



POSGRADO INTERINSTITUCIONAL EN CIENCIA Y TECNOLOGÍA

---

---

---

CENTRO DE INGENIERÍA Y DESARROLLO INDUSTRIAL

**Cálculo de desplazamiento bidimensional  
de micrografías utilizando algoritmo  
genético.**

**TESIS**

QUE PARA OBTENER EL GRADO ACADÉMICO DE:

MAESTRO EN CIENCIA Y TECNOLOGÍA CON ESPECIALIDAD EN  
MECATRÓNICA

PRESENTA:

José Antonio Canseco Pinacho.

ASESORES

Dr. Hugo Jiménez Hernández  
MCyT. Jaqueline Reynosa Guerrero

Dr. Vicente Bringas Rico

---

# Resumen

---

El cálculo del desplazamiento de objetos a partir del análisis de un par de imágenes, es una tarea que no tiene una solución general. Esto es debido a la cantidad de factores que intervienen. En el caso particular de la estimación de desplazamientos en micrografías, resulta complicado por las dimensiones involucradas. Usualmente, para estimarlo se utilizan zonas de referencia y un método iterativo basado en el error de similitud de la región de interés en un par de imágenes. La elección adecuada de zonas de referencia es una tarea complicada por el nivel de textura de la imagen y las condiciones luminosas involucradas.

Por tal motivo, es común que se dé algún criterio de error a optimizar, pero no se puede garantizar que el método numérico para la estimación del desplazamiento converja en una solución que físicamente represente el desplazamiento observado. Esta consecuencia se observa debido a que el espacio métrico del error no necesariamente tiene una solución local única.

Por esta razón en este trabajo se presenta una propuesta basada en un método de Montecarlo de búsqueda, implementado como un algoritmo evolutivo, el cual permitirá examinar el espacio métrico en búsqueda de mejores soluciones para el cálculo de desplazamientos en micrografías. Estos corresponden al movimiento constante de una pieza de grafito sobre una mesa con desplazamientos micrométricos. Los resultados obtenidos son comparados con el método anterior de Shi-tomasi [1].

---

# Abstract

---

The displacement calculation from a pair of images, is a problem without a robust and complete solution. This is due to the several factors that are involved. Particularly in displacement estimation of micro-metric objects on micrography, is complicated by dimensions and scales involved. Usually, the process to estimate the displacement use reference zones and similarity criterion of the region of interest in a pair of images. In micrography images, selecting which regions must be candidates to track is a complicated task due to the level of texture on the image and the light conditions involved. For this reason, normally some error criterion are built, however the numeric method for estimate the displacement no warrant the convergence in a solution that represent physically the observed displacement because they usually fall in in local minima.

For this reason, this work presents a proposal based on a Monte Carlo method Index Search, implemented as an evolutionary algorithm which allows to examine the metric-space searching the better solution for the displacement calculation on micrographies. Experimentally, a piece of graphite has displaced in controlled increments in the order of micrometers. The results obtained are compared versus the method Shi-Tomasi [1].

---

# Agradecimientos

---

El desarrollo de esta tesis es el fruto del esfuerzo y el trabajo de muchas personas a quienes agradezco sinceramente:

A Jaqueline Reynosa Guerrero, por se la codirectora de mi tesis pero sobre todo por ser mi esposa.

Al Dr. Hugo Jimenez por el tiempo y el apoyo que le dedicó a mi trabajo.

Al Centro de Ingeniería y Desarrollo Industrial, a todas las personas que me apoyaron, como son mis asesores, sínodos en todos los seminarios, al personal administrativo y a todos los compañeros y amigos.

gracias....

---

# Dedicatoria

---

Este trabajo se lo dedico a:

Dana, Frida y Jaque, que son una parte fundamental en mi vida y que gracias a ellas me esfuerzo cada día.

A mi Mamá, por haberme apoyado en todo momento, por sus consejos, sus valores, por la motivación constante que me ha permitido ser una persona de bien, pero más que nada, por su amor.

A mi padre Domingo Canseco, por su ejemplo de trabajo duro, perseverancia y por los grandes sacrificios que ha hecho para que yo alcanzara muchos de mis objetivos.

A mis hermanos, Javie, Miguel, Maricela que siempre me han apoyado, que han estado conmigo en las buenas y en las malas y que sé que siempre contaré con ellos.

---

# Índice general

---

Índice general	v
Índice de figuras	VIII
Índice de cuadros	x
<b>1. Introducción.</b>	<b>1</b>
1.1. Planteamiento del problema . . . . .	1
1.2. Objetivos . . . . .	2
1.3. Hipótesis . . . . .	3
1.4. Justificación . . . . .	3
1.5. Organización . . . . .	3
<b>2. Antecedentes</b>	<b>5</b>
2.1. Flujo óptico . . . . .	7
2.2. Clasificación de los métodos. . . . .	7
2.3. Trabajos en cálculo de desplazamiento . . . . .	8
2.3.1. Medición del desplazamiento a través del registro de imágenes con un patrón de moteado. . . . .	11
2.3.2. Resultados del método Shi-Tomasi . . . . .	12
<b>3. Marco teórico.</b>	<b>16</b>
3.1. Características de seguimiento. . . . .	16

3.1.1.	Detección de esquinas basado en la autocorrelación local. . . . .	17
3.1.1.1.	Detector de Shi-Tomasi. . . . .	18
3.1.1.2.	Detector de Harris. . . . .	19
3.1.2.	Suma de diferencias al cuadrado. . . . .	22
3.2.	Algoritmos Genéticos. . . . .	23
3.2.1.	Algoritmo genético simple. . . . .	25
3.2.1.1.	Representación de una función de adaptación. . . . .	26
3.2.1.2.	Métodos de selección. . . . .	27
3.2.1.3.	Cruzamiento. . . . .	30
3.2.1.4.	Mutación. . . . .	31
3.2.2.	Algoritmo de nichos paralelos. . . . .	31
3.2.2.1.	Método de Compartimiento. . . . .	32
3.2.2.2.	Método de Hacinamiento. . . . .	33
3.3.	Visión por computadora . . . . .	33
3.3.1.	Dilatado morfológico. . . . .	34
<b>4.</b>	<b>Método propuesto para calcular micro-desplazamientos.</b>	<b>36</b>
4.1.	Descripción del método propuesto. . . . .	36
4.2.	Espacio Métrico . . . . .	43
4.2.1.	Cálculo subpíxelico. . . . .	45
4.3.	Implementación del código evolutivo (Algoritmo genético). . . . .	46
4.3.1.	Inicialización . . . . .	46
4.3.2.	Esquema de codificación. . . . .	47
4.3.2.1.	Codificación. . . . .	47
4.3.3.	Evaluación. . . . .	48
4.3.4.	Selección. . . . .	48
4.3.4.1.	Método de Selección tipo torneo. . . . .	48
4.3.5.	Cruce de elementos. . . . .	48
4.3.6.	Mutación. . . . .	49

4.3.7. Condición de término. . . . .	49
<b>5. Análisis estadístico y resultados</b>	<b>50</b>
5.1. Resultados del método propuesto con Harris y Código Evolutivo . . . . .	50
5.1.1. Secuencias . . . . .	50
5.1.2. Resultados de desplazamiento . . . . .	52
5.1.3. Análisis Estadístico . . . . .	55
5.1.3.1. Prueba de normalidad . . . . .	55
5.1.3.2. Prueba de Varianzas iguales . . . . .	56
5.1.3.3. Prueba de medias . . . . .	57
<b>6. Conclusiones</b>	<b>60</b>
<b>Bibliografía</b>	<b>61</b>

---

# Índice de figuras

---

2.1. Patrón de movimiento aparente de un objeto. . . . .	7
2.2. Imagen correlacionada. [2] . . . . .	9
2.3. Principio trabajo del sistema de correlación de la imagen digital. . . . .	10
2.4. 3D ESPI System ( $Q - 300$ ). [3] . . . . .	10
2.5. Sistema de interferometría y adquisición de la imagen.[4] . . . . .	11
2.6. Imágenes de referencia para cálculo de desplazamiento. . . . .	11
2.7. Mejores esquinas encontradas por el algoritmo. . . . .	12
2.8. Pruebas de normalidad para cuatro secuencias de imágenes. . . . .	14
2.9. Prueba de varianzas y medias. . . . .	15
3.1. Ejemplo extracción de esquinas de una imagen. [5] . . . . .	17
3.2. Clasificación de una imagen usando los valores propios con Harris. . . . .	22
3.3. Algoritmo genético simple. . . . .	26
3.4. Elemento estructurante tipo círculo . . . . .	34
3.5. Efecto de la erosión . . . . .	35
3.6. Efecto de la dilatación . . . . .	35
4.1. Metodología . . . . .	37
4.2. Instrumentación. . . . .	38
4.3. Imagen resultante de aplicar los operadores derivada. . . . .	40
4.4. Máximos de los eigenvalores. . . . .	41
4.5. Esquinas de Harris. . . . .	41

4.6. Imagen después de realizar el dilatado. . . . .	42
4.7. Superficie del espacio Métrico . . . . .	44
4.8. Ventana para aplicar la optimización con algoritmo genético . . . . .	45
4.9. Solución encontrada en una transición de grises y precisión empleada en por pixel. . . . .	46
4.10. Punto de cruce. . . . .	49
4.11. Mutación . . . . .	49
5.1. Instrumentación de la experimentación . . . . .	50
5.2. Imágenes de la experimentación . . . . .	51
5.3. Soluciones obtenidas por AG. . . . .	52
5.4. Vectores de desplazamiento. . . . .	53
5.5. Pruebas de normalidad para los desplazamiento con genético . . . . .	56
5.6. Prueba de varianzas iguales. . . . .	57
5.7. Prueba de medias iguales. . . . .	58
5.8. Tabla de comparación de pruebas de medias y de varianzas de ambos métodos. . . . .	59

---

# Índice de cuadros

---

2.1. Desplazamiento resultante para una secuencia de imágenes. . . . .	13
3.1. Operadores derivada. . . . .	21
4.1. Tabla de equipos usados durante la experimentación. . . . .	38
4.2. Imágenes adquiridas durante el proceso de experimentación. . . . .	39
4.3. Operadores derivada aplicados a la imagen de referencia. . . . .	40
4.4. Datos de algunos valores de las esquinas generadas de Harris en pixeles . . .	42
4.5. Tabla de parámetros . . . . .	47
5.1. Desplazamiento obtenido para 80 vectores en una secuencia de imágenes. . .	54
5.2. Valores de P-value de las 4 secuencias. . . . .	56

# Introducción.

---

La visión por computadora es un amplio campo de investigación en el cual se puede extraer propiedades que han sido captadas por una serie de sensores en el mundo real. Cuando se capturan diversas imágenes presentes en una escena puede presentarse diferentes configuraciones, dependiendo a su vez del número de cámaras y de la disposición de estas, se pueden presentar casos como una secuencia de imágenes captadas por una cámara en diferentes instantes de tiempo.

Esta situación representan dos problemas claves dentro de la visión por computadora y que han sido objeto de un amplio estudio durante décadas. Estos dos problemas son: la estimación del flujo óptico y la estimación del mapa de disparidad. Ambos se reducen a una búsqueda de correspondencias. En este caso en particular este proyecto se centra en la estimación del flujo óptico, el cual proporciona el movimiento de los patrones de brillo en una secuencia de imágenes.

## 1.1. Planteamiento del problema

En una gran diversidad de sistemas de visión, el cálculo del desplazamiento como primitivas para el análisis del comportamiento de objetos de interés, resulta relevante. Sin embargo, en la literatura se aprecia que estimar de forma eficiente este desplazamiento es un problema abierto, por la cantidad de factores que se ven involucrados. Estas causas pueden ser desde circunstancias del medio (como condiciones lumínicas) hasta circunstancias de instrumentación (relación señal ruido, sensibilidad, o errores de fabricación) impidiendo que se estimen los desplazamientos de forma adecuada. En términos prácticos, el cálculo de desplazamiento [6] es un problema que se modela típicamente como una función de optimización [7], donde lo que se quiere optimizar es una función de similitud entre la

región de interés en la imagen de referencia y la imagen con el objeto desplazado [8]. Como se asume que el dominio del espacio métrico es continuo, se asume un método numérico, que típicamente se aproxima mediante series de Taylor y un conjunto de derivadas de la información [9]. Posterior a esto, los diferentes métodos de estimación del desplazamiento son criterios ajustados para condiciones específicas de aplicación.

En el caso particular, la medición de desplazamientos en micrografías, proporciona herramientas no invasivas para el análisis de fenómenos microscópicos. Sin embargo, en esta situación se requiere el uso y selección dinámica de regiones para calcular el incremento del objetivo, debido a que no pueden pre definirse geometrías básicas como referencia. Esta situación genera que se necesiten esquemas para determinar de forma automática las zonas más probables para medir el desplazamiento. Consecuentemente, de manera conjunta un método robusto para estimar este desplazamiento. Por tal situación en el problema de cálculo de desplazamientos en un par de micrografías, a partir de la emisión de luz estructurada, se ha observado que el uso de métodos clásicos tiene por consecuencia que no sea robusto y repetible en situaciones que el espacio métrico tenga soluciones subóptimas.

## 1.2. Objetivos

Desarrollar un método robusto para calcular micro desplazamientos usando algoritmo genético y esquinas de Harris [10] como característica de seguimiento .

- Obtener imágenes de forma experimental .
- Obtener imágenes con el desplazamiento controlado en el eje  $x$ .
- Calcular el desplazamiento utilizando el método de Shi-Tomasi .
- Mejorar la formulación de Shi-Tomasi para incluir el método evolutivo en el cálculo de desplazamiento.
- Estimar el desplazamiento utilizando el método evolutivo.

- Comparar el método propuesto con el método anterior de Shi-Tomasi [1].

### **1.3. Hipótesis**

Si se define un esquema de optimización basado en espacios discretos, será posible desarrollar un método robusto que permita estimar el desplazamiento que no se limite a mínimos locales.

### **1.4. Justificación**

Debido a que ya se ha trabajado en el cálculo del desplazamiento en un par de imágenes, y se ha utilizado el método propuesto en el artículo "Good features to track" [1], se ha podido observar que muchas veces los desplazamientos que se encuentran de las características de seguimiento, no representan físicamente el movimiento que se está realizando, entonces, esto nos llevó a buscar una optimización del método, ya que se pueden encontrar múltiples soluciones alrededor de la solución óptima, lo que nos lleva a reafirmar que el método propuesto con AG, nos da un beneficio al encontrar la mejor solución, ya que su aleatoriedad alrededor de la solución óptima resulta en gran beneficio al analizar estadísticamente las medias de los desplazamientos encontrados.

### **1.5. Organización**

La tesis se organiza de la siguiente manera:

En el capítulo 2 de Estado del arte se da un panorama general de los sistemas que existen o se han estudiado en lo que respecta a desplazamiento con imágenes y las diferentes técnicas empleadas.

En el capítulo 3 se presenta la teoría usada para el desarrollo del proyecto tal como la extracción de las mejores características de una imagen para seguimiento, las técnicas más

representativas y la técnica propuesta por Harris [10], así también un panorama general de los algoritmos genéticos.

Después en el capítulo 4 se presenta el desarrollo del método propuesto para calcular desplazamientos, desde la captura de las imágenes de referencia, las pruebas del algoritmo para la extracción de las características de seguimiento y las pruebas de optimización usando algoritmo genético.

En el capítulo 5 se muestran los resultados obtenidos durante la fase de experimentación del proyecto, en donde evaluó los resultados estadísticamente con pruebas de varianzas iguales, análisis de medias y comparo con los resultados obtenidos del método de Shi-Tomasi.

En el capítulo 6 se concluye sobre el método propuesto para el cálculo de desplazamientos.

