

IPL

escola superior de tecnologia e gestão
instituto politécnico de leiria

Politécnico de Leiria

Escola Superior de Tecnologia e Gestão

Departamento de Engenharia Eletrotécnica

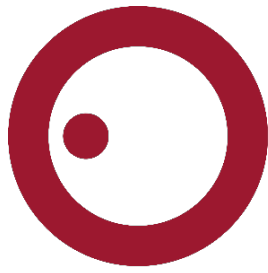
Mestrado em Eng.^a Eletrotécnica – Eletrónica e Telecomunicações

METODOLOGIA DE ANÁLISE DA ATIVIDADE MICROBIANA POR LASER SPECKLE

MARCO ANDRÉ DE ARAÚJO GAMEIRO

Leiria, março de 2024

Esta página foi intencionalmente deixada em branco.



IPL

escola superior de tecnologia e gestão
instituto politécnico de leiria

Politécnico de Leiria

Escola Superior de Tecnologia e Gestão

Departamento de Engenharia Eletrotécnica

Mestrado em Eng.^a Eletrotécnica – Eletrónica e Telecomunicações

METODOLOGIA DE ANÁLISE DA ATIVIDADE MICROBIANA POR LASER SPECKLE

MARCO ANDRÉ DE ARAÚJO GAMEIRO

Número: 2213276

Dissertação realizada sob orientação do Professor Doutor Nuno Manuel Lucas Vieira Lopes e do Professor Doutor Rui Fonseca-Pinto.

Este trabalho foi apoiado por fundos nacionais através da FCT no âmbito do projeto PDTC/EMD-EMD/6588/2020 (DOI 10.54499/PTDC/EMD-EMD/6588/2020)

Leiria, março de 2024

Esta página foi intencionalmente deixada em branco.

AGRADECIMENTOS

O desenvolvimento de uma dissertação de Mestrado é um processo com altos e baixos, caracterizado por situações imprevistas, contratempos, mas acima de tudo, muita disciplina e dedicação em prol de um objetivo. Todo este processo não teria sido possível sem o apoio de todos que, direta ou indiretamente, estiveram presentes no meu dia-a-dia, tornando a superação deste desafio uma realidade.

Assim, gostaria de agradecer ao meu orientador, Professor Doutor Rui Fonseca-Pinto, pela orientação prestada ao longo do projeto, pela transmissão e clarificação de conceitos relativamente ao fenómeno de *laser speckle*, bem como às diferentes possíveis abordagens de processamento implementado. Apresento também o meu agradecimento pelo esclarecimento de dúvidas ao longo do projeto.

Gostaria também de agradecer ao meu orientador, Professor Doutor Nuno Manuel Lucas Vieira Lopes, pela orientação prestada ao longo do projeto, pela transmissão e clarificação de conceitos de um modo geral. Apresento também o meu agradecimento pelo esclarecimento de dúvidas, e pela apresentação de sugestões e propostas de melhoria ao longo do projeto.

Gostaria ainda de expressar a minha gratidão à minha família, por todo o apoio prestado ao longo do meu percurso académico, bem como pelo encorajamento na redação da presente dissertação.

Gostaria ainda de agradecer a todos os elementos constituintes da equipa do projeto no qual estive integrado, bem como aos meus colegas e amigos pela troca de impressões, que contribuíram para a concretização deste processo.

Esta página foi intencionalmente deixada em branco.

RESUMO

A resistência aos antimicrobianos constitui uma das principais ameaças globais à saúde pública, sendo uma das principais causas da acrescida afluência aos hospitais. Uma forma de diminuir o padrão de resistência é a prescrição de antimicrobianos dirigidos para cada microorganismo, sendo necessário determinar as resistências num menor intervalo de tempo.

Nesse sentido, foi desenvolvido um sistema que permite a realização de antibiogramas, e de modo a monitorizar a atividade bacteriana, utiliza-se um descritor denominado contraste.

A experiência de aquisição foi realizada num ambiente controlado relativamente às condições de luminosidade existentes, cuja consistência se conclui através da avaliação de qualidade da imagem, analisando-se o contraste de cores na imagem.

Com base nos resultados obtidos, é possível observar o aumento da atividade bacteriana, devido à diminuição do contraste, ao longo do tempo.

Assim, os resultados foram conseguidos, sendo utilizado o *setup* desenvolvido.

Palavras-chave: *laser speckle*, antibiograma, aquisição de imagem, extração de características

ABSTRACT

Antimicrobial resistance constitutes one of the main global threats to public health, being one of the main causes of the increased number of people in hospitals. One way to reduce the resistance pattern is the prescription of antimicrobials to each microorganism, making it necessary to determine the resistances in a shorter period of time, using antibiograms.

This way, a system was developed that allows antibiograms to be carried out, and in order to monitor bacterial activity, a descriptor called contrast is used.

The acquisition experiment was carried out in a controlled environment in relation to the existing lighting conditions, the consistency of which is concluded through the assessment of image quality.

Based on the results, it is possible to check an increase in bacterial activity, due to the decrease in contrast, over time.

Thus, the main goals were achieved successfully, and the developed *setup* was used.

Keywords: *laser speckle*, antibiogram, image acquisition, feature extraction

Esta página foi intencionalmente deixada em branco.

ÍNDICE

Agradecimentos	i
Resumo	i
Abstract	i
Lista de Figuras	iv
Lista de Tabelas	vi
Lista de Abreviaturas	vii
1 Introdução	1
1.1 Enquadramento	1
1.2 Motivação e Objetivos	2
1.3 Estrutura da Dissertação	3
2 <i>Laser speckle</i>: aplicações no âmbito das ciências biomédicas	5
3 Metodologia	11
3.1 Técnica de <i>laser speckle</i>	11
3.2 Materiais e métodos	12
	iii

3.2.1	Aquisição	12
3.2.2	Processamento	20
3.2.3	<i>Softwares</i> de processamento desenvolvidos	24
3.3	Trabalho adicional realizado	28
3.3.1	Estudo da evolução da qualidade de imagem ao longo das aquisições .	28
3.3.1.1	Métodos utilizados	28
4	Resultados e validação experimental	37
5	Conclusão	43
5.1	Conclusão	43
5.2	Trabalho Futuro	44
	Bibliografia	51
	Anexos	53
A	Manual de instalação das ferramentas necessárias	55
B	Manual da GUI desenvolvida	81
C	Manual da sub-GUI de visualização de dados desenvolvida	149

LISTA DE FIGURAS

2.1	Sistema ótico proposto para reconstrução 3D de captura única; LD: Díodo Laser; L: Lente; D: Difusor; C1, C2: câmaras CCD; CL1, CL2: lentes C-mount.”(adaptado de [42]).	7
2.2	Fluxograma do processo de reconstrução 3D (adaptado de [42]).	7
2.3	Disposição do material necessário para aquisição de imagens <i>speckle</i> . (adaptado de [47]).	8
2.4	Índice temporal de microcirculação durante o teste de oclusão-hiperemia (adaptado de [48]).	9
2.5	<i>Laser speckle</i> na caracterização da superfície cutânea de lesões (adaptado de [49]).	9
2.6	Configuração ótica do dispositivo de captura de <i>laser speckle</i> (adaptado de [50]).	10
2.7	Fluxograma do sistema de identificação proposto (adaptado de [50]).	10
3.1	<i>Setup</i> de aquisição. A – Fonte de <i>laser</i> , B – Lente; C- Amostra; D- Computador; E – Sistema de vídeo” (adaptado de [24]).	12
3.2	Esquema-base do <i>setup</i> de aquisição.	13
3.3	Imagem da estufa onde foram realizadas as experiências de aquisição.	13
3.4	Imagem externa do sistema desenvolvido (<i>setup</i>).	14
3.5	Imagem do <i>setup</i> utilizado: a) Vista inferior ; b) Vista lateral.	14
3.6	Janela principal do <i>software pylon Viewer</i> da Basler.	16

3.7	Estrutura associada ao nome do ficheiro PFS gerado, sem se ter editado as propriedades avançadas.	16
3.8	Estrutura associada ao nome do ficheiro PFS gerado, depois de se editar as propriedades avançadas.	16
3.9	Deteção de estruturas circulares na imagem.	17
3.10	Processo de aquisição.	18
3.11	Modelo da câmara Pinhole.	20
3.12	Procedimento para obtenção das ROI.	20
3.13	Procedimento antes da aplicação das <i>features</i>	22
3.14	Procedimento geral após a aplicação das <i>features</i>	22
3.15	Parte da matriz obtida através do algoritmo PCA.	24
3.16	Procedimento antes da aplicação das <i>features</i> , relativamente ao estudo da evolução da qualidade de imagem.	29
3.17	Cálculo do coeficiente UQI a partir de duas imagens (a "original" e a "defeituosa")	30
3.18	Algoritmo de redução de <i>features</i>	36
4.1	Resultados do PCA obtidos, para 16 testes, relativamente aos resultados de <i>clustering</i>	38
4.2	Resultado da comparação entre vídeos: a) entre o vídeo 1 e o vídeo 2; b) entre o vídeo 1 e o vídeo 16.	39
4.3	Resultados do PCA obtidos, para 16 testes, relativamente à evolução da qualidade de imagem.	40
4.4	Resultado da comparação entre vídeos, relativo à avaliação de qualidade da imagem: a) entre o vídeo 1 e o vídeo 2; b) entre o vídeo 1 e o vídeo 16.	41
4.5	Resultados obtidos para os vídeos 1, 5, 10 e 16, considerando um conjunto de imagens de tamanho dinâmico desde a inicial e a subsequente até à inicial e a final.	41

LISTA DE TABELAS

3.1	Descrição das Métricas.	23
3.2	Resumo de técnicas de visualização e interpretação dos dados de <i>clustering</i> . .	27

