

RONALDO DE FREITAS ZAMPOLO

RESTAURAÇÃO DE IMAGENS VIA ALGORITMO GENÉTICO

**Dissertação apresentada como requisito parcial à
obtenção do grau de Mestre em Engenharia Elétrica.**

**Programa de Pós-Graduação em Engenharia
Elétrica, Universidade Federal de Santa Catarina.**

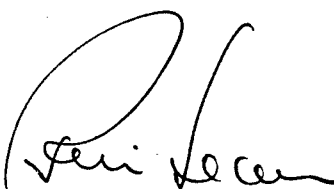
Orientador: Prof. Rui Seara, Dr.

FLORIANÓPOLIS, FEVEREIRO DE 1998.

RESTAURAÇÃO DE IMAGENS VIA ALGORITMO GENÉTICO

CANDIDATO: RONALDO DE FREITAS ZAMPOLO

Esta dissertação foi julgada para obtenção do título de MESTRE EM ENGENHARIA – ESPECIALIDADE ENGENHARIA ELÉTRICA e aprovada em sua forma final pelo Curso de Pós-Graduação.



Prof. RUI SEARA, Dr.

ORIENTADOR



Prof. ADROALDO RAIZER, Dr.

COORDENADOR DO CURSO DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ENGENHARIA ELÉTRICA

BANCA EXAMINADORA:



Prof. RUI SEARA, Dr.

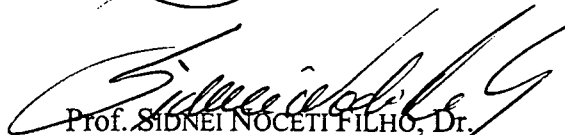
PRESIDENTE



Prof. CARLOS AURÉLIO FÁRIA DA ROCHA, Dr.



Prof. JOSÉ CARLOS MOREIRA BERMUDEZ, Ph. D.



Prof. SIDNEI NOCETTI FILHO, Dr.

Dedicado a Kelly, Jaime, Renata e Helena.

AGRADECIMENTOS

Agradeço

a Deus, pela oportunidade do aprendizado;

a minha família, sem a qual não teria aqui chegado;

a CAPES, pelo apoio financeiro;

aos professores do LINSE;

ao meu orientador, prof. Rui Seara, que pacientemente mostrou-me por onde seguir;

à banca examinadora, formada pelos professores Carlos Aurélio Faria da Rocha, José Carlos Moreira Bermudez e Sidnei Noceti Filho;

aos companheiros do LINSE, Alexandre Raitz Arakaki, Ana Cláudia Batista Sampaio, Ana Isabela Araújo Cunha, Delmar Broglio Carvalho, Diego Brites Ramos, Eider Lúcio de Oliveira, Elton Luiz Fontão, Evânio Ramos Nicoleit, Fathi Abdel-Fattah Farag Ahmed, Francisco José Alves de Aquino, Orlando Tobias, Oscar da Costa Gouveia Filho, Paulo Márcio da Silveira, Rodrigo Luiz de Oliveira Pinto, Rui Seara Júnior e Walter Antônio Gontijo, que muito me honram com sua amizade construída em meio às alegrias e dificuldades nestes dois anos de mestrado; e

às famílias Cruz, Gentil, Schmidt e Ramos pela alegria, apoio, amizade e carinho.

SUMÁRIO

SUMÁRIO	v
LISTA DE SÍMBOLOS	vii
LISTA DE ILUSTRAÇÕES	ix
LISTA DE TABELAS	xi
RESUMO	xii
ABSTRACT	xiii
CAPÍTULO 1 – INTRODUÇÃO	1
CAPÍTULO 2 – DEGRADAÇÃO E RESTAURAÇÃO DE IMAGENS	5
2.1 – INTRODUÇÃO	5
2.2 – MODELO DE UM SISTEMA DE DEGRADAÇÃO DE IMAGENS	6
2.3 – SISTEMA PARA RESTAURAÇÃO DE IMAGENS	8
2.4 – PRINCIPAIS ABORDAGENS PARA RESTAURAÇÃO DE IMAGENS	11
2.4.1 – <i>Restauração Clássica</i>	12
2.4.2 – <i>Restauração Autodidata</i>	14
2.5 – CONCLUSÃO	18
CAPÍTULO 3 – ALGORITMOS GENÉTICOS ARTIFICIAIS	20
3.1 – INTRODUÇÃO	20
3.2 – CODIFICAÇÃO DE UM CROMOSSOMO	22
3.3 – ATRIBUIÇÃO DE APTIDÃO AOS INDIVÍDUOS	25
3.4 – CICLO BÁSICO	26
3.5 – OPERADORES	28

3.5.1 – <i>Operador de Seleção</i>	28
3.5.2 – <i>Operador de Cruzamento</i>	30
3.5.3 – <i>Operador de Mutação</i>	31
3.5.4 – <i>Reposição</i>	32
3.6 – CONVERGÊNCIA, ESTABILIDADE E TEORIA DE ESQUEMAS	32
3.7 – CONCLUSÃO	36
CAPÍTULO 4 – RESTAURAÇÃO DE IMAGENS ATRAVÉS DE ALGORITMOS GENÉTICOS	37
4.1 – INTRODUÇÃO	37
4.2 – ESTRUTURAS PARA RESTAURAÇÃO DE IMAGENS USANDO AGS	38
4.3 – CARACTERÍSTICAS DO AG UTILIZADO	41
4.3.1 – <i>Características Gerais</i>	41
4.3.2 – <i>Codificação dos Cromossomos e Filtros Representáveis</i>	41
4.3.3 – <i>Seleção, Cruzamento e Mutação</i>	46
4.3.4 – <i>Reposição</i>	46
4.4 – CONCLUSÃO	47
CAPÍTULO 5 – SIMULAÇÕES	48
5.1 – INTRODUÇÃO	48
5.2 – SIMULAÇÕES	49
5.2.1 – <i>Simulação 1: identificação clássica de filtro de degradação</i>	49
5.2.2 – <i>Simulação 2: inversão clássica do filtro de degradação</i>	56
5.2.3 – <i>Simulação 3: restauração autodidata através do algoritmo NAS-RIF</i>	58
5.3 – CONCLUSÃO	63
CAPÍTULO 6 – CONCLUSÕES	65
APÊNDICE – SINAIS SEPARÁVEIS	67
A.1 – INTRODUÇÃO	67
A.2 – INVERSÃO DE SINAIS SEPARÁVEIS	68
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	72

LISTA DE SÍMBOLOS

$f(x, y)$: sinal de imagem;	b	: número de bits;
$n_d(x, y)$: ruído na imagem degradada;	$[\cdot]_{10}$: representação decimal;
$h_d(x, y)$: resposta ao impulso do sistema de dedração;	h_{min}	: mínimo representado por um quantizador;
$g(x, y)$: imagem degradada;	h_{max}	: máximo representado por um quantizador;
**	: convolução bidimensional;	n_k	: número esperado de vezes de o k -ésimo indivíduo ser selecionado para cruzamento;
N_K, N_L	: suporte de uma imagem;	$NPop$: número de indivíduos por população;
K, K_x, K_y	: constantes arbitrárias;	apt_k	: aptidão do k -ésimo indivíduo da população;
R	: raio de circunferência;	p_c	: probabilidade de cruzamento;
L	: comprimento;	p_m	: probabilidade de mutação;
$\hat{f}(x, y)$: estimativa da imagem $f(x, y)$;	#	: símbolo <i>don't care</i> ;
\equiv	: identidade;	n	: número de símbolos “#” de um esquema;
$h_r(x, y)$: resposta ao impulso do sistema de restauração;	E	: esquema;
$h_{eq}(x, y)$: resposta ao impulso do sistema equalizado;	$n_a(\cdot)$: número de indivíduos na população “ a ” pertencentes a um esquema;
$\hat{f}_i(x, y)$: estimativa ideal de $f(x, y)$;	$\delta_c(\cdot)$: comprimento de um esquema;
$\delta(x, y)$: impulso bidimensional;	$ord(\cdot)$: ordem de um esquema;
$n_r(x, y)$: ruído na imagem restaurada;	l	: comprimento de um cromossomo;
$e(x, y)$: imagem erro;	$h_{rk}(x, y)$: resposta ao impulso do filtro de restauração referente ao k -ésimo indivíduo da população;
$\bar{f}(x, y)$: imagem de referência (saída do estimador não-linear);		
$f_r(x, y)$: refletância de $f(x, y)$;		
$f_i(x, y)$: iluminação de $f(x, y)$;		
$h(x)$: resposta ao impulso de um filtro;		

- $e_k(x, y)$: imagem erro referente ao k -ésimo indivíduo da população;
- $\hat{h}_{dk}(x, y)$: estimativa da resposta ao impulso do sistema de degradação devido ao k -ésimo indivíduo da população;
- $h_{dx}(x)$: componente x da resposta ao impulso de um filtro de degradação separável;
- $h_{dy}(y)$: componente y da resposta ao impulso de um filtro de degradação separável;
- $h(x, y)$: resposta ao impulso de um filtro bidimensional separável;
- $h_x(x)$: componente x da resposta ao impulso de um filtro bidimensional separável;
- $h_y(y)$: componente y da resposta ao impulso de um filtro bidimensional separável;
- $H(\omega_1, \omega_2)$: transformada numérica de *Fourier* bidimensional aplicada a $h(x, y)$;
- $|\cdot|$: módulo;
- Φ_H : fase de $H(\omega_1, \omega_2)$;
- Φ_{Hx} : fase de $H_x(\omega_1)$;
- Φ_{Hy} : fase de $H_y(\omega_2)$;

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Fig. 2.1 – Sistema de degradação de imagens	6
Fig. 2.2 – Sistema de restauração de imagens	8
Fig. 2.3 – Estrutura adaptativa para estimação do filtro inverso de $h_d(x, y)$	12
Fig. 2.4 – Estrutura adaptativa para identificação de $h_d(x, y)$	13
Fig. 2.5 – Sistema autodidata para restauração de imagens	14
Fig. 2.6 – Estrutura de um sistema para restauração autodidata que implementa o algoritmo NAS-RIF ..	15
Fig. 3.1 – Cromossomo exemplo	22
Fig. 3.2 – Cálculo das amostras de $h(x, y)$	24
Fig. 3.3 – Ciclo Básico de um algoritmo genético	27
Fig. 3.4 – Cruzamento	30
Fig. 3.5 – Cruzamento multi-ponto	31
Fig. 3.6 – Mutação em um cromossomo	31
Fig. 3.7 – Um cromossomo e um possível esquema associado	33
Fig. 3.8 – Esquema e seus cromossomos	33
Fig. 3.9 – Algoritmo genético adaptativo de duas camadas	35
Fig. 4.1 – Restauração clássica através da estimativa do filtro inverso de $h_d(x, y)$ usando AGs	38
Fig. 4.2 – Estimação de $h_d(x, y)$ usando AGs	40
Fig. 4.3 – Restauração autodidata, técnica NAS-RIF, usando AGs	41
Fig. 4.4 – Etapas para a codificação de um cromossomo (filtro bidimensional separável em filtros unidi- mensionais iguais e simétricos)	44
Fig. 5.1 – Módulo da resposta em frequência do filtro de degradação	50
Fig. 5.2 – Curvas de convergência. (a) Erro quadrático do melhor cromossomo de cada geração; (b) erro quadrático médio das populações	51
Fig. 5.3 – Módulo da resposta em frequência da estimativa	52
Fig. 5.4 – Curvas de convergência. (a) Erro quadrático do melhor cromossomo de cada geração; (b) erro quadrático médio das populações	54
Fig. 5.5 – Módulo da resposta em frequência da estimativa (BSNR = 15dB)	54
Fig. 5.6 – Curvas de convergência. (a) Erro quadrático de melhor cromossomo de cada geração; (b) erro quadrático médio das populações	55
Fig. 5.7 – Módulo da resposta em frequência da estimativa	56

Fig. 5.8 – (a) Resposta ao impulso do filtro de degradação e (b) resposta ao impulso do filtro inverso estimado (domínio da seqüência)	57
Fig. 5.9 – Resposta do sistema “filtro de degradação-restauração”. (a) Domínio da seqüência; (b) domínio da frequência	57
Fig. 5.10 – Imagens: (a) original; (b) degradada; (c) restaurada	58
Fig. 5.11 – Curvas de erro quadrático obtidas com NAS-RIF gradiente para duas condições iniciais aleatórias	60
Fig. 5.12 – Imagens: (a) original; (b) degradada; (c) restaurada pela técnica NAS-RIF gradiente	60
Fig. 5.13 – Curvas de convergência para a técnica NAS-RIF genético. (a) Erro quadrático do melhor cromossomo; (b) erro quadrático médio das populações	61
Fig. 5.14 – (a) Resposta ao impulso do filtro de degradação; (b) resposta ao impulso do filtro inverso estimado pelo sistema NAS-RIF genético (domínio da seqüência)	62
Fig. 5.15 – Resposta do sistema “filtro de degradação-restauração”, estimado através da técnica NAS-RIF genético. (a) Domínio da seqüência; (b) domínio da frequência	62
Fig. 5.16 – Imagens: (a) original; (b) degradada; (c) restaurada através da técnica NAS-RIF genético ...	63

LISTA DE TABELAS

Tabela 2.1 – Algoritmo NAS-RIF.....	17
Tabela 2.2 – Legenda da Tabela 2.1.....	18
Tabela 4.1 – Ganho na representação do filtro bidimensional separável em filtros unidimensionais iguais e simétricos (dimensão da resposta: 6×6).....	44
Tabela 5.1 – Parâmetros do algoritmo genético utilizado.....	49
Tabela 5.2 – Parâmetros do algoritmo genético utilizado.....	56
Tabela 5.3 – Função do estimador modificado.....	59
Tabela 5.4 – Parâmetros do AG utilizado na restauração autodidata NAS-RIF genético.....	61

RESUMO

Nesta dissertação, é proposta uma técnica para restauração de imagens utilizando algoritmos genéticos. Primeiramente, são discutidos os modelos matemáticos para sistemas de degradação e restauração de imagens. Em seguida, é apresentada uma introdução aos algoritmos genéticos artificiais, abordando sua estrutura e seus principais operadores. A técnica proposta é apresentada de maneira detalhada, com ênfase às suas diferenças em relação às técnicas não-genéticas. Resultados de simulação e conclusões são também apresentados.

Palavras-chave: *processamento digital de imagens; restauração de imagens; algoritmos genéticos.*

ABSTRACT

In this dissertation, a technique for image restoration using genetic algorithms is proposed. Firstly, mathematical models for image degradation and image restoration systems are discussed. Then, an introduction about artificial genetic algorithms is presented, considering its structure and main operators. The proposed technique is presented in details, with emphasis on its differences in relation to non-genetic techniques. Simulation results and conclusions are also presented.

Key-words: *digital image processing; image restoration; genetic algorithms.*

CAPÍTULO 1

INTRODUÇÃO

Em muitas aplicações na área do processamento digital de sinais, são utilizados filtros adaptáveis que, através do ajuste de seus parâmetros, buscam minimizar ou maximizar uma determinada figura de mérito. Esta figura de mérito pré-estabelecida define uma superfície para a qual o sistema adaptativo deve encontrar, idealmente, o ponto de máximo ou de mínimo global.

Na busca desses pontos ótimos, são empregados freqüentemente algoritmos que usam o gradiente da superfície para orientar a convergência ao ponto desejado. É o caso, por exemplo, dos algoritmos pertencentes à família LMS. No entanto, pela própria filosofia de tratamento do problema, é amplamente conhecida a exigência de superfícies de desempenho convexas, sob pena de se convergir a um ótimo local, por vezes não satisfatório, dependendo das condições iniciais do sistema adaptativo. Há, também, o caso de outros algoritmos que, apesar de não fazerem uso explícito do gradiente da superfície de desempenho, ainda possuem problemas relacionados à convergência local. Na procura de soluções para a inconveniente convergência a um ótimo local, estabeleceram-se duas principais vertentes de pesquisa: uma procura estabelecer critérios para a escolha de condições iniciais que levem ao ótimo global sem abandonar os algoritmos de gradiente; a outra investe em novas ferramentas de busca e otimização que sejam insensíveis ao estado inicial do sistema adaptativo. É nesta última vertente que se enquadram os **algoritmos genéticos (AGs)**.

O principal interesse em fazer uso de AGs em otimização está na promessa de uma capacidade de busca e adaptação mais robusta que a obtida pelos algoritmos chamados clássicos e seus derivados. Os AGs são estruturados de forma a simular os mecanismos de evolução e adaptação dos seres vivos, como será visto no Capítulo 3. Dessa maneira, a robustez almejada se revelaria na capacidade de se atingir o ponto desejado de uma superfície de desempenho, não importando o estado inicial do sistema e a conformação dessa mesma superfície. Esta pode ser multimodal ou descontínua que o AG, quando bem ajustado, ainda é capaz de localizar o ponto ótimo global [1]. A liberdade de se tratar com superfícies não convexas é animadora, pois abre um leque de possibilidades na escolha daqueles critérios mais adequados a uma determinada aplicação, eliminando a preocupação de ser o critério adotado (não) factível de ser implementado, por apresentar-se (in)compatível ao procedimento de otimização.

Apesar de os primeiros trabalhos utilizando AGs artificiais em otimização datarem da década de 70 [1], pouco se tem deles empregado no processamento digital de sinais [2]. Neste fato reside boa parte da motivação desta dissertação, cujo objetivo é fazer uso das técnicas de AGs para filtragem adaptativa em tópicos de **restauração de imagens** degradadas, investigando as limitações e vantagens desta abordagem. O próximo parágrafo contextualiza a restauração de imagens na atualidade, mostrando a sua importância.

Nas últimas décadas, houve grande avanço no processamento digital de imagens, graças ao desenvolvimento de novos algoritmos e da tecnologia de semicondutores [3]. Especificamente quanto à restauração ou recuperação de imagens, pode-se dizer que uma necessidade surgida no final dos anos 50 e crescente ainda nos dias de hoje se constitui num terceiro fator propulsor dos esforços em pesquisa. Naquela época, final da década de 50 e início da de 60, os nascentes

programas espaciais das agências americana e soviética começaram a receber as primeiras imagens obtidas por suas respectivas sondas e satélites. As fotografias que chegavam às estações na Terra apresentavam degradações devido a diversos fatores – movimento do objeto fotografado em relação à câmera, desajustes de focalização, contaminação por ruído e turbulência atmosférica, para citar os mais importantes – exigindo procedimentos para aumento da qualidade em prol do valor científico daquele material e a fim de justificar os investimentos milionários nas missões espaciais [4]. Atualmente, a importância da recuperação de imagens revela-se pelo fato de sua presença não estar somente na astronomia, mas em áreas como microscopia, medicina e indústria cinematográfica [3-5]. Em todo sistema onde há aquisição, armazenamento ou transmissão de sinais de imagem, pode haver, eventualmente, necessidade de algum tratamento das imagens resultantes para recuperar degradações inerentes àqueles procedimentos. Detalhes importantes podem ser perdidos simplesmente devido à resolução limitada do equipamento de aquisição [3]. Uma imagem pode ser corrompida devido ao envelhecimento do material que compõe seu suporte de armazenamento e, em uma transmissão, há degradações inevitáveis em consequência das características não ideais do canal.