# Antecedentes

---

En los últimos treinta años se ha desarrollado una intensa actividad investigadora en el campo de la visión por computadora. En sus orígenes estaba relacionada con la robótica pero gracias al acercamiento de los ordenadores al público y el incremento de la capacidad de cómputo de las máquinas surgieron nuevos problemas a los que la visión por computadora podrá dar respuesta. En un principio el flujo óptico fue concebido por el psicólogo James Gibson como parte de su tesis doctoral “The Perception of the Visual World” en donde define el flujo óptico como el movimiento aparente de los objetos [11]. A partir de esto los investigadores de la visión por computadora se dieron a la tarea de la estimación del flujo óptico y fue hasta 1981 cuando los investigadores Bruce D. Lucas y Takeo Kanade [12] desarrollaron la resolución de ecuaciones para flujo óptico por la realización de barrido de píxeles mediante mínimos cuadrados. Al mismo tiempo los investigadores Horn-Schunck también lograron hacer la determinación de flujo óptico basado en el suavizado de las imágenes para minimizar las distorsiones y resolver el problema de apertura [13]. Fue así como estos cuatro investigadores por caminos diferentes lograron por primera vez la estimación del flujo óptico, a partir de aquí, se desarrollaron mejoras a estos métodos como es el caso de Anandan que en 1987 realizó una estimación del flujo óptico mediante el método de mínimos cuadrados donde se calculan las aceleraciones temporales de forma incremental para superficies cuadráticas [14]. Un año más tarde Uras S., Girogi F., Verri A. y Torre V. propusieron la utilización de soluciones locales, con desviaciones estándar de 3 en el espacio y tiempo 1,5, utilizando umbrales de aceptación en las estimaciones [15]. Luego en 1990 Jepson A. and Heeger D. emplearon la utilización de 12 filtros de Gabor para cada espacio y escala, ajustes en los mínimos cuadrados, pirámides gaussianas y filtraciones con pasa bandas. En este mismo año Fleet y

Jepson emplearon la utilización de filtros pasa bandas optimizados para descomponer señales de entrada de acuerdo con la escala, velocidad y orientación. En 1991 Barman, H., Haglund determinaron el flujo óptico a partir de bases de energía, haciendo un filtrado de espacio temporal en una estructura, análisis bajo dos componentes, difusión y reacción donde agrupan los métodos en función de la densidad de los mapas de disparidad, locales y globales [16]. Posteriormente en 1992 J.L.Barron, D.J.Fleet y S.S. Beauchemin, T.A. Burkitt realizaron y compararon 6 diferentes técnicas para el análisis y cálculo del flujo óptico entre ellas, técnicas diferenciales, Horn-Schunck, Lucas-Kanade, Uras-Girosi-verri y torre, Anandan, basada en la energía, Fleet and Jepson, Heeger. Dos años más tarde estos mismos autores realizaron un complemento del su artículo publicado en 1992 agregando 3 nuevos métodos (Waxman et, Singh, Nagel) [17]. Posteriormente en 1996 Sugata Ghosal, Petr Vanek realizaron la estimación de flujo óptico de sistemas discontinuos, con método de Horn-Schunck, y optimización con Euler-Lagrange [18]. Años más tarde Vladimir Stanisavljevic, Zoran Kalafatic y Slobodan Ribaric estimaron de flujo óptico con la combinación de algoritmos mediante series de Taylor, Gauss y Siedel [19]. En el 2002 Shi Rong. Li Zaiming realizaron la compensación del desplazamiento de los objetos a alta velocidad a partir del método de Lucas-Kanade para la estimación del flujo óptico. Luego en 2003 han desarrollado investigaciones en las cuales se combinan diferentes técnicas para obtener mejores resultados como lo hicieron Hongshi Yan, Tjahjadi, T. En su trabajo la selección del tamaño de vecindad es un parámetro de ajuste importante para la técnica de Lucas-Kanade y Horn-Schunck combinado. Este cuenta con la ventaja de tener dos campos de flujo óptico sólidas y densas [20]. En 2006 se realizaron aplicaciones relacionadas con el flujo vehicular en donde se estima la velocidad de los vehículos empleando técnicas de flujo óptico teniendo una gran ventaja ya que si actualizan las cámaras ya existentes en la carretera de acuerdo con este método, se puede mejorar la condición de tráfico de la ciudad en menos gastos. Actualmente el flujo óptico es usado para la detección y segmentación de movimiento humano en secuencias de imágenes en movimiento, lo cual es significativamente beneficioso en sistemas de seguridad, y mas cuando se reduce costos de operación. [10]

## 2.1. Flujo óptico

El campo de movimiento representa el movimiento real de un objeto que se desplaza en un escenario tridimensional proyectado sobre un plano, obtenemos un conjunto de vectores de velocidad para cada punto, correspondiente al movimiento de la imagen que se observa. Esta es la cantidad que no interesa determinar en una secuencia de imágenes. El flujo óptico se define como (FO) se define como el movimiento aparente de un patrón de brillo [un nuevo algoritmo para el calculo ...]; esto es lo que realmente observamos cuando un objeto se desplaza, pero también se puede deber al cambio en las condiciones de iluminación del escenario, por lo que el flujo óptico y el campo de movimiento son iguales solo si el objeto no cambia su irradiancia en el plano de la imagen, mientras se mueve sobre la escena.

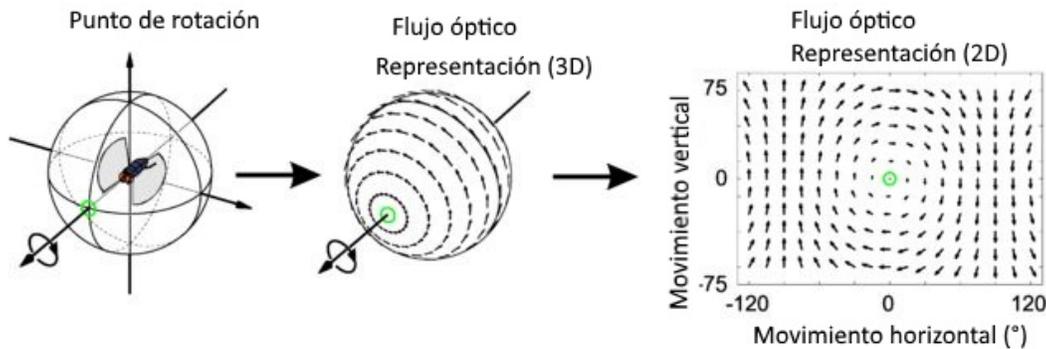


Figura 2.1: Patrón de movimiento aparente de un objeto.

## 2.2. Clasificación de los métodos.

En esta sección se realiza una breve descripción de los métodos más representativos para la estimación del flujo óptico.

A. Métodos diferenciales: calculan el desplazamiento de los píxeles a partir de las derivadas espaciales o espacio-temporales de las intensidades de la imagen. Una limitación que tiene este tipo de métodos es que obliga a que las derivadas sean computables en el dominio de la imagen. En función de cómo se use la información de las derivadas. Estableció la siguiente

subcategoría para los métodos diferenciales:

- **Métodos Locales:** Utilizan la información en una vecindad alrededor de un píxel para estimar su movimiento. El método más representativo de esta familia es el de Lucas-Kanade [12]. Este método calcula el desplazamiento a partir de la minimización de la ecuación del flujo óptico alrededor de una ventana centrado en un píxel.
- **Métodos Globales:** Añaden como restricción global un término de regularización sobre el flujo. Esta restricción supone que el campo de desplazamiento es suave. Con este tipo de métodos se obtienen campos de desplazamientos densos. El método más representativo es el de Horn-Schunck [13].
- **Métodos de contorno:** Utilizan la información de los bordes de los objetos para detectar el desplazamiento. Aplican técnicas diferenciales para la extracción de determinadas estructuras en la imagen para luego establecer correspondencias entre estas estructuras. Entre los métodos más relevantes pertenecientes a este grupo se destaca [21] porque realiza un suavizado sobre el contorno extraído de la imagen, permitiendo una mejor estimación del flujo óptico.

### **2.3. Trabajos en cálculo de desplazamiento**

Para el análisis del estado del arte se consideró que los trabajos tengan el mismo objetivo de calcular desplazamiento, que tengan la misma técnica de obtención de las imágenes, si es que cuentan con alguna técnica de mejora de la imagen, si se menciona el método por el cual se calcula desplazamiento y si se cuenta con un desplazamiento subpíxelico.

- **Compensación de movimiento de cuerpo rígido en interferometría de moteado mediante técnicas fotográficas 2.2.** En esta tesis el objetivo es desarrollar un método que permita compensar el movimiento en el plano del objeto, que ocurre después de desplazar éste, cuando se desean medir esfuerzos fuera del plano, usando un arreglo de interferometría speckle, usa la transformada de Fourier para luego compensar el desplazamiento en el

plano y obtener el valor de la fase sin estas componentes. Este procedimiento permite reducir los errores presentes en las mediciones debidas al desplazamiento en el plano. El movimiento de un objeto en el espacio se puede separar en dos movimientos mutuamente independientes uno denominado en el plano  $(x, y)$  y otro fuera del plano  $(z)$  Se usa un arreglo de interferometría para medir desplazamientos fuera del plano debido a que el ángulo de iluminación no es nulo y las componentes en el plano aparecen como información de la fase obtenida, esto trae como consecuencia un error que en la medición de la fase que no corresponde con el desplazamiento fuera del plano, entonces conociendo el movimiento en el plano se puede eliminar para solo tener el movimiento en el eje  $(z)$ .

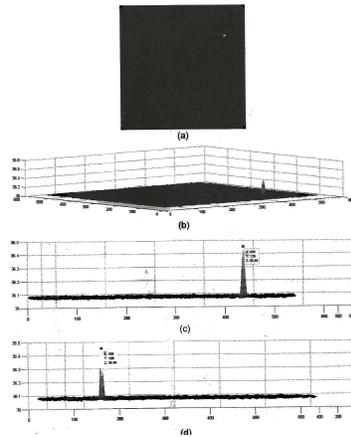


Figura 2.2: Imagen correlacionada. [2]

- Quality assessment of speckle patterns for digital image correlation. En este artículo se utiliza un arreglo con sensibilidad en el plano de interferometría, para mejorar de la imagen utiliza elementos de morfología digital, para la deformación de la probeta utiliza tensión, y el método para el cálculo del desplazamiento es por correlación de imágenes como se muestra en la fig. 2.2.
- 3D ESPI System ( $Q - 300$ ). Este dispositivo comercial pertenece a la marca Dante Dynamics 2.4, mide desplazamiento en 2D y 3D, para mejorar la imagen utiliza binarización, y es normamente usado para deformaciones de probetas metálicas que

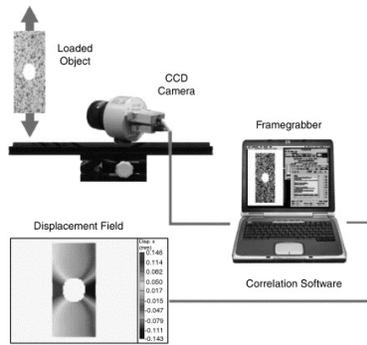


Figura 2.3: Principio de trabajo del sistema de correlación de la imagen digital.

están sujetas a tensión o compresión. En el método de cálculo del desplazamiento se utiliza la frecuencia de la longitud de onda del láser y el ángulo al que es incidido en la probeta. Se puede observar en la figura siguiente, éste es el modelo comercial de lo que se propone en la experimentación de este trabajo. [3]



Figura 2.4: 3D ESPI System ( $Q - 300$ ). [3]

El 3D ESPI System ( $Q - 300$ ) es un producto ya muy comercializado.

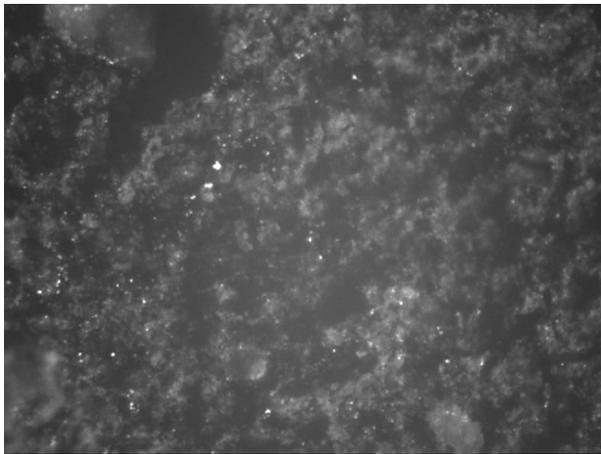
Aunque ya existen diferentes equipos o investigaciones para el cálculo de desplazamiento usando imágenes obtenidas por interferometría, se está proponiendo una mejora en las imágenes adquiridas, y también un cálculo de desplazamiento subpíxelico, basado en el concepto de disimilitud en la imagen [4].



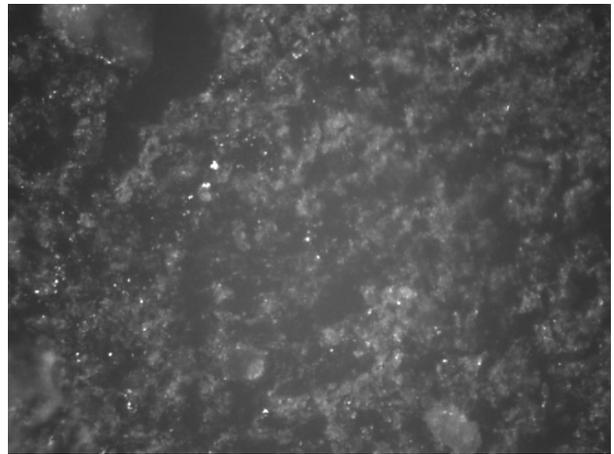
Figura 2.5: Sistema de interferometría y adquisición de la imagen.[4]

### 2.3.1. Medición del desplazamiento a través del registro de imágenes con un patrón de moteado.

Cálculo de desplazamiento en dos dimensiones usando el método propuesto por Shi-Tomasi [1] para un par de imágenes con un desplazamiento constante y usando Newton-Raphson [22] como método de optimización.



a) imagen de referencia.



b) imagen con desplazamiento.

Figura 2.6: Imágenes de referencia para cálculo de desplazamiento.

Las dos imágenes (fig. 2.6) son tomadas con la misma cámara y bajo las mismas condiciones de iluminación lo único que se desplaza es el objetivo una distancia fija.

El algoritmo basado en el artículo "Good features to track" [1], aplica tensores para encontrar

la mejor característica de seguimiento, (esquinas) que son invariantes a rotación y escala, dichas características o esquinas son encontradas analizando los valores propios  $\lambda_1$  y  $\lambda_2$  de la matriz de derivadas de la imagen 2.7.

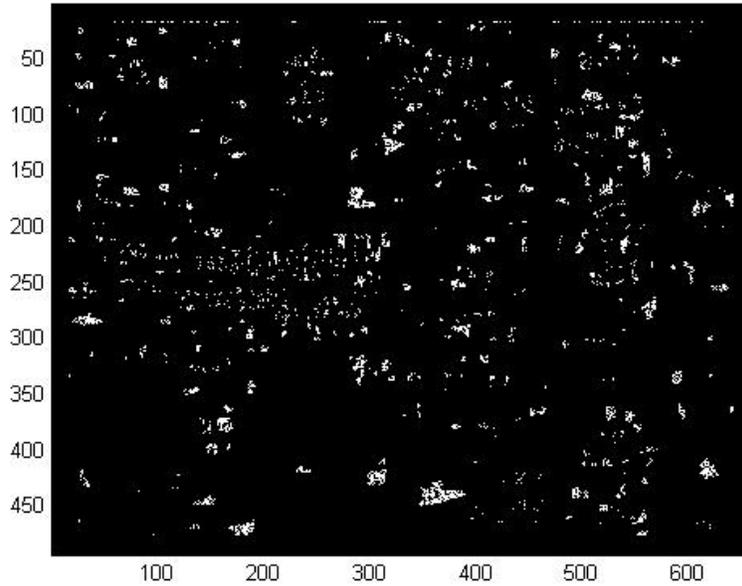


Figura 2.7: Mejores esquinas encontradas por el algoritmo.

Se estima el desplazamiento

$$\epsilon = \iint_W [J(Ax + d) - I(x)]^2 w(x) dx \quad (2.1)$$

### 2.3.2. Resultados del método Shi-Tomasi

En esta sección pongo los resultados del método anterior que consiste en la adquisición de una imagen de referencia, una imagen con desplazamiento. después encontrar la característica de seguimiento, bajo la condición que de la matriz de tensores construída con las derivadas parciales de la imagen de referencia, se obtienen los valores propios  $\lambda_1$  y  $\lambda_2$  donde  $\lambda_2 > \lambda_1 > \lambda$ .

Vector	Desplazamiento en pixeles						
1	6.81	12	6.81	23	6.91	34	6.71
2	6.61	13	6.61	24	6.61	35	6.61
3	7.30	14	7.40	25	7.20	36	7.30
4	6.70	15	6.60	26	6.60	37	6.70
5	7.32	16	7.41	27	7.32	38	7.21
6	6.41	17	6.61	28	6.61	39	6.61
7	6.60	18	6.80	29	6.80	40	6.70
8	6.90	19	6.90	30	6.90	41	6.90
9	6.81	20	6.81	31	6.81	42	6.81
10	6.61	21	6.71	32	6.41	43	6.61
11	7.31	22	7.31	33	7.22	44	7.31

Cuadro 2.1: Desplazamiento resultante para una secuencia de imágenes.

Una vez que se obtiene los desplazamientos se hizo el análisis estadístico, la prueba de normalidad de cuatro secuencias que se realizaron y posteriormente el análisis de varianzas. Las gráficas 2.8 representan si los datos son normales, C2 y C3 no son normales, y C1 y C4 si son normales.