LISTA DE ABREVIATURAS

ABOD	Angle-based Outlier Detection
ANOVA	Analysis of Variance
ASM	Angular Second Moment
AVI	Audio Video Interleave
BSL	BioSpeckle Laser
CBLOF	Clustering-Based Local Outlier Factor
CCD	Charge-Coupled Device
CCTV	Closed-Circuit Television
CDC	Centre for Disease Control
CI	Circuito Integrado
CMOS	Complementary Metal-Oxide-Semiconductor
CNN	Convolutional Neural Network
COF	Connectivity-based Outlier Factor
CSV	Comma-Separated Values
DBSCAN	Density-Based Spatial Clustering of Applications with Noise
DGS	Direção-Geral da Saúde
DIVX	Digital Video Express
EM	Expectation-Maximization
ERGAS	Error Relative Global Dimensionless Synthesis
ESAM	Extended Spectral Angle Mapper
EUCAST	<i>European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing</i>
FFMPEG	Fast Forward Moving Picture Experts Group
FPS	Frames Per Second
FullHD	Full High Definition
GevSCPSPacketSize	Packet Size
GevSCPD	Inter-Packet Delay
GevSCFTD	Frame Transmission Delay
GevSCBWR	Bandwidth Reserve
GevSCBWRA	Bandwidth Reserve Accumulation

GigE	Gigabit Ethernet
GLCM	Gray-Level Co-occurrence Matrix
GUI	Guide User Interface
HBOS	Histogram-based Outlier Detection
HDR	High Dynamic Range
HDTV	High-Definition Television
HMM	Hidden Markov Models
KLT	Kanade-Lucas-Tomasi
kNN	k Nearest Neighbours
LCI	Local Correlation Integral
LC-MS	<i>Liquid Chromatography - Mass Spectrometry</i>
LDR	Log-Det Ratio
LED	Light Emitting Diode
LLE	Locally Linear Embedding
LTR	Log Trace Ratio
MALDI-TOF	<i>Matrix-Assisted Laser-Desorption/Ionization Time Of Flight</i>
MCD	Minimum Covariance Determinant
MDR	“Multidrug” antimicrobial Resistance
MDS	Multidimensional Scaling
MIC	Minimum Inhibitory Concentration
MP4	MPEG-4
MRSA	<i>Methicillin-Resistant Staphylococcus Aureus</i>
MSE	Mean Square Error
MSSSIM	Multi-Scale Structural Similarity
MTS	MPEG Transport Stream
MTU	Maximum Transmission Unit
ODS	Objetivos de Desenvolvimento Sustentável
OMS	Organização Mundial de Saúde
PBCC	Point-Biserial Correlation Coefficient
PBM	Partition-Based Metric
PCA	Principal Component Analysis
PCR-ESI-MS	<i>Polymerase Chain Reaction - Electrospray Ionization - Mass Spectrometry</i>
PFS	Parameters File System
PoE	Power over Ethernet

PSD	Power Spectral Density
PSNR	Peak Signal-to-Noise Ratio
PVC	Polyvinyl Chloride
RAM	resistência aos microbianos
RASE	Relative Average Spectral Error
RGB	Red, Green, Blue
RIS	<i>Resistent-Intermediate-Susceptible</i>
RMSE	Root Mean Square Error
SAM	Spectral Angle Mapper
SCA	Spectral Correlation Angle
SCC	Spatial Correlation Coefficient
SCM	Spectral Correlation Mapper
SDbw	Standard Deviation-based Validity Index
SIFT	Scale-Invariant Feature Transform
SIM	Spectral Identification Method
SGD	Stochastic Gradient Descent
SMC	Simple Matching Coefficient
SNR	Signal-to-Noise Ratio
SOM	Self-Organizing Maps
SOS	Stochastic Outlier Selection
SSIM	Structural Similarity Index
SVM	Support-Vector Machines
TIFF	Tagged Image File Format
TSA	Testes de Suscetibilidade Antimicrobiana
t-SNE	t-Distributed Stochastic Neighbor Embedding
TTR	Time-To-Response
UCI	Unidades de Cuidados Intensivos
UMAP	Uniform Manifold Approximation and Projection
UQI	Universal Quality Indicator
USB	Universal Serial Bus
UTC	Universal Coordinated Time
VAE	Variational Autoencoder
VIFP	Visual Information Fidelity
VISA	<i>Vancomycin-Intermediate Staphylococcus aureus</i>
VRSA	<i>Vancomycin-Resistant Staphylococcus aureus</i>
WMD	Word Mover's Distance
WME	Word Mover's Embeddings

Esta página foi intencionalmente deixada em branco.

1 INTRODUÇÃO

1.1 Enquadramento

A resistência aos antimicrobianos constitui uma séria ameaça à saúde pública e foi priorizada pela Organização Mundial de Saúde (OMS) como uma das 10 principais ameaças globais à saúde que a humanidade enfrenta [1].

Os Hospitais em geral, e as Unidades de Cuidados Intensivos (UCI) são o epicentro de infecções, tendo estas uma das mais elevadas taxas de ocorrência de infecções nosocomiais¹ [2–4], na ordem dos 20-30% do total de admissões nas UCI, provocando uma elevada mortalidade e elevados custos hospitalares. Este tipo de infecções acarreta um outro problema, decorrente da adaptação das bactérias a determinados antibióticos devido ao excesso do uso de agentes antimicrobianos de amplo espectro (mais do que 60% de todos os pacientes das UCI recebem antibióticos durante esse período [5]), designada “Multidrug” antimicrobial Resistance (MDR). No entanto, a epidemiologia do MDR é bem mais complexa. A lista de agentes patogénicos resistentes é extensa, entre os quais se encontram o *Methicillin-Resistant Staphylococcus Aureus* (MRSA) [6] e o *Pseudomonas/Acinetobacter* [7]. O Centre for Disease Control (CDC) definiu um conjunto de estratégias para abordar o problema das resistências, de onde se destacam as seguintes: 1) prevenir infecções; 2) diagnosticar e tratar infecções; 3) utilização prudente e racional de antimicrobianos; e 4) prevenir a transmissão [8, 9].

Uma forma de se reduzir o padrão de resistência é a prescrição de antimicrobianos dirigidos para cada microorganismo, o que implica ter uma forma de determinar as resistências num curto espaço de tempo, através da realização de Testes de Suscetibilidade Antimicrobiana

¹Infeções adquiridas durante o período de hospitalização de um utente, e que não estavam ativas no momento da admissão.

(TSA) ou antibiogramas.

A realização de antibiogramas recorrendo a uma técnica de microscopia ótica pode contribuir para a redução do tempo do teste, sendo portanto a técnica de *laser speckle* utilizada neste trabalho e nesse contexto uma alternativa com potencial em termos do tempo de obtenção do resultado, face aos métodos clássicos que se usam em microbiologia.

O padrão de *speckle*, que representa uma distribuição aleatória de intensidade, é formado quando um feixe de luz coerente é refletido numa superfície rugosa ou se propaga através de um meio com flutuações aleatórias no índice de refração [10]. As alterações no padrão que resultam da rugosidade da superfície refletora devido ao movimento associado ao crescimento bacteriano podem ser usadas como biomarcador em antibiogramas.

Para além das aplicações em microbiologia, a análise do padrão de *speckle* revela-se útil na redução do *speckle* em sistemas ópticos e holográficos [11], medição da rugosidade da superfície [12], aplicações em processamento de imagem [13], em metrologia [14, 15], e interferometria de *speckle* estelar [16].

O BioSpeckle Laser (BSL) resulta da utilização do *speckle* em amostras biológicas e tem diversas aplicações na agricultura [17], botânica [18], microbiologia [19] e medicina [20–22].

1.2 Motivação e Objetivos

A resistência aos antimicrobianos (RAM) ocorre quando os microorganismos (vírus, parasitas, fungos e bactérias) sofrem alterações após exposição a agentes microbianos (antivirais, antimaláricos ou anti-helmínticos, antifúngicos ou antibióticos) fazendo com que estes não exerçam qualquer efeito sobre os microorganismos, que na maioria das vezes pretendem ser a morte celular.

A RAM é um risco para a saúde, e aumenta os custos dos cuidados de saúde através de períodos maiores de estadia em hospital, seja em internamento ou mesmo em cuidados intensivos. Mais ainda, a RAM está a colocar em causa o cumprimento dos Objetivos de Desenvolvimento Sustentável (ODS), já que o controlo da RAM é precisamente um desses objetivos.

Em Portugal o Instituto Ricardo Jorge e a Direção-Geral da Saúde (DGS) desenvolveram uma norma que pretende dinamizar o sistema de vigilância epidemiológica e contribuir para a redução da morbidade e mortalidade, com implicações diretas associadas às RAM. Nessa norma estão definidos os microorganismos alerta, e microorganismos problema cuja clas-

sificação segue as regras do *European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing* (EUCAST) [23]. Entre estes microorganismos estão as bactérias *Pseudomonas aeruginosa* muito associadas às infeções nosocomiais e também *Staphylococcus aureus* com resistência intermédia (*Vancomycin-Intermediate Staphylococcus aureus* (VISA)) ou resistentes à vancomicina (*Vancomycin-Resistant Staphylococcus aureus* (VRSA)).

Para testar se determinado antibiótico é ou não eficaz contra uma bactéria específica, são realizados TSA, e estes testes permitem a escolha de um tratamento dirigido, que evita o desenvolvimento de resistências, e portanto, mais eficaz. Os métodos classicamente utilizados em microbiologia para a realização de TSA apresentam sempre um tempo de teste até se chegar ao resultado, sendo demasiado prolongado, comprometendo a prescrição dirigida de antibióticos dentro da janela temporal adequada, e em muitos casos comprometendo a eficácia do tratamento como é nos casos da *sepsis*.

A utilização do *laser speckle* tem-se revelado nos últimos anos uma forma alternativa ao procedimento clássico dos TSA com resultados encorajadores em testes realizados em culturas bacterianas [24] sendo uma das áreas de atuação do Centro para o Cuidado Inovador a Tecnologia na Saúde (ciTechCare) e dos laboratórios de Biossinais e ALaDin onde este trabalho foi desenvolvido.

A ideia principal da utilização do *Biospeckle* para monitorizar a atividade biológica é a criação de um índice, que possa diretamente ter alguma relação com os movimentos biológicos/químicos/físicos de difusores em amostras iluminadas, representado pelo índice *Biospeckle*.

O principal objetivo deste trabalho é o de desenvolver um sistema automático de aquisição e processamento adequado à realização de ensaios laboratoriais utilizando *Biospeckle* no contexto de TSA.

1.3 Estrutura da Dissertação

Esta dissertação apresenta uma estrutura composta por 5 capítulos. Neste capítulo introdutório, é apresentado o enquadramento ao tema e os desafios associados, bem como a motivação e objetivos.

O capítulo 2 apresenta o estado da arte no âmbito do *laser speckle*, sendo apresentados diferentes *setups* (*hardware*) que permitem a obtenção deste tipo de imagens, e respetivo pós-processamento.