Esta dissertação aplica AGs em tópicos de processamento digital relacionados à restauração de imagens e, em seus próximos capítulos, encontra-se estruturada da seguinte forma:

- Capítulo 2 - trata de apresentar o modelo matemático associado ao problema de restauração de imagens, bem como as principais estratégias empregadas para resolvê-lo;
- Capítulo 3 - introduz as idéias fundamentais dos AGs e sua adequação à filtragem adaptativa;

-
- Capítulo 4 - descreve em detalhes a técnica proposta nesta dissertação;
 - Capítulo 5 - apresenta resultados de simulação, indicando as vantagens e limitações da técnica proposta;
 - Capítulo 6 - são apresentadas as conclusões da dissertação e lançadas sugestões para futuros trabalhos.

CAPÍTULO 2

DEGRADAÇÃO E RESTAURAÇÃO DE IMAGENS

2.1- Introdução.

Em sistemas de aquisição de imagem, sempre se pode dizer que a imagem obtida é uma versão mais ou menos alterada da imagem original. O próprio sistema de aquisição, face às suas características físicas e/ou desajustes de calibração, é considerado como um elemento introdutor de degradações. Dependendo da aplicação para a qual o sistema foi projetado e dos recursos investidos, são estabelecidos quais os níveis aceitáveis da qualidade de uma imagem adquirida.

Tome-se como exemplo, as imagens obtidas por uma máquina fotográfica comum para uso amador e aquelas conseguidas através de um sistema de grande resolução para fins profissionais ou científicos. Enquanto no álbum de família pode-se conviver, sem maiores problemas, com as fotos “tremidas”, a exigência de boa qualidade das imagens para uso profissional ou científico é muito maior. Quando ocorrem degradações inaceitáveis neste último caso, duas medidas, aplicadas isoladamente ou em conjunto, devem ser tomadas: melhorar o sistema de aquisição, o que em muitas situações é inviável pelo alto custo dos componentes de precisão; e restaurar as imagens resultantes, utilizando técnicas de processamento de sinais.

As várias técnicas já desenvolvidas para restauração de imagens partem da caracterização adequada do sistema degradador. No entanto, não importando qual seja o equipamento ou

processo utilizado para aquisição e apresentação de uma imagem, um modelo matemático generalizado pode ser desenvolvido.

Neste capítulo, em sua segunda seção, é apresentado um modelo representativo dos sistemas de degradação de imagens. Na Seção 2.3, um modelo para restauração é discutido e na Seção 2.4, são comentadas as principais abordagens empregadas na restauração de imagens.

2.2- Modelo de um Sistema de Degradação de Imagens.

Seja $f(x, y)$ a imagem original, que se deseja obter através de um processo qualquer. Sistemas de degradação podem ser representados, de maneira geral, através de um filtro com ruído aditivo, $n_d(x, y)$, agregado à saída (Fig.2.1).

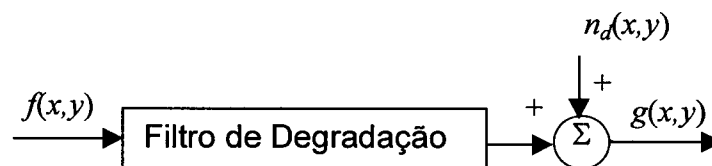


Fig. 2.1- Sistema de degradação de imagens

Se o filtro de degradação puder ser representado por um sistema linear de resposta ao impulso $h_d(x, y)$, a imagem degradada $g(x, y)$ é expressa por

$$g(x, y) = \sum_{l=-\infty}^{+\infty} \sum_{k=-\infty}^{+\infty} f(k, l) h_d(k, l; x, y) + n_d(x, y) \quad (2.1)$$

Considerando, porém, $h_d(x, y)$ invariante e a suporte finito $N_K \times N_L$, a expressão (2.1) pode ser simplificada, resultando em

$$g(x, y) = \sum_{l=0}^{N_L-1} \sum_{k=0}^{N_K-1} h_d(k, l) f(k-x, l-y) + n_d(x, y) \quad (2.2)$$

ou

$$g(x, y) = h_d(x, y) ** f(x, y) + n_d(x, y) \quad (2.3)$$

Em (2.3), a imagem degradada, $g(x, y)$, é expressa como a convolução bidimensional entre a imagem original, $f(x, y)$, e o filtro de degradação (linear e invariante com resposta ao impulso $h_d(x, y)$), somada ao ruído $n_d(x, y)$.

Alguns sistemas degradadores de interesse prático são modelados através de expressões analíticas que representam, aproximadamente, suas principais características [4,6]. Exemplos significativos destes modelos são apresentados a seguir:

a) Turbulência atmosférica:

$$h_d(x, y) = K \exp\left(-\frac{x^2 + y^2}{2\sigma^2}\right) \quad (2.4)$$

b) Má focalização uniforme:

$$h_d(x, y) = \begin{cases} \frac{1}{4\pi R^2} & , \text{ se } x^2 + y^2 \leq R^2 \\ 0 & , \text{ em outros casos.} \end{cases} \quad (2.5)$$

c) Degradação bidimensional uniforme:

$$h_d(x, y) = \begin{cases} \frac{1}{L^2} & , \text{ se } -\frac{L}{2} \leq x, y \leq \frac{L}{2} \\ 0 & , \text{ em outros casos.} \end{cases} \quad (2.6)$$

d) Movimento horizontal de câmera:

$$h_d(x, y) = \begin{cases} \frac{1}{L} & , \text{ se } -\frac{L}{2} \leq x \leq \frac{L}{2} \\ 0 & , \text{ em outros casos.} \end{cases} \quad (2.7)$$

Em conclusão à seção, é importante reafirmar que a expressão (2.3) modela *sistemas de degradação lineares e invariantes com ruído aditivo*. Deste ponto em diante do trabalho, todos os sistemas terão as características acima mencionadas, a menos das exceções devidamente especificadas.

2.3- Sistema para Restauração de Imagens.

A Fig. 2.2 apresenta o diagrama em blocos de um sistema de restauração de imagens.



Fig. 2.2- Sistema de restauração de imagens.

Na entrada do filtro de restauração, tem-se a imagem degradada, $g(x, y)$, e na saída a imagem $\hat{f}(x, y)$. Quais as características que $\hat{f}(x, y)$ deve possuir para que a restauração seja bem sucedida?

Idealmente, objetiva-se

$$\hat{f}(x, y) \equiv f(x, y) \quad (2.8)$$

Entretanto, na prática, procura-se fazer com que $\hat{f}(x, y)$ se aproxime da seguinte condição:

$$\hat{f}(x, y) = Kf(x - K_x, y - K_y) \quad (2.9)$$

ou seja, $\hat{f}(x, y)$ deve ser uma versão escalada e deslocada da imagem original, $f(x, y)$, pois em geral, os algoritmos não conseguem recuperar K , K_x e K_y [7]. Isto, porém, não é um grande problema. Caso haja necessidade, K , K_x e K_y podem ser estimados através de algumas condições e/ou restrições auxiliares. Pode-se supor, por exemplo, que o sistema degradador preserva a energia da imagem original. Assim, a energia de $g(x, y)$ é igual à energia de $f(x, y)$. A partir desta suposição, que está de acordo com a característica de muitos sistemas físicos, obtém-se facilmente o valor de K em (2.9). Com K conhecido, $\hat{f}(x, y)$ pode ser escalada para que sua energia se iguale à energia de $f(x, y)$.

O sistema de degradação em cascata com o de restauração, este de resposta ao impulso $h_r(x, y)$, tem como saída a imagem $\hat{f}(x, y)$, dada por

$$\hat{f}(x, y) = h_r(x, y) ** h_d(x, y) ** f(x, y) + h_r(x, y) ** n_d(x, y) \quad (2.10)$$

$$\hat{f}(x, y) = h_{eq}(x, y) ** f(x, y) + h_r(x, y) ** n_d(x, y) \quad (2.11)$$

sendo

$$h_{eq}(x, y) = h_r(x, y) ** h_d(x, y) \quad (2.12)$$

Para simplificar a análise e evidenciar os resultados do modelo que vem sendo desenvolvido, o termo relativo ao ruído $n_d(x, y)$ em (2.11) será inicialmente omitido. Logo, a expressão (2.11) pode ser rescrita como:

$$\hat{f}_i(x, y) = h_{eq}(x, y) ** f(x, y) \quad (2.13)$$

Para que (2.13) obedeça à condição estabelecida em (2.9), a resposta ao impulso do sistema equalizado $h_{eq}(x, y)$ deve ser

$$h_{eq}(x, y) = K\delta(x - K_x, y - K_y) \quad (2.14)$$

onde

$$\delta(x, y) = \begin{cases} 1 & , \text{ se } (x, y) = (0, 0) \\ 0 & , \text{ em outros casos.} \end{cases} \quad (2.15)$$

As expressões (2.13) e (2.14) consideram o sistema degradador isento de ruído aditivo. Contudo, para que se tenha uma representação matemática mais realística, o efeito do ruído $n_d(x, y)$ será reintroduzido no desenvolvimento. Assim, substituindo $h_{eq}(x, y)$ em (2.11) pelo resultado obtido em (2.14), têm-se

$$\hat{f}(x, y) = Kf(x - K_x, y - K_y) + h_r(x, y) ** n_d(x, y) \quad (2.16)$$

$$\hat{f}(x, y) = Kf(x - K_x, y - K_y) + n_r(x, y) \quad (2.17)$$

onde o ruído da imagem restaurada é

$$n_r(x, y) = h_r(x, y) ** n_d(x, y) \quad (2.18)$$

De acordo com as expressões desenvolvidas, sempre que houver ruído na formação da imagem degradada, podem ser obtidas restaurações que se aproximem do critério estabelecido em (2.9) a menos do termo $n_r(x, y)$.

A equação (2.17) apresenta um compromisso na restauração de imagens reais, onde a presença de ruído é inevitável: $h_{eq}(x, y)$ deve convergir para $K\delta(x - K_x, y - K_y)$, mantendo a variância de $n_r(x, y)$ em um nível tolerável.

Na próxima seção, são apresentadas as principais abordagens empregadas na restauração de imagens.

2.4- Principais Abordagens para Restauração de Imagens.

Pode-se classificar os algoritmos para restauração de imagens em dois tipos, a saber: *clássicos* e *autodidatas*. Ambos fazem uso de filtros adaptáveis para estimação da imagem original.

2.4.1- Restauração Clássica.

Os métodos de restauração clássica procuram, primeiramente, caracterizar o sistema degradador utilizando uma imagem $f(x, y)$ conhecida. Nessa caracterização, duas são as estratégias normalmente empregadas:

a) estimação do filtro inverso de $h_d(x, y)$ (Fig. 2.3);

b) identificação de $h_d(x, y)$, com utilização posterior de técnicas que, a partir de

$h_d(x, y)$, conseguem uma boa estimativa, $\hat{f}(x, y)$, da imagem original (Fig. 2.4).

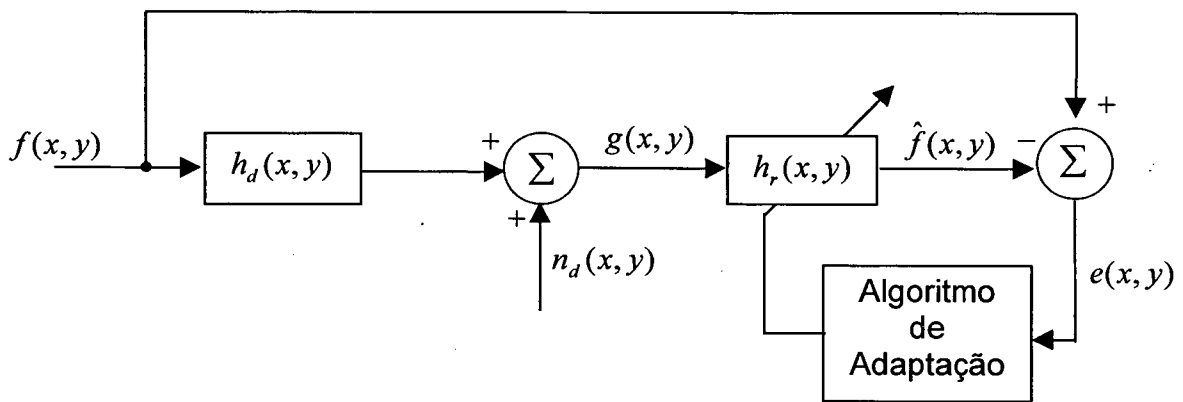


Fig. 2.3 – Estrutura adaptativa para estimação do filtro inverso de $h_d(x, y)$.

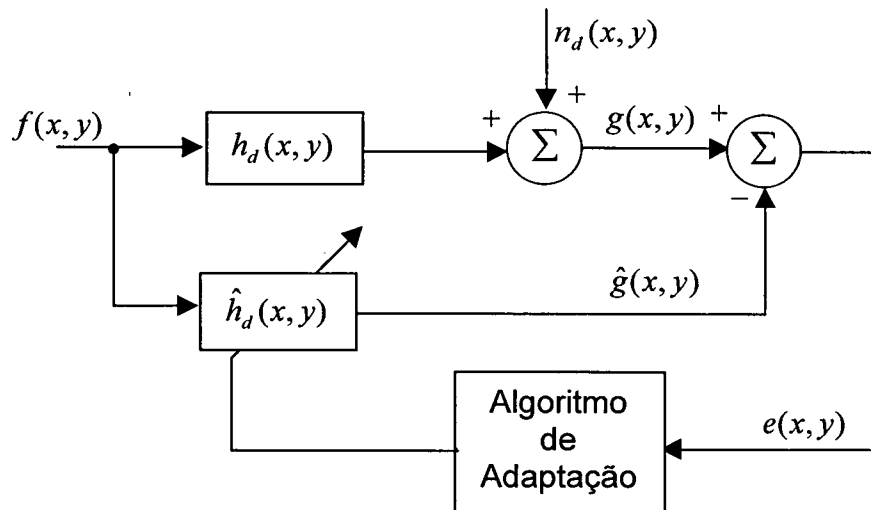


Fig. 2.4 – Estrutura adaptativa para identificação de $h_d(x, y)$.

Na estratégia (a), observa-se o filtro adaptativo em série ao sistema degradador, enquanto o algoritmo de adaptação procura ajustar os parâmetros de $\hat{h}_d(x, y)$ para minimizar a imagem de erro $e(x, y)$, segundo o critério de otimização adotado.

Em (b), verifica-se uma estrutura diferente da anterior. O filtro adaptativo procura igualar seus parâmetros aos do sistema degradador, identificando $h_d(x, y)$.

Caracterizado o sistema de degradação, uma imagem degradada $g(x, y)$ poderá ser restaurada, sem necessidade de se conhecer a imagem original $f(x, y)$. Para tanto, o sistema degradador deve ter parâmetros fixos durante o período que compreende sua caracterização e a obtenção da imagem $g(x, y)$.

Se for utilizada a estratégia (a), a imagem restaurada $\hat{f}(x, y)$ é obtida procedendo-se à convolução entre $g(x, y)$ e $\hat{h}_d(x, y)$,

$$\hat{f}(x, y) = h_r(x, y) ** g(x, y) \quad (2.19)$$

No caso da estratégia (b), são empregadas técnicas, como as descritas em [3,4,6], que fazem uso do conhecimento de $h_d(x, y)$ para obter $\hat{f}(x, y)$.

2.4.2- Restauração Autodidata.

A restauração autodidata, também denominada por *recuperação cega (blind recovery)* ou *desconvolução cega (blind deconvolution)*, ocorre quando se pretende restaurar uma imagem e se dispõe de escassa informação sobre a imagem original e sistema de degradação. O único sinal completamente conhecido é a própria imagem degradada $g(x, y)$.

Em termos práticos, sempre se detém algum conhecimento *a priori* sobre certas características da imagem original e do sistema degradador. Essas informações, incorporadas à estrutura autodidata, são de fundamental importância para o êxito da restauração. Exemplos de possíveis características conhecidas *a priori* são: não negatividade, suporte finito e valores limite dos pixels da imagem original; e manutenção da energia entre os sinais de entrada e saída do sistema de degradação.

A Fig. 2.5 mostra o arranjo básico de um sistema autodidata de restauração de imagens.

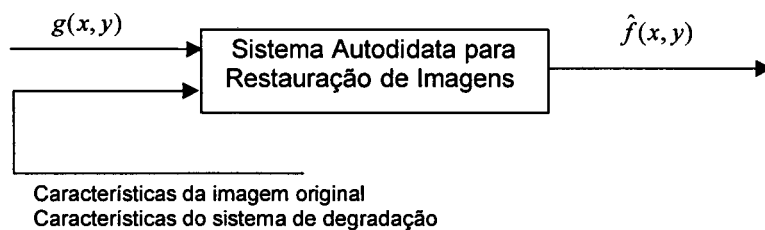


Fig. 2.5- Sistema autodidata para restauração de imagens.

Uma introdução às diversas técnicas para restauração autodidata pode ser encontrada em [8]. Neste trabalho, será dada ênfase maior à técnica *NAS-RIF* (*Nonnegativity And Support constraints Recursive Inverse Filtering*) [9], por prestar-se facilmente à implementação com AGs, dadas as suas características estruturais.

Na Fig. 2.6, a estrutura em blocos *NAS-RIF* [8,9] é apresentada. O objetivo aqui, também é estimar o filtro inverso do sistema de degradação, como no caso (a) da seção 2.4.1. No entanto, a imagem original encontra-se indisponível. Para contornar a falta desta informação, um operador não-linear, representado na Fig. 2.6 através do bloco *estimador*, impõe restrições determinísticas à imagem restaurada, $\hat{f}(x,y)$, gerando a imagem de referência $\tilde{f}(x,y)$. É o *estimador* que comanda a convergência do algoritmo.

O bloco de otimização implementa os procedimentos de busca do ponto ótimo na superfície de desempenho considerada. Neste caso, como nas Figs. 2.3 e 2.4, pretende-se minimizar o sinal de erro $e(x,y)$, segundo um critério adotado.