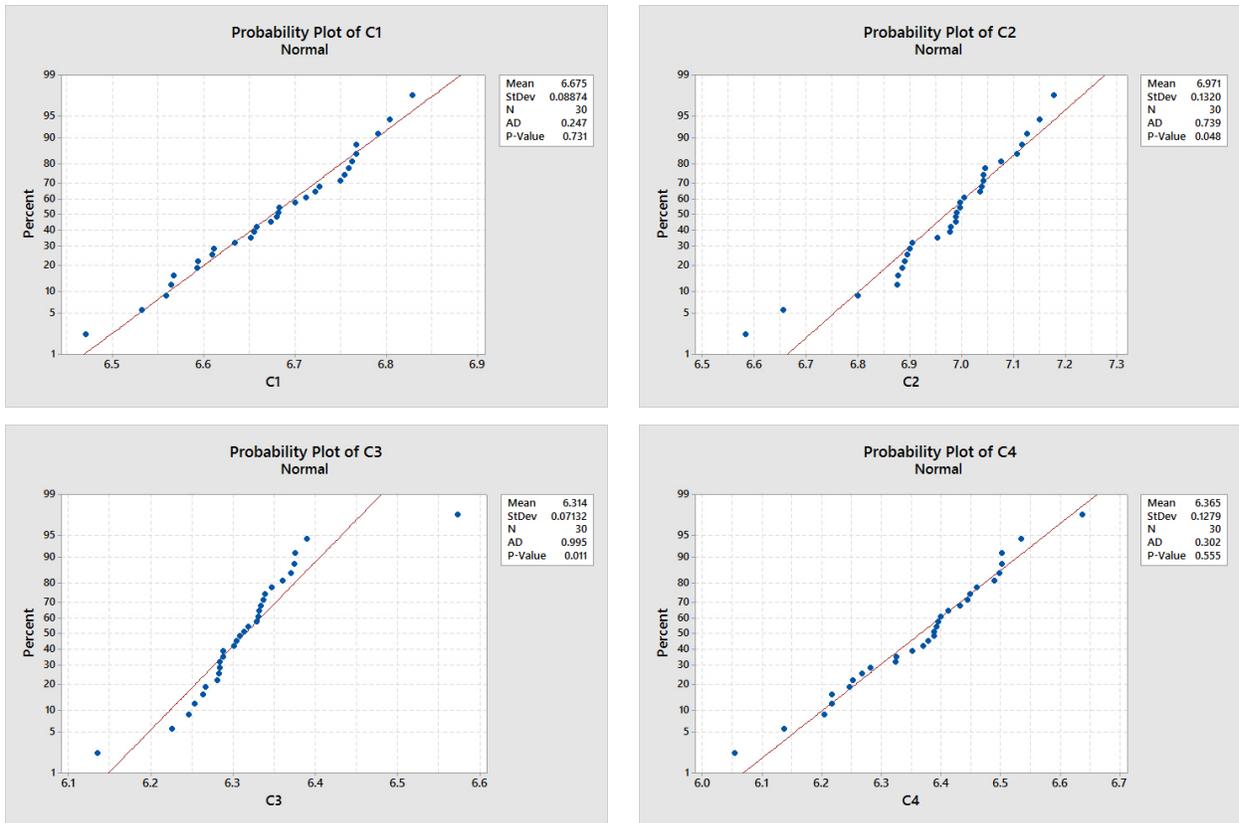
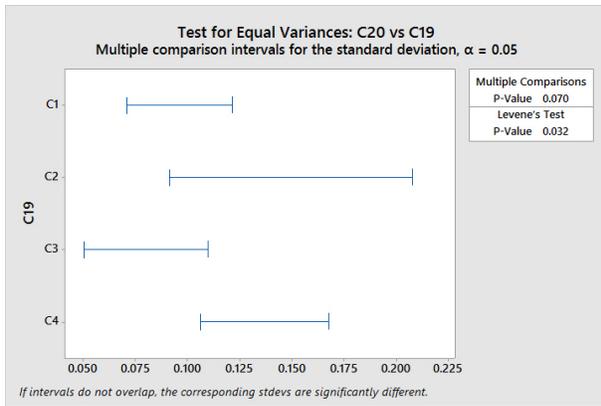
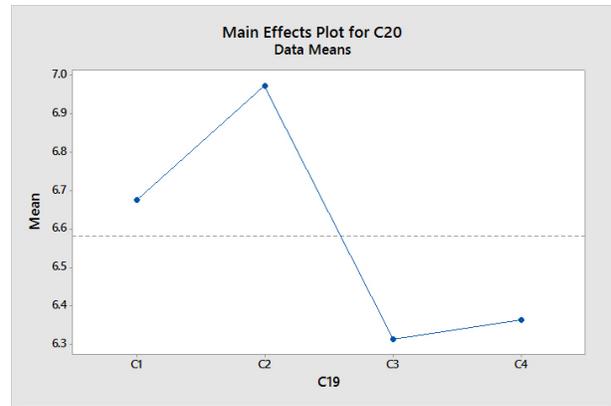


Figura 2.8: Puebas de normalidad para cuatro secuencias de imágenes.

La gráfica 2.9 es una gráfica de intervalos de las varianzas de las secuencias observamos que C1,C3 y C4 mantienen una dispersión muy parecida mientras que C2 se vé muy disperso. lo que se debe observar es que los intervalos se deben de cruzar, es mínimo el cruce, lo que quiere decir que las secuencias C1,C2,C3 y C4 tienen una media muy diferente 2.9 y que no hay repetibilidad en el valor estimado de desplazamiento.



Prueba de varianzas.



Pruebas de medias

Figura 2.9: Prueba de varianzas y medias.

## Marco teórico.

---

### 3.1. Características de seguimiento.

La extracción de características en una imagen es el proceso que identifica estas marcas naturales en una imagen, se desea que sean fácilmente detectables a lo largo del tiempo, con el fin de evitar añadir al sistema un mayor número de puntos de referencia, ya que el tiempo de cómputo aumenta en función de la cantidad de éstas.

Para una imagen determinada, surgen las siguientes preguntas: ¿cómo escoger los puntos característicos de una imagen?, ¿cómo se debe realizar el seguimiento de estos puntos a lo largo del tiempo?. Una extracción pobre de características puede conducir a obtener pocos y malos puntos de interés, por lo que luego si estos puntos se utilizan como marcas naturales, esto puede ocasionar resultados catastróficos ya que el algoritmo puede llegar a divergir. Por lo tanto, es crucial realizar un estudio previo de diversos algoritmos de extracción de características, para ver el rendimiento de los distintos algoritmos estudiados.

Por otra parte, un punto de interés es un punto en la imagen en el que existe una variación alta de intensidad tanto en horizontal como en vertical. De manera general, las características que presenta un punto de interés en la imagen son:

- Tiene una posición en la imagen bien definida.
- La estructura local alrededor del punto de interés es rica en términos de contenido de información local. Esto hace que el uso de los puntos de interés simplifique el procesado en un sistema basado en visión.
- Es estable bajo perturbaciones en la imagen tanto globales como locales. Entre éstas

se incluyen deformaciones procedentes tanto de transformaciones de perspectiva (transformaciones afines, cambios de escala, rotaciones y/o traslaciones, ...) como de variaciones en la iluminación/brillo. Se dice que los puntos de interés deben poseer un alto grado de reproducibilidad.

Generalmente, la noción de punto de interés va unida a la detección de esquinas, donde las esquinas son detectadas con el objetivo principal de obtener características robustas, bien definidas y estables para realizar un seguimiento de objetos y reconocimiento tridimensional de objetos a partir de imágenes bidimensionales.

En este trabajo se han analizado dos métodos diferentes de extracción de características de bajo nivel: Shi-Tomasi, esquinas de Harris 3.1.



Figura 3.1: Ejemplo extracción de esquinas de una imagen. [5]

### 3.1.1. Detección de esquinas basado en la autocorrelación local.

Los dos detectores de esquinas más utilizados son el detector de esquinas de Harris [10] y el detector de esquinas de Shi-Tomasi [1]. Ambos detectores se basan en la función de

autocorrelación local, que mide los cambios locales de la señal con desplazamientos pequeños en diferentes direcciones.

### 3.1.1.1. Detector de Shi-Tomasi.

El método desarrollado se fundamenta en el trabajo original de Shi-Tomasi . Este método se basa en el uso del gradiente de intensidad para cada pixel, el cual proporciona información sobre la no uniformidad en los niveles de gris a lo largo de la imagen. Se tienen en cuenta tanto bordes verticales como horizontales, buscando aquellos puntos que presenten cambios bruscos en ambos gradientes. Para ver el grado de no uniformidad, se propone el uso de la siguiente matriz aplicada al conjunto de pixeles de la característica a seguir, siendo  $I_u$  el gradiente de intensidad de la imagen en horizontal, y  $I_v$  el gradiente en vertical 3.1 .

$$Z = \sum_{y=v_{0parche}}^{v_{maxparche}} \sum_{y=u_{0parche}}^{u_{maxparche}} \begin{pmatrix} I_x^2 & I_x I_y \\ I_x I_y & I_y^2 \end{pmatrix} \quad (3.1)$$

Las expresiones utilizadas para calcular los gradientes vertical y horizontal son las siguientes 3.2:

$$\begin{cases} I_x = \frac{I(x+1,y)-I(x-1,y)}{2} \\ I_y = \frac{I(x,y+1)-I(x,y-1)}{2} \end{cases} \quad (3.2)$$

Es decir,  $Z$  implica el cálculo de los gradientes en todos los pixeles de la característica, la formación de las matrices individuales y su posterior suma.

Para poder evaluar el grado de no uniformidad de la característica, es necesario calcular los dos eigenvalores  $\lambda_1$   $\lambda_2$  de la matriz  $Z$ . Cada uno de los eigenvalores proporciona información sobre la no uniformidad de la imagen en una determinada dirección Una característica será seleccionada si el menor de los eigenvalores calculados  $\lambda_1$  o  $\lambda_2$  presenta un valor elevado. En los casos en los que solamente uno de los dos eigenvalores es elevado, la característica no es adecuada para ser seleccionada como una marca natural, ya que la característica solamente presenta interés en una sola dirección (por ejemplo un borde), pero

no en la dirección perpendicular a esta. Por lo tanto, solamente serán seleccionadas aquellas características cuyos eigenvalores sean elevados, lo que significa que la característica presenta interés tanto en horizontal como en vertical (por ejemplo una esquina). Para calcular la  $Z$  total de la característica en todos los puntos  $(x, y)$  de la región de búsqueda.

### **3.1.1.2. Detector de Harris.**

como: Podemos definir al borde de una imagen como puntos que tiene un alto valor del gradiente mientras que las esquinas con puntos prominentes contenidos en una imagen, caracterizados por presentar también un alto valor del gradiente pero a diferencia de los bordes, este alto valor del gradiente no solo se manifiesta en una dirección sino en diferente. Las esquinas pueden ser utilizadas en una amplia gama de aplicaciones tales como el seguimiento de un objeto en secuencia de video, para ordenar las estructuras de objetos en visión estereoscópica, como puntos de referencia en la medición de características geométricas de objetos o bien en la calibración de cámaras para sistemas de visión. Algunas de las ventajas de las esquinas sobre otras características obtenidas de una imagen no son la robustez al cambio de perspectiva así como su confiabilidad en su localización ante diferentes condiciones de luz.

Un algoritmo para la detección de las esquinas debe reunir algunos aspectos importantes tales como:

- Detectar esquinas “importantes” de las “no importantes”
- Detectar las esquinas en presencia del ruido propio de la imagen
- Rápida ejecución para permitir su implementación en tiempo real

Como es de suponer, existen varios enfoques que son capaces de cumplir con estas características en donde la mayoría de ellos se basan en la medición del valor del gradiente en el punto que se considera como potencialmente esquina. De acuerdo a 3.3, se puede determinar la calidad de la característica de seguimiento usando como medida la disimilitud

entre una característica de seguimiento en la primera imagen y esa misma característica de seguimiento en la imagen con desplazamiento. Se tiene primeramente la selección de la característica de seguimiento, se toman dos imágenes, la de referencia  $I(x)$  y la imagen desplazada  $J(x)$  3.3.

$$J(Ax + d) = J(x) \quad (3.3)$$

Donde  $A$  es la matriz de deformación y  $d$  el vector de desplazamiento 3.4.

$$A = \begin{bmatrix} \sum E_x^2 & \sum E_x E_y \\ \sum E_x E_y & \sum E_y^2 \end{bmatrix} \quad (3.4)$$

La mayoría de los algoritmos utilizados para la detección de esquinas utilizan el criterio de la primera o segunda derivada sobre la imagen en la dirección  $x$  o  $y$  como aproximación del valor gradiente. El gradiente de una función continua  $f(x, y)$  es un vector y su magnitud expresa la razón de cambio por unidad de distancia en la dirección del vector. El objetivo de los operadores gradiente es detectar cambios en los niveles de gris que tienen lugar en zonas o regiones reducidas. El gradiente y la magnitud se expresan por 3.5.

$$grad[f(x, y)] = \left[ \left( \frac{\partial f}{\partial x} \right), \left( \frac{\partial f}{\partial y} \right) \right]^T \quad (3.5)$$

$$|grad[f(x, y)]| = \left[ \left( \frac{\partial f}{\partial x} \right)^2 + \left( \frac{\partial f}{\partial y} \right)^2 \right]^{\frac{1}{2}} \quad (3.6)$$

Los métodos basados en la primera derivada como el operador gradiente, constituyen los métodos con más proliferación dentro de la comunidad del análisis de imágenes y la visión computacional. Se fundamentan en que un borde entre sí hay una discontinuidad en la función de la intensidad de la imagen, es decir, si la derivada de los valores de intensidad de la imagen es un máximo.

Los operadores de Prewitt están basados en la estimación del módulo del gradiente usando máscaras de 3x3. Los dos operadores, en la dirección del eje  $x$  y en la dirección del eje  $y$  son las siguientes 3.1:

$$\frac{1}{3} \begin{bmatrix} 1 & 0 & -1 \\ 1 & 0 & -1 \\ 1 & 0 & -1 \end{bmatrix} \quad \frac{1}{3} \begin{bmatrix} -1 & -1 & -1 \\ 0 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 1 \end{bmatrix}$$

Cuadro 3.1: Operadores derivada.

Estos operadores tienen buena respuesta en los bordes horizontales y verticales, son poco sensibles al ruido, proporcionan la magnitud y dirección del borde, por otro lado tienen desventajas como mala respuesta en los bordes diagonales, lentitud del cálculo y anchura del borde en varios píxeles.3.4.

El desplazamiento que se busca en las imágenes puede ser igualmente tratado como flujo óptico, así que por esta razón es que se utiliza esta técnica. Se propone utilizar la información de la matriz  $[G^T G]$ , conocida también como tensor de estructura para determinar los mejores puntos para realizar seguimiento. Entonces  $\lambda_1$  y  $\lambda_2$  son los eigen valores de  $[G^T G]$  y se considera que un punto es candidato a representar una característica para seguimiento si  $\min[\lambda_1, \lambda_2] > \lambda_\epsilon$ , donde  $\lambda_\epsilon$  es un umbral definido por el usuario, de acuerdo con esto, las esquinas de los objetos en movimiento son buenos puntos para realizar seguimiento.

La función tendrá un máximo si ambos valores propios son altos, lo que quiere decir que un desplazamiento en cualquier dirección va a producir un incremento importante, indicando, por tanto, que se trata de una esquina. La función será casi nula si ambos valores propios son bajos, es decir que un desplazamiento en cualquier dirección va a producir cambios muy pequeños, por tanto, la región que engloba la subventana de tamaño  $n \times n$  es de intensidad constante (pertenece al mismo objeto) 3.2. Si un valor propio es alto y el otro bajo, entonces, la función tendrá forma de cresta. Por tanto, sólo los desplazamientos en una dirección van a producir pequeños cambios en la matriz de deformación  $A$  y cambios significativos en la dirección perpendicular. Esto indicará la presencia de un borde.

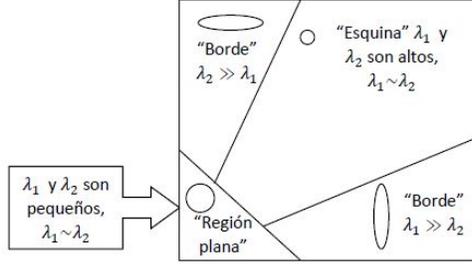


Figura 3.2: Clasificación de una imagen usando los valores propios con Harris.

### 3.1.2. Suma de diferencias al cuadrado.

La suma de diferencias al cuadrado, es una medida de proximidad entre dos imágenes consecutivas de una secuencia de video.

$$SSD(u, v) = \sum_{i \in L} [g_1(r_i + V_i) - g_2(r_i)]^2 \quad (3.7)$$

Los métodos de correspondencia, localmente encuentran el vector de desplazamiento  $V = [u, v]$  entre dos imágenes  $g_1$  y  $g_2$  para una cierta posición  $r = [x, y]$  minimizando la función .

$$SSD(V) = \sum_{s \in W} \omega(s) \times [g_1(r + s) - g_2(r + s + V)]^2 \quad (3.8)$$

donde  $\omega(s)$  es la función de pesos. En esta función SSD, la suma es llevada a cabo de una ventana de tamaño  $(2k + 1)^2$  centrada en  $r = [x, y]$  y  $s$  son los puntos dentro de  $\omega$ .