O capítulo 3 apresenta a técnica de *laser speckle* e considerações associadas. Neste capítulo

é também apresentada a metodologia utilizada, desde a apresentação do *setup* até à *pipeline* do processamento implementado.

No capítulo 4 são apresentados os resultados obtidos e análise crítica dos mesmos, e no capítulo 5 são apresentadas as conclusões retiradas e propostas de trabalho futuro.

Nos anexos (A,B e C) são apresentados respetivamente o manual de instalação das ferramentas necessárias, o manual da GUI desenvolvida e o manual da sub-GUI de visualização dos dados desenvolvida.

2 LASER SPECKLE: APLICAÇÕES NO ÂMBITO DAS CIÊNCIAS BIOMÉDICAS

O grupo de investigação do ciTechCare onde este trabalho foi realizado tem apresentado resultados preliminares relativos à realização de antibiogramas com *laser speckle* [24]. Apesar de promissores, existe a necessidade de se realizarem mais testes e verificar resultados em múltiplas condições experimentais, sendo para tal desenvolvido o trabalho que aqui se reporta.

Relativamente às técnicas de realização de TSA, existem vários métodos de realização de antibiogramas ou TSA, que se dividem em três grupos: métodos fenotípicos, métodos ao nível das moléculas [25, 26] e métodos de espetrometria de massa [27]. Dos métodos fenotípicos existentes, apenas alguns são reproduzíveis e repetíveis, tais como a difusão em disco (medição qualitativa, através da classificação *Resistant-Intermediate-Susceptible* (RIS)), a diluição em caldo e a diluição em agar (medições quantitativas, através da classificação Minimum Inhibitory Concentration (MIC) (mg/L)). Em [28] são apresentados alguns métodos fenotípicos rápidos, sendo que a rápida identificação bacteriana fenotípica corresponde à espetrometria de massa da *Matrix-Assisted Laser-Desorption/Ionization Time Of Flight* (MALDI-TOF) [29]. Dois dos métodos ao nível das moléculas, que permitem um rápido diagnóstico são o The Biofire FilmArray[®] [30] e o Genmark ePlex[®] [31]. Para além do método de espetrometria de massa da MALDI-TOF, existem outros métodos, como o *Polymerase Chain Reaction - Electrospray Ionization - Mass Spectrometry* (PCR-ESI-MS) ou o *Liquid Chromatography - Mass Spectrometry* (LC-MS) [32–35].

Existem algumas limitações nas técnicas atuais para a realização de TSA. A rapidez dos TSA pode ser melhorada se se tiverem em conta os fatores que alteram a sua farmacocinética

(difusão, metabolismo e eliminação) [36, 37], o que pode resultar em alterações imprevisíveis e, portanto, o MIC pode sofrer alterações [38]. Ainda assim, os TSA revelam ter um longo Time-To-Response (TTR), que normalmente demora entre 18 a 24 horas a partir de colônias bacterianas isoladas (o que significa ≥ 48 a 72 horas desde a coleta de amostras clínicas). Este longo período de tempo exige o início da quimioterapia antimicrobiana numa base empírica e permite a mudança para a terapia definitiva, geralmente não antes de 3-4 dias [39]. No caso da *sepsis*, os TSA demoram ainda mais tempo [40], apesar de existirem outras alternativas, que permitem detectar marcadores comuns de resistência antimicrobiana como o *mecA*, no caso da *Staphylococcus aureus* [40, 41].

As aplicações do *speckle* como fonte de informação têm sido usadas em várias áreas da Engenharia, mas também se tem utilizado este fenómeno com aplicações biomédicas. Três áreas onde se têm evidenciado estas aplicações são a reconstrução de imagem 3D com destaque para a cirurgia, o reconhecimento facial em sistemas biométricos, e também em Dermatologia onde se tem aplicado esta técnica para a caracterização da superfície cutânea e a identificação precoce de marcadores de lesões melanocíticas.

Também em cirurgia existem aplicações do *laser speckle*. A percepção da geometria tridimensional (3D) de superfícies humanas em vários procedimentos médicos, como cirurgia maxilofacial, cirurgia plástica, próteses e órteses [42] é uma informação de grande utilidade. Esta informação supera as limitações da antropometria direta [43] e auxilia os cirurgiões no planeamento cirúrgico pré-operatório [44] e na análise cirúrgica pós-operatória [45]. Assim, a recolha e análise de imagens 3D é de extrema importância.

Na área da Dermatologia, em [42], é apresentado, para uma única aquisição 3D, um sistema de medição que extrai a nuvem de pontos 3D da pele humana projetando um padrão de *laser speckle*, e utilizando um único par de imagens capturadas por duas câmaras sincronizadas. Ao contrário de sistemas de medição de *laser speckle* 3D convencionais, que realizam correspondência *stereo* por correlação digital dos padrões de *speckle* projetados, o sistema proposto utiliza o método de rastreamento Kanade-Lucas-Tomasi (KLT) [46] para localizar os pontos correspondentes. A nuvem de pontos 3D não contém *outliers* e é alcançada qualidade suficiente de reconstrução 3D. O *setup* utilizado neste caso foi o indicado na Figura 2.1, tendo-se adotado a metodologia descrita pela Figura 2.2. O sistema óptico é composto por duas câmaras e um *laser* para projeção de padrões de *speckle*. O diodo laser (LD) emite um feixe de luz que é focado no difusor "D" utilizando uma lente "L", sendo o *speckle* subjetivo. O fluxograma é dividido em 3 partes: pré-processamento, correspondência *stereo* e reconhecimento. A calibração da câmara *stereo* é o pré-requisito da estrutura apresentada.

O processo de aquisição 3D inicia-se com o pré-processamento das imagens a serem utilizadas para a correspondência *stereo*. Neste ponto, a distorção da lente de ambas as imagens é corrigida utilizando os parâmetros intrínsecos da câmara. O pré-processamento também inclui a filtragem gaussiana para suprimir o ruído subjetivo dos *speckles*. Após o pré-processamento, as *features* são primeiro calculadas na imagem esquerda da câmara utilizando o algoritmo de valores próprios mínimos de Shi e Tomasi. Essas *features* são então obtidas da imagem direita da câmara utilizando o método de rastreamento KLT. O método de rastreamento KLT conclui a parte de correspondência *stereo*, produzindo os pontos correspondentes. Seguindo a parte de correspondência *stereo*, a reconstrução 3D é realizada fazendo a triangulação dos pontos correspondentes utilizando parâmetros extrínsecos da câmara *stereo*. A triangulação de pontos correspondentes produz uma nuvem de pontos 3D que é finalmente convertida para a nuvem de pontos 3D utilizando o método de triangulação de Delaunay.

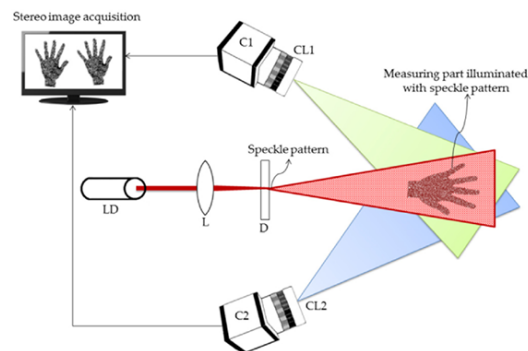


Figura 2.1: Sistema óptico proposto para reconstrução 3D de captura única; LD: Diodo Laser; L: Lente; D: Difusor; C1, C2: câmaras CCD; CL1, CL2: lentes C- mount.”(adaptado de [42]).

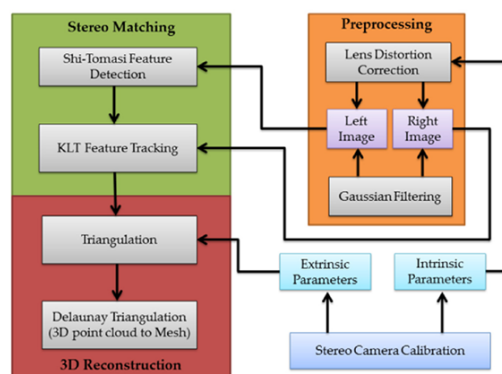


Figura 2.2: Fluxograma do processo de reconstrução 3D (adaptado de [42]).

Deste estudo concluiu-se que as reconstruções 3D satisfatórias de partes do corpo humano podem ser alcançadas analisando um único par *stereo*, utilizando a projeção de *laser speckle*. O padrão de *laser speckle* permite a detecção e correspondência de um amplo número de

pontos característicos que são suficientes para reconstruir a nuvem 3D. Concluiu-se ainda que o tamanho dos grãos de *speckle* afeta a qualidade da reconstrução 3D.

Existe ainda um outro estudo relacionado, que constituiu uma dissertação de mestrado [47], cujo *setup* está representado na Figura 2.3. Neste caso, foram utilizadas 2 câmaras. O objetivo era o de avaliar a influência dos parâmetros da câmara na aquisição, e também o impacto da posição dos vários elementos em relação às câmaras em imagem *stereo* de *laser speckle*.

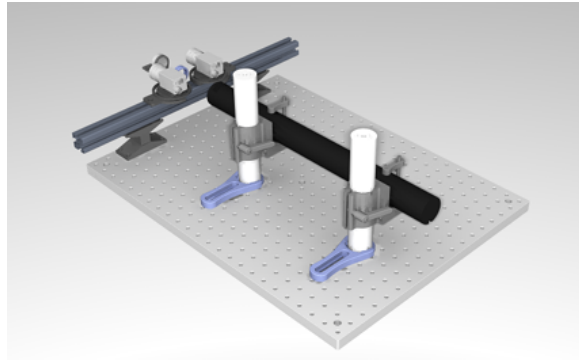


Figura 2.3: Disposição do material necessário para aquisição de imagens *speckle*. (adaptado de [47]).

Deste trabalho concluiu-se que a variação dos parâmetros em estudo produziu resultados distintos ao nível da informação que se regista nas câmaras da esquerda e da direita, pelo que tais parâmetros têm de ser definidos aquando uma aquisição em *speckle* 3D. Verificou-se ainda que o parâmetro cuja variação apresenta mais influência nos resultados é o tempo de exposição definido em cada experiência.

A aplicação desta dissertação de Mestrado é, de certa forma, semelhante à atual. Assim, os conceitos aprendidos serviram de base para o trabalho realizado.