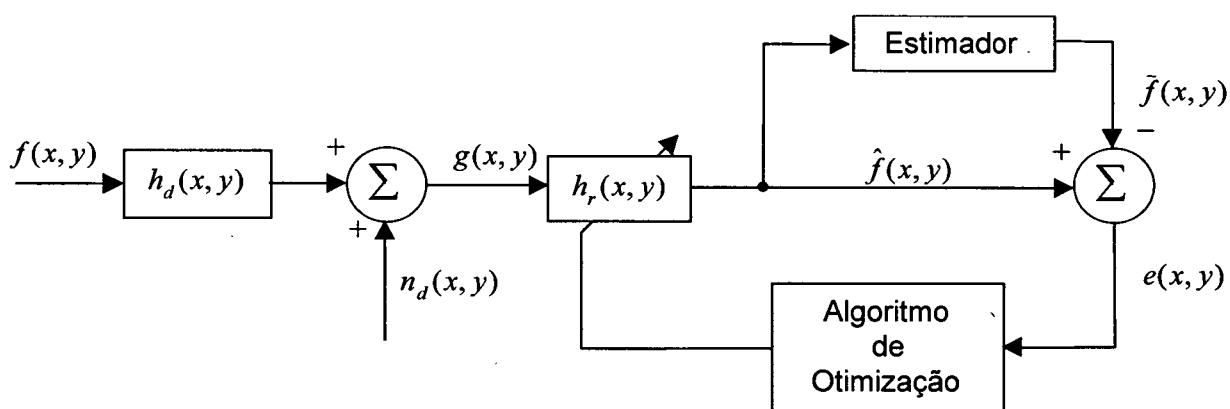


Fig. 2.6- Estrutura de um sistema para restauração autodidata que implementa o algoritmo NAS-RIF.

A técnica NAS-RIF, adequada à restauração de imagens em níveis de cinza caracterizadas por um objeto principal destacado de um fundo uniforme (como as imagens astronômicas, de raios-X e tomografias), emprega as seguintes restrições através de seu estimador:

- a) *suporte* da imagem original conhecido. É considerado *suporte da imagem* o menor retângulo que contém o objeto principal da imagem;
- b) não-negatividade da imagem. Esta característica é inerente aos sinais de imagem em tons de cinza que obedecem ao modelo multiplicativo abordado em [10]:

$$f(x, y) = f_r(x, y) \cdot f_i(x, y) \quad (2.20)$$

onde a imagem $f(x, y)$ é formada pela multiplicação dos componentes $f_r(x, y)$, refletância (capacidade de refletir a luz incidente) e $f_i(x, y)$, iluminação (quantidade de luz incidente), ambas estritamente positivas.

É mostrado em [9] que, se forem utilizadas as restrições (a) e (b), a superfície de desempenho é convexa, viabilizando o uso de algoritmos de otimização fundamentados no gradiente e de baixo custo computacional.

A estrutura que implementa a técnica *NAS-RIF* é análoga às estruturas apresentadas em [11] para a equalização autodidata de canal em sistemas de comunicação de dados.

A aplicação da técnica abrange diversas áreas, incluindo: astronomia, imagens de raios-x, tomografia e ressonância magnética.

As Tabelas 2.1 e 2.2 apresentam o algoritmo NAS-RIF, tal qual descrito em [9].

Tabela 2.1- Algoritmo NAS-RIF.

Condições iniciais:

a) $k = 0$

b) $h_r^0 = [0 \cdots 1 \cdots 0]$ (a componente igual a unidade é posicionada no centro do vetor)

1) $\hat{f}(x, y) = h_r^k(x, y) ** g(x, y)$

2) $\bar{f}(x, y) = Est[\hat{f}(x, y)]$

se $(x, y) \notin Sup$ então

$$\bar{f}(x, y) = 0$$

senão

se $\hat{f}(x, y) \geq 0$ então

$$\bar{f}(x, y) = \hat{f}(x, y)$$

senão

$$\bar{f}(x, y) = 0$$

3) $[\nabla J(h_r^k)]^T = \left[\frac{\partial J(h_r^k)}{\partial h_r^k(1,1)} \frac{\partial J(h_r^k)}{\partial h_r^k(1,2)} \cdots \frac{\partial J(h_r^k)}{\partial h_r^k(N_x, N_y)} \right]$

$$3.a) \frac{\partial J(h_r^k)}{\partial h_r^k(i, j)} = 2 \sum_{(x,y) \in Sup} \left\{ \hat{f}(x, y) \left[\frac{1 - \text{sgn}(\hat{f}(x, y))}{2} \right] g(x-i+1, y-j+1) \right\} + \\ + 2 \sum_{(x,y) \notin Sup} \left\{ [\hat{f}(x, y) - L_F] g(x-i+1, y-j+1) \right\} + 2\gamma \sum_{\forall(x,y)} [h_r^k(x, y) - 1]$$

4) $\beta = (\langle \nabla J(h_r^k) - \nabla J(h_r^{k-1}), \nabla J(h_r^k) \rangle) / (\langle \nabla J(h_r^{k-1}), \nabla J(h_r^{k-1}) \rangle)$

5) se $k = 0$ então $d^k = -\nabla J(h_r^k)$

senão

$$d^k = -\nabla J(h_r^k) + \beta \cdot d^{k-1}$$

6) minimização linear para encontrar t_k , tal que $J(h_r^k + t_k \cdot d^k) \leq J(h_r^k + t \cdot d^k)$, $\forall t \in \mathbb{R}$

6.a) $J(h_r^k) = \sum_{\forall(x,y)} e^2(x, y) + \gamma \sum_{\forall(x,y)} [h_r^k(x, y) - 1]^2$

6.b) $e(x, y) = \hat{f}(x, y) - \bar{f}(x, y)$

7) $h_r^{k+1} = h_r^k + t_k \cdot d^k$

8) $k = k + 1$

9) Voltar ao passo (1)

obs.: a minimização linear do passo (6) foi realizada através da rotina *dlinmin*, encontrada na referência [12].

Tabela 2.2- Legenda da Tabela 2.1.

Legenda da Tabela 2.1:

$\hat{f}(x, y)$: estimativa da imagem original;

$\bar{f}(x, y)$: imagem de referência;

$g(x, y)$: imagem degradada;

$e(x, y)$: imagem de erro;

$h_r^k(x, y)$: filtro de reconstrução na iteração k ;

N_X e N_Y : suporte do filtro de reconstrução;

γ : constante de ponderação;

Sup : região de suporte da imagem original;

$J(h_r^k)$: valor da função custo para um dado filtro de reconstrução;

$\nabla J(h_r^k)$: gradiente de J no ponto h_r^k ;

$\langle \cdot, \cdot \rangle$: produto escalar;

$Est[\cdot]$: operador referente ao bloco *estimador*;

L_F : valor do pixel que compõe a cor de fundo.

2.5- Conclusão.

Neste capítulo, foram apresentados modelos para sistemas de degradação e restauração de imagens. As duas principais abordagens para reconstrução, *clássica* e *autodidata*, foram discutidas e, nesta última, a técnica *NAS-RIF* foi mais detalhadamente explorada. Os sistemas considerados no Capítulo 5 estão estruturados conforme mostrado nas Figs 2.3, 2.4 e 2.6.

As técnicas *clássicas* operam com conhecimento *a priori* da imagem original ou do sistema de degradação, enquanto que as *autodidatas* trabalham com escassas informações desses dois elementos. Nos sistemas *autodidatas*, a imagem de referência, $\bar{f}(x, y)$, responsável por comandar a convergência dos coeficientes do filtro de reconstrução, é obtida através da estimativa da imagem original, $\hat{f}(x, y)$, processada por um *bloco não linear*. Este, denominado

estimador, incorpora as restrições da imagem original e do sistema degradador. No caso da técnica *NAS-RIF*, as restrições são: suporte conhecido e não negatividade da imagem original.

Em todos os sistemas de recuperação de imagens abordados, há a presença de um bloco de *otimização* ou *adaptação*, cuja finalidade é encontrar o ponto ótimo de uma superfície de desempenho, ajustando os coeficientes do filtro de restauração para diminuir o sinal de erro $e(x, y)$. O algoritmo *NAS-RIF* emprega, para esse fim, uma rotina de minimização que usa a informação do gradiente da superfície. Todavia, pode-se utilizar qualquer estratégia para ajustar os parâmetros de $h_r(x, y)$, entre as quais os AGs, citados no Capítulo 1 deste trabalho.

Sendo um dos objetivos desta dissertação aplicar AGs ao processamento de imagens, é reservado ao Capítulo 3 a discussão sobre as idéias e operadores que estruturam este procedimento de otimização.

CAPÍTULO 3

ALGORITMOS GENÉTICOS ARTIFICIAIS

3.1- Introdução.

Algoritmos genéticos (AGs) vêm sendo utilizados, com resultados bastante animadores, em aplicações que requerem algum procedimento de otimização. Embora os trabalhos pioneiros datem dos anos 50, somente na década de 70, através dos resultados dos trabalhos de Holland, a técnica ganhou popularidade e maior interesse da comunidade científica [1,13]. Atualmente, um considerável esforço tem sido realizado para divulgar, investigar mais profundamente e aplicar o que tem sido desenvolvido a respeito dos AGs [14,15].

Biólogos que procuravam um entendimento mais claro sobre os mecanismos naturais de evolução, através de simulações em computador, foram os responsáveis pelas primeiras implementações de AGs, bem antes que estes fossem aplicados em problemas de otimização por engenheiros, matemáticos e economistas. Eis o porquê da terminologia e filosofia dos AGs serem, em grande parte, provenientes da biologia.

Um AG funciona da seguinte maneira: inicialmente, tem-se uma *população*, composta por determinado número de *indivíduos*. Cada *indivíduo* é representado por um *cromossomo* que contém suas características genéticas. Valores de *aptidão* são, então, associados aos indivíduos. Os

mais aptos possuem maior probabilidade de sobreviver e transmitir suas características às gerações futuras. Portanto, o AG trabalha para maximizar a aptidão média de uma população ao longo das gerações, através dos processos de *seleção*, *cruzamento*, *mutação* e *reposição*.

Normalmente, em sistemas adaptativos não genéticos, tem-se uma única estimativa inicial dos parâmetros de um filtro, que é aprimorada recursivamente com o crescente número de iterações do algoritmo de adaptação [16]. Com o uso de AGs, parte-se de um conjunto de estimativas (*população de indivíduos*), às quais estão associados erros de estimação (*aptidões*). As estimativas (*indivíduos*) combinam suas características entre si (*seleção*, *cruzamento*, *mutação* e *reposição*), dando origem a um conjunto de novas estimativas (*nova geração*) que possui menor erro médio de estimação (*maior aptidão média*) que o conjunto anterior.

Na seção 3.2, é apresentado um procedimento para representar filtros através de cromossomos. A atribuição de valores de aptidão aos indivíduos de uma população é comentada na seção 3.3, enquanto, as etapas de uma iteração de um AG, chamadas de *ciclo básico*, são apresentadas na seção 3.4. Na seção 3.5, são abordados os operadores de seleção, cruzamento, mutação e reposição. Na seção 3.6, a convergência e estabilidade dos AGs são discutidas à luz da *teoria de esquemas*.

Nas referências [1,2,17] são encontradas maiores informações sobre a evolução histórica dos AGs, bem como maiores detalhes adicionais sobre seus fundamentos.

3.2- Codificação de um Cromossomo.

Em AGs, cada indivíduo é representado por um cromossomo. Por sua vez, cada cromossomo é um vetor de componentes binários, os quais recebem o nome de *genes*. Na utilização de AGs em filtragem adaptável, cada filtro (*indivíduo*) é representado por um cromossomo.

A primeira providência a ser tomada para aplicar um AG à filtragem adaptável é codificar o cromossomo, ou seja, representar através de um vetor binário os parâmetros (coeficientes) de um filtro. Esta codificação pode ser realizada da seguinte forma:

- a) cada coeficiente do filtro a ser representado é quantizado e expresso por uma seqüência binária finita;
- b) cada seqüência é ordenada uma após a outra para a formação do cromossomo.

A seguir, é apresentado um exemplo para maior entendimento do procedimento de codificação descrito.

Exemplo 3.1: Seja $h(x)$ a resposta ao impulso de comprimento finito de um filtro. Supondo o número de amostras de $h(x)$ igual a 4 e cada uma delas codificada com uma palavra de 4 bits no intervalo $[0 ; 0,1]$, poder-se-ia ter um cromossomo que representasse $h(x)$ dado por:

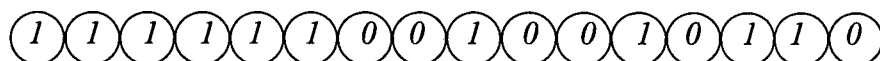


Fig. 3.1 – Cromossomo exemplo.

O valor de cada amostra de $h(x)$ é, então, calculado:

- a) divide-se o cromossomo em grupos de 4 bits;
- b) cada grupo representa uma das amostras de $h(x)$. Para cada grupo de 4 bits, deve-se achar sua respectiva representação em base decimal;
- c) calcula-se o valor real de cada amostra $h(x)$, segundo a expressão

$$h(x) = h_{min} + \frac{(h_{max} - h_{min})}{2^b - 1} [\text{cromossomo}]_{10} \quad (3.1)$$

onde:

$[\cdot]_{10}$ é a representação em base decimal do argumento;

b é o número de bits da palavra usada para representar as amostras de $h(x)$;

h_{min} e h_{max} são os valores mínimo e máximo representados pelo quantizador, neste caso, 0 e 0,1, respectivamente.

No exemplo assumido,

$$\begin{aligned} h(0) &= 0 + \frac{(0,1-0)}{2^4 - 1} [1111]_{10} \\ &= 0 + \frac{(0,1-0)}{2^4 - 1} 15 = 0,1 \end{aligned}$$

Da mesma forma, obtêm-se para as outras amostras,

$$h(1) = 0,080$$

$$h(2) = 0,060$$

$$h(3) = 0,040$$

O cromossomo 111110010010110 , portanto, representa o filtro de resposta ao impulso $h(x)$, representado, a seguir, pelo vetor \mathbf{h} .

$$\mathbf{h} = [0,1 \ 0,080 \ 0,060 \ 0,040]^T$$

A Fig. 3.2 mostra, resumidamente, as etapas para o cálculo dos coeficientes de $h(x)$.

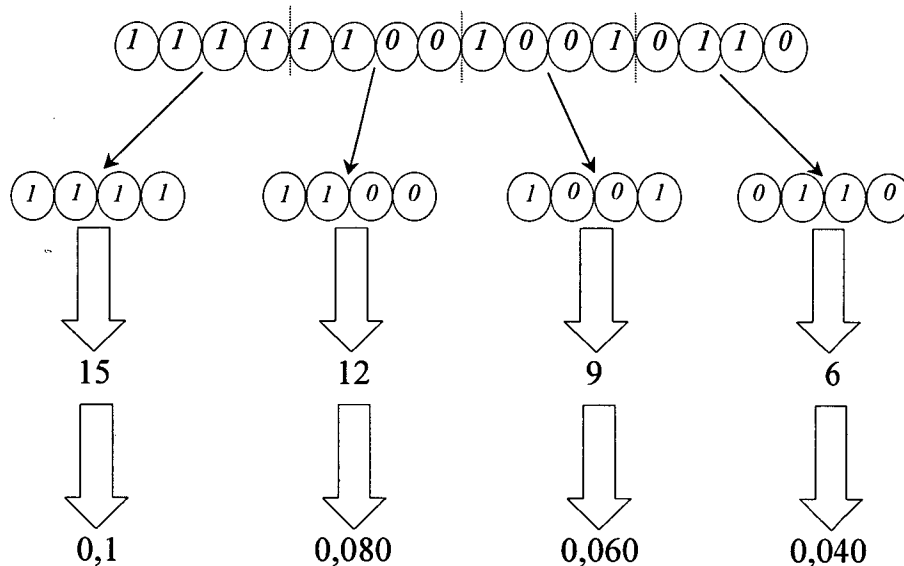


Fig. 3.2- Cálculo das amostras de $h(x)$.

A escolha dos valores de h_{min} , h_{max} e b depende da natureza do problema. No entanto, deve-se ter sempre em mente que h_{min} e h_{max} definem a região de busca na superfície de desempenho, enquanto o número de bits b determina a resolução da busca.

Existem outras maneiras de se codificar um cromossomo mas, o procedimento aqui apresentado (*codificação multi-paramétrica de parâmetros concatenados* [1]) é de simples implementação e apresenta bons resultados práticos. Nas simulações desta dissertação, todos os AGs tiveram seus indivíduos codificados da forma descrita.

3.3- Atribuição de Aptidão aos Indivíduos.

Na Natureza, os elementos de uma espécie mais adaptados às condições de seu ambiente, ou seja, os mais aptos, têm maior chance de sobreviver e transmitir seus códigos genéticos às futuras gerações.

Em AGs artificiais, deseja-se exatamente a mesma coisa. Para isso, é preciso que a cada indivíduo (filtro) esteja associado um valor de aptidão. Em filtragem adaptável, a aptidão é inversamente proporcional ao sinal de erro: os melhores filtros são aqueles que apresentam menores erros de estimação.

Os AGs trabalham, como já comentado, para aumentar a aptidão média da população ao longo das gerações. Por este motivo, em se tratando de um problema de minimização, como no caso de filtragem adaptativa, é necessário “transformá-lo” em maximização. Logo, considerando $J(h_r^k)$ (Tabela 2.1, passo 6) a função a ser minimizada no processo de restauração de imagens, a aptidão de um indivíduo, apt , pode ser calculada segundo (3.2)

$$\begin{aligned} apt &= K - J(h_r^k), \text{ se } J(h_r^k) \leq K \\ &= 0, \text{ se } J(h_r^k) > K \end{aligned} \quad (3.2)$$

O valor de K em (3.2) pode ser, por exemplo, igual ao maior valor de $J(h_r^k)$ nas últimas iterações. É estabelecido na literatura, que K deve variar proporcionalmente à variância da aptidão média da população ao longo das gerações, para que sejam alcançados bons resultados [1].

3.4- Ciclo Básico.

Ciclo básico são as ações necessárias para a realização de uma iteração em um AG.

Constitui-se em:

- a) seleção;
- b) cruzamento;
- c) mutação;
- d) reposição.

A Fig. 3.3 ilustra as etapas de uma iteração em um AG: partindo-se da *geração atual*, são *selecionados* os indivíduos para *cruzamento*. Indivíduos *mais aptos* (os de maior *apt*) têm maiores chances de serem selecionados. Na etapa de *cruzamento*, aqueles selecionados, aos pares, trocam entre si patrimônio genético (características), dando origem a uma *população intermediária*. Desta população, serão retirados indivíduos, segundo os critérios de *reposição* para a formação de uma nova geração. Eventualmente, alguns elementos da nova geração sofrem *mutações* (modificações aleatórias de um ou mais de seus *genes*).

O ciclo básico se repete até que seja satisfeito um critério de parada, normalmente, número máximo de gerações ou erro médio quadrático máximo.

Os operadores que realizam a seleção, cruzamento, mutação e reposição são abordados na próxima seção.

