

[Baixar livros de Ciência da Informação](#)

[Baixar livros de Ciência Política](#)

[Baixar livros de Ciências da Saúde](#)

[Baixar livros de Comunicação](#)

[Baixar livros do Conselho Nacional de Educação - CNE](#)

[Baixar livros de Defesa civil](#)

[Baixar livros de Direito](#)

[Baixar livros de Direitos humanos](#)

[Baixar livros de Economia](#)

[Baixar livros de Economia Doméstica](#)

[Baixar livros de Educação](#)

[Baixar livros de Educação - Trânsito](#)

[Baixar livros de Educação Física](#)

[Baixar livros de Engenharia Aeroespacial](#)

[Baixar livros de Farmácia](#)

[Baixar livros de Filosofia](#)

[Baixar livros de Física](#)

[Baixar livros de Geociências](#)

[Baixar livros de Geografia](#)

[Baixar livros de História](#)

[Baixar livros de Línguas](#)

[Baixar livros de Literatura](#)
[Baixar livros de Literatura de Cordel](#)
[Baixar livros de Literatura Infantil](#)
[Baixar livros de Matemática](#)
[Baixar livros de Medicina](#)
[Baixar livros de Medicina Veterinária](#)
[Baixar livros de Meio Ambiente](#)
[Baixar livros de Meteorologia](#)
[Baixar Monografias e TCC](#)
[Baixar livros Multidisciplinar](#)
[Baixar livros de Música](#)
[Baixar livros de Psicologia](#)
[Baixar livros de Química](#)
[Baixar livros de Saúde Coletiva](#)
[Baixar livros de Serviço Social](#)
[Baixar livros de Sociologia](#)
[Baixar livros de Teologia](#)
[Baixar livros de Trabalho](#)
[Baixar livros de Turismo](#)