Ainda, na área da Dermatologia as aplicações de *laser speckle* têm sido dedicadas ao estudo das alterações de perfusão subcutânea e também na identificação precoce de lesões melanocíticas através da definição de biomarcadores de fluxo e de textura. Na Figura 2.4 (retirada de [48]) é possível verificar, através da utilização do chi-quadrado, alterações à perfusão em função do tempo, associadas a períodos de oclusão e libertação da circulação sanguínea para o membro superior. Esta medida de perfusão foi obtida através da comparação do contraste das imagens de *speckle* registadas em vídeo.

Os picos na curva de microcirculação são um indicador importante da saúde vascular. A presença e a altura desses picos após a libertação da oclusão fornecem informações valiosas sobre a função endotelial e a reatividade vascular. Portanto, picos bem definidos e altos geralmente indicam uma circulação sanguínea saudável, enquanto a ausência de picos ou

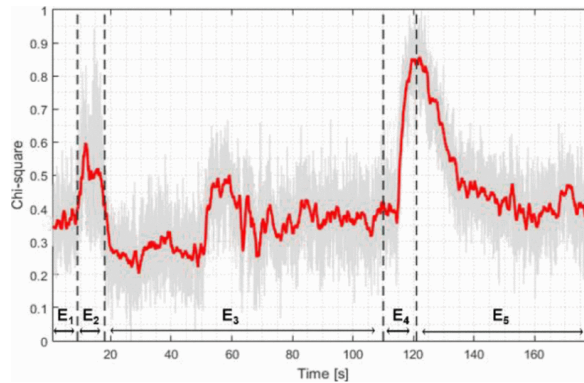


Figura 2.4: Índice temporal de microcirculação durante o teste de oclusão-hiperemia (adaptado de [48]).

picos baixos podem sugerir problemas na circulação.

Também no caso da caracterização da superfície cutânea de lesões suspeitas se tem aplicado a técnica de *laser speckle* para identificar biomarcadores de evolução das lesões, utilizando o *setup* da Figura 2.5. Um dos exemplos é a caracterização de lesões benignas (*nevus*) em [49], onde se recorre ao *laser speckle* dinâmico (técnica ótica utilizada para estudar e medir a dinâmica de superfícies e fluxos, especialmente na microcirculação sanguínea) com multi-descriptores e segmentação recorrendo aos Self-Organizing Maps (SOM).

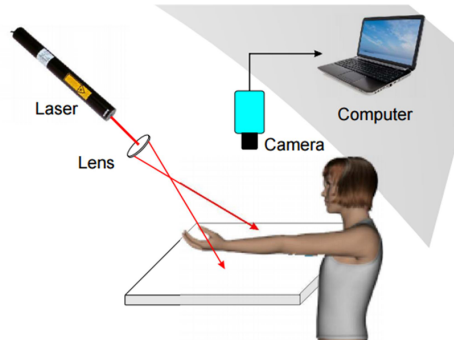


Figura 2.5: *Laser speckle* na caracterização da superfície cutânea de lesões (adaptado de [49]).

Devido à crescente ênfase na privacidade pessoal e segurança, os sistemas de verificação de autenticidade são uma questão crucial nos meios académico e industrial. Para garantir que apenas os utilizadores legítimos tenham acesso, os sistemas dos fornecedores de serviços exigem esquemas de acesso seguro e confiável para identificar efetivamente o indivíduo que solicita os serviços [50].

Em [50] é proposto um sistema biométrico de *laser speckle* para verificação de autenticidade. Devido às superfícies unicamente imperfeitas dos objetos, o *laser speckle* fornece *features* identificáveis para autenticação. O Filtro de Gabor [51], o Scale-Invariant Feature Transform (SIFT) [52] e a projeção (*features* de projeção [53] para verificar casos que não eram facilmente

reconhecidos pelo SIFT) foram utilizados para extrair as *features* das imagens de *laser speckle*. Para acelerar o processo de correspondência, as *features* extraídas do filtro de Gabor foram organizadas numa estrutura de indexação usando o algoritmo K-means. Foram utilizados como objetos alvo no sistema proposto cartões plásticos.

O *setup* utilizado neste caso foi o indicado na Figura 2.6, tendo-se adotado a metodologia descrita pela Figura 2.7, apresentada anteriormente. Neste caso obtêm-se padrões de *speckle* subjetivo.

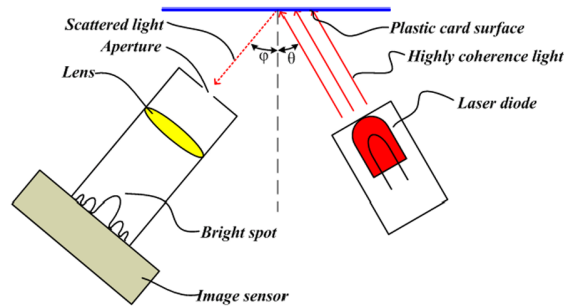


Figura 2.6: Configuração ótica do dispositivo de captura de *laser speckle* (adaptado de [50]).

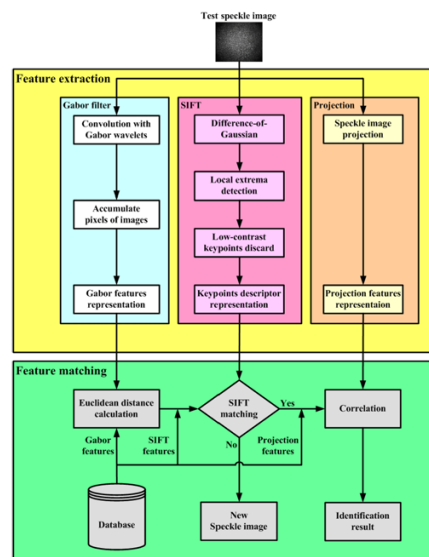


Figura 2.7: Fluxograma do sistema de identificação proposto (adaptado de [50]).

Os resultados experimentais mostraram que o dispositivo proposto pode capturar *laser speckle* em cartões plásticos, sendo que o método de reconhecimento tem uma alta precisão de identificação.

3 METODOLOGIA

3.1 Técnica de *laser speckle*

O fenômeno de *laser speckle* é caracterizado pelo padrão de interferência que se forma quando um feixe de luz coerente é refletido numa superfície com uma rugosidade superior ao comprimento de onda da luz emitida [54]. Este padrão de interferência contém vários grãos de *speckle*. Assim obtêm-se interferências construtivas e destrutivas, resultantes da interação da onda refletida com as restantes [24]. O tamanho do grão de *speckle* é determinado pelo comprimento de onda da luz, raio do feixe de *laser* e a distância entre a superfície refletora e o plano de observação [42, 47]. Os meios de dispersão variam ao longo do tempo [10]. Esta variação traduz-se igualmente numa variação do campo de intensidade, que pode ser registada utilizando uma câmara, durante um determinado intervalo de tempo finito. Este intervalo de tempo denomina-se de tempo de exposição [54].

Este tipo de padrão de interferência pode ser visto como ruído (como é no caso das imagens de Radar) em que são utilizados filtros para aumentar o Signal-to-Noise Ratio (SNR) ou visto como informação com potencial para caracterizar a superfície refletora (como é o caso das imagens de microscopia no contexto dos TSA). Um dos principais descritores que permitem esta caracterização da superfície refletora é o contraste, dado pela equação 3.1, representando o quociente entre o desvio padrão, σ_x , e a média da intensidade, \bar{x} , do padrão de *speckle* [55].

$$\text{Contraste} = \frac{\sigma_x}{\bar{x}} \quad (3.1)$$

Existem dois tipos de padrões de *laser speckle*: o *speckle* objetivo e o *speckle* subjetivo [56,

57].

O padrão de *speckle* objetivo ocorre no plano de imagem, ou seja, na superfície onde o feixe de luz *laser* é projetado e refletido de volta. Já o padrão de *speckle* subjetivo forma-se no plano focal de uma lente (por exemplo, o padrão de *speckles* na retina humana formado pelo cristalino) [58]. No sistema desenvolvido são obtidos padrões de *speckle* subjetivo.

3.2 Materiais e métodos

Nesta secção são detalhadas as duas fases do sistema desenvolvido para analisar os padrões de *speckle*: a aquisição e o processamento. Os materiais necessários para a aquisição são: uma câmara, um emissor de *laser*, uma lente e uma placa de *petri* com as culturas biológicas. Na Figura 3.1 está representado um exemplo de *setup*.

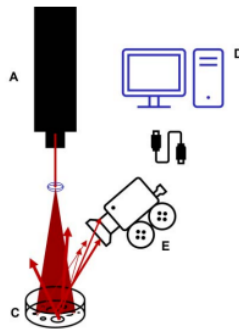


Figura 3.1: *Setup* de aquisição. A – Fonte de *laser*, B – Lente; C- Amostra; D- Computador; E – Sistema de vídeo” (adaptado de [24]).

3.2.1 Aquisição

Para a aquisição utilizou-se a câmara acA1920-25gm, fabricada pela Basler. Esta câmara, para a resolução Full High Definition (FullHD), possui um *frame rate* máximo de 25 Frames Per Second (FPS) [59]. A escolha desta câmara está relacionada com o *frame rate* máximo necessário, e também porque é a câmara utilizada em trabalhos similares com *laser speckle*.

Tendo em conta que a alimentação da câmara é feita por Power over Ethernet (PoE), de modo a permitir a transferência dos dados para o computador, foi necessário utilizar um *switch* com essa capacidade. Optou-se pela utilização do *switch* GS110TP da NETGEAR, uma vez que é o recomendado pelo fabricante da câmara. Este *switch* permite ainda o controlo das *jumbo frames*¹. A unidade utilizada para caracterizar o tamanho destes pacotes é a

¹Tamanho máximo que um pacote de dados pode ter sem ser fragmentado durante a transmissão entre dois dispositivos.

Maximum Transmission Unit (MTU), que representa o tamanho máximo de uma unidade de dados que pode ser transportada numa única transação da camada de rede física. De modo a obter um elevado *frame rate* e/ou resolução máxima (FullHD), este parâmetro tem de estar configurado para o máximo (8192 Bytes). Na Figura 3.2 está representado um esquema-base do *setup* de aquisição.