Muchos métodos basados en correspondencia realizan una búsqueda de un vector de desplazamiento  $(u, v)$  en un conjunto finito de pares y seleccionan aquel par que minimice la función SSD. Este método no tendrá problemas con derivadas pero la exactitud del método está limitada por la discretización del espacio de búsqueda. (Lo que en este trabajo se ha propuesto también una interpolación en los pixeles para que sea un cálculo subpíxelico). El método de mínimos cuadrados [23], que consiste en encontrar el desplazamiento  $\hat{V} = [\hat{u}, \hat{v}]$  que minimiza el residuo.

$$\sum_{i \in W} [g_n(r_i + \hat{V}) - g_{n+1}(r_i)]^2 \quad (3.9)$$

donde  $W, (W \subset L)$  es una pequeña ventana de la imagen, centrada en el punto para el cual deseamos calcular el flujo óptico o desplazamiento. Se aplica expansión en serie de Taylor y se obtiene un sistema sobredeterminado.

$$\begin{pmatrix} D_x g_n(r_1) & D_y g_n(r_1) \\ D_x g_n(r_2) & D_y g_n(r_2) \\ \vdots & \vdots \\ D_x g_n(r_n) & D_y g_n(r_n) \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \hat{u} \\ \hat{v} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -D_t g_n(r_1) \\ -D_t g_n(r_2) \\ \vdots \\ -D_t g_n(r_n) \end{pmatrix} \quad (3.10)$$

en forma matricial,  $G\hat{V} = e$ , cuya solución es por mínimos cuadrados dada por

$$\hat{V} = [G^T G]^{-1} G^T e \quad (3.11)$$

## 3.2. Algoritmos Genéticos.

Esta sección introduce en forma tutorial los algoritmos evolutivos de búsqueda denominados algoritmos genéticos. Estos algoritmos se inspiran en la mecánica de la selección natural y la genética para evolucionar una población inicial de puntos sucesivamente hacia mejores regiones del espacio de búsqueda. La evolución de la población se realiza mediante la aplicación de operadores genéticos probabilísticos de selección, recombinación y mutación. Los algoritmos genéticos requieren conocer solamente el valor de la función objetivo en la población de puntos y no sus derivadas. Esto último permite abordar una gran variedad de problemas de optimización no tratables mediante métodos basados en gradientes.

Los Algoritmos Genéticos (AGs) son métodos adaptativos que pueden usarse para resolver problemas de búsqueda y optimización. Están basados en el proceso genético de los organismos vivos. A lo largo de las generaciones, las poblaciones evolucionan en la naturaleza de acorde con los principios de la selección natural y la supervivencia de los más fuertes, postulados por Darwin (1859). Por imitación de este proceso, los Algoritmos Genéticos son capaces de ir creando soluciones para problemas del mundo real. La evolución de dichas soluciones hacia valores óptimos del problema depende en buena medida de una

adecuada codificación de las mismas.

Los principios básicos de los Algoritmos Genéticos fueron establecidos por Holland (1975), y se encuentran bien descritos en varios textos – Goldberg (1989), Davis (1991), Michalewicz (1992), Reeves (1993) – . En la naturaleza los individuos de una población compiten entre sí en la búsqueda de recursos tales como comida, agua y refugio. Incluso los miembros de una misma especie compiten a menudo en la búsqueda de un compañero. Aquellos individuos que tienen más éxito en sobrevivir y en atraer compañeros tienen mayor probabilidad de generar un gran número de descendientes. Por el contrario individuos poco dotados producirán un menor número de descendientes. Esto significa que los genes de los individuos mejor adaptados se propagarán en sucesivas generaciones hacia un número de individuos creciente. La combinación de buenas características provenientes de diferentes ancestros, puede a veces producir descendientes “superindividuos”, cuya adaptación es mucho mayor que la de cualquiera de sus ancestros. De esta manera, las especies evolucionan logrando unas características cada vez mejor adaptadas al entorno en el que viven.

Los Algoritmos Genéticos usan una analogía directa con el comportamiento natural. Trabajan con una población de individuos, cada uno de los cuales representa una solución factible a un problema dado. A cada individuo se le asigna un valor ó puntuación, relacionado con la bondad de dicha solución. En la naturaleza esto equivaldría al grado de efectividad de un organismo para competir por unos determinados recursos. Cuanto mayor sea la adaptación de un individuo al problema, mayor será la probabilidad de que el mismo sea seleccionado para reproducirse, cruzando su material genético con otro individuo seleccionado de igual forma. Este cruce producirá nuevos individuos descendientes de los anteriores los cuales comparten algunas de las características de sus padres. Cuanto menor sea la adaptación de un individuo, menor será la probabilidad de que dicho individuo sea seleccionado para la reproducción, y por tanto de que su material genético se propague en sucesivas generaciones.

De esta manera se produce una nueva población de posibles soluciones, la cual reemplaza a la anterior y verifica la interesante propiedad de que contiene una mayor proporción de

buenas características en comparación con la población anterior. Así a lo largo de las generaciones las buenas características se propagan a través de la población Favoreciendo el cruce de los individuos mejor adaptados, van siendo exploradas las áreas más prometedoras del espacio de búsqueda Si el Algoritmo Genético ha sido bien diseñado, la población convergerá hacia una solución óptima del problema. El poder de los Algoritmos Genéticos proviene del hecho de que se trata de una técnica robusta, y pueden tratar con éxito una gran variedad de problemas provenientes de diferentes áreas, incluyendo aquellos en los que otros métodos encuentran dificultades. Si bien no se garantiza que el Algoritmo Genético encuentre la solución óptima del problema, existe evidencia empírica de que se encuentran soluciones de un nivel aceptable, en un tiempo competitivo con el resto de algoritmos de optimización combinatoria. En el caso de que existan técnicas especializadas para resolver un determinado problema, lo más probable es que superen al Algoritmo Genético, tanto en rapidez como en eficacia. El gran campo de aplicación de los Algoritmos Genéticos se relaciona con aquellos problemas para los cuales no existen técnicas especializadas. Incluso en el caso en que dichas técnicas existan, y funcionen bien, pueden efectuarse mejoras de las mismas uniéndolas con los Algoritmos Genéticos.

### 3.2.1. Algoritmo genético simple.

El algoritmo evolutivo básico descrito en la introducción da lugar a una gran variedad de modelos, dependiendo de como se especifiquen la forma de representación de los individuos (codificación) y los operadores genéticos de selección, recombinación y mutación. En esta sección se describe el algoritmo genético original propuesto por John Holland [24], junto a algunas de sus variantes. El algoritmo genético de Holland se fundamenta teóricamente en el teorema de schemata, cuya definición y demostración escapa al propósito de este artículo. El lector interesado en este teorema puede consultar el texto de Goldberg [25]. El algoritmo genético simple aplica a problemas de optimización de parámetros continuos de la forma:

$$\min f(X_{k1}, X_{k2}, \dots, X_{kn}), \quad X_{ki} \in [l_i, u_i] \in \mathfrak{R} \quad l_i < u_i, \quad \forall 1, \dots, n, \quad (3.12)$$

donde cada componente  $X_{ki}$  tiene un dominio definido por una cota inferior  $l_i$  y una cota superior  $u_i$ , y por lo tanto el espacio de búsqueda es un subconjunto de  $\mathfrak{R}_n$ .

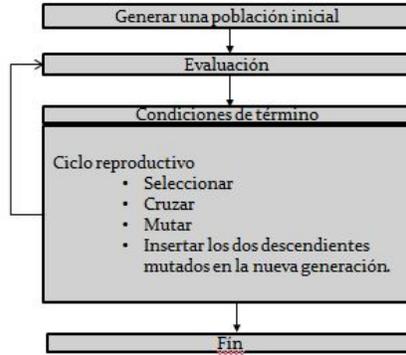


Figura 3.3: Algoritmo genético simple.

### 3.2.1.1. Representación de una función de adaptación.

Un punto de búsqueda  $\vec{X}_k = (X_{k1}, X_{k2}, \dots, X_{kn})$ , se representa mediante una cadena binaria. Cada una de las  $n$  componentes del vector  $\vec{X}_k$  se codifica en binario usando  $b$  bits. Luego las representaciones binarias de cada parámetro se concatenan en una sola tira, obteniéndose individuos de largo  $\ell = nb$  bits

El algoritmo genético considera una población inicial de  $M$  tiras binarias de largo  $\ell$ , generadas aleatoriamente. Para evaluar el desempeño de estos individuos se requiere decodificar cada componente representada en binario al entero correspondiente entre 0 y  $2^b - 1$  y luego reescalarlo en el intervalo real correspondiente al dominio de esa componente. Durante el proceso evolutivo, el algoritmo genético genera una nueva población de tamaño  $M$  a partir de la población actual y evalúa el desempeño de los nuevos individuos. Este mecanismo de codificación implica que en el espacio original continuo sólo se realiza una búsqueda con una serie de puntos. La precisión de esta búsqueda depende del número de bits utilizados para la codificación de los parámetros.

### 3.2.1.2. Métodos de selección.

El mecanismo de selección permite orientar la búsqueda a aquellos puntos más prometedores. Con la mayor adaptación observada hasta el momento. El operador de selección genera a partir de la población actual una población intermedia del mismo tamaño, reproduciendo con un mayor número de copias a los individuos más aptos y eliminando o asignando un menor número de copias a los individuos menos aptos. El operador de selección no produce puntos nuevos en el espacio de búsqueda, sino que determina qué individuos dejarán descendencia y en qué cantidad en la próxima generación.

El algoritmo genético simple utiliza una regla de supervivencia probabilística. En analogía con un problema de la teoría de juegos (multi-armed bandit problem), John Holland postuló que la estrategia óptima de selección consiste en aumentar exponencialmente el número de copias del mejor individuo observado respecto al peor. Este método se conoce como selección proporcional.

- Selección Proporcional

La probabilidad de selección  $p_{i,t}$ , del  $i$ -ésimo individuo en la población  $P(t)$  depende de la adaptación relativa de éste con respecto a la población:

$$p_{i,t} = \frac{f_i}{n} \quad j = 1 \dots n \quad (3.13)$$

donde  $f_j$  es la adaptación del  $j$ -ésimo individuo. El número esperado de copias  $N_e$  del  $i$ -ésimo individuo en la próxima generación es:

$$N_e[i] = M p_{i,t} = \frac{f_i}{\bar{f}_t} \quad (3.14)$$

donde  $\bar{f}_t$  es la adaptación promedio de la población  $P(t)$ , y  $M$  es el tamaño de ésta.

La fase de selección de un algoritmo genético basado en valores esperados se compone de dos partes :

- determinación de los valores esperados  $N_e$ .

- conversión de los valores esperados a números discretos de descendencia (muestreo).

El algoritmo de muestreo debe mantener una población constante y al mismo tiempo proveer de un muestreo exacto, consistente y eficiente. El algoritmo de muestreo original propuesto por Holland se conoce como el método de la ruleta.

- Método de la ruleta.

1. Determinar la suma  $S$  de las adaptaciones de toda la población.
2. Relacionar uno a uno los individuos con segmentos contiguos de la recta real  $[0, S)$ , tal que cada segmento individual sea igual en su tamaño a su grado de adaptación.
3. Generar un número aleatorio en  $[0, S)$ .
4. Seleccionar el individuo cuyo segmento cubre el número aleatorio.
5. Repetir el proceso hasta obtener el número deseado de muestras.

El método de la ruleta sufre de una dispersión ilimitada, es decir la discrepancia entre el número esperado de copias y el número real obtenido por el método de la ruleta puede ser la máxima posible. El algoritmo óptimo Muestreo Estocástico Universal (SUS) corrige esta situación.

- Muestreo Estocástico Universal SUS es análogo a una ruleta con  $M$  punteros igualmente espaciados entre sí, de modo que con un solo lanzamiento se obtienen  $M$  ganadores. El método SUS no tiene sesgo y su dispersión es la mínima posible.
- Selección por Ranking El algoritmo de selección por ranking es como sigue:
  1. Ordenar la población del mejor individuo ( $x = 1$ ) al peor ( $x = M$ ).

2. Asignar un número de copias esperadas según

$$\alpha(x) = \eta^+ - (\eta^+ - \eta^-) \frac{(x - 1)}{(M - 1)} \quad (3.15)$$

donde

$$\alpha(x) = M, \quad 1 \leq \eta^+ \leq 2, \quad \eta^- = 2 - \eta^+$$

$\eta^+$ : valor máximo esperado.

$\eta^-$ : valor mínimo esperado.

3. Usar muestreo estocástico universal (SUS) para llenar la población.

- Selección tipo torneo Este método de selección no se basa en valores esperados y no requiere por lo tanto de un algoritmo de muestreo. El algoritmo es como sigue :
  1. Escoger tamaño de torneo  $q$  (típicamente  $q = 2$ ).
  2. Crear una permutación aleatoria de  $M$  enteros.
  3. Comparar la adaptación de los próximos  $q$  miembros de la población y seleccionar el mejor.
  4. Si se acaba la permutación, generar una nueva permutación.
  5. Repetir hasta llenar la población.

Selección por torneos de tamaño  $q = 2$  es análogo a la selección por ranking con  $\eta^+ = 2$ , ya que ambos métodos asignan dos copias al mejor, cero copias al peor y una al promedio.

Los distintos métodos de selección pueden ser analizados en términos de su presión selectiva. Ésta se mide como el inverso del tiempo requerido por el mejor individuo para llenar la población con copias de si mismo, cuando no actúa otro operador genético. Los métodos de selección se ordenan en orden creciente de presión selectiva (para valores estándares de sus parámetros) del siguiente modo : selección proporcional, ranking y torneo.

### 3.2.1.3. Cruzamiento.

El operador de recombinación (crossover) es el operador de búsqueda más importante en los algoritmos genéticos. Este es un operador sexuado que intercambia el material genético de un par de padres produciendo descendientes que normalmente difieren de sus padres. La idea central es que segmentos distintos de padres diferentes con alta adaptación deberían combinarse en nuevos individuos que tomen ventaja de esta combinación.

El algoritmo genético explota las regiones con mayor adaptación, ya que generaciones sucesivas de selección y recombinación producen un número creciente de puntos en estas regiones.

El operador de recombinación opera con probabilidad  $p_c$  (esto permite que en algunos casos no haya recombinación y se mantengan los padres). Dados  $p$  y  $q$  un par de padres, de largo  $\ell$  bits, se escoge aleatoriamente un punto  $k \in \{1, \dots, \ell - 1\}$  y se intercambian los bits a la derecha de esa posición entre ambos individuos, obteniéndose los descendientes  $s$  y  $v$ , como se indica a continuación :

$$\begin{aligned} \vec{p} &= (p_1, \dots, p_{k-1}, p_k, \dots, p_\ell) & \vec{s} &= (p_1, \dots, p_{k-1}, q_k, \dots, q_\ell) \\ \vec{q} &= (q_1, \dots, q_{k-1}, q_k, \dots, q_\ell) & \vec{v} &= (q_1, \dots, q_{k-1}, p_k, \dots, p_\ell) \end{aligned}$$

El operador de cruza de un punto, descrito más arriba, sufre de un sesgo posicional ya que un bit cercano al extremo derecho de la tira tiene una alta probabilidad de intercambio, mientras que un bit en el extremo izquierdo tiene una baja probabilidad de intercambio. El operador cruza binomial corrige este sesgo, intercambiando bits entre padres sobre una base bit a bit, con probabilidad  $p \in [0, 1]$  aleatoria, distinta para cada posición.

La mezcla de vectores consiste en combinar dos cadenas binarias  $p$  y  $q$ . Una forma sencilla consiste en utilizar la parte baja de la cadena  $p_1$  y la parte alta de  $q_2$  para conformar un nuevo vector. Por ejemplo:

$$\vec{p} = 1100110101 \Rightarrow \underbrace{11001}_{p_1} \quad \underbrace{10101}_{p_2}$$

$$\vec{q} = 1011100110 \Rightarrow \underbrace{10111}_{q_1} \quad \underbrace{00110}_{q_2}$$

Donde se obtiene los vectores:

$$\vec{u} = 1100100110 \Rightarrow \underbrace{11001}_{p_1} \quad \underbrace{00110}_{q_2}$$

$$\vec{v} = 1011110101 \Rightarrow \underbrace{10111}_{p_2} \quad \underbrace{10101}_{q_1}$$

### 3.2.1.4. Mutación.

En el algoritmo genético simple, el operador de mutación juega un papel secundario, invirtiendo ocasionalmente un bit. Tasas de mutación pequeñas garantizan que un individuo no difiera mucho de sus padres en el genotipo (tira binaria). La mutación sirve para evitar la pérdida de diversidad producto de bits que han convergido a un cierto valor para toda la población, y que por tanto no pueden ser recuperados por el operador de recombinación. El operador de mutación invierte cada bit de la tira binaria sobre una base bit a bit con probabilidad  $p_m$ ,

$$m'_{\{p_m\}} = (q_1, q_2, \dots, q_\ell) = (q_1', q_2', \dots, q_\ell'), \quad \forall i \in \{1, \dots, \ell\} \quad (3.16)$$

donde:

$$q'_i = q_i \quad \text{si } r > p_m$$

$$1 - q_i \quad \text{si } r \leq p_m$$

y  $r \in [0, 1]$  uniformemente aleatorio, distinto para cada bit  $q_i$ .