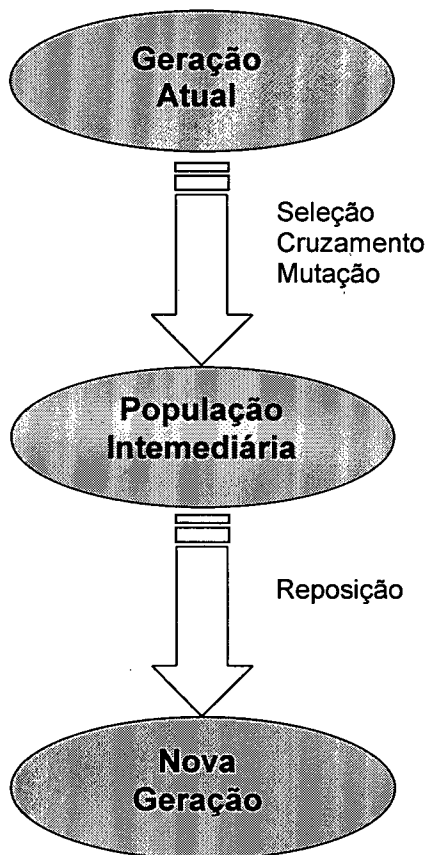


Fig. 3.3- Ciclo Básico de um algoritmo genético.

3.5- Operadores.

3.5.1- Operador de Seleção.

O operador de seleção é responsável pela escolha daqueles indivíduos da população atual que irão contribuir para a formação de uma nova geração. Dentre as formas de realizar a seleção, pode-se destacar:

- a) *Amostragem Estocástica com Reposição ou Método da Roleta*: este operador simula o giro de uma roleta com quantidade de números referentes a cada cromossomo proporcional à aptidão deste. Quanto maior a aptidão do cromossomo, maior a quantidade de posições da roleta associados a um determinado indivíduo e, portanto, maior a chance deste ser selecionado para cruzamento.
- b) *Amostragem Determinística*: Calcula-se o número esperado de vezes de cada indivíduo ser selecionado através da expressão

$$n_k = \left[\frac{apt_k}{\sum_{i=1}^{NPop} apt_i} \right] NPop \quad (3.3)$$

onde:

apt_k : aptidão do k-ésimo indivíduo da população;

$NPop$: número de indivíduos por população;

n_k : número esperado de vezes de o k -ésimo indivíduo ser selecionado para cruzamento.

A parte inteira de n_k determina quantas vezes o k -ésimo cromossomo será selecionado.

A partir da parte fracionária dos n_k 's, é formado um *vetor índice de indivíduos*, ordenado de maneira decrescente. A quantidade de seleções que falta para compor todos os pares necessários para gerar uma nova geração (cada par de cromossomos-pais gera um par de cromossomos-filhos) é obtida através do *vetor índice de indivíduos*, acima definido. Os cromossomos com maior parte fracionária são selecionados até chegar ao número de seleções desejado.

c) *Amostragem Estocástica dos Restos sem Reposição*: A primeira etapa é idêntica ao método (b). Entretanto, as seleções restantes, anteriormente obtidas pela ordem decrescente da parte fracionária dos n_k 's, são realizadas procedendo-se a um sorteio de Bernoulli para cada indivíduo, tendo o evento $\{k\text{-ésimo cromossomo selecionado}\}$ probabilidade igual a parte fracionária de n_k . Caso o resultado do sorteio seja favorável, o cromossomo é selecionado e não estará mais disponível para futuros sorteios. Os sorteios são repetidos até que todas as seleções necessárias sejam realizadas.

Há outros operadores que são simples variantes dos aqui apresentados, por exemplo,

Amostragem Estocástica dos Restos com Reposição e Amostragem Estocástica sem Reposição

[1]. A escolha de um método em particular deve considerar que a seleção para cruzamento tem por princípio premiar os cromossomos que possuem maior aptidão.

3.5.2- Operador de Cruzamento.

Os pares selecionados possuem probabilidade de cruzamento p_c . O cruzamento só se efetuará caso, feito um sorteio, o resultado for favorável. Não o sendo, os novos cromossomos-filhos serão cópias idênticas aos cromossomos-pais. Ocorrendo cruzamento, este realizar-se-á como ilustrado na Fig. 3.4.

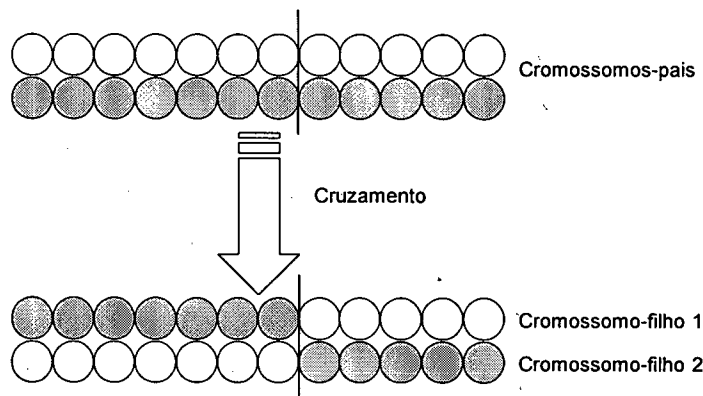


Fig. 3.4- Cruzamento.

A posição onde os cromossomos são seccionados é escolhida aleatoriamente.

É possível, também, haver cruzamento com mais de uma posição para seção do cromossomo: o chamado cruzamento multi-ponto (Fig. 3.5).

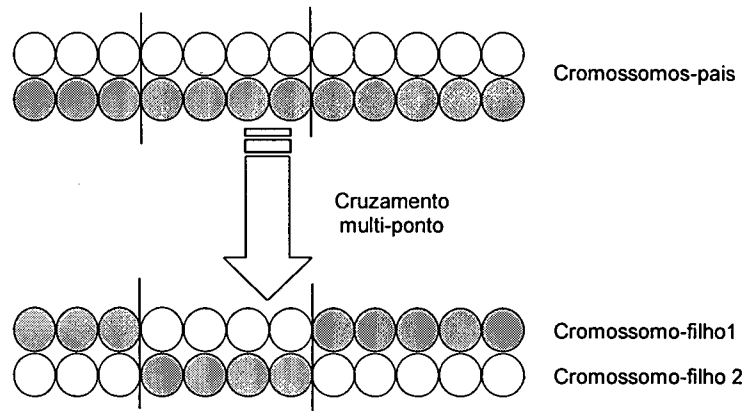


Fig. 3.5- Cruzamento multi-ponto.

3.5.3- Operador de Mutação.

Após a seleção e o cruzamento, tem-se como resultado uma sub-população ou população intermediária, formada pelos cromossomos-pais e cromossomos-filhos .

Para cada *gene* de cada cromossomo da população intermediária é realizado um teste de mutação. O evento favorável à mutação possui probabilidade p_m , normalmente da ordem de 10^{-3} . Passando o gene no teste de mutação, seu valor é trocado: se é “0” torna-se “1” e vice-versa (Fig. 3.6).

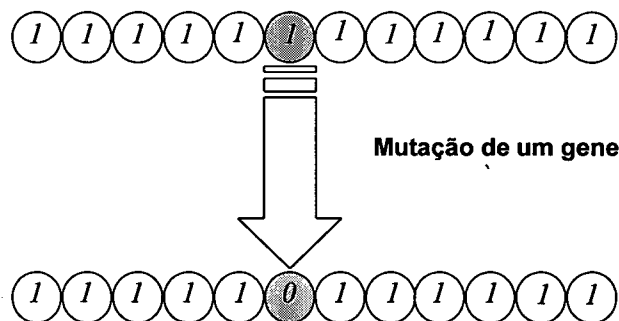


Fig. 3.6- Mutação em um cromossomo.

3.5.4- Reposição.

Estabelecida a população intermediária, parte de seus componentes irá compor a nova geração de indivíduos e o restante será descartado. A escolha de quais cromossomos da população intermediária formarão a nova geração obedece aos critérios de *reposição*.

A reposição de indivíduos pode ser realizada segundo três estratégias, ou suas variantes, a saber:

- a) *Estratégia Não-Elitista*: toda a população de cromossomos-pais é substituída pela de cromossomos-filhos;
- b) *Estratégia Elitista*: toda a população de cromossomos-pais é substituída pela de cromossomos-filhos. Entretanto, o melhor cromossomo de todas as gerações é armazenado, a fim de que seja reintroduzido periodicamente em novas populações, caso estas não possuam, pelo menos, uma cópia sua;
- c) *Estratégia Mista*: apenas uma parcela da população de cromossomos-pais será substituída, geralmente os piores indivíduos, pelos melhores exemplares de cromossomos-filhos.

3.6- Convergência, Estabilidade e Teoria de Esquemas.

Os bons resultados obtidos com os AGs encontram-se justificados na *teoria de blocos de construção* ou *teoria de esquemas* [1,13]. Esta teoria fornece fundamentação matemática para

que se possa explicar a estabilidade e a convergência dos AGs para bons resultados em otimização.

Esquemas podem ser construídos trocando valores de determinados genes por um símbolo, “#”. Por exemplo,

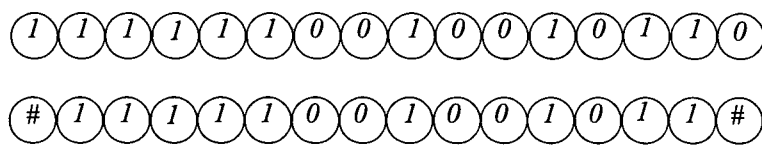


Fig. 3.7– Um cromossomo e um possível esquema associado.

Um esquema representa um elenco de cromossomos que possui genes de mesmo valor, exceto nas posições onde há o símbolo “#”. O número de cromossomos diferentes que fazem parte de um mesmo esquema é igual a 2^n , onde n é o número de símbolos “#” do esquema. Os cromossomos que fazem parte do esquema apresentado na Fig. 3.7 são:

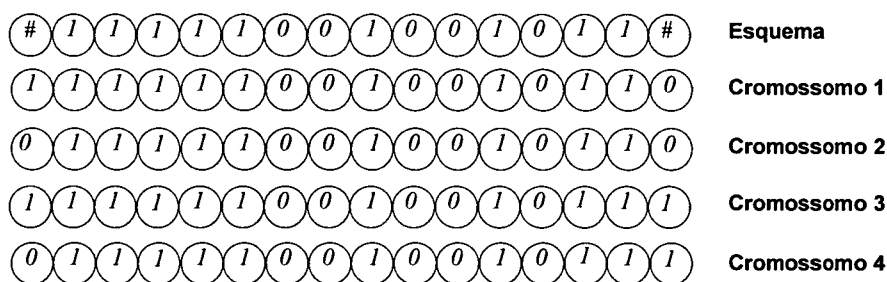
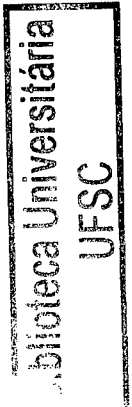


Fig. 3.8– Esquema e seus cromossomos.

Seja $n_a(E)$ o número de cromossomos na atual população pertencentes a um determinado esquema E , o número de cromossomos da próxima geração, $n_{a+1}(E)$, pertencentes ao mesmo esquema E [1] obedece à seguinte desigualdade:



$$n_{a+l}(E) \geq n_a(E) \cdot \frac{apt(E)}{\sum apt/NPop} \cdot \left[1 - p_c \frac{\delta(E)}{l-1} - ord(E)p_m \right] \quad (3.4)$$

onde:

$apt(\cdot)$: aptidão média dos cromossomos que compõe um esquema;

$\sum apt/NPop$: aptidão média da população atual;

$\delta(\cdot)$: comprimento do esquema, definido como sendo a distância entre a primeira e a última *posição fixa* (*posição fixa* – posição de um gene cujo valor é diferente de “#”);

$ord(\cdot)$: ordem de um esquema, definido como o número de posições fixas do mesmo;

l : comprimento do cromossomo.

A Expressão (3.4) é fundamental para o entendimento da convergência de um AG. Esta formulação estabelece que o número de cromossomos pertencentes a um determinado esquema E , de aptidão $apt(E)$, acima da aptidão média da população, de pequeno comprimento e de baixa ordem tendem a aumentar a cada geração. Da mesma forma, o número de cromossomos que pertencem a esquemas que não possuem essas características tende a diminuir.

Não obstante, a teoria de esquemas por si não garante a convergência de um AG, já que valores de p_c , p_m e $NPop$, quando inadequados, podem levar à instabilidade. Mesmo quando o AG é estável, a população pode convergir para soluções indesejáveis (ótimos locais), como nas situações de *dominação de super-cromossomo* e dos *minimum deceptive problems* [1].

Normalmente, p_c assume valores moderados (entre 0,6 e 0,75) e p_m , valores baixos (da ordem de 10^{-4} ou 10^{-3}), os mesmos devendo ser ajustados caso a caso.

Como a escolha dos valores de p_c , p_m e $NPop$ definem o comportamento de um AG, há estudos preconizando a utilização de sistemas genéticos adaptativos, ou seja, AGs cujos parâmetros se auto-modifiquem para melhor adequarem-se a um determinado problema. É sugerido, por exemplo, o uso de AGs de duas camadas: a camada superior seria responsável pela adaptação da camada inferior (Fig. 3.9).

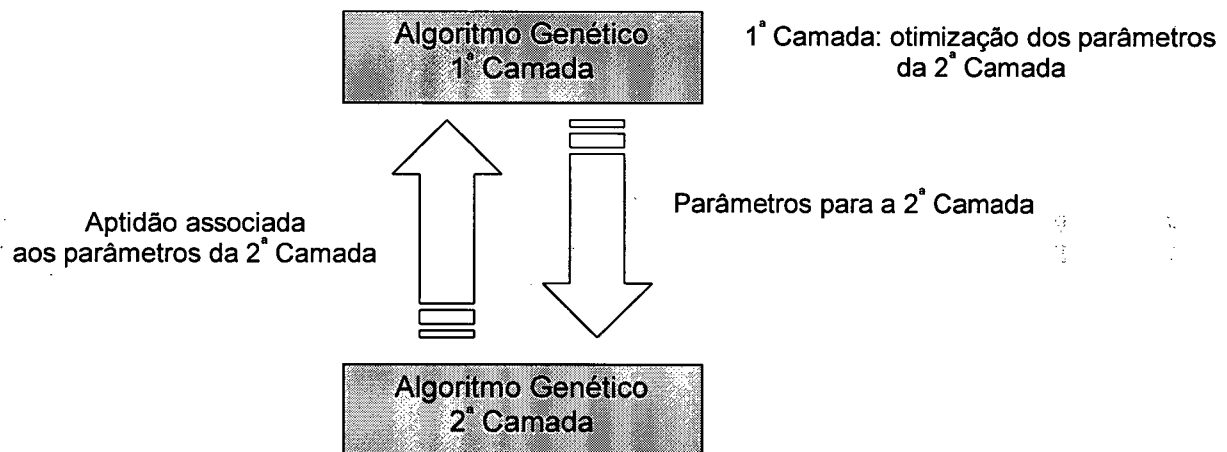


Fig. 3.9- Algoritmo genético adaptativo de duas camadas.

Os operadores possuem papel de grande importância no desempenho de um AG e encontram-se associados a determinados aspectos da capacidade de otimização. Os processos de seleção, cruzamento e reposição contribuem mais decididamente na busca de ótimos locais, enquanto que o número de indivíduos por população ($NPop$) e a mutação fornecem diversidade para o rastreamento de ótimos globais.

3.7- Conclusão.

Neste capítulo foi apresentada uma introdução à estrutura e ao funcionamento dos algoritmos genéticos (AGs). Foram abordadas as etapas que compõe um *ciclo básico*, através da análise dos operadores de *seleção*, *cruzamento*, *mutação* e *reposição*. Uma discussão sobre convergência e estabilidade dos AGs à luz da *teoria de esquemas* mostrou a importância desta na justificativa para a obtenção de bons resultados.

No Capítulo 4 é descrito em detalhes o sistema de recuperação de imagens deste trabalho que utiliza AGs como estratégia de otimização.

CAPÍTULO 4

RESTAURAÇÃO DE IMAGENS ATRAVÉS DE ALGORITMOS GENÉTICOS

4.1- Introdução.

Este capítulo tem por objetivo apresentar, detalhadamente, uma proposta para o uso de algoritmos genéticos (AGs) em sistemas de restauração de imagens.

A seção 4.2 trata das modificações estruturais necessárias aos sistemas para restauração clássica e autodidata (seção 2.4), quando são utilizados AGs conforme a proposta desta dissertação.

Na seção 4.3, são abordadas as características específicas do AG empregado neste trabalho, que são: codificação de cromossomos, estratégias de seleção, cruzamento, mutação e reposição.

4.2- Estruturas para Restauração de Imagens Usando AGs.

Os sistemas para restauração de imagens, apresentados na seção 2.4, necessitam de modificações em suas estruturas quando utilizados em conjunto com AGs.

Nesta seção, são discutidas as mudanças requeridas na implementação dos algoritmos desta dissertação, enfatizando suas principais diferenças em relação aos sistemas não-genéticos.

Na Fig. 4.1, é rerepresentada a estrutura da Fig. 2.3 adaptada para a utilização com AGs. Este caso, a *restauração clássica através da estimativa do filtro inverso de $h_d(x, y)$* , é explorado detidamente. As outras estruturas, referentes às modificações nos casos de *identificação de $h_d(x, y)$* (Fig. 2.4) e *técnica NAS-RIF* (Fig. 2.6), são abordadas de forma mais sucinta, por serem completamente análogas à primeira situação.

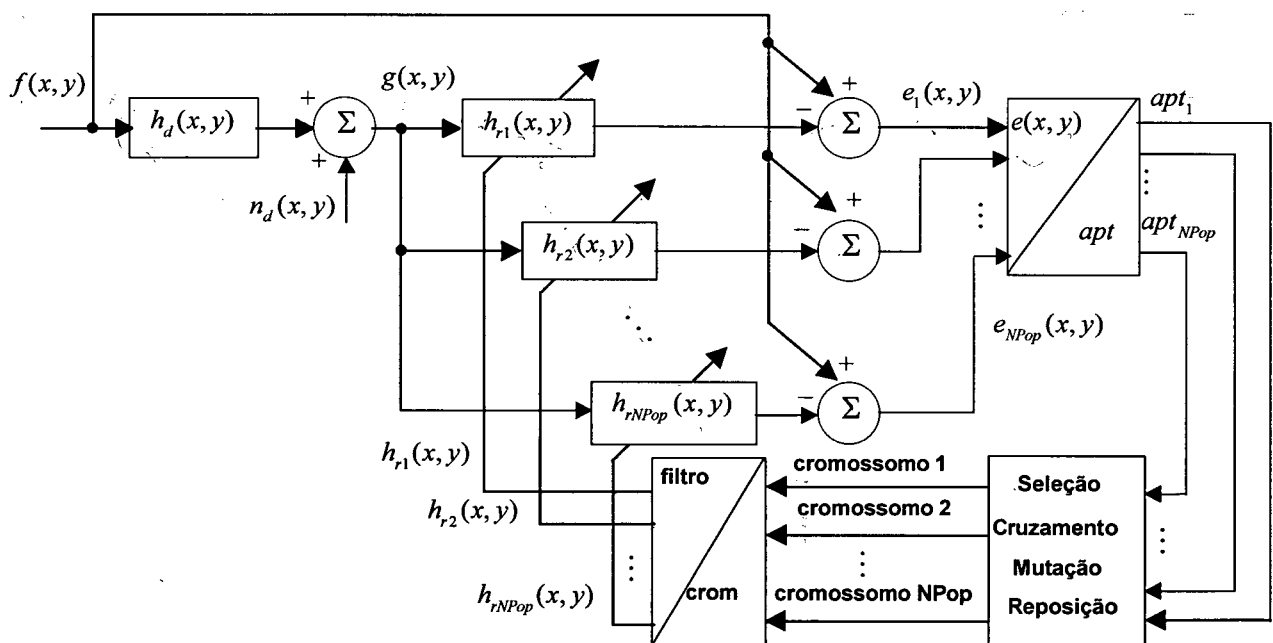


Fig. 4.1- Restauração clássica através da estimativa do filtro inverso de $h_d(x, y)$ usando AGs

Inicialmente, tem-se uma população de $NPop$ indivíduos, representados por seus cromossomos, como visto no capítulo anterior.