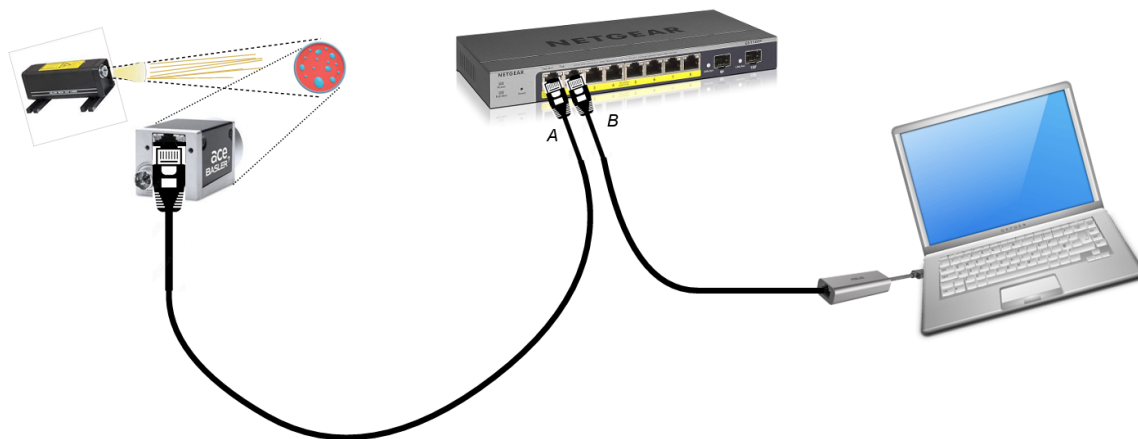


Figura 3.2: Esquema-base do *setup* de aquisição.

Uma vez que o objetivo do trabalho é o desenvolvimento de um sistema que se adequa às experiências a realizar em laboratório, para a realização dos ensaios necessários para a definição dos biomarcadores do TSA, foi construído um equipamento onde se incorporou um feixe de laser (comprimento de onda de 650 nm e potência de 5 mW) e uma câmara (resolução máxima de Full HD, para 25 FPS). Este equipamento é colocado sobre uma placa de *petri*, com temperatura adequada. Para o controlo da temperatura, é utilizada uma estufa. As imagens do equipamento e da estufa encontram-se nas Figuras 3.3, 3.4 e 3.5.



Figura 3.3: Imagem da estufa onde foram realizadas as experiências de aquisição.



Figura 3.4: Imagem externa do sistema desenvolvido (*setup*).



(a)



(b)

Figura 3.5: Imagem do *setup* utilizado: a) Vista inferior ; b) Vista lateral.

Uma das particularidades que caracteriza o processo experimental que se pretende realizar é a aquisição de vídeos de duração curta, e com intervalos de tempo pré-definidos. Assim, foram desenvolvidos dois programas que permitem fazer a parte da aquisição. Destes programas, o primeiro refere-se apenas a esta parte, enquanto que o segundo se refere às partes de aquisição

e processamento. Ambos foram desenvolvidos em linguagem *Python*, utilizando a biblioteca PySimpleGUI. As Guide User Interface (GUI) desenvolvidas são bastante flexíveis em relação às preferências do utilizador. Seguidamente serão explicados os programas desenvolvidos.

- ***Software* referente à aquisição:**

Começando pelo programa que realiza apenas a aquisição, é necessário seleccionar se o processo de aquisição tem um ou mais testes. Se for seleccionado um número de testes superior a 1, é ainda necessário escolher o intervalo de tempo entre testes.

A aquisição é feita mediante a escolha de um conjunto de parâmetros abaixo apresentados.

- Ganho
- *Frame rate* [*fps*]
- Tempo de exposição [*us*]
- Resolução da imagem (tendo em conta a gama de formatos pré-definidos)
- Tamanho do pacote (ou Packet Size (GevSCPSPacketSize)) [*Bytes*]
- Atraso entre pacotes (ou Inter-Packet Delay (GevSCPD)) [*ticks*]
- Atraso de transmissão de *frames* (ou Frame Transmission Delay (GevSCFTD)) [*us*]
- Reserva de largura de banda (ou Bandwidth Reserve (GevSCBWR)) [%]
- Acumulação de reserva de largura de banda (ou Bandwidth Reserve Accumulation (GevSCBWRA))

Foi utilizado o *software pylon Viewer*, da Basler, para teste, cuja janela principal está representada na Figura 3.6. Ao definir os parâmetros anteriores, este *software* permite guardar os dados num ficheiro do tipo Parameters File System (PFS).

O programa desenvolvido possui 2 funcionalidades adicionais:

- Rotina de validação para ficheiros PFS - A câmara contém vários anéis que permitem ajustar a distância focal e a abertura do diafragma da lente, o *zoom* e a iluminação. Ao ajustar um dos anéis, os parâmetros apresentados no ficheiro PFS já não serão válidos, para o mesmo resultado na imagem. Assim, o ficheiro PFS perde a validade. Este *software* permite também gerar ficheiros PFS, cuja sintaxe pode ser dada pela Figura 3.7 ou pela Figura 3.8, dependendo se as propriedades avançadas, abaixo discriminadas,

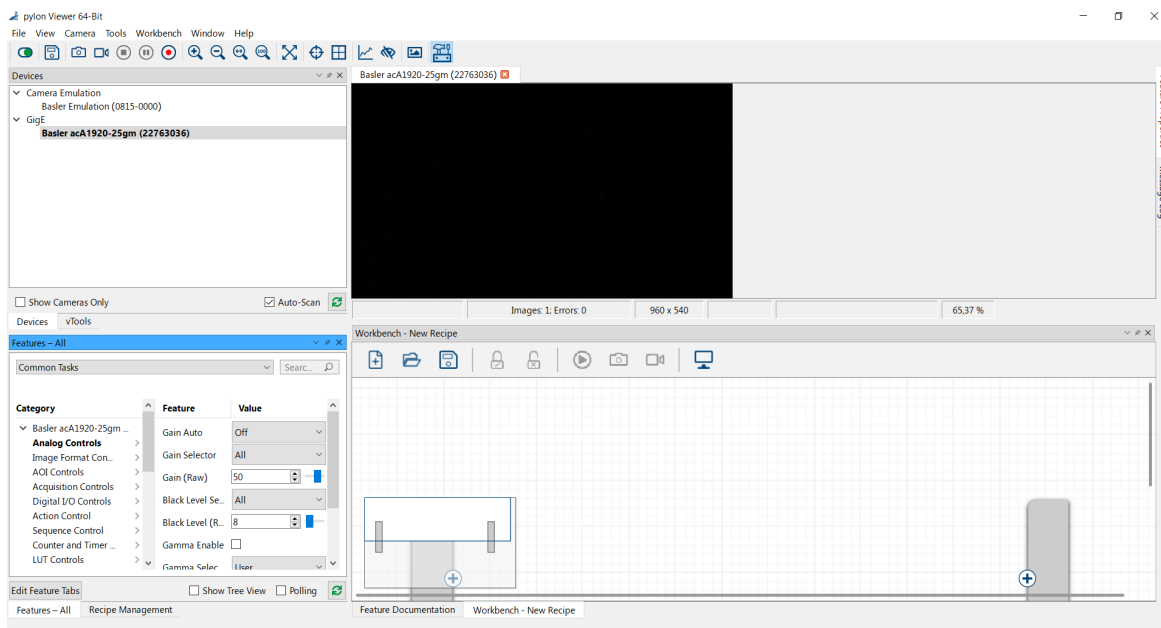


Figura 3.6: Janela principal do *software pylon Viewer* da Basler.

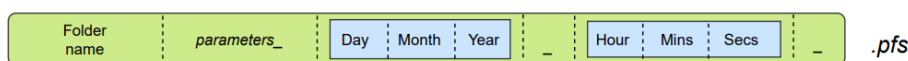


Figura 3.7: Estrutura associada ao nome do ficheiro PFS gerado, sem se ter editado as propriedades avançadas.



Figura 3.8: Estrutura associada ao nome do ficheiro PFS gerado, depois de se editar as propriedades avançadas.

foram editadas ou não. O ficheiro PFS contém apenas os parâmetros de aquisição, não contendo informação sobre a distância focal da câmara.

Esta rotina tem por objetivo definir um tempo limite a partir do qual o ficheiro já não é válido, desde o momento em que foi criado, se este tiver sido gerado por este *software*. Se o ficheiro PFS introduzido foi gerado por outro *software* esta verificação não é feita.

- Registo do tempo de aquisição de cada uma das imagens, num ficheiro do tipo Comma-Separated Values (CSV) - De modo a confirmar se nenhum dos parâmetros de aquisição internos está a influenciar o *frame rate*, pode ser necessário registar o tempo de aquisição de cada uma das imagens.

De seguida é necessário indicar a duração de cada teste, em segundos, carregar o ficheiro PFS, e seleccionar a pasta de destino para as imagens captadas.

segundo, tempo este correspondente à funcionalidade de guardar as imagens adquiridas numa pasta e escrever as mesmas para um ficheiro de vídeo, guardado na mesma pasta. Sendo este tempo não desprezável (na ordem dos *ms*), é subtraído ao intervalo de tempo entre testes anteriormente definido, em segundos. De seguida, inicia-se a contagem decrescente do tempo obtido. A informação do tempo restante, em segundos, até ao próximo teste é apresentada ao utilizador em tempo real, numa janela também criada através do PySimpleGUI. De forma a contar o tempo entre testes com rigor, utilizou-se a biblioteca **time**. O resultado de **time.time()** corresponde ao *epoch time*, ou seja, ao número de segundos desde as 00:00 Universal Coordinated Time (UTC) do dia 1 de janeiro de 1970.

Todo o procedimento descrito acima está representado na Figura 3.10.