Consiste en alterar aleatoriamente los valores de una cadena binaria dada. Ejemplo:

$$b_1 = 11010101010100101$$

$$b_1^* = 10010001000101101$$

### 3.2.2. Algoritmo de nichos paralelos.

El algoritmo genético simple converge a una sola solución debido al tamaño finito de la población y a la acumulación de errores estocásticos de muestreo. Los algoritmos de nichos extienden los algoritmos genéticos a dominios que requieren de la localización y mantención

de múltiples soluciones, p.ej. la optimización de funciones con múltiples máximos.

Los algoritmos de nichos paralelos forman y mantienen subpoblaciones dentro del espacio de una población única, mediante la disminución de la competencia entre puntos distantes en el espacio de búsqueda. Para esto se introduce una métrica  $d$  en el espacio genotípico, i.e.,  $d_{ij} = d(s_i, s_j)$ , donde  $s_i$  y  $s_j$  son las tiras binarias (genotipos) y  $d$  es la distancia de Hamming (número de bits diferentes entre tiras). Alternativamente, la distancia se puede medir en el espacio fenotípico, i.e.,  $d_{ij} = d(x_i, x_j)$ , donde  $x_i$  y  $x_j$  son los vectores de parámetros decodificados y  $d$  es la distancia Euclidiana.

### 3.2.2.1. Método de Compartimiento.

Los algoritmos de compartimiento se basan en la idea de que la adaptación debe ser compartida como un recurso único entre individuos similares en una población. Se define una nueva adaptación compartida  $f'$ , dividiendo la función de adaptación original por un factor que toma en cuenta la similitud del individuo con el resto de la población:

$$f'(j) = \frac{f(j)}{sh(d_{ij})} \quad (3.17)$$

$$sh(d) = \begin{cases} 1 - \left(\frac{d}{\sigma_{share}}\right)^\alpha & d \leq \sigma_{share} \\ 0 & \text{otro caso} \end{cases}$$

$\alpha$  y  $\sigma_{share}$  son constantes.

La función de compartimiento entrega un 1 cuando dos individuos son idénticos, 0 cuando su grado de disimilitud supera un cierto umbral y un número entre 0 y 1 para grados intermedios de similitud. El umbral de similitud está especificado por la constante  $\sigma_{share}$ . Si la distancia entre dos individuos es mayor que este umbral entonces ellos no compiten entre sí. La proporción de la población esperada en una clase (p.ej. un máximo local) es función de la adaptación de esa clase dividida por la suma de las adaptaciones de todas las clases. Usualmente se utiliza compartimiento con selección proporcional, pero en principio se podría utilizar cualquier método de selección.

El algoritmo de compartimiento es capaz de mantener múltiples soluciones. Su principal

desventaja es que es costoso computacionalmente, ya que se requiere calcular la distancia entre todos los elementos de la población en cada generación. Además requiere del ajuste de los parámetros de la función de compartimiento.

### 3.2.2.2. Método de Hacinamiento.

Estos algoritmos forman y mantienen nichos mediante el reemplazo de los elementos de la población con individuos similares. En el modelo de hacinamiento determinístico de Mahfoud [26], un individuo compite en un torneo con sus padres. Dado un par de padres y sus descendientes se realizan los torneos que hagan competir a aquellos individuos más cercanos y se selecciona por reemplazo.

Algoritmo de Hacinamiento Determinístico : Repetir  $n/2$  veces.

1. Seleccionar 2 padres,  $p_1$  y  $p_2$ , aleatoriamente sin reemplazo.
2. Recombinarlos o cruzarlos, dando origen a  $c_1$  y  $c_2$ .
3. Opcionalmente mutar dando origen a  $c_1'$  y  $c_2'$ .

## 3.3. Visión por computadora

El procesamiento de imágenes tiene que ver con la adquisición, transmisión, procesamiento y representación de la imágenes. Las técnicas de proceso de imágenes se utilizan para mejorar la apariencia visual de las imágenes para un observador. El proceso digital de imágenes se puede dividir en las siguientes áreas:

- *Adquisición o captura.* Que se ocupa de los diferentes caminos para la obtención de imágenes.
- *Realce y mejora* son las técnicas que se usan para mejorar la apariencia visual de las imágenes para recuperar o restaurar las imágenes degradadas.
- *Segmentación* que se ocupa de la división de las imágenes en regiones o áreas significativas.

- *Extracción de características* que se ocupa de la detección y localización de entidades geométricas simples y complejas. Desde entidades simples como líneas y puntos, hasta geometrías complejas como curvas y esquina.

### 3.3.1. Dilatado morfológico.

Dentro de la mejora de la imagen está definir los bordes de la imagen utilizando elementos de morfología. El objetivo de las transformaciones morfológicas es la extracción de estructuras geométricas en los conjuntos sobre los que se opera, mediante la utilización de otro conjunto de forma conocida denominado elemento estructurante 3.4. El tamaño y la forma de este elemento se escoge, a priori, de acuerdo la morfología del conjunto sobre el que va a interactuar y de acuerdo a la extracción de formas que se desean obtener.

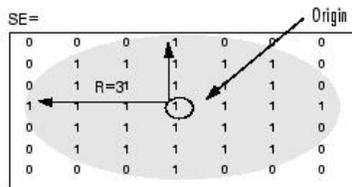


Figura 3.4: Elemento estructurante tipo círculo

La erosión de un conjunto  $X$  por un elemento estructurante  $Y$  se define como el conjunto de puntos o elementos  $x$ , pertenecientes a  $X$ , de forma que cuando el elemento estructurante  $Y$  se traslada a ese punto, el elemento queda incluido en  $X$ : [27]

$$\epsilon_Y(X) = \{x | Y_x \subseteq X\} \quad (3.18)$$

El efecto de una operación de erosión puede observarse en la figura 3.5, en la que un elemento estructurante  $Y$ , en forma de disco circular, hace desaparecer las estructuras de menor tamaño al elemento.

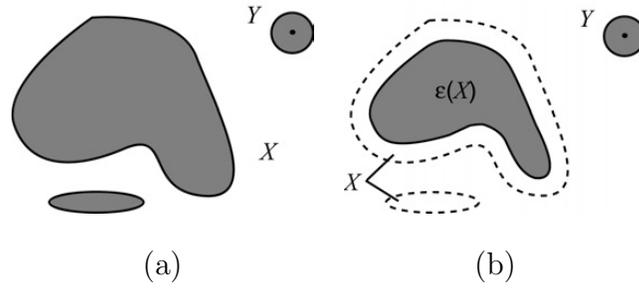


Figura 3.5: Efecto de la erosión

La dilatación 3.6 es el conjunto de puntos origen del elemento estructurante  $Y$  tales que el elemento estructurante contiene algún elemento del conjunto  $X$ , cuando el elemento se desplaza por el espacio que contiene a ambos conjuntos:

$$\delta_Y(X) = \{x | Y_x \cap X \neq \emptyset\} \quad (3.19)$$

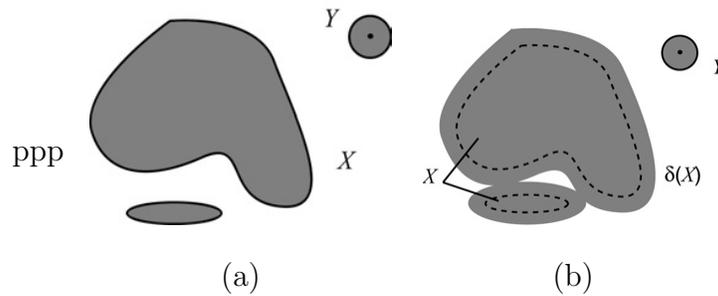


Figura 3.6: Efecto de la dilatación

# Método propuesto para calcular micro-desplazamientos.

---

En este capítulo se presenta una propuesta de método para el cálculo de micro-desplazamiento, el cual se divide en dos partes muy importantes, la primera es la extracción de las mejores características de seguimiento donde se ha usado el método propuesto por harris [10], y la segunda parte la estimación del desplazamiento usando algoritmos genéticos, es en esta parte donde recae el mayor aporte de esta tesis, debido a que los algoritmos genéticos son muy eficaces al calcular funciones no derivables (o de derivación muy compleja) aunque su uso es posible con cualquier función.

## 4.1. Descripción del método propuesto.

El siguiente cuadro muestra la metodología completa desde la adquisición de las imágenes, la selección de las mejores características y el cálculo de desplazamiento junto con la optimización a través de algoritmo genético.

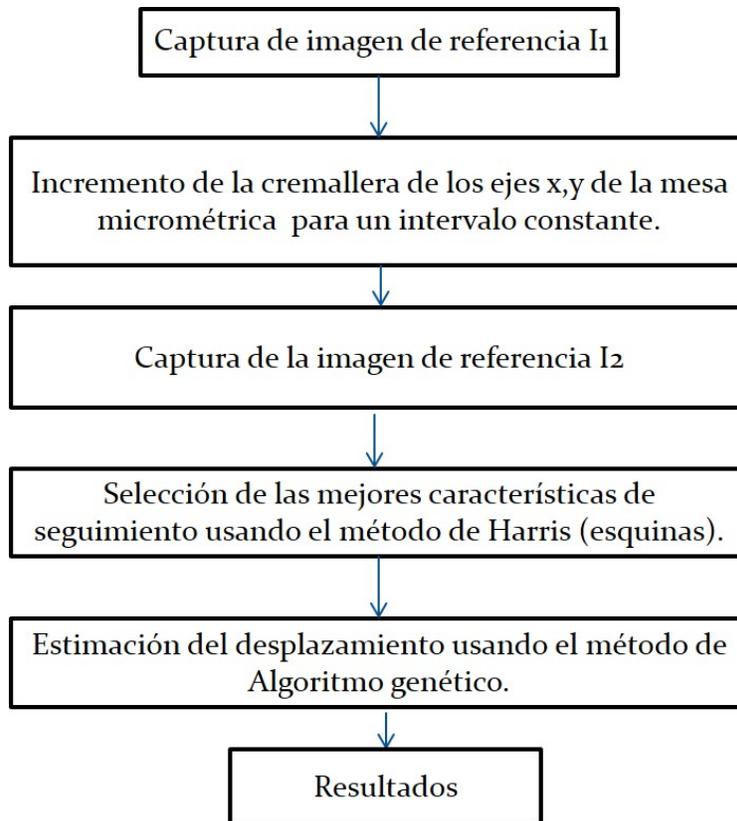


Figura 4.1: Metodología

En la imagen 4.2 se puede observar la instrumentación de la experimentación, el objeto que es un cubo de piedra rugosa, montado en una base con la cual se generan los desplazamientos de manera manual a través de girar los micrómetros de una manera constante y determinada, de tal manera que la esquina izquierda de inicio quede al final del lado derecho sin que salga del campo de visión de la cámara prosilica 650GC. También se tiene un objetivo de microscopio que genera un aumento de 50 aumentos, una cámara con resolución de 640x480 pixeles. Toda esta experimentación se realiza en una mesa con absorción de vibraciones y una luz enfocada de fibra óptica.

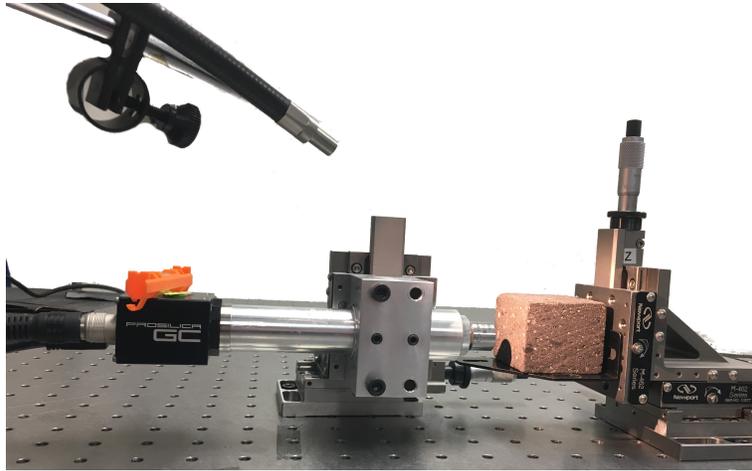


Figura 4.2: Instrumentación.

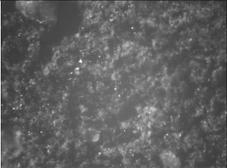
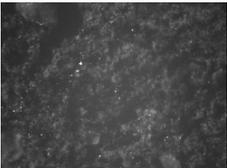
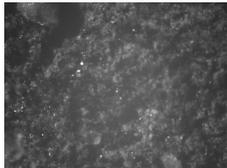
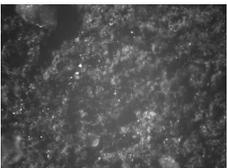
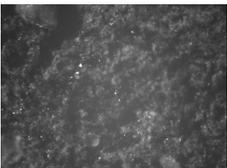
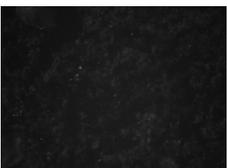
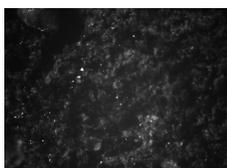
ELEMENTO	MARCA	CARACTERISTICAS
Cámara	Prosillica GC	Monocromática
Lente	New-port	50X
Iluminación	Allied vision	Luz blanca de alta intensidad
Mesa micrométrica	New-Port	3 ejes, 1 precisión de 1 micrómetro
Muestra		cubo de cantera

Cuadro 4.1: Tabla de equipos usados durante la experimentación.

El primer paso fue ajustar los parámetros de la cámara como son brillo, contraste y tiempo de exposición, esto con el fin de obtener imágenes mas nítidas y que mejor resalten los patrones de brillo que se buscan durante el seguimiento del flujo óptico, es importante resaltar que dichas imágenes fueron adquiridas dentro del laboratorio de visión de CIDESI, donde las condiciones de iluminación externa son controladas al ser un cuarto oscuro y todo el equipo para realizar las pruebas fue montado sobre una mesa especial que aísla las vibraciones del medio. Se tomaron diferentes secuencias de fotografías hasta encontrar las que consideré adecuadas para llevar a cabo el desarrollo del método.

Cada secuencia consta de dos fotografías donde la primera la llamamos imagen de referencia o imagen antes del desplazamiento, la segunda es la imagen con desplazamiento.

En la tabla 4.2 mostré algunas de las secuencias de imágenes que adquirí, en donde se observan los efectos del brillo y contraste en cada una de las secuencias.

	IMAGEN DE REFERENCIA	IMAGEN CON DESPLAZAMIENTO		IMAGEN DE REFERENCIA	IMAGEN CON DESPLAZAMIENTO
1			6		
2			7		
3			8		
4			9		
5			10		

Cuadro 4.2: Imágenes adquiridas durante el proceso de experimentación.

De la tabla 4.2 las secuencias 7, 8, 9, 10 son las más estables y son las que usé para la experimentación.

Como se menciona anteriormente el siguiente paso es encontrar las características de Harris. Para la secuencia de imágenes en turno, a la imagen de referencias se le aplican los operadores

derivada para formar la matriz de derivadas 4.1.

$$M = \sum_{x,y} w(x,y) \begin{bmatrix} I_x^2 & I_x I_y \\ I_x I_y & I_y^2 \end{bmatrix} \quad (4.1)$$

---

Derivada de la imagen en  $x$     Derivada de la imagen en  $y$

---

$$\frac{1}{3} \begin{bmatrix} 1 & 0 & -1 \\ 1 & 0 & -1 \\ 1 & 0 & -1 \end{bmatrix} \qquad \frac{1}{3} \begin{bmatrix} -1 & -1 & -1 \\ 0 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 1 \end{bmatrix}$$

Cuadro 4.3: Operadores derivada aplicados a la imagen de referencia.

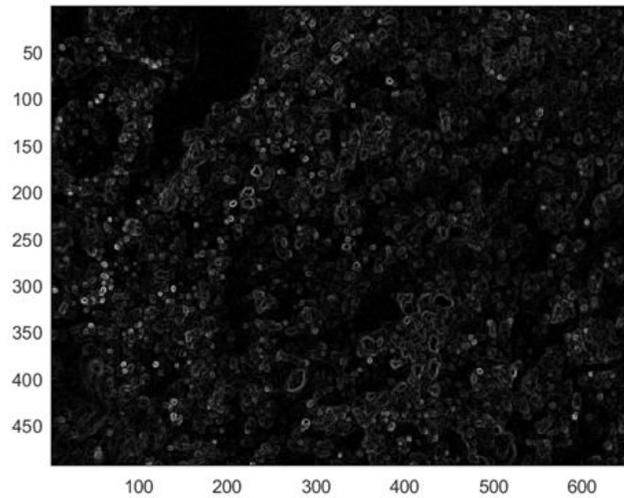


Figura 4.3: Imagen resultante de aplicar los operadores derivada.