Na aplicação sob estudo, cada cromossomo representa um possível filtro inverso de $h_d(x, y)$. Os cromossomos são, então, convertidos, passando do formato *vetor de componentes binárias* para o de *filtro bidimensional de parâmetros reais*.

A seguir, a imagem degradada $g(x, y)$ é filtrada por cada uma das estimativas de $h_r(x, y)$ ($h_{r_1}(x, y)$, $h_{r_2}(x, y)$, ..., $h_{r_{NPop}}(x, y)$) e as imagens resultantes são subtraídas da imagem original $f(x, y)$. Assim, uma imagem *erro de estimação*, $e(x, y)$, é gerada para cada filtro de restauração ($e_1(x, y)$, $e_2(x, y)$, ..., $e_{NPop}(x, y)$, respectivamente).

A partir dos *erros de estimação*, são obtidas as *aptidões* (apt_1 , apt_2 , ..., apt_{NPop}) referentes aos cromossomos, observando o critério “quanto maior o erro de estimação, menor a aptidão e vice-versa”.

Estando cada cromossomo associado a um valor de aptidão, são realizadas as operações de *seleção*, *cruzamento*, *mutação* e *reposição*, dando origem a uma nova população de cromossomos.

Os cromossomos, desta vez, os da nova geração, passam novamente por uma conversão, repetindo-se todo o processo até que seja atendido o critério de parada adotado.

A obrigatoriedade de se computar $NPop$ vezes a imagem erro de estimação constitui a maior diferença entre o sistema da seção 2.4 e este que está sendo apresentado. Isto faz com que,

em princípio, os sistemas genéticos consigam maior robustez a um custo de usar mais memória e apresentar maior complexidade computacional. Contudo, a simplicidade dos operadores de seleção, cruzamento, mutação e reposição pode vir a compensar, em parte, a necessidade de se determinar, a cada iteração, $NPop$ estimativas.

As Figs. 4.2 e 4.3 apresentam, respectivamente, as estruturas para *identificação de* $h_d(x, y)$ e *técnica NAS-RIF* adaptadas para o uso de AGs.

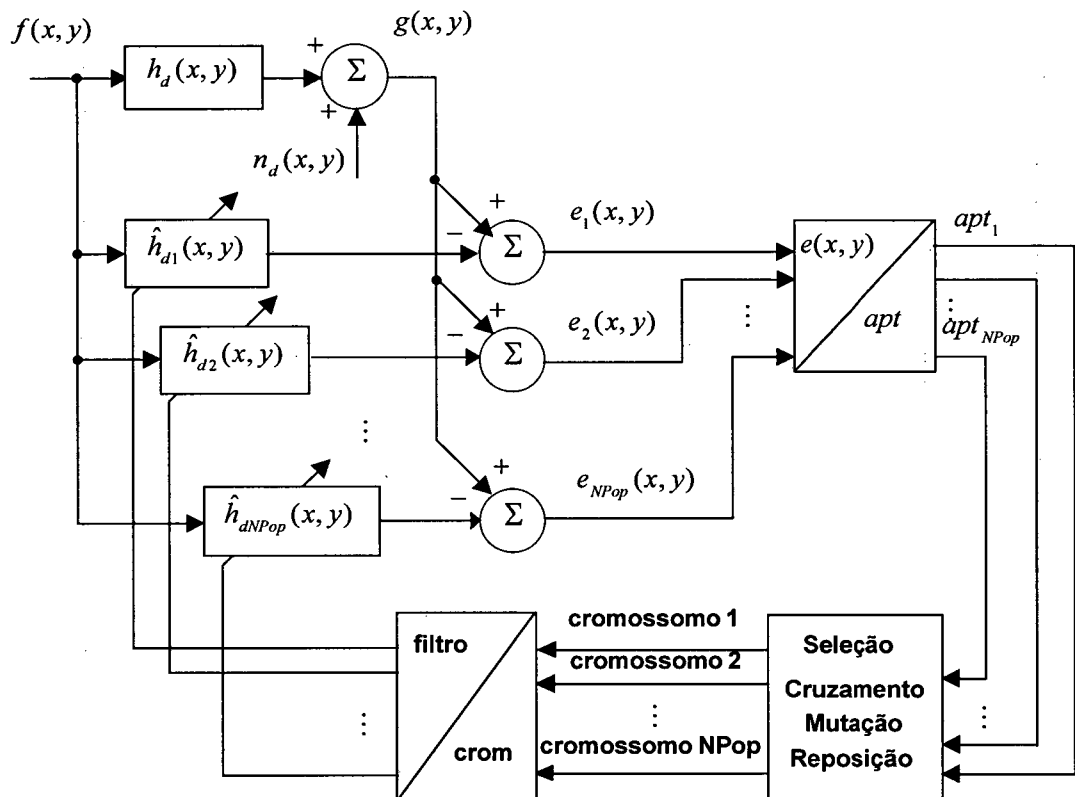


Fig. 4.2- Estimação de $h_d(x, y)$ usando AGs.

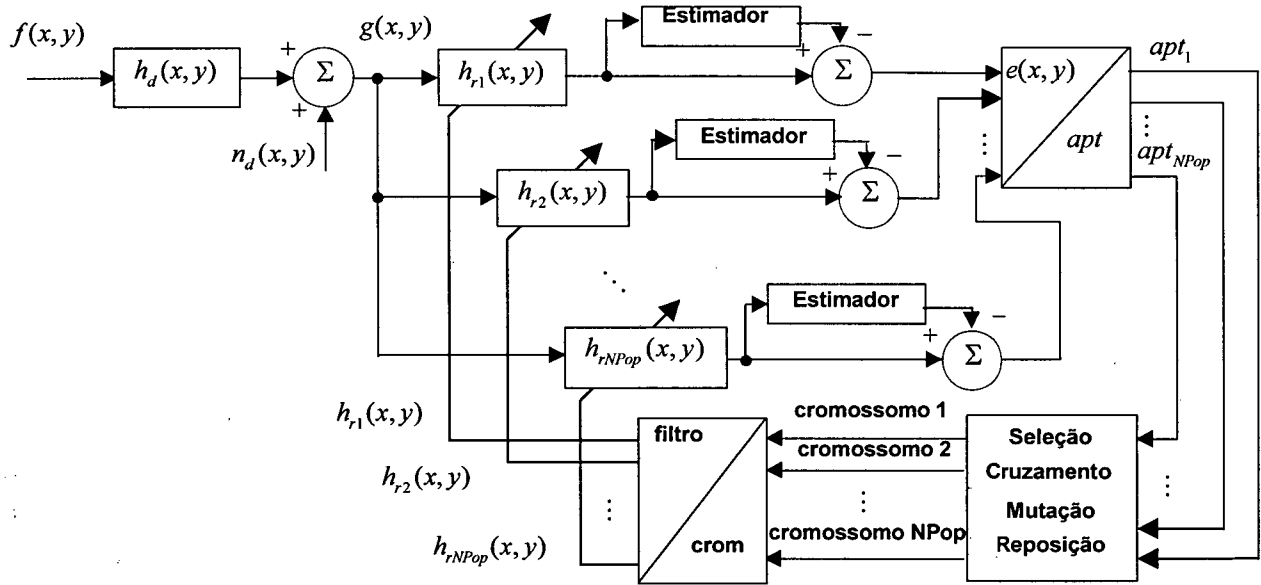


Fig. 4.3- Restauração autodata, técnica NAS-RIF, usando AGs.

4.3- Características do AG Utilizado.

4.3.1- Características Gerais.

Foi empregado nas simulações um AG de uma única camada e, portanto, a parâmetros fixos (p_m , p_c e $NPop$ constantes).

4.3.2- Codificação dos Cromossomos e Filtros Representáveis.

A codificação usada foi a *multi-paramétrica de parâmetros concatenados*, descrita na seção 3.2. Contudo, é preciso que sejam detalhadas as restrições adotadas neste trabalho na representação dos filtros bidimensionais.

Em princípio, tentou-se utilizar AGs para a identificação de filtros bidimensionais $N_K \times N_L$ genéricos, o que resultava na necessidade de se estimar $N_K \cdot N_L$ parâmetros. Nas primeiras tentativas, foram utilizados filtros pequenos usando poucos bits na representação de cada parâmetro. Os cromossomos resultantes, de comprimento $N_K \cdot N_L \cdot b$ (b é o número de bits para cada parâmetro), formavam populações instáveis (populações cujas aptidões médias não convergiam com o avançar das gerações), por mais que fossem ajustados os valores de p_m , p_c e $NPop$. Estas dificuldades iniciais ditaram um novo direcionamento ao trabalho.

Notou-se que, na identificação de sistemas degradadores, muitas vezes eram exploradas certas redundâncias dos filtros de degradação, em especial, aquelas que resultavam em simetria por quadrantes ou simetria circular [18] (a simetria circular é um caso particular da simetria por quadrantes). Uma abrangente classe de filtros bidimensionais com estas características são separáveis, ou seja, podem ser representados, alternativamente, através do produto simples das respostas ao impulso de dois filtros de uma dimensão (expressão 4.1).

$$h_d(x, y) = h_{dx}(x) \cdot h_{dy}(y) \quad (4.1)$$

A simetria por quadrantes de $h_d(x, y)$ e sua separabilidade resultam na *simetria* de $h_{dx}(x)$ e $h_{dy}(y)$.

Os filtros bidimensionais simétricos por quadrante e separáveis são alvo de certo interesse por parte daqueles que se dedicam ao processamento de imagens. Isto porque importantes degradações são modeladas através de funções que satisfazem esta propriedade. É o caso dos modelos para *turbulência atmosférica* e *degradação bidimensional uniforme* (seção 2.2). O

modelo de *má focalização* pode, em certas situações, ser também aproximado por um filtro separável.

Os modelos citados possuem outra característica importante: são separáveis em filtros $h_{dx}(x)$ e $h_{dy}(y)$ iguais.

Estas considerações simplificam muito a representação de filtros bidimensionais em AGs, como é verificado no exemplo a seguir.

Exemplo 4.1: Seja um filtro de degradação $h_d(x, y)$, 6×6 , circularmente simétrico, separável em dois filtros unidimensionais $h_{dx}(x)$ e $h_{dy}(y)$ iguais e simétricos. Os filtros $h_d(x, y)$, $h_{dx}(x)$ e $h_{dy}(y)$ são representados, respectivamente, pela matriz \mathbf{H}_d e pelos vetores \mathbf{h}_{dx} e \mathbf{h}_{dy} .

$$\mathbf{H}_d = \begin{bmatrix} 1 & 2 & 3 & 3 & 2 & 1 \\ 2 & 4 & 6 & 6 & 4 & 2 \\ 3 & 6 & 9 & 9 & 6 & 3 \\ 3 & 6 & 9 & 9 & 6 & 3 \\ 2 & 4 & 6 & 6 & 4 & 2 \\ 1 & 2 & 3 & 3 & 2 & 1 \end{bmatrix}$$

$$\mathbf{h}_{dx} = \mathbf{h}_{dy} = [1 \ 2 \ 3 \ 3 \ 2 \ 1]^T$$

Pode-se notar que $h_d(x, y)$ é completamente definido por $h_{dx}(x)$ (ou $h_{dy}(y)$) e este, por ser simétrico, é caracterizado, sem ambiguidade, pela primeira metade de seus coeficientes.

Um cromossomo representativo deste filtro em particular poderia ser codificado da seguinte forma (Fig. 4.4):

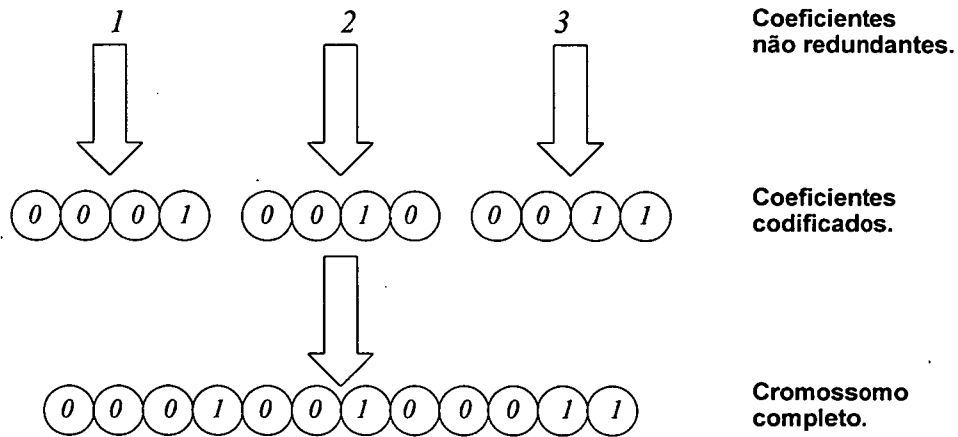


Fig. 4.4- Etapas para a codificação de um cromossomo (filtro bidimensional separável em filtros unidimensionais iguais e simétricos).

Neste exemplo, os parâmetros do quantizador são h_{min} , h_{max} e b iguais a 0, 15 e 4, respectivamente.

Na Tabela 4.1, pode-se verificar o ganho obtido no Exemplo 4.1, na representação de filtros bidimensionais separáveis em filtros iguais e simétricos, quando essa característica é considerada.

Tabela 4.1 – Ganho na representação do filtro bidimensional separável em filtros unidimensionais iguais e simétricos (dimensão da resposta: 6×6).

	Considerando a simetria	Sem conhecer a simetria
Número de parâmetros a estimar	3	36
Número de bits por parâmetro	4 bits	4 bits
Tamanho final do cromossomo	12 bits	144 bits

Os cromossomos codificados, considerando as simetrias citadas, resultaram em populações estáveis.

Nesta técnica de codificação, há redução no universo de filtros representáveis. Entretanto, além de se ter alcançado a estabilidade do algoritmo, uma grande quantidade de filtros de interesse prático é possível de ser codificada por esse método. Por estes motivos, esta técnica de codificação foi adotada nas simulações em sistemas de identificação. O porquê de se ter alcançado a estabilidade através da simplificação adotada não é claro, no entanto, a *teoria de esquemas* (seção 3.6) oferece alguns elementos interessantes, considerando que houve redução significativa do comprimento dos cromossomos. A expressão (3.4) estabelece que o número de cromossomos pertencentes a esquemas de ordem e comprimentos elevados e aptidão abaixo da aptidão média, tende a diminuir. O comprimento demasiado dos cromossomos, que se obtinha quando a simetria dos filtros era desconsiderada, poderia estar acarretando esquemas de ordem e comprimento de tal forma elevados para este problema em particular, causando a instabilidade observada.

Todavia, restava verificar se a utilização de *filtros bidimensionais separáveis em filtros unidimensionais iguais e simétricos* (FBSFUIS) também seria interessante nos sistemas de estimação de filtros inversos. Mostra-se, no Apêndice, que FBSFUIS *são invertidos por* FBSFUIS. Portanto, a codificação segundo o método aqui exposto também pode ser utilizada para filtros inversos, tendo as mesmas limitações e vantagens que no caso de identificação.

4.3.3- Seleção, Cruzamento e Mutação.

A estratégia de *seleção* adotada foi a *Amostragem Estocástica dos Restos sem Reposição* (seção 3.5.1), por apresentar, bom desempenho e menores erros estocásticos em comparação ao *Método da Roleta*, esta de mais simples implementação [1,2].

Foi utilizado *cruzamento simples* e o operador de *mutação* funciona tal qual explicado na seção 3.5.3.

4.3.4- Reposição.

A estratégia de reposição nas simulações desta dissertação se inclui na categoria *Mista* (seção 3.5.4), onde parte da população de cromossomos-pais é substituída pela de cromossomos-filhos. Especificamente, a reposição é realizada da seguinte maneira: para cada par selecionado, o cromossomo-pai de mais alto valor de aptidão tem sua permanência garantida na próxima geração. Se os cromossomos-filhos gerados não possuem valores de aptidão superiores ao do cromossomo-pai menos apto, este (o cromossomo-pai menos apto) também sobrevive, passando para a geração seguinte. Entretanto, se um dos cromossomos-filhos ou os dois possuem aptidão superior ao menos apto dos pais, o filho de maior aptidão toma o lugar do pai menos apto.

Este método de reposição, dentre os muitos testados, gerou os melhores resultados, sendo, então, adotado em definitivo neste trabalho.

4.4- Conclusão.

O presente capítulo apresentou as modificações necessárias às estruturas dos sistemas de restauração clássica e autodata de imagens quando são empregados algoritmos genéticos na etapa de otimização, segundo proposto nesta dissertação.

As características do AG utilizado nas simulações foram descritas. Foi enfatizada a codificação de cromossomos, cujo método adotado limita o universo de filtros representáveis mas, consegue estabilizar o algoritmo, além de aumentar a simplicidade e diminuir a complexidade computacional do sistema. O AG, devido às restrições impostas na codificação de cromossomos, somente consegue representar filtros bidimensionais separáveis em filtros unidimensionais iguais e simétricos. Essa limitação do universo de filtros representáveis não faz com que o sistema proposto tenha aplicação demasiadamente restrita, uma vez que classes importantes de filtros podem ser tratadas pelo sistema.

CAPÍTULO 5

SIMULAÇÕES

5.1- Introdução.

Para avaliar o desempenho e as limitações da estratégia proposta, um conjunto de simulações foi desenvolvido. São explorados, neste capítulo, os casos de identificação e inversão de sistemas de degradação clássicas e, também, o caso de restauração autodata NAS-RIF [9] (seção 2.2.4).

As imagens degradadas utilizadas neste capítulo foram produzidas por sistemas degradadores com características diferentes, a fim de evidenciar o comportamento do sistema genético de restauração sob condições de operação diferenciadas.

Nas simulações de restauração autodata NAS-RIF, a função do *estimador* foi modificada para levar em conta a informação de preservação da energia da imagem original no processo de degradação, resultando em melhores restaurações que as obtidas com o *estimador* [9] apresentado na Tabela 2.1, que não considera esta condição. Um *estimador* com a característica de preservação de energia é sugerido em [8].