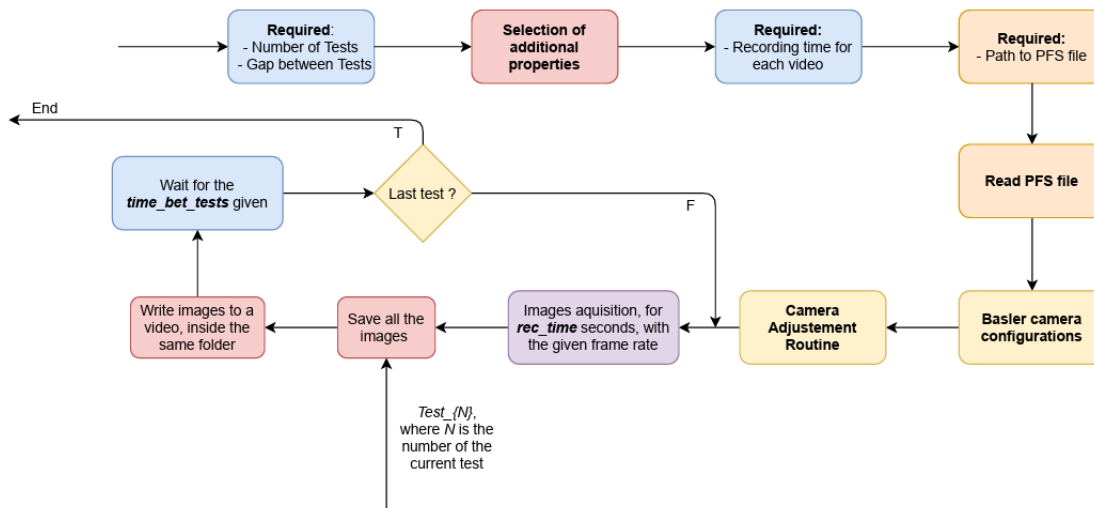


Figura 3.10: Processo de aquisição.

- *Software* de aquisição e processamento - parte de aquisição:

Este *software* permite a utilização de um ficheiro PFS ou não. Caso se pretenda utilizar um ficheiro PFS, o procedimento inicial é semelhante ao *software* anterior. O processo de aquisição pode ter um ou mais testes. Se for selecionado um número de testes superior a 1, é necessário escolher o intervalo de tempo entre testes. Existem também aqui as duas funcionalidades apresentadas anteriormente (de validação de ficheiros PFS, e do registo do tempo de aquisição de cada uma das imagens). De seguido é necessário carregar o ficheiro PFS, e selecionar a pasta de destino para as imagens.

À semelhança também do *software* anterior, também neste existe a funcionalidade de *preview*, embora implementada de forma diferente. Neste caso é apenas apresentada uma imagem da câmara, não existindo qualquer rotina de auxílio ao ajuste da câmara. No entanto, é

possível ajustar manualmente a câmara e obter novamente uma imagem da câmara tantas vezes quantas as que se pretender.

De seguida é necessário indicar a duração de cada teste, em segundos. Tal como no *software* anterior, existe um botão de *trigger* para o início da aquisição, sendo que o procedimento após cada teste neste *software* é igual ao do anterior.

Caso não se pretenda utilizar os parâmetros fornecidos por um ficheiro PFS, o *software* tem a possibilidade de definir manualmente os parâmetros principais, através de uma GUI criada para esse efeito, utilizando também a biblioteca PySimpleGUI. Esta GUI contém várias opções. Permite obter uma imagem da câmara em tempo real, para os valores dos parâmetros fornecidos, obter os parâmetros de calibração da câmara e guardar os posteriormente os mesmos num ficheiro *metadata* (cujo nome termina também em $\{data_}\{hora_}\}$, onde *data* e *hora* representam a data e hora atuais), e editar outros parâmetros da mesma.

A calibração da câmara tem em conta o modelo da câmara Pinhole, amplamente utilizado em visão computacional e representado na Figura 3.11, estabelecendo uma relação entre as coordenadas no mundo real (X, Y, Z) e as coordenadas na imagem (u, v) , representada em 3.2.

$$\begin{aligned} u &= f \frac{X}{Z} \\ v &= f \frac{Y}{Z} \end{aligned} \tag{3.2}$$

Incorporando os parâmetros intrínsecos da câmara, obtêm-se as equações apresentadas em 3.3.

$$\begin{aligned} u &= f_x \frac{X}{Z} + c_x \\ v &= f_y \frac{Y}{Z} + c_y \end{aligned} \tag{3.3}$$

Assim as coordenadas são primeiro projetadas no plano da imagem, e de seguida os parâmetros intrínsecos da câmara são aplicados de modo a obter as coordenadas da imagem final.

A calibração da câmara é feita utilizando um tabuleiro de xadrez como imagem. Define-se uma gama de tamanhos da matriz padrão. De seguida, utilizando o OpenCV, é detetado na imagem o tabuleiro de xadrez. É necessário também obter a localização sub-pixel, ou seja, com precisão fracionária, de cada um dos pontos de ligação, no tabuleiro. É necessário ainda definir um número máximo de iterações, correspondentes a cada um dos quadrados existentes no tabuleiro de xadrez, utilizando um critério de terminação. Obtém-se, de seguida, a matriz de calibração e os coeficientes de distorção da câmara. Utilizando esta informação, obtem-se

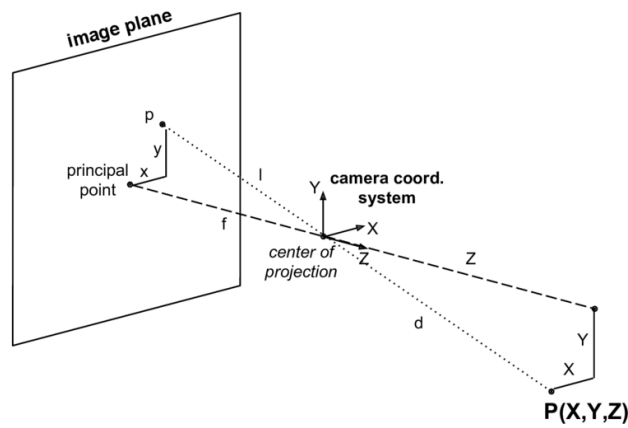


Figura 3.11: Modelo da câmera Pinhole.

uma matriz de calibração otimizada. Os parâmetros f_x , f_y , PP_x e PP_y são posteriormente extraídos desta matriz final.

De seguida é necessário seleccionar a pasta de destino para as imagens.

3.2.2 Processamento

A parte do processamento é realizada em 3 blocos: obtenção da *Region of Interest* (ROI), redução da dimensionalidade por PCA e agrupamento dos dados em 2 grupos por *clustering*. Relativamente ao procedimento que permite a obtenção das ROI a partir das imagens adquiridas está representado na Figura 3.12.

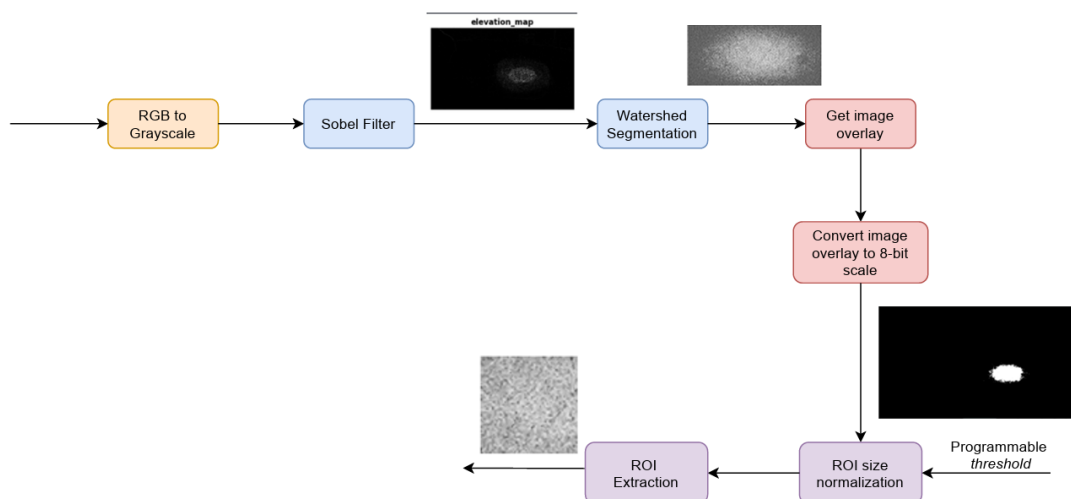


Figura 3.12: Procedimento para obtenção das ROI.

Neste processo é utilizada a segmentação de Watershed [60], que é um algoritmo de seg-

mentação de imagem que combina noções de crescimento geomorfológico e regional. O algoritmo considera uma imagem em escala de cinza como um mapa topográfico, sendo que píxeis com valores mais elevados representam montanhas e píxeis com valores mais baixos representam vales. Se imaginarmos a ocorrência de chuva, a água fluirá pelas encostas das montanhas para lugares mais baixos, formando "lagos". Esses "lagos" na imagem são chamados de bacias hidrográficas. À medida que o nível da água sobe numa bacia hidrográfica, a água pode transbordar para outras bacias hidrográficas próximas. Para que tal não aconteça são construídas barragens entre cada bacia. Esses locais de barragens (localizações DAMS) são as linhas devolvidas pelo processo de Watershed, ou seja, o resultado da segmentação da imagem.

De modo a extrair as regiões-chave, pertencentes à *label* pretendida, utiliza-se igualmente o método associado a um vetor de N dimensões. As regiões-chave referem-se às regiões de interesse que foram identificadas pelo algoritmo de Watershed na imagem. A *label*, neste contexto, refere-se a uma marca ou identificação atribuída a cada região identificada após a segmentação. Cada região recebe uma *label* única para que possa ser distinguida das outras regiões na imagem. Essas *labels* são frequentemente representadas por números inteiros, sendo que cada região recebe um número diferente.

Tendo por base as regiões-chave e a imagem em *greyscale* inicial, obtém-se o *overlay*, ou seja, a máscara da imagem. Este *overlay* representa uma imagem em Red, Green, Blue (RGB). Assim, extraiu-se apenas a 1^a componente desta (R).

Após se obterem as ROI, executa-se o procedimento descrito pela Figura 3.13, sendo que cada bloco se refere ao conjunto das ROI das imagens de um determinado vídeo. Cada quadrado representa a ROI de cada imagem obtida anteriormente.

Em cada ROI foi definida uma região quadrada de dimensão 50×50 . Escolheu-se este tamanho porque, para tamanhos maiores, torna-se computacionalmente menos eficiente, e para tamanhos menores, não é captada informação suficiente das imagens. Foram calculadas as *features* da Tabela 3.1 para essas regiões. Assim, por cada *frame* homóloga entre 2 vídeos que se está a comparar (aplicando o algoritmo apresentado em *sewar.full_refs()*) foram calculadas as *features*. Este procedimento foi realizado em pares de vídeos comparando o 1^o vídeo com o vídeo de ordem N .