El siguiente paso consiste en analizar los valores propios de la matriz de derivadas (4.1)  $\lambda_1$  y  $\lambda_2$ , como se explico en el capítulo tres, dependiendo del resultado que arrojen dichos valores se determinan las esquinas, y en base al umbral  $\lambda$  se definen las mejores esquinas de la imagen.

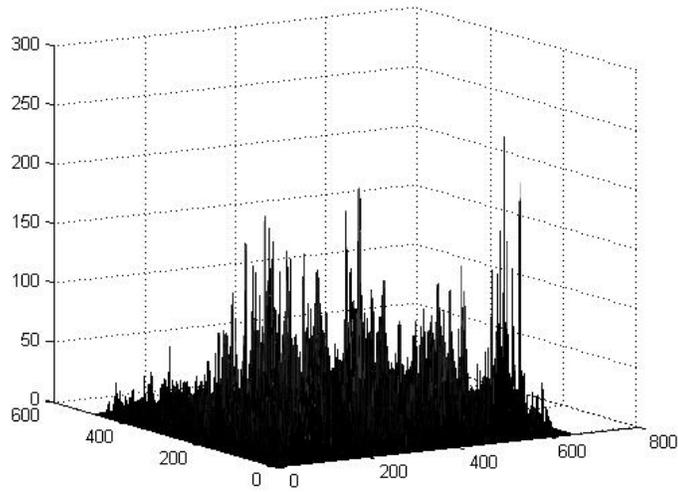


Figura 4.4: Máximos de los eigenvalores.

En la figura 4.4 se muestran los valores del gradiente de intensidad de la imagen, donde los máximos representan las esquinas de la imagen, en la imagen 4.5 se muestra el resumen de la selección de la característica.

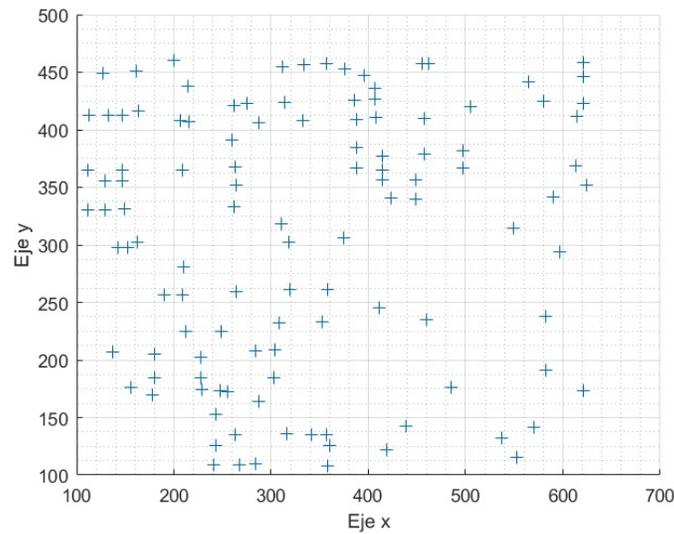


Figura 4.5: Esquinas de Harris.

Cada una de las marcas de la figura 4.5 representan una esquina situada en una coordenada  $x, y$ , los valores de la tabla 4.4 son extraídos de la matriz de esquinas de la imagen de

referencia, posteriormente se aplica un dilatado morfológico a cada una de las regiones donde se ubican las esquina. El elemento estructurante fue de 30 pixeles.

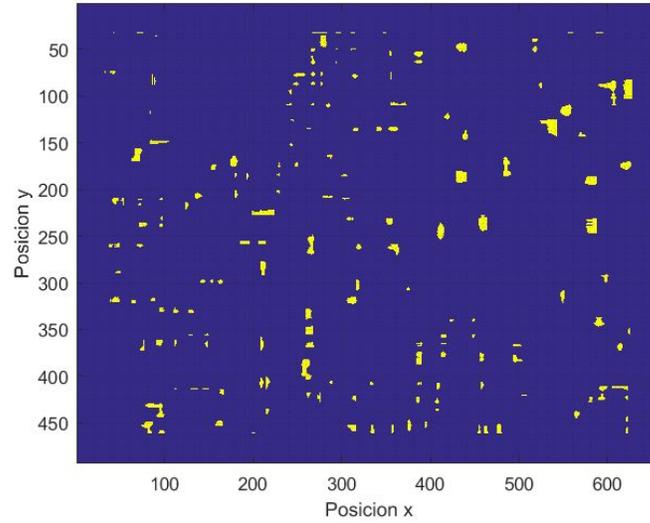


Figura 4.6: Imagen después de realizar el dilatado.

$x$	$y$								
329.91	329.91	355.75	355.75	204.70	204.70	174.54	174.54	368.00	368.00
364.50	364.50	365.27	365.27	256.50	256.50	184.13	184.13	333.55	333.55
413.00	413.00	413.00	413.00	460.67	460.67	202.00	202.00	135.14	135.14
448.99	448.99	298.00	298.00	225.01	225.01	109.07	109.07	351.43	351.43
330.60	330.60	176.06	176.06	408.26	408.26	152.80	152.80	259.54	259.54
356.00	356.00	450.59	450.59	256.50	256.50	125.50	125.50	420.85	420.85
413.00	413.00	302.23	302.23	364.69	364.69	173.60	173.60	108.89	108.89
206.69	206.69	416.13	416.13	281.05	281.05	225.00	225.00	423.00	423.00
298.08	298.08	169.48	169.48	437.76	437.76	172.85	172.85	208.38	208.38
330.89	330.89	184.50	184.50	407.20	407.20	391.54	391.54	109.83	109.83

Cuadro 4.4: Datos de algunos valores de las esquinas generadas de Harris en pixeles

## 4.2. Espacio Métrico

Formalmente, un espacio métrico es un conjunto  $M$  (a cuyos elementos se les denomina puntos) con una función distancia asociada (también llamada una métrica)

$d : M \times M \rightarrow \mathbb{R}$  donde  $\mathbb{R}$  es el conjunto de los números reales.

Decir  $d$  es una distancia sobre  $M$  es decir que para todo  $x, y, z$  en  $M$ , esta función debe satisfacer las siguientes condiciones o propiedades de una distancia:

- $d(x, y) = 0 \Leftrightarrow x = y$   $d(x, y) = 0 \Leftrightarrow x = y$  (identidad de los indiscernibles)
- $d(x, y) = d(y, x)$   $d(x, y) = d(y, x)$  (simetría)
- $d(x, z) \leq d(x, y) + d(y, z)$   $d(x, z) \leq d(x, y) + d(y, z)$  (desigualdad triangular).
- $d(x, y) \geq 0$   $d(x, y) \geq 0$  (positividad)

La cuarta propiedad se deduce de las tres anteriores y por tanto no sería un axioma pero conviene recordarla. [28]

Entonces la función de distancia empleada en este desarrollo es:

$$\epsilon = \int \int_W [J(Ax + d) - I(x)]^2 w(x) dx \quad (4.2)$$

[1]

donde  $I$  es la imagen 1 y  $J$  es la imagen desplazada.

Una vez que  $\epsilon$  tienda a 0, se interpreta que la disimilitud es igual con 0, y que se ha encontrado la característica.

Para cada característica de la imagen encontrada se encuentra una superficie de distancia como se muestra en la siguiente gráfica.

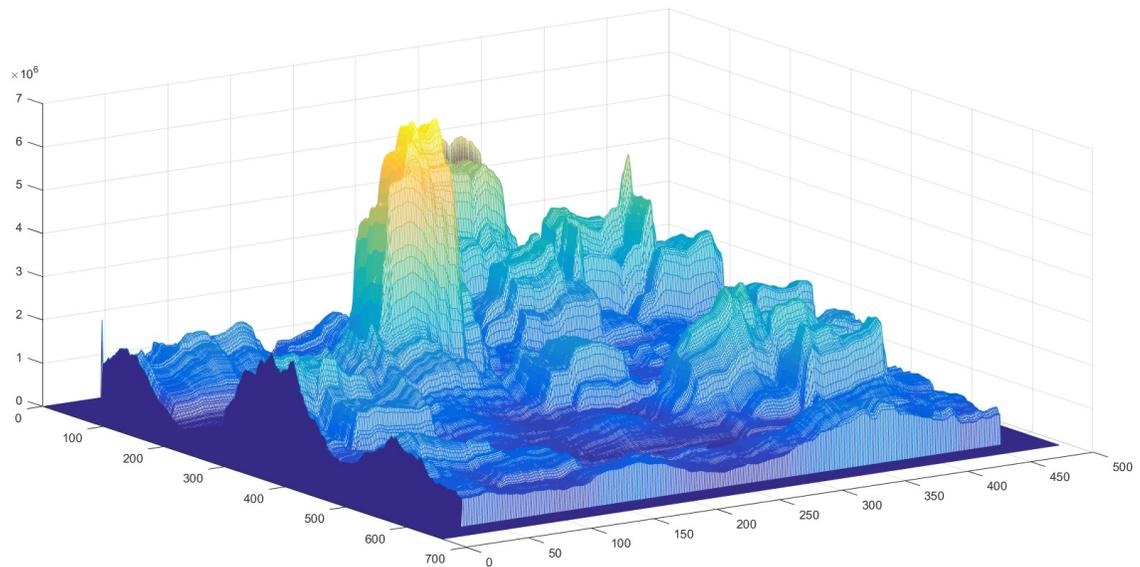


Figura 4.7: Superficie del espacio Métrico

En la superficie del espacio métrico se encuentra la solución del desplazamiento. Con el método anterior,[4] Medición del desplazamiento a través del registro de imágenes con un patrón de moteado; se obtuvo una solución en la que no se garantizaba que la convergencia del método fuera el ínfimo de la superficie.

Entonces en esta nueva propuesta, una vez que se determina la superficie del espacio métrico se determina una ventana alrededor de la coordenadas  $x, y$  definidas por las esquinas encontrada usando el algoritmo de harris (tabla 4.4) como se muestra en la figura 4.8.

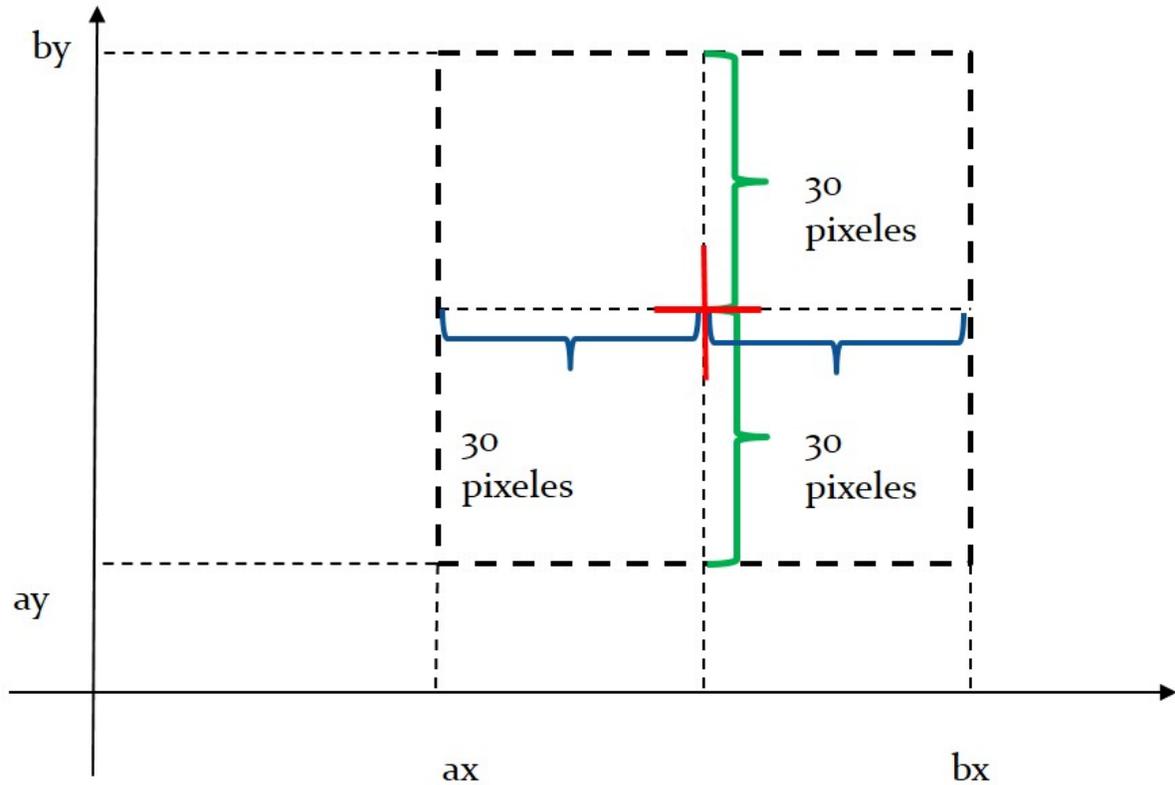


Figura 4.8: Ventana para aplicar la optimización con algoritmo genético

Como se explicó en el capítulo 3, algoritmo genético buscará una solución usando una nube de puntos aleatorios sobre una superficie representada por el espacio métrico, el espacio métrico representa una porción de la imagen al rededor de la esquina en cuestión, es importante resaltar que por cada una de las esquinas se genera un espacio métrico.

#### 4.2.1. Cálculo subpíxelico.

Una de las principales bondades de este método recae en el hecho de que el desplazamiento puede ser calculado a nivel subpíxelico, es decir, la solución de un desplazamiento no siempre cae sobre un píxel entero 4.9, dicha solución puede estar en varios píxeles, entonces un interpolador lineal es usado como función de evaluación en el AG [29] para determinar el desplazamiento subpíxelico.

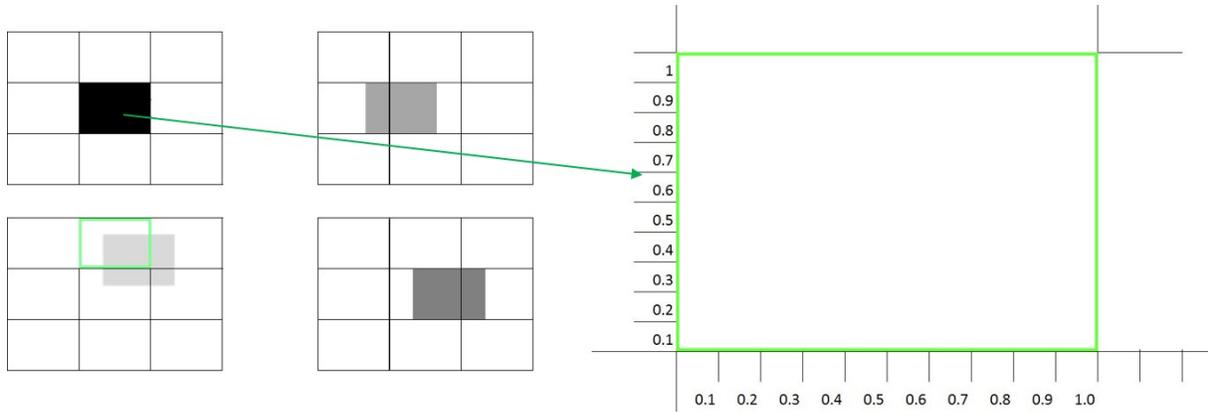


Figura 4.9: Solución encontrada en una transición de grises y precisión empleada en por pixel.

### 4.3. Implementación del código evolutivo (Algoritmo genético).

#### 4.3.1. Inicialización

La generación de una población (cromosomas) al azar, de puntos que representan una posible solución al problema esta dado por el espacio métrico y una ventana donde su centro sea el mínimo con respecto a la esquina de Harris obtenida ver fig 4.8. Se definen los parámetros de los intervalos para determinar la zona de búsqueda, que son  $ax, bx$  y  $ay, by$  ya que la imagen es un plano. La precisión del método es de 0.1 ya que está precisión esta limitada por la experimentación, de la precisión que podemos tener físicamente en los desplazamiento, por ejemplo si tenemos una coordenada (228,7, 174,5) aunque el algoritmo puede trabajar hasta con 6 dígitos después del punto, para la codificación solo se ocupa 0.1.

Experimentación	Parámetros
Tamaño de la población	100 individuos
Tamaño de la cadena binaria usada	13 dígitos
Precisión del algoritmo	0.1
Intervalo de búsqueda [a,b]	60 píxeles en $x$ , 60 píxeles en $y$
Iteraciones	500

Cuadro 4.5: Tabla de parámetros

### 4.3.2. Esquema de codificación.

El proceso de codificación más sencillo es cuando  $S = (0, 1)^n$ , donde para un rango  $[a, b]$  con una precisión  $\epsilon = 0,1$  se necesitan al menos:

$$n = \log_2 \left( \frac{b - a}{\epsilon} \right) \quad (4.3)$$

Si seguimos con el ejemplo de la coordenada  $(228,7, 174,5)$  tenemos para  $x$  un valor de 228,7 entonces sustituyendo y considerando que  $x$  es el valor central y que nuestra ventana es de 30 valores a la derecha y a la izquierda tenemos:

$$n = \log_2 \left( \frac{258,7 - 198,7}{0,1} \right) = 10$$

#### 4.3.2.1. Codificación.

Consiste en codificar en binario cada uno de los valores en el espacio seleccionado. Del valor 228.7 se tiene una cadena.  $num = [0100101100]$

### 4.3.3. Evaluación.

A cada uno de los cromosomas de esta población se le aplicará la función de aptitud para saber que tan viable es la solución que se está codificando.