Deste ponto em diante do trabalho, será chamado de *NAS-RIF gradiente* o algoritmo proposto em [9] e apresentado nas Tabelas 2.1 e 2.2, que emprega o *gradiente conjugado* na

estratégia de otimização. Da mesma forma, será chamado de *NAS-RIF genético* o sistema de restauração autoidadada utilizado nesta dissertação que adota AGs na etapa de adaptação.

Os resultados mostram que a técnica NAS-RIF gradiente, quando utilizada com o novo *estimador*, apresenta convergência dependente das condições iniciais (a superfície de desempenho não é convexa). O NAS-RIF genético, porém não possui este tipo de limitação, comportando-se muito bem para a nova superfície de desempenho.

5.2- Simulações.

5.2.1- Simulação 1: identificação clássica do filtro de degradação.

A primeira simulação é relativa ao caso de identificação clássica, discutida na seção 2.4.1 e que obedece à estrutura apresentada na seção 4.2. Na Tabela 5.1, estão os parâmetros do AG utilizado.

Tabela 5.1- Parâmetros do algoritmo genético utilizado.

Parâmetros do AG
cruzamento simples; reposição elitista; número de bits (genes) por parâmetro: 5; número de indivíduos por população: 30; h_{min} : 0; h_{max} : 0,16; probabilidade de cruzamento (p_c): 1; probabilidade de mutação (p_m): 0,01875. K : maior valor de $J(h_r^k)$ de cada geração

O filtro de degradação $h_d(x, y)$ segue o modelo de *turbulência atmosférica* (seção 2.2), 9×9 , representado na expressão (5.1) pela matriz \mathbf{H}_d .

$$\mathbf{H}_d = \begin{bmatrix} 0,003 & 0,005 & 0,007 & 0,009 & 0,009 & 0,009 & 0,007 & 0,005 & 0,003 \\ 0,005 & 0,008 & 0,011 & 0,013 & 0,014 & 0,013 & 0,011 & 0,008 & 0,005 \\ 0,007 & 0,011 & 0,015 & 0,017 & 0,018 & 0,017 & 0,015 & 0,011 & 0,007 \\ 0,009 & 0,013 & 0,017 & 0,020 & 0,022 & 0,020 & 0,017 & 0,013 & 0,009 \\ 0,009 & 0,014 & 0,018 & 0,022 & 0,023 & 0,022 & 0,018 & 0,014 & 0,009 \\ 0,009 & 0,013 & 0,017 & 0,020 & 0,022 & 0,020 & 0,017 & 0,013 & 0,009 \\ 0,007 & 0,011 & 0,015 & 0,017 & 0,018 & 0,017 & 0,015 & 0,011 & 0,007 \\ 0,005 & 0,008 & 0,011 & 0,013 & 0,014 & 0,013 & 0,011 & 0,008 & 0,005 \\ 0,003 & 0,005 & 0,007 & 0,009 & 0,009 & 0,009 & 0,007 & 0,005 & 0,003 \end{bmatrix} \quad (5.1)$$

A Fig. 5.1 ilustra o módulo da resposta em frequência do filtro de degradação.

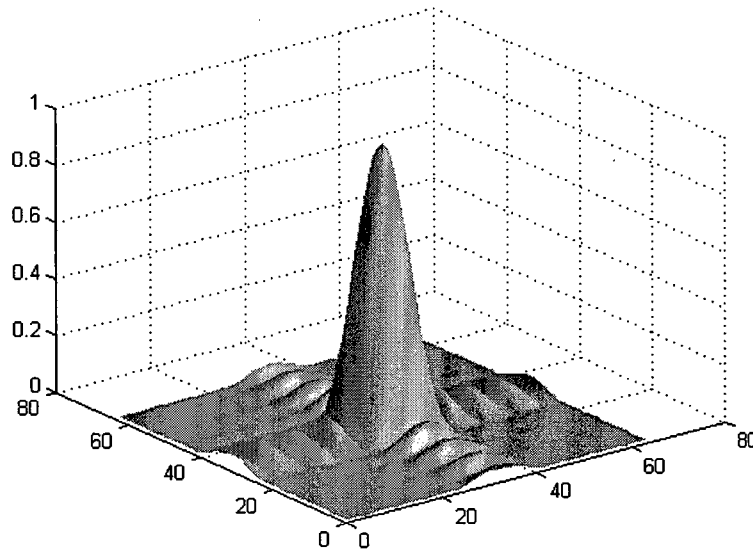


Fig. 5.1- Módulo da resposta em frequência do filtro de degradação.

a) Situação 01: imagem degradada com ruído aditivo nulo.

A Fig. 5.2 apresenta as evoluções do erro quadrático do melhor cromossomo de cada geração e do erro quadrático médio das populações. Pode-se verificar, através das curvas mostradas na Fig.5.2, que o sistema genético revelou-se estável para o caso considerado.

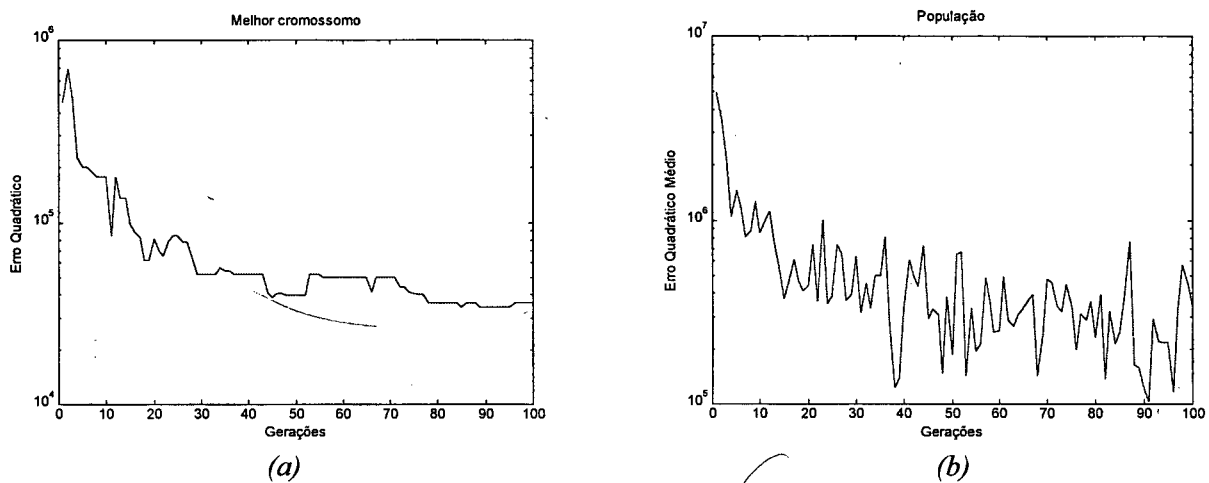


Fig. 5.2- Curvas de convergência. (a) Erro quadrático do melhor cromossomo de cada geração; (b) erro quadrático médio das populações.

A resposta, no domínio da seqüência, do sistema de degradação estimado, obtido após 100 iterações do AG, é apresentado pela matriz \hat{H}_d (5.2). As distorções observadas quando comparadas as matrizes (5.2) e (5.1) não são significativas ao ponto de comprometer a identificação. Como se pode observar na Fig. 5.3, o lóbulo principal do filtro degradador foi devidamente caracterizado, apresentando apenas pequenas distorções nos lóbulos secundários.

$$\hat{\mathbf{H}}_d = \begin{bmatrix} 0,003 & 0,006 & 0,006 & 0,009 & 0,008 & 0,009 & 0,006 & 0,006 & 0,003 \\ 0,006 & 0,010 & 0,011 & 0,015 & 0,014 & 0,015 & 0,011 & 0,010 & 0,006 \\ 0,006 & 0,011 & 0,011 & 0,016 & 0,015 & 0,016 & 0,011 & 0,011 & 0,006 \\ 0,009 & 0,015 & 0,016 & 0,023 & 0,022 & 0,023 & 0,016 & 0,015 & 0,009 \\ 0,008 & 0,014 & 0,015 & 0,022 & 0,020 & 0,022 & 0,015 & 0,014 & 0,008 \\ 0,009 & 0,015 & 0,016 & 0,023 & 0,022 & 0,023 & 0,016 & 0,015 & 0,009 \\ 0,006 & 0,011 & 0,011 & 0,016 & 0,015 & 0,016 & 0,011 & 0,011 & 0,006 \\ 0,006 & 0,010 & 0,011 & 0,015 & 0,014 & 0,015 & 0,011 & 0,010 & 0,006 \\ 0,003 & 0,006 & 0,006 & 0,009 & 0,008 & 0,009 & 0,006 & 0,006 & 0,003 \end{bmatrix} \quad (5.2)$$

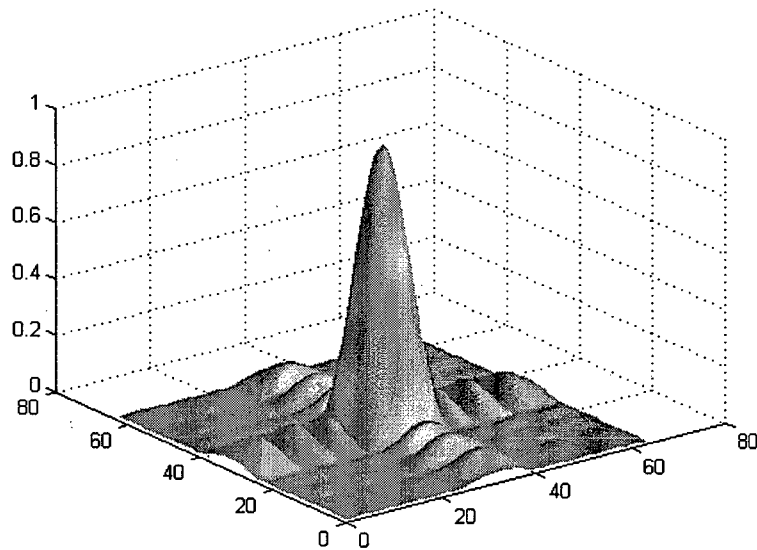


Fig.5.3- Módulo da resposta em frequência da estimativa.

b) Situação 02: degradação com presença de ruído aditivo gaussiano (BSNR=15dB).

Nesta situação, a razão sinal-ruído de degradação BSNR [4] (do inglês *Blurred Signal-to-Noise Ratio*), definida pela expressão (5.3), é de 15dB. A resposta estimada é apresentada pela matriz (5.4).

$$BSNR = 10 \log_{10} \left\{ \frac{\frac{1}{MN} \sum_{\forall(x,y)} [g_i(x,y) - \bar{g}_i(x,y)]^2}{\sigma_n^2} \right\} \quad (5.3)$$

onde:

MN : domínio da imagem;

$g_i(x, y)$: imagem degradada sem ruído aditivo, ou seja, $g_i(x, y) = g(x, y) - n_d(x, y)$;

$\bar{g}_i(x, y)$: valor esperado de $g_i(x, y)$, $E\{g_i(x, y)\}$;

σ_n^2 : variância do ruído de degradação, $n_d(x, y)$.

$$\hat{H}_d = \begin{bmatrix} 0,006 & 0,007 & 0,008 & 0,011 & 0,012 & 0,011 & 0,008 & 0,007 & 0,006 \\ 0,007 & 0,008 & 0,010 & 0,013 & 0,014 & 0,013 & 0,010 & 0,008 & 0,007 \\ 0,008 & 0,010 & 0,011 & 0,015 & 0,016 & 0,015 & 0,011 & 0,010 & 0,008 \\ 0,011 & 0,013 & 0,015 & 0,020 & 0,021 & 0,020 & 0,015 & 0,013 & 0,011 \\ 0,012 & 0,014 & 0,016 & 0,021 & 0,023 & 0,021 & 0,016 & 0,014 & 0,012 \\ 0,011 & 0,013 & 0,015 & 0,020 & 0,021 & 0,020 & 0,015 & 0,013 & 0,011 \\ 0,008 & 0,010 & 0,011 & 0,015 & 0,016 & 0,015 & 0,011 & 0,010 & 0,008 \\ 0,007 & 0,008 & 0,010 & 0,013 & 0,014 & 0,013 & 0,010 & 0,008 & 0,007 \\ 0,006 & 0,007 & 0,008 & 0,011 & 0,012 & 0,011 & 0,008 & 0,007 & 0,006 \end{bmatrix} \quad (5.4)$$

Na Fig. 5.4, pode-se verificar que tanto o erro quadrático do melhor cromossomo como o erro médio das populações obtidos após a convergência são maiores que na situação em que não havia a presença de ruído no sistema de degradação. Através da Fig. 5.5, observa-se que as distorções na estimativa do módulo da resposta em frequência acentuam-se.

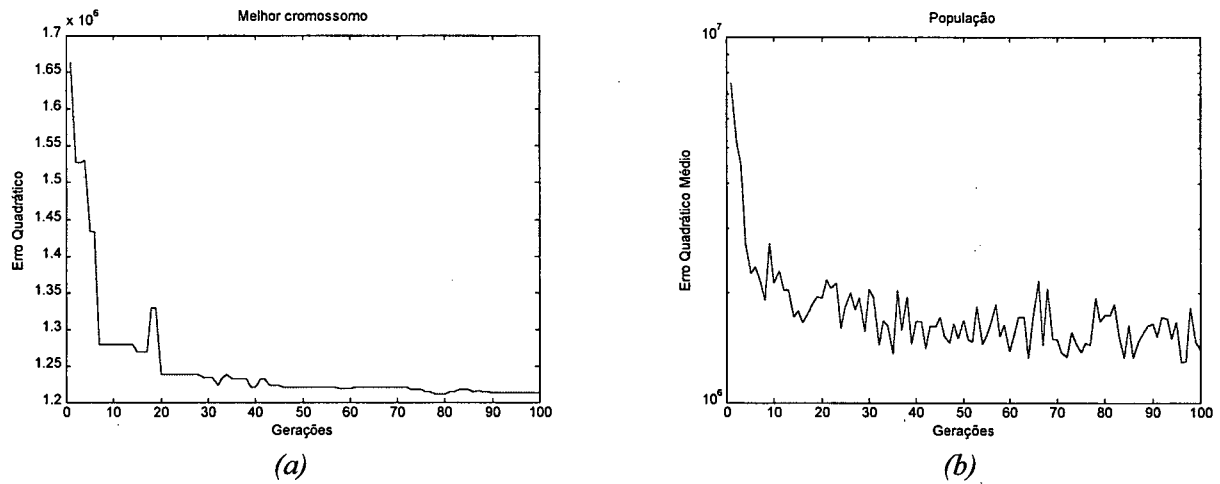


Fig. 5.4- Curvas de convergência. (a) Erro quadrático do melhor cromossomo de cada geração; (b) erro quadrático médio das populações.

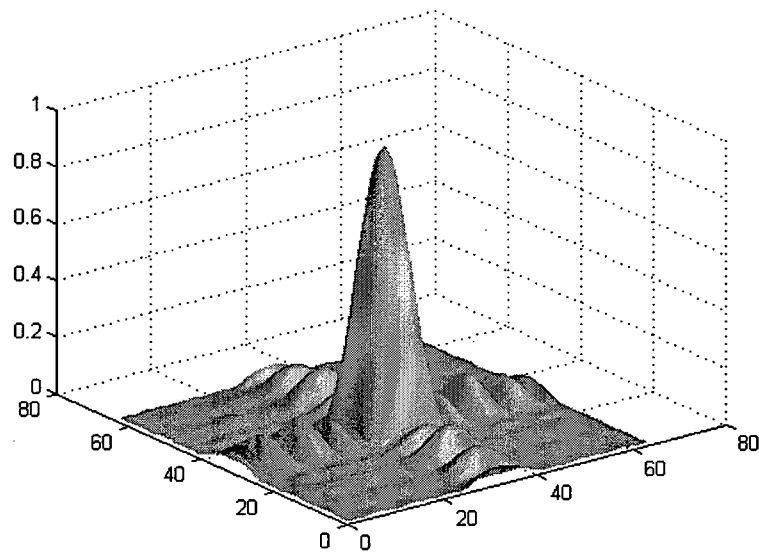
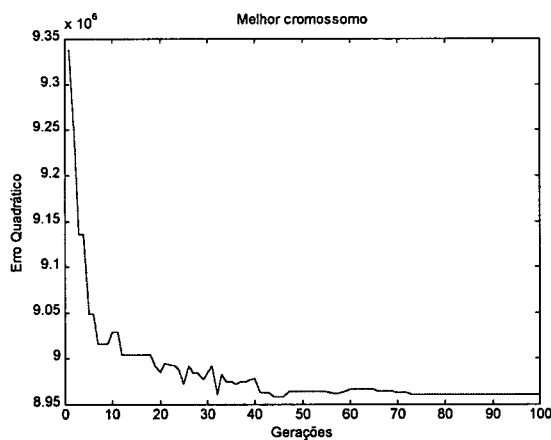


Fig. 5.5- Módulo da resposta em frequência da estimativa (BSNR = 15dB).

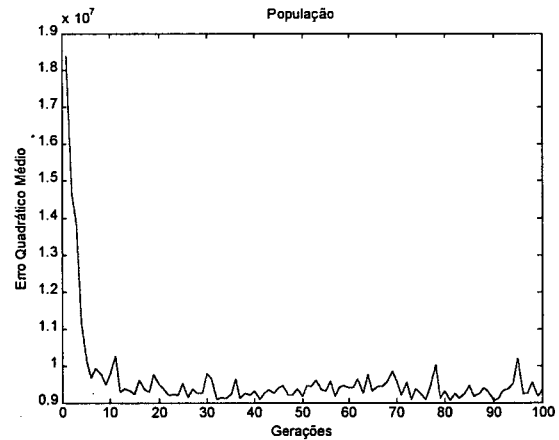
c) Situação 03: degradação com presença de ruído aditivo gaussiano (BSNR=13dB).

Esta simulação mostra claramente que a medida que há diminuição de BSNR, a capacidade de identificação se reduz. A matriz (5.5) e as Figs 5.6 e 5.7 revelam aumento significativo das distorções na estimativa do filtro de degradação. Na Fig. 5.6, verifica-se o aumento dos valores de erro quadrático em relação aos casos anteriores.

$$\hat{\mathbf{H}}_d = \begin{bmatrix} 0,005 & 0,007 & 0,008 & 0,010 & 0,010 & 0,010 & 0,008 & 0,007 & 0,005 \\ 0,007 & 0,010 & 0,011 & 0,014 & 0,014 & 0,014 & 0,011 & 0,010 & 0,007 \\ 0,008 & 0,011 & 0,012 & 0,016 & 0,016 & 0,016 & 0,012 & 0,011 & 0,008 \\ 0,010 & 0,014 & 0,016 & 0,020 & 0,020 & 0,020 & 0,016 & 0,014 & 0,010 \\ 0,010 & 0,014 & 0,016 & 0,020 & 0,020 & 0,020 & 0,016 & 0,014 & 0,010 \\ 0,010 & 0,014 & 0,016 & 0,020 & 0,020 & 0,020 & 0,016 & 0,014 & 0,010 \\ 0,008 & 0,011 & 0,012 & 0,016 & 0,016 & 0,016 & 0,012 & 0,011 & 0,008 \\ 0,007 & 0,010 & 0,011 & 0,014 & 0,014 & 0,014 & 0,011 & 0,010 & 0,007 \\ 0,005 & 0,007 & 0,008 & 0,010 & 0,010 & 0,010 & 0,008 & 0,007 & 0,005 \end{bmatrix} \quad (5.5)$$



(a)



(b)

Fig. 5.6- Curvas de convergência. (a) Erro quadrático do melhor cromossomo de cada geração; (b) erro quadrático médio das populações.