O segundo bloco é referente à aplicação do Principal Component Analysis (PCA) ao conjunto de *features*, com vista a redução da dimensionalidade, ou seja, a redução do número de features, antes da etapa de *clustering k-means*, para $k = 2$, e depois apenas para visualização dos resultados. O objetivo inicial era o de separar, utilizando *clustering k-means*, as

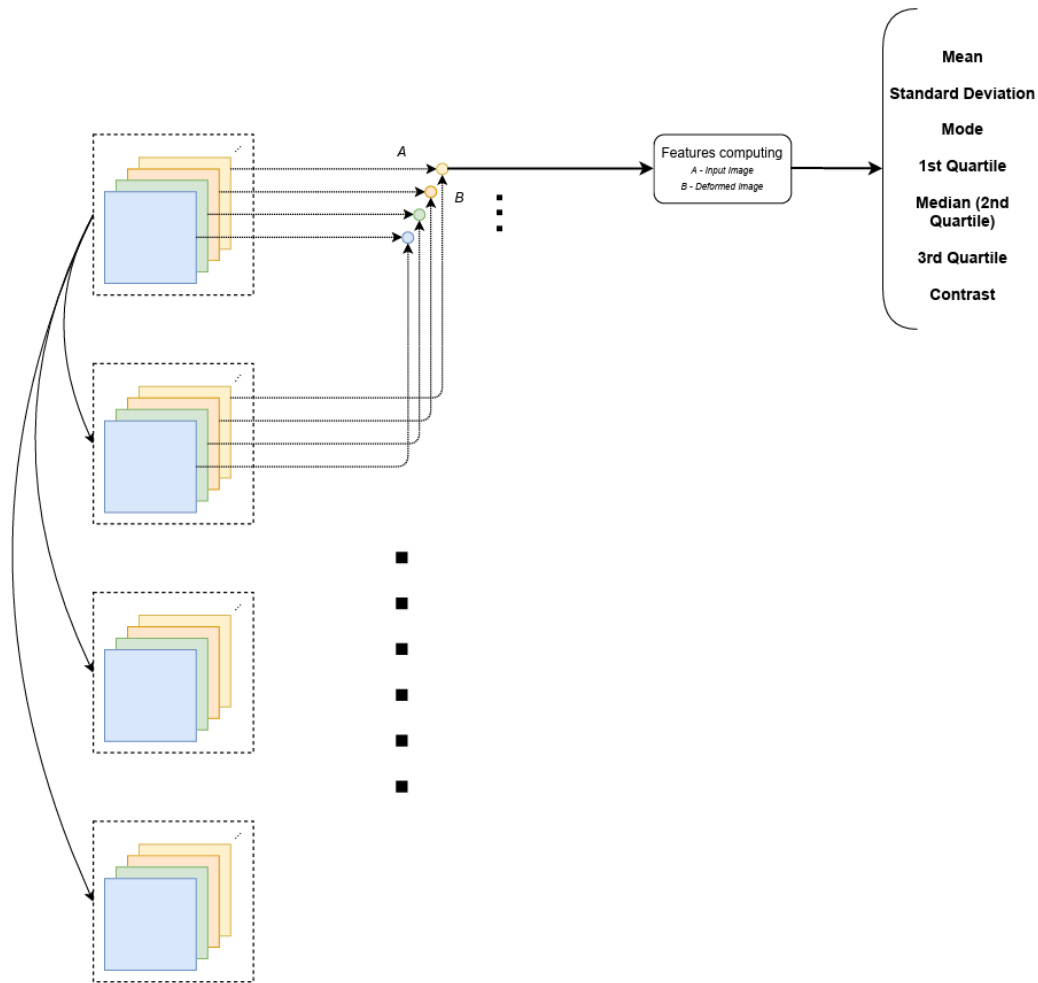


Figura 3.13: Procedimento antes da aplicação das *features*.

amostras bacterianas que continham e as que não continham antibiótico. Esta metodologia foi mantida, apesar de não se ter utilizando qualquer antibiótico no decorrer das aquisições.

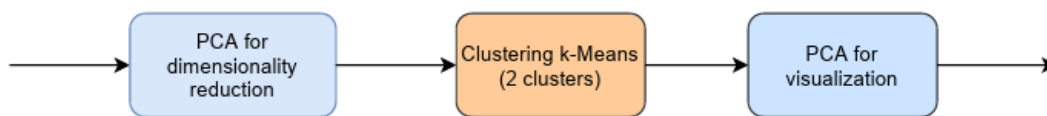


Figura 3.14: Procedimento geral após a aplicação das *features*.

O algoritmo PCA é composto por várias etapas, tal como se apresenta na Figura 3.14:

1. **Normalização** - De modo a que cada variável tenha um igual peso associado, faz-se a normalização das variáveis, através da equação 3.11.

$$z = \frac{X - \bar{X}}{\sigma_X} \tag{3.11}$$

Tabela 3.1: Descrição das Métricas.

Métrica	Descrição	Cálculo
Média	Valor médio de um conjunto de dados	$\mu = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_i \quad (3.4)$
Desvio Padrão	Medida da dispersão de um conjunto de dados	$\sigma = \sqrt{\frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^n (x_i - \mu)^2} \quad (3.5)$
Contraste	Razão entre o desvio padrão e a média	$\text{Contraste} = \frac{\sigma}{\mu} \quad (3.6)$
Moda	Valor mais frequente em um conjunto de dados	$\text{Mode} = \underset{x}{\text{arg max count}}(x) \quad (3.7)$
Mediana (Segundo Quartil)	Valor central de um conjunto de dados ordenado	$Q_2 = \begin{cases} x_{\frac{n+1}{2}} & \text{se } n \text{ é ímpar} \\ \frac{x_{\frac{n}{2}} + x_{\frac{n}{2}+1}}{2} & \text{se } n \text{ é par} \end{cases} \quad (3.8)$
Primeiro Quartil	Valor abaixo do qual 25% dos dados estão	$Q_1 = \text{mediana}(\{x_i \mid x_i < \text{mediana}\}) \quad (3.9)$
Terceiro Quartil	Valor abaixo do qual 75% dos dados estão	$Q_3 = \text{mediana}(\{x_i \mid x_i > \text{mediana}\}) \quad (3.10)$

2. **Cálculo da matriz de covariância** - De modo a identificar possíveis correlações entre variáveis, calcula-se a matriz de covariância. Esta matriz é simétrica, de dimensões $p \times p$, sendo p o número de dimensões, que neste caso corresponde ao número de *features*, 15. Assim sendo:

- Se a covariância for igual a 0, as duas variáveis não estão correlacionadas.
- Se a covariância for positiva, as variáveis estão diretamente correlacionadas.

- Se a covariância for negativa, as variáveis estão inversamente correlacionadas.

Nota: A covariância é dada pela equação 3.12.

$$\text{cov}(X, Y) = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (X_i - \bar{X})(Y_i - \bar{Y}) \quad (3.12)$$

3. Cálculo dos vetores e valores próprios da matrix de covariância, para identificar as componentes principais - As componentes principais são novas variáveis que são construídas como combinações lineares de variáveis iniciais, de forma a que estas não fiquem correlacionadas entre si. Muita da informação contida nas variáveis iniciais é sumarizada nas primeiras componentes. A 1ª componente é a que fica com mais informação, a 2ª fica com menos, e por aí adiante, sendo que a última componente é a que terá menor informação.

Como resultado da aplicação do algoritmo PCA, obtém-se uma matriz semelhante à representada na Figura 3.15. A atribuição de cores apresentada está relacionada com a gama dentro da qual o valor absoluto de cada valor apresentado se encontra compreendido.

Index	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
0	-5.48017	-0.451983	0.355482	0.193076	-0.435892	-0.478927	0.15786	-0.30795	-0.105186	-0.118258	0.114531	-0.000273279	1.00466e-16	1.56261e-16
1	-5.47359	-0.500985	0.215391	0.157666	-0.576191	-0.398985	0.24219	-0.291125	0.115118	-0.147893	-0.188521	5.58580e-06	-0.58139e-18	-6.24877e-16
2	-3.76293	0.0668386	-1.15236	-2.57917	1.17155	1.58582	0.0886859	-0.051424	-0.0119381	-0.038027	-0.00134623	1.40238e-05	2.84581e-16	3.88609e-17
3	-5.41482	-0.462971	-0.151543	-0.040485	-0.508354	-0.0618516	0.186115	0.445086	0.540041	-0.0421170	0.0499048	1.55631e-05	-0.64191e-17	-1.32002e-16
4	0.43221	0.775958	0.182815	-0.768187	1.02793	-1.34354	-0.173382	-0.031082	0.0050211	-0.00009018	0.00511155	-0.0236161	4.02247e-16	5.0448e-16
5	2.11722	1.85118	-4.65934	4.1154	0.859896	0.524896	-0.0545027	-0.0188977	0.00227873	0.00427715	1.15437e-05	7.70186e-05	-2.54004e-17	5.01909e-16
6	-5.49318	-0.273968	0.718585	0.253428	0.158788	-0.064721	-0.258708	0.271449	-0.197738	0.032149	-0.0204191	-0.00012242	1.93087e-15	2.4796e-16
7	-5.49318	-0.273968	0.718585	0.253428	0.158788	-0.064721	-0.258708	0.271449	-0.197738	0.032149	-0.0204191	-0.00012242	-1.44975e-15	4.13545e-16
8	6.12313	0.0187869	5.86732	2.39931	0.362549	1.39134	0.100598	-0.0138731	0.0145163	0.00014791	0.00007328	5.95257e-05	-5.3833e-16	-1.04459e-17
9	0.434	0.77716	0.590831	-0.780444	1.01921	-1.35852	-0.179815	-0.0272746	0.057879	-0.0135363	0.00000586	0.023421	-2.73544e-16	1.93895e-17
10	-5.48949	-0.54278	0.112938	-0.115861	-0.594577	-0.419934	0.196632	-0.132415	0.125512	0.237409	0.00390749	0.000456813	2.00559e-16	-3.24683e-16
11	4.51695	-5.49773	-1.41616	-0.531732	-1.3396	0.079535	-0.928706	-0.0567818	0.0112388	-0.00452293	0.000709916	-3.99849e-07	-1.40282e-16	1.09088e-16
12	7.06372	-1.03432	-1.45438	-0.003976	-1.19441	0.305203	1.20802	0.137569	-0.136163	0.0192789	-0.0113297	-7.19056e-05	4.16763e-16	6.48269e-16
13	1.3163	6.35697	-9.320685	-1.66514	-2.17918	0.901859	-0.356653	-0.0135853	-0.0189119	0.00372001	-0.00294679	-0.03597e-05	-3.54017e-16	4.79035e-16

Figura 3.15: Parte da matriz obtida através do algoritmo PCA.