La función de evaluación es un interpolador lineal para encontrar el desplazamiento subpíxelico.

$$f(x|x_1; x_2) = f(s_1) + \frac{f(x_2) - f(x_1)}{(x_2 - x_1)}(x - x_1) \quad (4.4)$$

### 4.3.4. Selección.

El mecanismo de selección permite orientar la búsqueda a aquellos puntos más favorables de acuerdo al criterio de interés.

#### 4.3.4.1. Método de Selección tipo torneo.

Este método de selección no se basa en valores esperados y no requiere por lo tanto de un algoritmo de muestreo.

- Escoger tamaño de torneo  $q$  (típicamente  $q = 2$ ).
- Crear una permutación aleatoria de  $M$  enteros.
- Comparar la adaptación de los próximos  $q$  miembros de la población y seleccionar el mejor.
- Repetir hasta llenar la población.

### 4.3.5. Cruce de elementos.

La mezcla de vectores consiste en combinar dos cadenas binarias  $b_1$  y  $b_2$ . Una Forma sencilla consiste en utilizar la parte baja de la cadena  $b_1$  y la parte alta de  $b_2$  para conformar un nuevo vector. Por ejemplo:

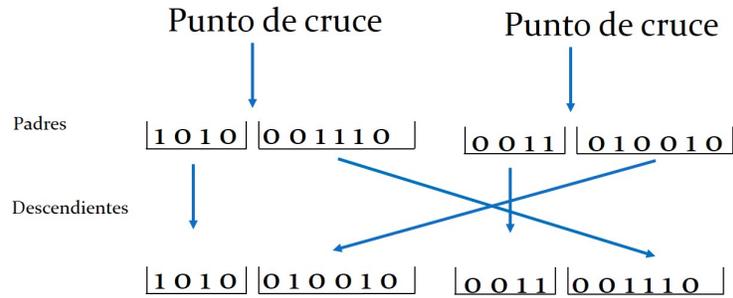


Figura 4.10: Punto de cruce.

### 4.3.6. Mutación.

Consiste en alterar aleatoriamente los valores de una cadena binaria dada, esto con el fin de alcanzar zonas de búsqueda que normalmente no se alcanzarían con solo la función de cruce.

Ejemplo:

$$b_1 = 11010101010100101$$

$$b_1^* = 10010001000101101$$

Figura 4.11: Mutación

### 4.3.7. Condición de término.

El AG se deberá detener cuando se alcance la solución óptima, pero esta generalmente se desconoce, por lo que se deben utilizar otros criterios de detención. Normalmente se usan dos criterios:

- Ejecutar el AG un número máximo de iteraciones (generaciones).
- Cuando no haya cambios en la población.

# Análisis estadístico y resultados

---

## 5.1. Resultados del método propuesto con Harris y Código Evolutivo

### 5.1.1. Secuencias

Las secuencias se realizaron de la siguiente manera. En la figura 5.1, se observa el objeto, se realizaron desplazamientos en el eje x. Con un paso fijo en la mesa micrométrica de  $10\mu m$ , de 0 a  $10\mu m$ , cuatro repeticiones, en un tiempo seguido, con las mismas condiciones.

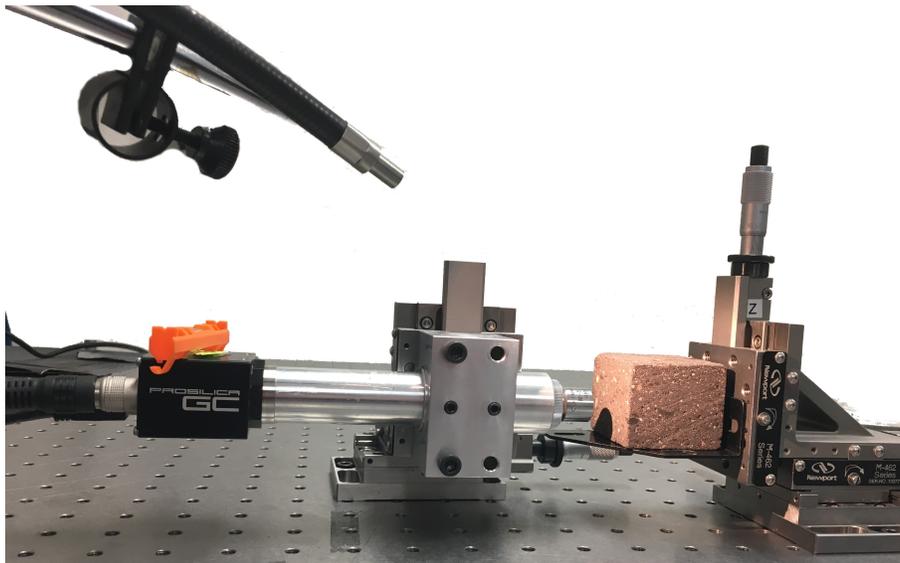


Figura 5.1: Instrumentación de la experimentación

Las imágenes de prueba son las siguientes 5.2.

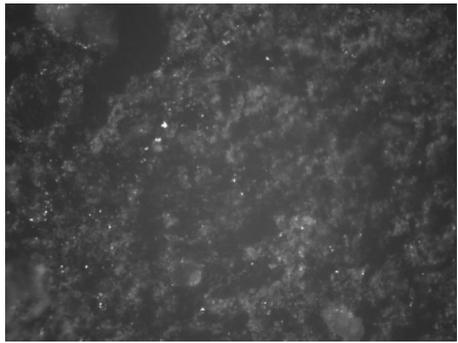
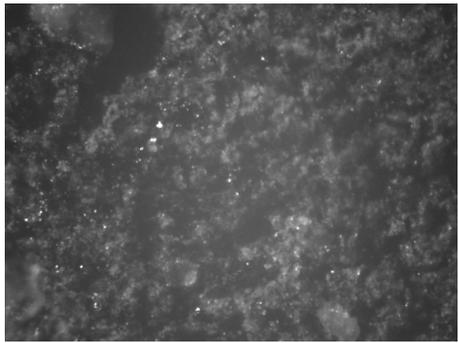
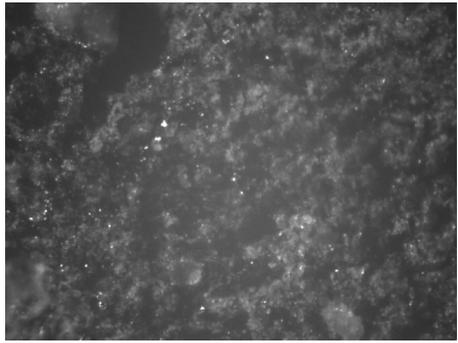
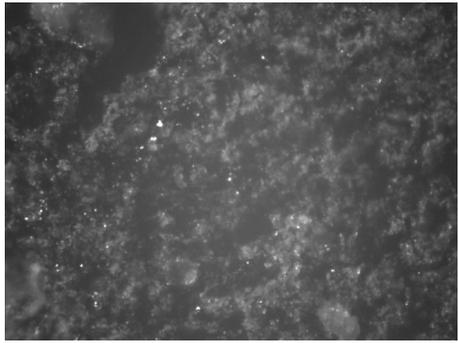
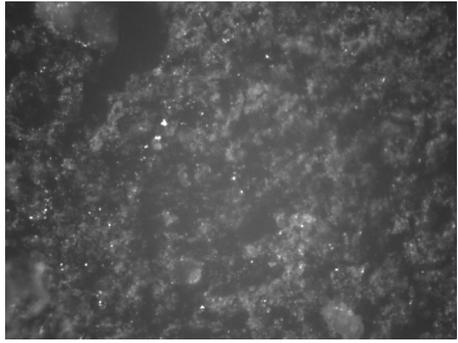
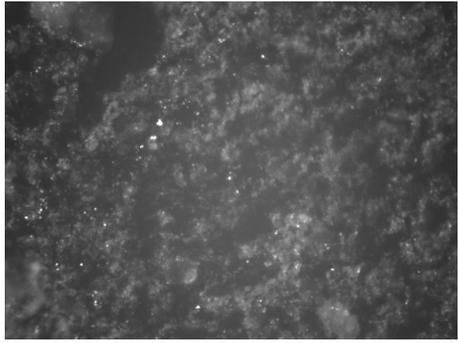
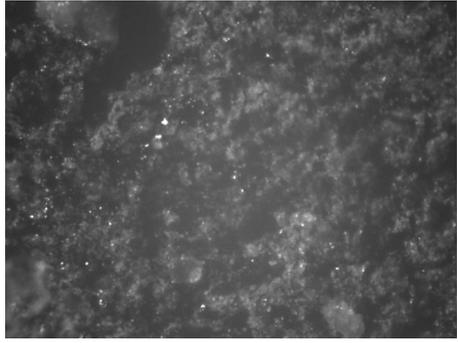
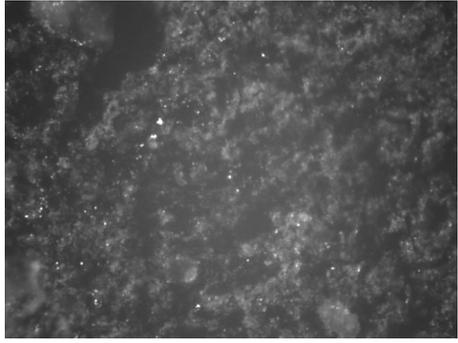
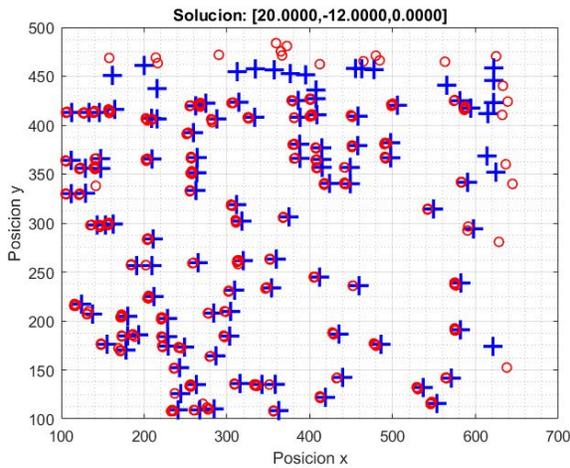
	IMAGEN DE REFERENCIA	IMAGEN DESPLAZADA
7		
8		
9		
10		

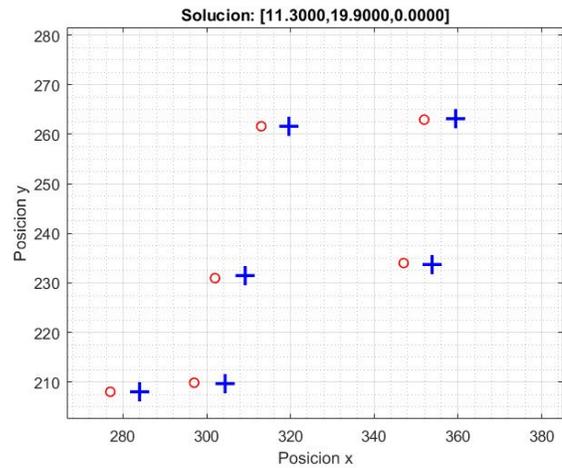
Figura 5.2: Imagenes de la experimentación

### 5.1.2. Resultados de desplazamiento

La probabilidad está asociada con muchas tendencias en eventos aleatorios naturales que siguen una cierta regularidad si el proceso se repite un suficiente número de veces; que es lo que esperamos en este muestreo de los desplazamientos. En cualquier experimento el hecho de que ocurra cierta circunstancia se llama evento, para este caso el evento es el valor del desplazamiento obtenido.



a) Todas las soluciones encontrada



b) Algunas soluciones encontradas.

Figura 5.3: Soluciones obtenidas por AG.

La figura 5.3 muestra las soluciones que el algoritmo genético encontró, las marcas + representan a cada una de las esquinas encontradas por el método de Harris, las marcas o representan las soluciones o desplazamientos de dichas esquinas. Dichas soluciones pueden ser representadas como vectores de desplazamiento 5.4.

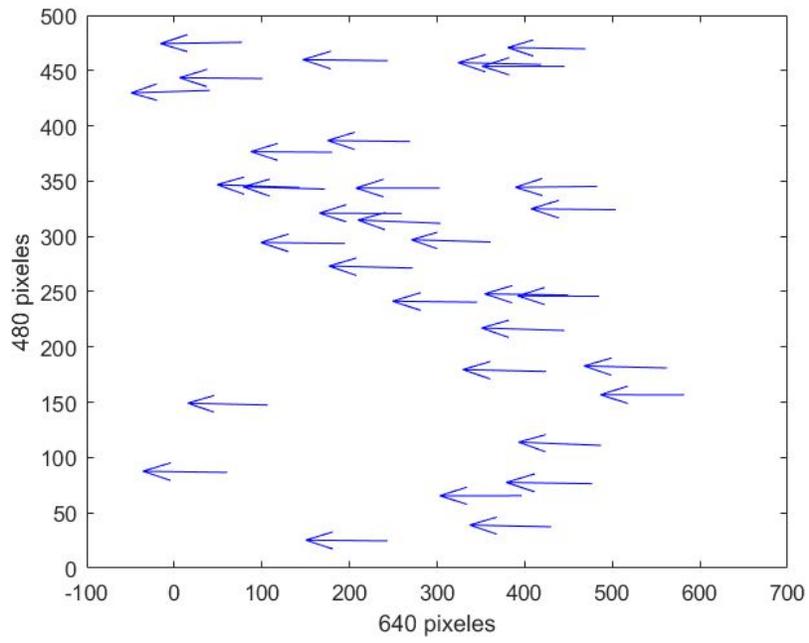


Figura 5.4: Vectores de desplazamiento.

La tabla 5.1 muestra los resultados del desplazamiento en pixeles, obtenidos por las norma de cada uno de los vectores de desplazamiento.

Vector	Desplazamiento en pixeles						
1	6.59	21	6.89	41	6.33	61	6.32
2	6.61	22	7.08	42	6.26	62	6.40
3	6.67	23	7.04	43	6.25	63	6.28
4	6.68	24	6.90	44	6.30	64	6.43
5	6.70	25	6.95	45	6.28	65	6.37
6	6.56	26	7.13	46	6.25	66	6.64
7	6.63	27	6.89	47	6.27	67	6.14
8	6.65	28	7.01	48	6.28	68	6.25
9	6.66	29	7.00	49	6.23	69	6.05
10	6.72	30	7.11	50	6.33	70	6.20
11	6.75	31	7.00	51	6.31	71	6.50
12	6.77	32	6.99	52	6.14	72	6.45
13	6.73	33	7.04	53	6.29	73	6.41
14	6.80	34	6.91	54	6.32	74	6.32
15	6.59	35	7.04	55	6.28	75	6.25
16	6.79	36	7.05	56	6.33	76	6.49
17	6.68	37	6.99	57	6.57	77	6.40
18	6.66	38	6.98	58	6.29	78	6.39
19	6.77	39	7.18	59	6.36	79	6.22
20	6.76	40	6.98	60	6.33	80	6.35

Cuadro 5.1: Desplazamiento obtenido para 80 vectores en una secuencia de imágenes.

### 5.1.3. Análisis Estadístico

#### 5.1.3.1. Prueba de normalidad

La distribución normal o gaussiana es la distribución teórica más importante. Muchas veces funciones continuas siguen una distribución normal o aproximadamente normal. Otras variables continuas y también discretas también pueden, en determinadas circunstancias, ser aproximadas mediante una distribución normal. La normal, además, es una distribución clave en la estadística inferencial ya que algunas de sus propiedades se utilizan para obtener información sobre toda la población a partir de información sobre una muestra.

Se llevó a cabo la prueba de normalidad para cuatro secuencias de imágenes con un intervalo de confianza del 95% de los datos evaluando el p-value que sea igual a 0,05 de prueba la Anderson-Darling 5.5, lo cual nos indica que los datos no son normales.

Cada gráfica de la figura 5.5 muestra la prueba de normalidad ejecutada con el software Minitab ®, C1 a C4 son las secuencias que se llevaron a cabo, en la tabla 5.2 se muestran los p-value correspondientes.