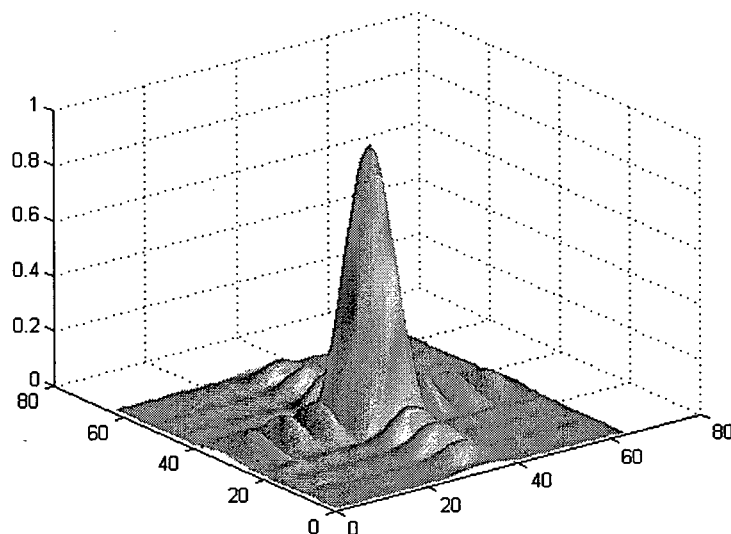


Fig. 5.7- Módulo da resposta em frequência da estimativa.

5.2.2- Simulação 2: inversão clássica do filtro de degradação.

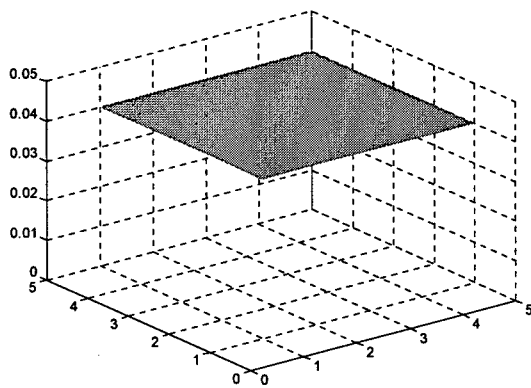
A Simulação 2 trata do caso de inversão clássica do sistema de degradação, discutido nas seções 2.4.1 e 4.2. A Tabela 5.2 apresenta os parâmetros do AG utilizado.

Tabela 5.2- Parâmetros do algoritmo genético utilizado.

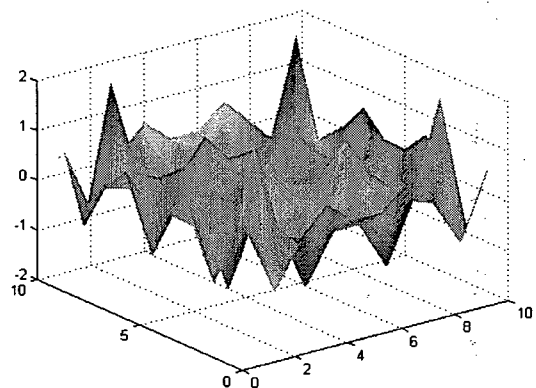
Parâmetros do AG
Cruzamento simples;
Reposição elitista;
Número de bits (genes) por parâmetro: 5;
Número de indivíduos por população: 20;
h_{min} : -1,5;
h_{max} : 1,5;
probabilidade de cruzamento (p_c): 1;
probabilidade de mutação (p_m): 0,01875.
K : maior valor de $J(h_r^k)$ de cada geração

O sistema de degradação possui ruído aditivo nulo e o filtro de degradação empregado segue o modelo *degradação bidimensional uniforme* (seção 2.2), 5×5 .

A resposta do filtro de degradação e do filtro inverso estimado são apresentadas na Fig. 5.8. A resposta do sistema “filtro de degradação–reconstrução” é ilustrada na Fig. 5.9. Idealmente, no domínio da seqüência, a resposta do sistema “filtro de degradação–reconstrução” deveria ser igual ao impulso bidimensional escalado e deslocado (seção 2.3).

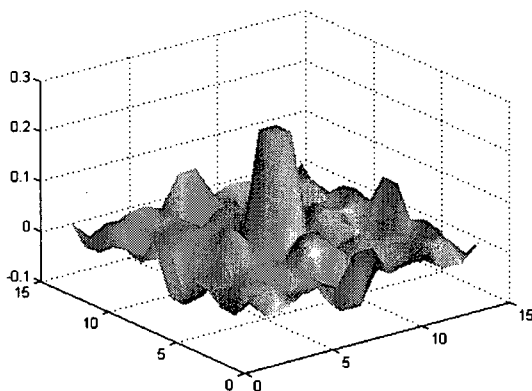


(a)

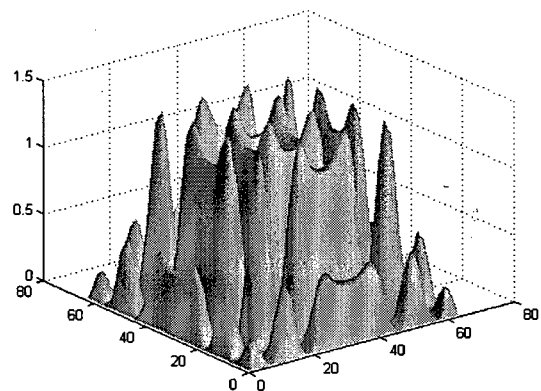


(b)

Fig. 5.8- (a) Resposta ao impulso do filtro de degradação e (b) resposta ao impulso do filtro inverso estimado (domínio da seqüência).



(a)



(b)

Fig. 5.9- Resposta do sistema “filtro de degradação–restauração”. (a) Domínio da seqüência; (b) domínio da freqüência.

Na análise dos resultados é utilizado um parâmetro de ganho na razão sinal-ruído entre as imagens degradada e restaurada, parâmetro este chamado ISNR [4] (do inglês *Improvement in Signal to Noise Ratio*), definido segundo a expressão (5.6).

$$ISNR = 10 \log_{10} \left\{ \frac{\sum_{\forall(x,y)} [f(x,y) - g(x,y)]^2}{\sum_{\forall(x,y)} [f(x,y) - \hat{f}(x,y)]^2} \right\} \quad (5.6)$$

As imagens original, degradada e reconstruída são apresentadas na Fig. 5.10. O valor ISNR calculado situa-se em torno de 3dB.

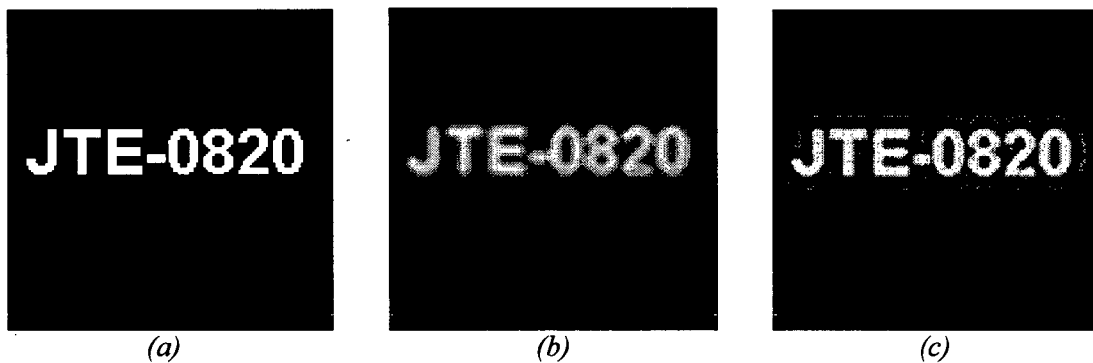


Fig. 5.10- Imagens: (a) original; (b) degradada; (c) restaurada.

5.2.3- Simulação 3: restauração autodidata através do algoritmo NAS-RIF.

Nesta simulação, foram testados os algoritmos NAS-RIF gradiente (Tabela 2.1) e NAS-RIF genético, utilizando para o *estimador* uma função diferente da apresentada na Tabela 2.1 (que não apresentou resultados satisfatórios). O novo *estimador* incorpora informações sobre a preservação da energia da imagem original $f(x,y)$ após o processo de degradação. A função do *estimador* é apresentada na Tabela 5.3, constituindo a única mudança no algoritmo

NAS-RIF, anteriormente discutido. O suporte da imagem original é considerado conhecido. A imagem degradada usada nesta seção é idêntica àquela da seção 5.2.2, para que se tenha um termo de comparação entre as restaurações clássica e autodata.

Tabela 5.3- Função do estimador modificado.

Estimador com correção de energia
$\bar{f}(x, y) = Est[\hat{f}(x, y)]$
se $(x, y) \notin Sup$ então
$\bar{f}(x, y) = 0$
senão
se $\hat{f}(x, y) \geq 0$ então
$\bar{f}(x, y) = \hat{f}(x, y)$
senão
$\bar{f}(x, y) = 0$
se $\left \sum_{\forall(x,y)} \bar{f}^2(x, y) - \sum_{\forall(x,y)} g^2(x, y) \right > 0,1 \sum_{\forall(x,y)} g^2(x, y)$ então
$\bar{f}(x, y) = \sqrt{\frac{\sum_{\forall(x,y)} g^2(x, y)}{\sum_{\forall(x,y)} \bar{f}^2(x, y)}} \bar{f}(x, y)$

Apesar de terem sido obtidas melhores restaurações, o *estimador* proposto na Tabela 5.4 resulta em uma superfície de desempenho multimodal, o que dificulta a utilização do algoritmo NAS-RIF gradiente. Na Fig. 5.11, são apresentadas as curvas de erro quadrático para a técnica NAS-RIF gradiente obtidas a partir de duas condições iniciais aleatórias. Pode-se observar que o algoritmo estabiliza para valores de erro quadrático bastante diferentes entre si. Isto se deve à incapacidade dos algoritmos baseados no gradiente de “fugir” de mínimos locais. Os valores

finais dos erros quadráticos para o primeiro e segundo caso são, respectivamente, 1843476,44 e 111790386,28.

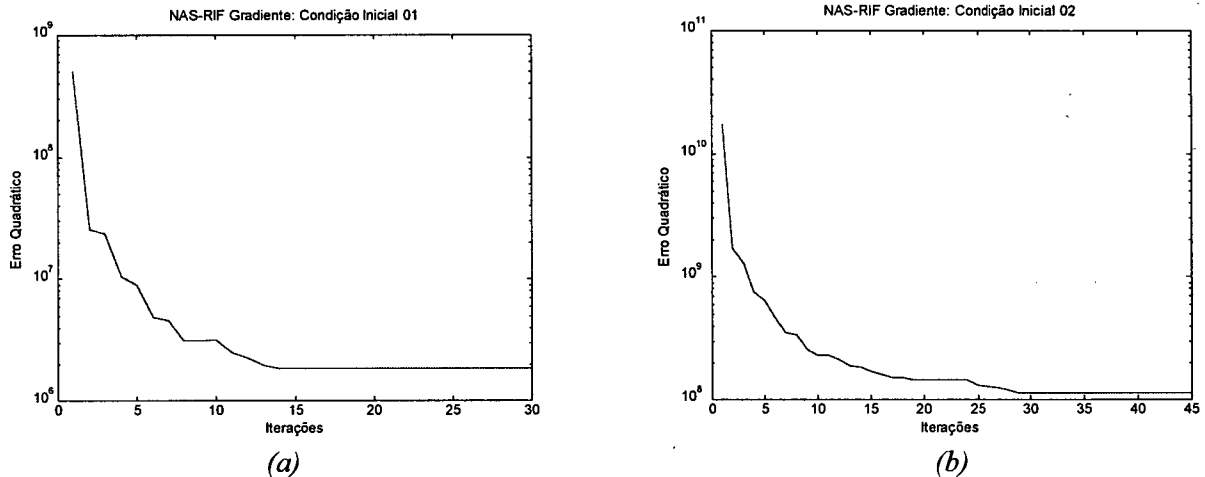


Fig. 5.11- Curvas de erro quadrático obtidas com NAS-RIF gradiente para duas condições iniciais aleatórias.

As imagens original, degradada e a melhor reconstrução obtida pela técnica NAS-RIF gradiente (condições iniciais aleatórias) são apresentadas na Fig. 5.12. O valor de ISNR para o conjunto de imagens apresentado na Fig. 5.12 é de 0,1dB, o que revela que entre a imagem restaurada e a imagem degradada não houve aumento de qualidade subjetiva perceptível.

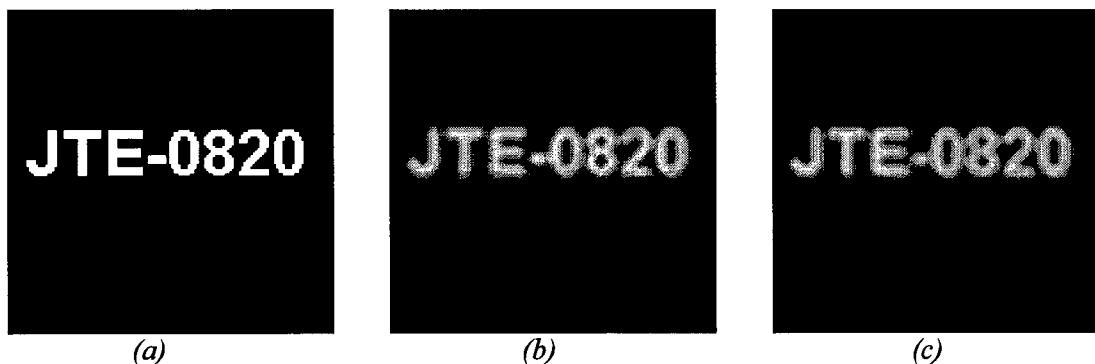


Fig. 5.12- Imagens: (a) original; (b) degradada; (c) restaurada pela técnica NAS-RIF gradiente.

Nas simulações seguintes foi empregada a técnica NAS-RIF genético. Na Tabela 5.4, são apresentados os parâmetros do AG utilizado para estas simulações.

Tabela 5.4- Parâmetros do AG utilizado na restauração autoidadada NAS-RIF genético.

Parâmetros do AG
cruzamento simples;
reposição elitista;
número de bits (genes) por parâmetro: 5;
número de indivíduos por população: 20;
h_{min} : -2;
h_{max} : 2;
probabilidade de cruzamento (p_c): 1;
probabilidade de mutação (p_m): 0,01875.
K : maior valor de $J(h_r^k)$ de cada geração

A Fig. 5.13 mostra o erro quadrático do melhor cromossomo de cada geração e o erro quadrático médio das populações. Verifica-se que o AG obtém como melhor estimativa um filtro de reconstrução de erro quadrático igual a 602814,87.

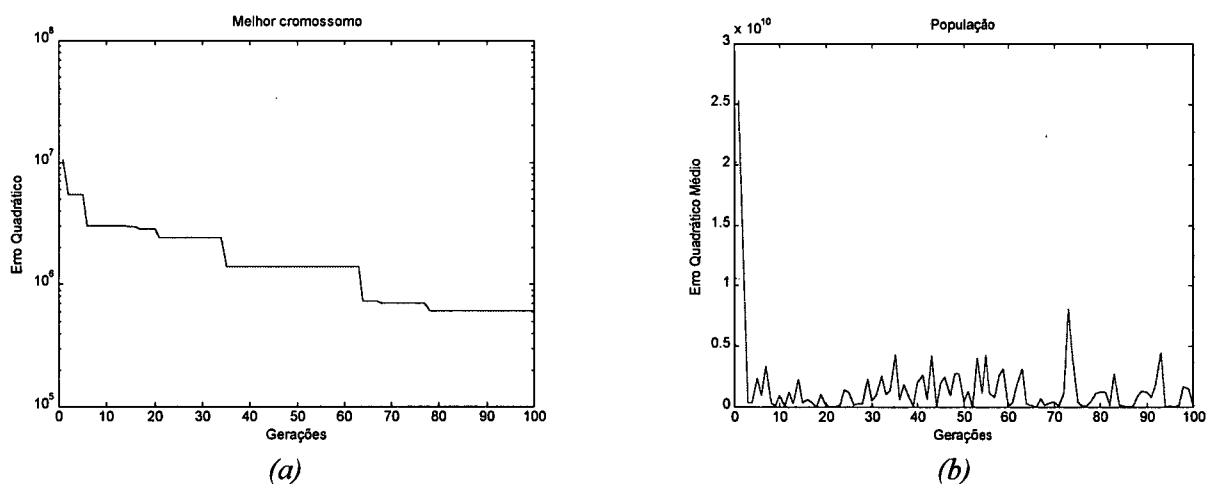


Fig. 5.13- Curvas de convergência para a técnica NAS-RIF genético. (a) Erro quadrático do melhor cromossomo; (b) erro quadrático das populações.

As Figs. 5.14 e 5.15 apresentam os resultados obtidos pelo sistema na estimação do filtro de restauração, usando a técnica NAS-RIF genético.

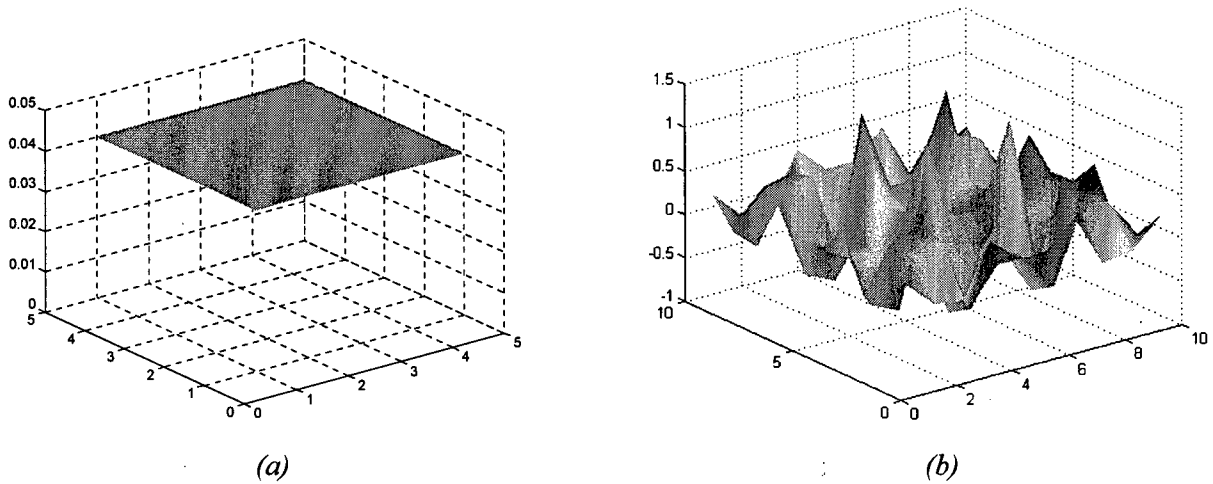


Fig. 5.14- (a) Resposta ao impulso do filtro de degradação; (b) resposta ao impulso do filtro inverso estimado pelo sistema NAS-RIF genético (domínio da seqüência).

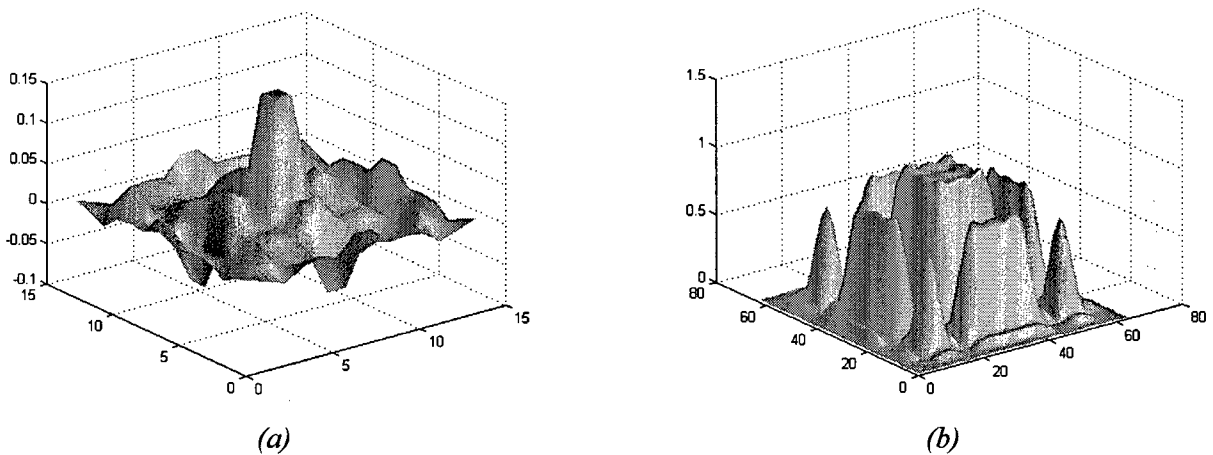


Fig. 5.15- Resposta do sistema “filtro de degradação–restauração”, estimado através da técnica NAS-RIF genético. (a) Domínio da seqüência; (b) domínio da freqüência.

Na Fig. 5.16, observam-se as imagens original, degradada e restaurada através da técnica NAS-RIF genético. O valor de ISNR, neste caso, é igual a 1,6 dB.

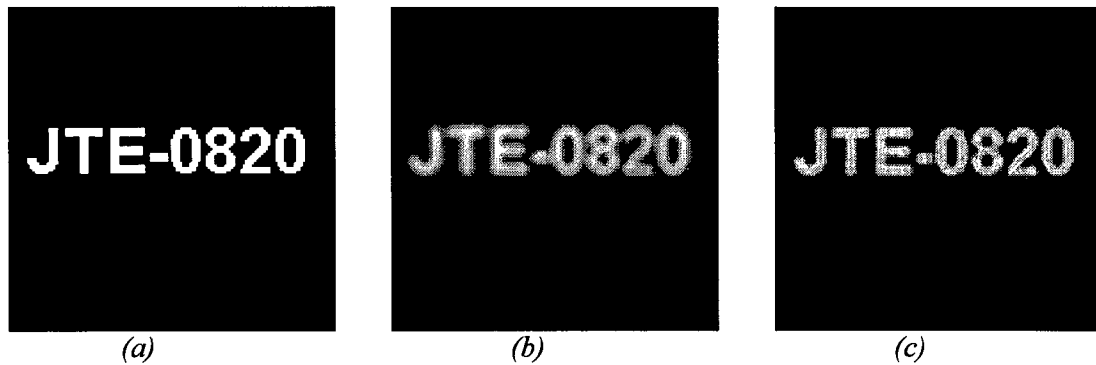


Fig. 5.16- Imagens: (a) original; (b) degradada; (c) restaurada através da técnica NAS-RIF genético.

5.3- Conclusão.

Os resultados das simulações mostram que o sistema comporta-se satisfatoriamente nos casos clássicos de identificação e inversão de filtros degradadores quando não há presença de ruído. A medida que nas imagens degradadas há contaminação por ruído, a confiabilidade das estimações decresce com a diminuição de BSNR.

Nas simulações de restauração autoidata, foi realizada uma comparação entre o desempenho das técnicas NAS-RIF gradiente e NAS-RIF genético. Um estimador que considera a manutenção da energia da imagem original é sugerido. Este estimador leva a uma superfície de desempenho multimodal. Se nas simulações de identificação e inversão clássicas, procurou-se apenas mostrar que os sistemas genéticos são capazes de chegar a resultados equivalentes aos obtidos pelas técnicas tradicionais, na restauração autoidata, a vantagem da técnica NAS-RIF genético torna-se evidente, pela sua capacidade de ir em busca do ótimo global, apresentando desempenho superior à NAS-RIF gradiente.

Pelo fato dos AGs apresentarem complexidade computacional maior que as estratégias baseadas no gradiente (Capítulo 4), sistemas genéticos devem ser, preferencialmente utilizados nas situações em que a superfície de desempenho seja multimodal e quando não há compromisso severo de tempo para se atingir um erro aceitável no processo de convergência do algoritmo (por exemplo, no caso de processamento *off-line*).

CAPÍTULO 6

CONCLUSÕES

Neste trabalho foi apresentada uma técnica para restauração de imagens através de *algoritmos genéticos* (AGs). O algoritmo genético utilizado nas simulações tem como características principais:

- a) método para codificação de cromossomos: *codificação multiparamétrica de parâmetros concatenados*;
- b) filtros representáveis: *filtros bidimensionais separáveis em filtros unidimensionais iguais e simétricos* (FBSFUIS);
- c) método de cruzamento: *cruzamento simples*;
- d) estratégia de reposição: *reposição mista*.

AGs foram utilizados na identificação e inversão clássicas de filtros bidimensionais, revelando bom desempenho nas simulações realizadas. Nas simulações de restauração autoidada de imagens, procedeu-se à comparação entre as técnicas NAS-RIF gradiente e NAS-RIF genético. O estimador usado, além de empregar restrições de suporte e não-negatividade [9], supõe a manutenção da energia da imagem original através do processo de degradação. Este estimador resulta na avaliação de uma superfície de desempenho multimodal, o que limita a eficácia das

técnicas baseadas no gradiente. O sistema NAS-RIF gradiente, sem possibilidades para “fugir” dos mínimos locais, mostrou-se inferior ao sistema NAS-RIF genético no aspecto da capacidade de busca do ótimo global. No entanto, a utilização de AGs deve ser bem pesada dada a elevada complexidade computacional que os caracteriza. Situações em que é necessário estimar os ótimos globais em superfícies de desempenho multimodais ou em casos de otimização onde o fator “tempo” não seja preponderante são ideais para AGs.

A maior contribuição deste trabalho está em mostrar a viabilidade do emprego de AGs em restauração de imagens, permitindo liberdade na escolha dos critérios mais adequados para avaliar a qualidade de uma imagem restaurada.

Como proposta para futuros trabalhos pode-se citar: o desenvolvimento de técnicas para restauração de imagens que utilizem estratégias de restauração mista, tirando proveito da capacidade de busca de ótimos globais dos AGs e da menor complexidade computacional dos métodos de gradiente para rastreamento de ótimos locais; restauração de imagens coloridas e/ou degradadas por sistemas variantes no espaço através de sistemas genéticos; sistemas de restauração que empreguem AGs adaptáveis (AGs de duas ou mais camadas).

APÊNDICE

SINAIS SEPARÁVEIS

A.1- Introdução.

Seja $h(x, y)$ um sinal bidimensional separável. Pode-se, então, representá-lo como a multiplicação de dois outros sinais unidimensionais, um na dimensão x e o outro na dimensão y , como é mostrado abaixo:

$$h(x, y) = h_x(x)h_y(y) \quad (\text{A.1})$$

A transformada numérica de Fourier aplicada ao sinal $h(x, y)$ é apresentada a seguir:

$$H(\omega_1, \omega_2) = \sum_{n1=0}^{N1-1} \sum_{n2=0}^{N2-1} h(x, y) \exp(-jx\omega_1 - jy\omega_2) \quad (\text{A.2})$$

Substituindo a expressão (A.1) em (A.2), obtém-se como resultado,

$$H(\omega_1, \omega_2) = H_x(\omega_1)H_y(\omega_2) \quad (\text{A.3})$$

Portanto, se $h(x, y)$ é um sinal bidimensional separável, sua transformada de Fourier também é separável em dois sinais nas dimensões das frequências ω_1 e ω_2 .

A transformada $H(\omega_1, \omega_2)$ é completamente definida pelo seu módulo e fase:

$$H(\omega_1, \omega_2) = |H(\omega_1, \omega_2)| \exp(j\Phi_H(\omega_1, \omega_2)) \quad (\text{A.4})$$

onde:

$|H(\omega_1, \omega_2)|$: módulo de $H(\omega_1, \omega_2)$;

$\Phi_H(\omega_1, \omega_2)$: fase de $H(\omega_1, \omega_2)$.

De forma análoga,

$$H_x(\omega_1) = |H_x(\omega_1)| \exp(j\Phi_{H_x}(\omega_1)) \quad (\text{A.5})$$

$$H_y(\omega_2) = |H_y(\omega_2)| \exp(j\Phi_{H_y}(\omega_2)) \quad (\text{A.6})$$

Fazendo uso das expressões (A.4), (A.5) e (A.6),

$$H(\omega_1, \omega_2) = |H(\omega_1, \omega_2)| \exp(j\Phi_H(\omega_1, \omega_2)) = |H_x(\omega_1)| |H_y(\omega_2)| \exp(j\Phi_{H_x}(\omega_1) + j\Phi_{H_y}(\omega_2)) \quad (\text{A.7})$$

$$|H(\omega_1, \omega_2)| = |H_x(\omega_1)| |H_y(\omega_2)| \quad (\text{A.8})$$

$$\Phi_H(\omega_1, \omega_2) = \Phi_{H_x}(\omega_1) + \Phi_{H_y}(\omega_2) \quad (\text{A.9})$$

A.2- Inversão de Sinais Separáveis.

Considera-se o problema da inversão como sendo a determinação de um sinal $h_r(x, y)$ que, quando convolvido com o sinal $h(x, y)$, resulte no impulso unitário bidimensional, $\delta(x, y)$.

De forma mais geral, procura-se obter como resultado da convolução de $h_r(x, y)$ e $h(x, y)$ um sinal do tipo:

$$K\delta(x - k_1, y - k_2) \quad (\text{A.10})$$

ou seja, um impulso bidimensional de amplitude $K \neq 0$ e deslocado k_1 e k_2 amostras nas dimensões de x e y , respectivamente.

A transformada de Fourier do sinal expresso em (A.10) é:

$$F[K\delta(x - k_1, y - k_2)] = I(\omega_1, \omega_2) = K \exp(-jk_1\omega_1 - jk_2\omega_2) \quad (\text{A.11})$$

A expressão (A.11) também é separável no domínio das frequências.

$$I(\omega_1, \omega_2) = K \exp(-jk_1\omega_1) \exp(-jk_2\omega_2) \quad (\text{A.12})$$

De conformidade com o estabelecido nesta seção,

$$H(\omega_1, \omega_2)H_r(\omega_1, \omega_2) = I(\omega_1, \omega_2) \quad (\text{A.13})$$

Usando as expressões (A.8), (A.9), (A.12) e (A.13),

$$|H_1(\omega_1)||H_2(\omega_2)||H_r(\omega_1, \omega_2)| = K \quad (\text{A.14})$$

$$\Phi_{H_x}(\omega_1) + \Phi_{H_y}(\omega_2) + \Phi_{H_r}(\omega_1, \omega_2) = -k_1\omega_1 - k_2\omega_2 \quad (\text{A.15})$$

Deste ponto em diante, é feita a seguinte suposição: o sinal $h_r(x, y)$ também é um sinal separável. Como consequência desta consideração, as expressões (A.14) e (A.15) assumem as formas abaixo:

$$|H_x(\omega_1)| |H_y(\omega_2)| |H_{xr}(\omega_1)| |H_{yr}(\omega_2)| = K \quad (\text{A.16})$$

$$\Phi_{Hx}(\omega_1) + \Phi_{Hy}(\omega_2) + \Phi_{Hxr}(\omega_1) + \Phi_{Hyr}(\omega_2) = -k_1\omega_1 - k_2\omega_2 \quad (\text{A.17})$$

Sem perda de generalidade, pode-se dizer que a constante K do lado direito de (A.16) é equivalente ao produto de duas outras constantes K_a e K_b :

$$K = K_a K_b \quad (\text{A.18})$$

Separando as expressões (A.16) e (A.17) segundo as variáveis independentes,

$$|H_x(\omega_1)| |H_{xr}(\omega_1)| = K_a \quad (\text{A.19})$$

$$|H_y(\omega_2)| |H_{yr}(\omega_2)| = K_b \quad (\text{A.20})$$

$$\Phi_{Hx}(\omega_1) + \Phi_{Hxr}(\omega_1) = -k_1\omega_1 \quad (\text{A.21})$$

$$\Phi_{Hy}(\omega_2) + \Phi_{Hyr}(\omega_2) = -k_2\omega_2 \quad (\text{A.22})$$

Segundo as expressões (A.19), (A.20), (A.21) e (A.22), o sinal $h_r(x, y)$, suposto separável, necessita apresentar as seguintes características de módulo e fase no domínio de ω_1 e ω_2 para que seja o inverso de $h(x, y)$:

a) $|H_{xr}(\omega_1)|$ e $|H_{yr}(\omega_2)|$ devem ser inversamente proporcionais às suas contrapartes em

$$h(x, y);$$

b) $\Phi_{Hx}(\omega_1)$ e $\Phi_{Hy}(\omega_2)$ devem linearizar $\Phi_{Hx}(\omega_1)$ e $\Phi_{Hy}(\omega_2)$.

É evidente que infinitos sinais, quando convolvidos com $h_r(x, y)$, podem resultar em funções do tipo $K\delta(x - k_1, y - k_2)$. No entanto, as expressões (A.21) e (A.22) em conjunto com as considerações (a) e (b) do parágrafo anterior estabelecem que *sinais bidimensionais separáveis podem ter, como sinais inversos, sinais bidimensionais também separáveis*. Observando com maior atenção, verifica-se que o *problema de inversão de sinais bidimensionais separáveis reduz-se à inversão individual de dois sinais de uma dimensão*.

Como apresentado na seção 4.3.2, são obtidas reduções significativas no número de parâmetros a serem estimados, dependendo das características dos sinais $h_{xr}(x)$ e $h_{yr}(y)$. Considerando o comprimento de $h_r(x, y)$ igual a $N \times N$ ter-se-ia que estimar N^2 parâmetros relativos ao filtro FIR discreto bidimensional. Entretanto, sendo $h_r(x, y)$ separável, o número de parâmetros diminui para, no máximo, $2N$. Na mesma seção (seção 4.3.2), é verificado que alguns dos modelos matemáticos de degradações, comumente utilizados em simulações e representativos de distorções reais, são *funções bidimensionais separáveis em duas funções unidimensionais iguais e simétricas*.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- [1] D. E. Goldberg, "**Genetic algorithms in search, optimization and machine learning**", Addison-Wesley, New York, 1989.
- [2] K. S. Tang, K. E. Man, S. Kwong and Q. He, "**Genetic algorithms and their applications**", IEEE Signal Processing Magazine, November 1996, pp.22-37.
- [3] A. V. Oppenheim, ed., "**Applications of digital signal processing**", Prentice-Hall, Inc., New Jersey, 1978.
- [4] M. R. Banham and A. K. Katsaggelos, "**Digital image restoration**", IEEE Signal Processing Magazine, March 1997, pp. 24-41.
- [5] A. Makovski, "**Medical imaging systems**", Prentice-Hall, Inc., New Jersey, 1983.
- [6] J. Biemond, R. L. Lagendijk and R. M. Mersereau, "**Iterative methods for image deblurring**", Proc. IEEE, vol. 78, May 1990, pp. 856-883.
- [7] R. G. Lane and R. H. T. Bates, "**Automatic multidimensional deconvolution**", J Opt Soc Am A., vol. 4(1), January 1987, pp.180-188.
- [8] D. Kundur and D. Hatzinakos, "**Blind image deconvolution**", IEEE Signal Processing Magazine, May 1996, pp.43-64.

- [9] D. Kundur, “**Blind deconvolution of still images using recursive inverse filtering**”, M. A. Sc. Thesis, University of Toronto, Department of Electrical and Computer Engineering, 1995.
- [10] A. V. Oppenheim, R. W. Schafer, T. G. Stockham, Jr., “**Nonlinear filtering of multiplied and convolved signals**”, Proc. IEEE, vol. 56, August 1968, pp. 1264-1291.
- [11] S. Haykin, ed., “**Blind deconvolution**”, Prentice-Hall, Inc., New Jersey, 1994.
- [12] W. H. Press, S. A. Toukolsky, W. T. Vetterling and B. P. Flannery, “**Numerical recipes in C, the art of scientific computing**”, Cambridge University Press, NewYork, 1992.
- [13] J. H. Holland, “**Adaptation in natural and artificial systems**”, The University of Michigan Press, Ann Arbor, 1975.
- [14] D. B. Fogel, “**Evolutionary computation: a new transactions**”, IEEE Trans. Evolutionary Computation, vol. 1, April 1997, p.1 .
- [15] S. C. Ng, S. H. Leung, C. Y. Chung, A. Luk and W. H. Lau, “**The genetic search approach: a new learning algorithm for adaptive IIR filtering**”, IEEE Signal Processing Magazine, November 1996, pp.38-46.
- [16] S. Haykin, “**Adaptive Filter Theory**”, Prentice-Hall, Inc., New Jersey, 1996.
- [17] T. Bäck, U. Hammel and H. P. Schwefel, “**Evolutionary computation: comments on the history and current state**”, IEEE Trans. Evolutionary Computation, vol. 1, April 1997, pp.3-17 .

-
- [18] K. R. Castleman, "**Digital Image Processing**", Prentice-Hall, Inc., New Jersey, 1979.
- [19] A. V. Oppenheim and R. W. Schaffer, "**Discrete-Time Signal Processing**", Prentice-Hall, Inc., New Jersey, 1989.