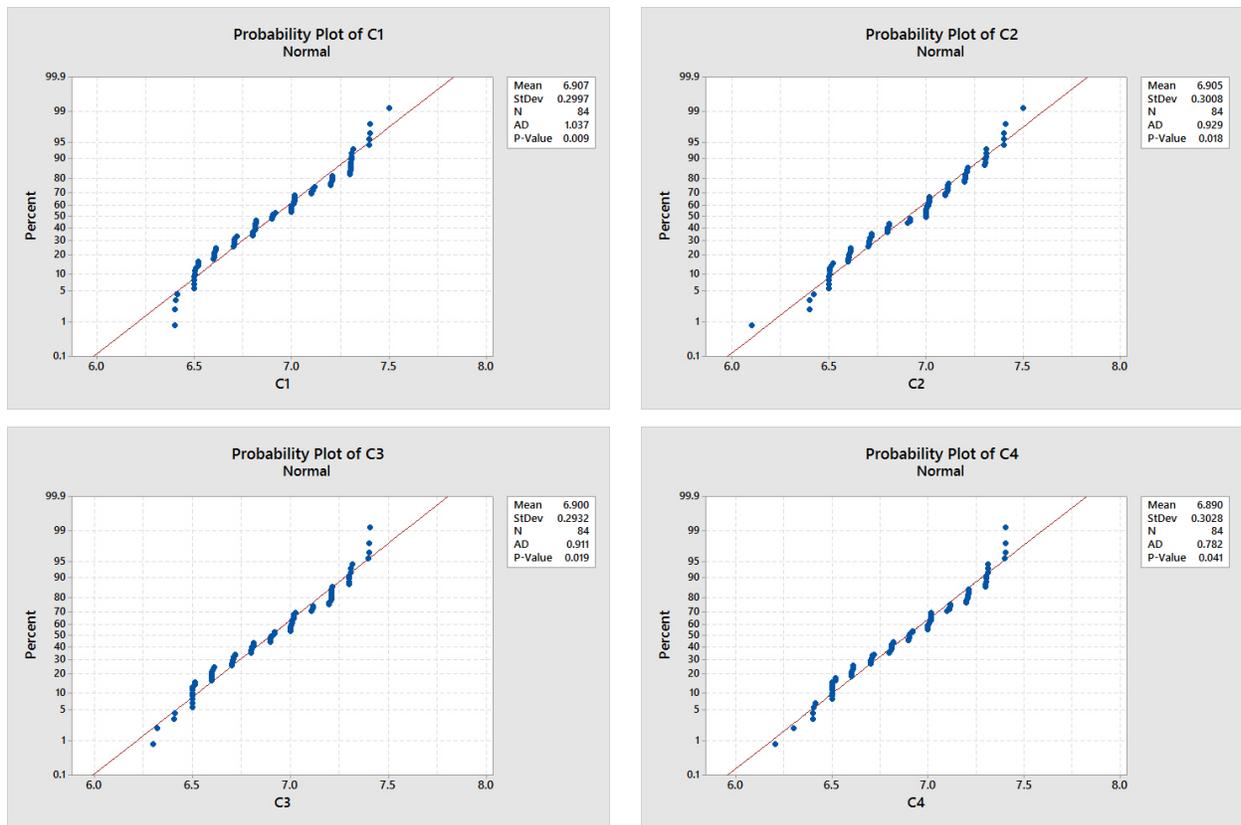


Figura 5.5: Puebas de normalidad para los desplazamiento con genético

Secuencia	P-value
C1	0.009
C2	0.018
C3	0.019
C4	0.041

Cuadro 5.2: Valores de P-value de las 4 secuencias.

### 5.1.3.2. Prueba de Varianzas iguales

La modificación de Brown y Forsythe (1974) de la prueba de Levene (1960), conocida comúnmente como prueba  $W_{50}$ , es quizás uno de los procedimientos más utilizados para probar la homogeneidad (igualdad) de las varianzas. En parte, la prueba  $W_{50}$  es popular

porque es robusta y es asintóticamente independiente de la distribución. La representación gráfica asociada con la prueba de comparaciones múltiples proporciona una útil herramienta visual para cribar muestras con diferentes desviaciones estándar. [30]

La gráfica 5.6 es una gráfica de intervalos en la cual podemos observar que las varianzas si son iguales y que las muestras si se cruzan totalmente o pertenecen a un mismo espacio.

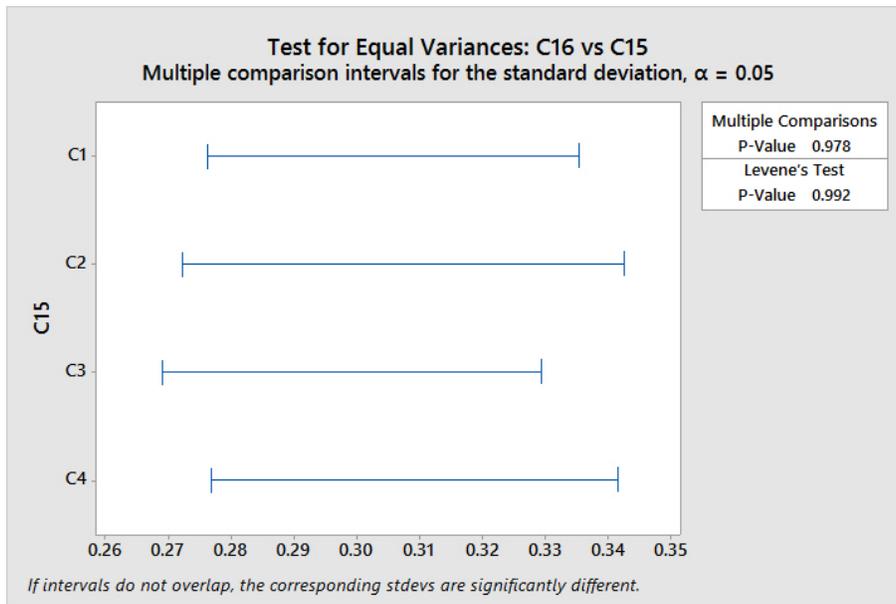


Figura 5.6: Prueba de varianzas iguales.

Para esta prueba de Levene también se evalúa un P-value igual o mayor a 0.05 realizada también con el software Minitab.

### 5.1.3.3. Prueba de medias

En esta gráfica de prueba de medias 5.7, comprobamos que además de tener varianzas iguales, tiene medias iguales.

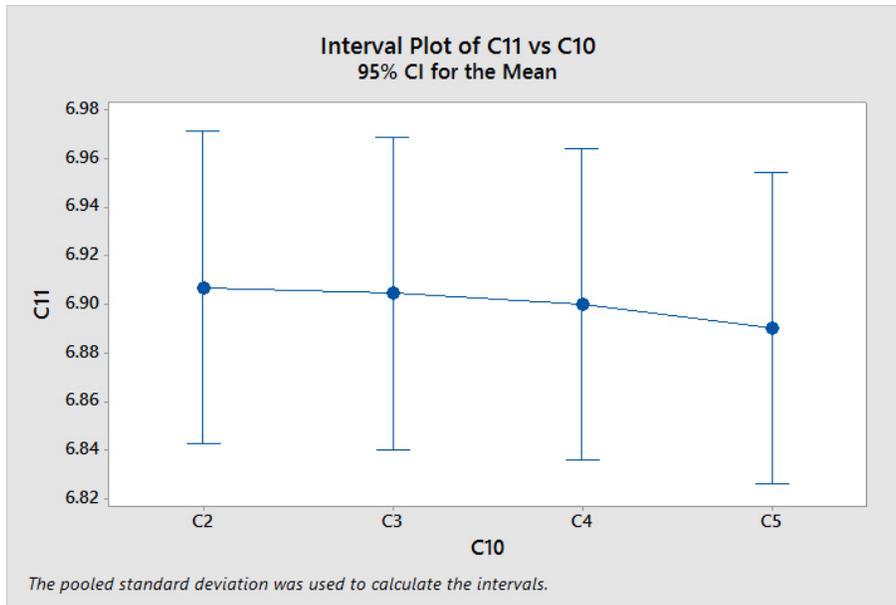


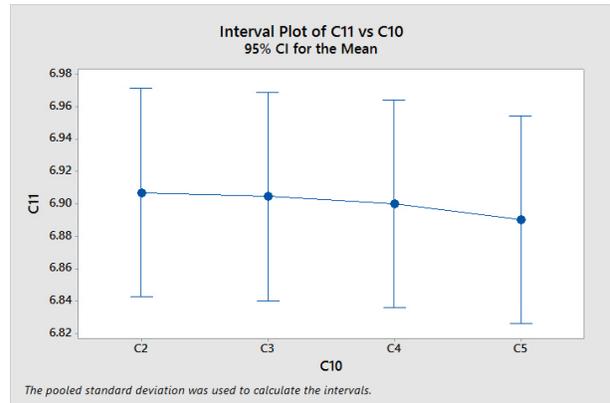
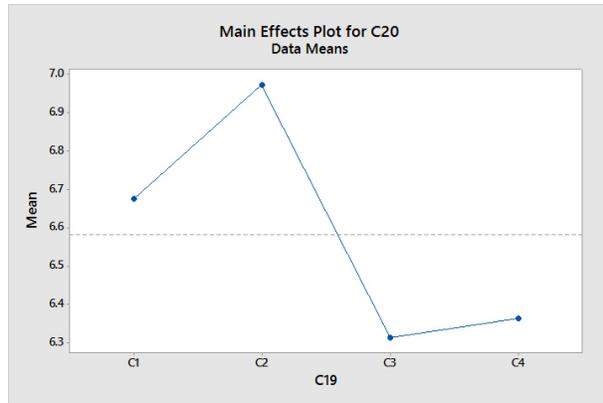
Figura 5.7: Prueba de medias iguales.

En resumen observamos la comparación de medias y de varianzas de los dos métodos para poder concluir 5.8.

## MÉTODO DE SHI-TOMASI

## MÉTODO PROPUESTO

### PRUEBA DE MEDIAS



### PRUEBA DE VARIANZAS

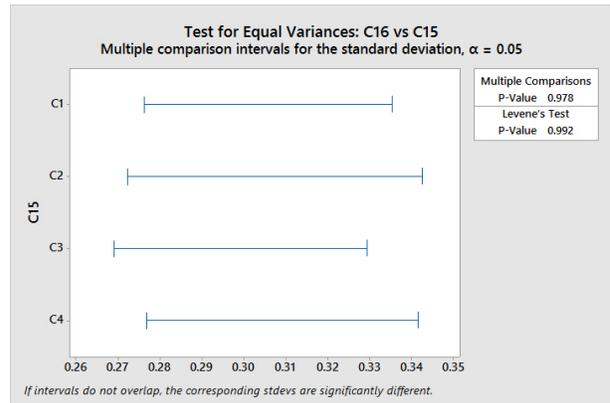
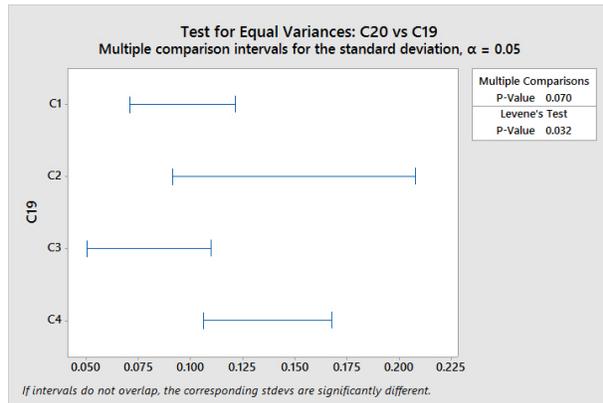


Figura 5.8: Tabla de comparación de pruebas de medias y de varianzas de ambos métodos.

# Conclusiones

---

Finalmente, de tener un primer método que es el descrito en "Good features to track"[1], para calcular el desplazamiento subpíxelico en imágenes tomadas bajo condiciones controladas, y de observar los resultados obtenidos con el método propuesto que es tener una optimización en el cálculo del desplazamiento a través de códigos evolutivos (algoritmo genético), puedo concluir que realmente si se obtuvo un beneficio al aplicarlo, ya que el valor de las medias del desplazamiento subpíxelico observadas en las muestras es más repetible.

---

# Bibliografía

---

- [1] J. Shi *et al.*, “Good features to track,” in *Computer Vision and Pattern Recognition, 1994. Proceedings CVPR’94., 1994 IEEE Computer Society Conference on*, pp. 593–600, IEEE, 1994.
- [2] J. J. A. Ferrera, “Compensación de movimiento de cuerpo rígido en interferometría de moteado mediante técnicas fotográficas,” 2013.
- [3] T. Siebert, T. Becker, K. Spiltthof, I. Neumann, and R. Krupka, “High-speed digital image correlation: error estimations and applications,” *Optical Engineering*, vol. 46, no. 5, pp. 051004–051004, 2007.
- [4] B. V. Reynosa Jaqueline. Jiménez Hugo, “Medición del desplazamiento a través del registro de imágenes con un patrón de moteado,” UAQ.
- [5] P. Corke, *Robotics, vision and control: fundamental algorithms in MATLAB*, vol. 73. Springer, 2011.
- [6] B. Pan, K. Qian, H. Xie, and A. Asundi, “Two-dimensional digital image correlation for in-plane displacement and strain measurement: a review,” *Measurement science and technology*, vol. 20, no. 6, p. 062001, 2009.
- [7] P. E. Valencia, “Optimización mediante algoritmos genéticos,” in *Anales del Instituto de Ingenieros de Chile*, vol. 109, pp. 83–92, 1997.
- [8] A. A. Goshtasby, “Similarity and dissimilarity measures,” in *Image registration*, pp. 7–66, Springer, 2012.

- [9] A. Bellet, A. Habrard, and M. Sebban, “A survey on metric learning for feature vectors and structured data,” *arXiv preprint arXiv:1306.6709*, 2013.
- [10] K. G. Derpanis, “The harris corner detector,” *York University*, 2004.
- [11] J. J. Gibson, “The perception of the visual world.,” 1950.
- [12] B. D. Lucas, T. Kanade, *et al.*, “An iterative image registration technique with an application to stereo vision,” 1981.
- [13] E. Meinhardt-Llopis, J. S. Pérez, and D. Kondermann, “Horn-schunck optical flow with a multi-scale strategy,” *Image processing on line*, vol. 2013, pp. 151–172, 2013.
- [14] M. J. Black and P. Anandan, “A framework for the robust estimation of optical flow,” in *Computer Vision, 1993. Proceedings., Fourth International Conference on*, pp. 231–236, IEEE, 1993.
- [15] S. Uras, F. Girosi, A. Verri, and V. Torre, “A computational approach to motion perception,” *Biological Cybernetics*, vol. 60, no. 2, pp. 79–87, 1988.
- [16] H. Knutsson, L. Haglund, and H. Barman, “A tensor based approach to structure analysis and enhancement in 2d, 3d and 4d,” in *Multidimensional Signal Processing, 1991., Proceedings of the Seventh Workshop on*, pp. 9–10, IEEE, 1991.
- [17] J. L. Barron, D. J. Fleet, and S. S. Beauchemin, “Performance of optical flow techniques,” *International journal of computer vision*, vol. 12, no. 1, pp. 43–77, 1994.
- [18] S. Ghosal and P. Vanek, “A fast scalable algorithm for discontinuous optical flow estimation,” *IEEE Transactions on pattern analysis and machine intelligence*, vol. 18, no. 2, pp. 181–194, 1996.
- [19] V. Stanisavljevic, Z. Kalafatic, and S. Ribaric, “Optical flow estimation over extended image sequence,” in *Electrotechnical Conference, 2000. MELECON 2000. 10th Mediterranean*, vol. 2, pp. 546–549, IEEE, 2000.

- [20] H. Yan and T. Tjahjadi, “Optical flow estimation and segmentation through surface fitting and robust statistics,” in *Systems, Man and Cybernetics, 2003. IEEE International Conference on*, vol. 2, pp. 1390–1395, IEEE, 2003.
- [21] E. C. Hildreth, “The computation of the velocity field,” *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences*, vol. 221, no. 1223, pp. 189–220, 1984.
- [22] A. Ben-Israel, “A newton-raphson method for the solution of systems of equations,” *Journal of Mathematical analysis and applications*, vol. 15, no. 2, pp. 243–252, 1966.
- [23] C. Tomasi and T. Kanade, “Shape and motion from image streams under orthography: a factorization method,” *International Journal of Computer Vision*, vol. 9, no. 2, pp. 137–154, 1992.
- [24] J. L. Holland, *Making vocational choices: A theory of careers*. Prentice Hall, 1973.
- [25] D. E. Goldberg, *Genetic algorithms*. Pearson Education India, 2006.
- [26] S. W. Mahfoud, “Niching methods for genetic algorithms,” *Urbana*, vol. 51, no. 95001, pp. 62–94, 1995.
- [27] P. Soille, *Morphological image analysis: principles and applications*. Springer Science & Business Media, 2013.
- [28] A. Melbourne, G. Ridgway, and D. Hawkes, “Image similarity metrics in image registration,” in *SPIE Medical Imaging*, pp. 762335–762335, International Society for Optics and Photonics, 2010.
- [29] S. Allen, “Análisis numérico,” *México. Prentinece Hall Hispanoamericana*, 1998.
- [30] S. J. Banga and G. D. Fox, “Multiple comparisons method,” 2013.