Existem várias métricas que permitem avaliar qual o melhor método, apresentadas em [61]. Relativamente ao terceiro bloco o mesmo é realizado por *clustering k-means*, tal como se encontra representado na Figura 3.14.

3.2.3 Softwares de processamento desenvolvidos

Foram desenvolvidos quatro *softwares* nos quais é feito o processamento, sendo que em apenas dois deles é feito o processamento de forma completa. Os restantes referem-se apenas

a partes do mesmo. O primeiro destes permite fazer o processamento até à obtenção do *dataset* com as *features*. O segundo permite fazer a parte de *clustering* até à obtenção dos respetivos resultados.

Foi ainda desenvolvido um outro *software*, à parte, que possibilita a utilização de vários métodos de visualização dos resultados de *clustering*.

Todos estes *softwares* foram desenvolvidos em linguagem *Python*, utilizando a biblioteca PySimpleGUI. As GUI desenvolvidas são bastante flexíveis em relação às preferências do utilizador.

- *Software* de aquisição e processamento - parte de processamento:

Começando pelo *software* de aquisição e processamento, existe a possibilidade de fazer o processamento a partir de outro teste que não o 1º. Para isso, é necessário seguir as instruções detalhadas no manual. O processamento é feito automaticamente, sendo apresentada no final uma janela com os resultados.

- *Software* de processamento de forma completa:

Relativamente ao *software* cuja funcionalidade é o processamento de uma só vez, embora de forma iterativa, é necessário selecionar a experiência de aquisição que se pretende submeter para processamento.

Se a experiência de aquisição selecionada tiver apenas um teste, a análise é intra-vídeo, ou seja, existe a possibilidade de dividir o vídeo de teste em duas ou mais partes. Se se escolher dividir o vídeo em apenas duas partes, o processamento é feito, através da comparação entre o início e o fim do vídeo. Caso se escolha dividir o vídeo em mais de duas partes, existe a possibilidade de especificar os limites temporais para cada parte, em relação à duração do vídeo, ou de fazer *drag & drop* das imagens correspondentes a cada parte do mesmo. Se se pretender especificar os limites temporais para cada parte, em relação à duração do vídeo, é necessário indicar o nome do vídeo à saída, podendo-se definir um novo *frame rate* para este.

Assim que o processamento terminar, é possível observar os resultados de *clustering*, sendo que as imagens correspondentes aos gráficos com as distâncias de cada ponto de cada *cluster* ao respetivo centróide, bem como a imagem correspondente ao gráfico que exhibe a relação entre as duas primeiras componentes do resultado do PCA, são guardadas numa pasta com o nome *Graphs_Output*.

- *Software* de processamento até à obtenção do conjunto de dados das

features:

A funcionalidade deste *software* é a obtenção, em CSV, da informação das *features*, sendo permitido definir novas *features*. A definição de uma nova *feature* nesta fase resume-se apenas à indicação da respetiva fórmula, dado um conjunto de variáveis, ainda sem qualquer significado. Após a definição de uma nova *feature*, uma função que permita o cálculo desta, tendo como parâmetros de entrada as variáveis independentes e a respetiva equação, é criada num ficheiro *extra.py*, com o nome $\{FeatureName\}$ -*feature*. Tendo em conta que o nome da *feature* tem obrigatoriamente de ser uma e uma só letra maiúscula, esta pode já ter sido definida. Assim, é possível apagar automaticamente o código já existente no ficheiro *extra.py*, de forma a assegurar que o nome da *feature* é único no ficheiro

A informação das *features* é guardada num ficheiro CSV, sendo o respetivo nome definido pelo utilizador.

- *Software* de processamento da parte de *clustering* até à obtenção dos respetivos resultados:

Este *software* permite adicionar possíveis *features* que tenham sido definidas no *software* anterior, como *features* constantes, cujo valor depende das variáveis independentes, cujo valor é também aqui definido, ou como uma combinação linear de *features*. Assim, é necessário fazer o *upload* do *dataset* com as *features*. A definição da combinação linear de *features* é feita mediante a escolha das *features* que se pretende atribuir às variáveis independentes da *feature*-mãe em questão.

Finalizada esta etapa, segue-se a do processamento propriamente dito, este feito automaticamente. No fim do mesmo, é possível observar os resultados de *clustering*. No manual apresentado no Anexo C, é detalhado todo o procedimento de utilização dos programas desenvolvidos.

- *Software* de visualização alternativa dos resultados de *clustering*:

Existem vários métodos para visualização dos resultados de *clustering* para além do PCA, descritos na Tabela 3.2.

Este *software* tem uma *interface* simples, sendo neste caso feita uma etapa de *clustering*. O objetivo é fornecer mais informação acerca dos resultados de *clustering* obtidos através do *dataset* selecionado, utilizando para isso outros métodos para além do PCA. No manual apresentado no Anexo D, são apresentadas e comparadas com maior detalhe cada uma das técnicas. A consulta deste manual requer a consulta também do manual apresentado no Anexo B.

Tabela 3.2: Resumo de técnicas de visualização e interpretação dos dados de *clustering*.

Técnica de Visualização	Interpretação Principal	Abordagem Matemática
Scatter Visualization	Visualiza a distribuição e as relações entre duas <i>features</i> .	-
RadViz Visualization	Representa dados de alta dimensão num espaço 2D usando coordenadas radiais.	-
Parallel Coordinates Visualization	Representa dados multivariados usando eixos paralelos para cada <i>feature</i> .	-
Rank2D (Covariance) Visualization	Mostra a covariância entre pares de <i>features</i> usando uma matriz [62].	$\text{cov}(X_i, X_j) = \frac{\sum_{k=1}^n (x_{i,k} - \bar{x}_i)(x_{j,k} - \bar{x}_j)}{n-1}$
Rank2D (Pearson) Visualization	Exibe a correlação de Pearson entre pares de <i>features</i> usando uma matriz [63].	$\text{corr}(X_i, X_j) = \frac{\sum_{k=1}^n (x_{i,k} - \bar{x}_i)(x_{j,k} - \bar{x}_j)}{\sqrt{\sum_{k=1}^n (x_{i,k} - \bar{x}_i)^2} \sqrt{\sum_{k=1}^n (x_{j,k} - \bar{x}_j)^2}}$
Locally Linear Embedding (LLE) Manifold Visualization	LLE é uma técnica de aprendizagem múltipla que se concentra na preservação de relações de dados locais. O objetivo é encontrar uma representação de baixa dimensão dos dados, mantendo a geometria intrínseca do modelo <i>manifold</i> .	De um modo geral, o LLE, explicado com maior detalhe em [64], é composto pelas seguintes etapas: <ul style="list-style-type: none"> • Vizinhos mais próximos: Para cada amostra, identifica os seus k vizinhos mais próximos, no espaço de alta dimensão. • Matriz de "pesos": Para cada amostra, calcula os "pesos" que melhor descrevem a amostra, a partir dos seus vizinhos, usando combinações lineares. • "Incorporação" de baixa dimensão: Encontra uma representação de baixa dimensão para amostras que preservem as relações locais codificadas nos pesos.
Manifold Visualization (PCA)	Aplica PCA para redução de dimensionalidade e visualização.	Utiliza a decomposição de autovalores e autovetores para encontrar novos eixos que maximizam a variância dos dados [65].
Manifold Visualization (t-SNE)	Aplica t-Distributed Stochastic Neighbor Embedding (t-SNE) para redução de dimensionalidade não linear e visualização.	Minimiza a divergência entre distribuições de probabilidade de pares de pontos na representação original e reduzida [66].
Manifold Visualization (UMAP)	Utiliza Uniform Manifold Approximation and Projection (UMAP) para redução de dimensionalidade e visualização.	Maximiza a similaridade da vizinhança local entre pontos na representação original e reduzida [67].
Manifold Visualization (MDS)	Implementa Multidimensional Scaling (MDS) para redução de dimensionalidade baseada em métrica e visualização.	Minimiza a discrepância entre as distâncias euclidianas na representação original e reduzida [68].
Manifold Visualization (Isomap)	Implementa Isomap para preservar distâncias geodésicas durante a redução de dimensionalidade.	Estima as distâncias geodésicas entre pontos usando uma representação de grafos [69].

3.3 Trabalho adicional realizado

Uma das propostas de trabalho futuro apresentadas em [47] era o da realização das experiências num ambiente mais controlado, ou seja, com menor influência de parâmetros externos. Quando as condições experimentais não o permitem, é necessário atestar a qualidade dos registos feitos em instantes diferentes e com condições experimentais distintas. Assim, efetuou-se um estudo da qualidade da imagem ao longo das aquisições, de modo a garantir a maior estabilidade possível. Neste caso, é considerada a 1ª imagem como imagem de referência, e a 2ª imagem como imagem "degradada".

3.3.1 Estudo da evolução da qualidade de imagem ao longo das aquisições

3.3.1.1 Métodos utilizados

Após se obterem as ROI, executou-se o procedimento descrito pela Figura 3.16, sendo que cada bloco se refere ao conjunto das ROI das imagens de um determinado vídeo.

Calcularam-se várias *features*, abaixo descritas.

1. Mean Square Error (MSE) - Descritor, cujo valor é dado pela equação 3.13, em que Y_i representa o valor real ou observado da variável dependente para a i -ésima amostra, e \hat{Y}_i representa o valor estimado da variável dependente para a i -ésima amostra, obtido a partir do modelo de previsão. É uma métrica frequentemente utilizada em estatística, *machine learning* e em vários outros campos, para quantificar a diferença quadrática média entre valores previstos e reais. Esta fornece uma medida do quão bem as previsões de um modelo se alinham com as observações verdadeiras.

$$MSE = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (Y_i - \hat{Y}_i)^2 \quad (3.13)$$

2. Root Mean Square Error (RMSE) - Descritor, cujo valor é dado pela equação 3.14, em que x_i representa o valor real ou observado da variável dependente para a i -ésima amostra, \hat{x}_i representa o valor estimado da variável dependente para a i -ésima amostra, obtido a partir do modelo de previsão, e N representa o número total de amostras no conjunto de dados. É uma métrica frequentemente utilizada para avaliar a precisão de um modelo preditivo, especialmente em análises de regressão e *machine learning*. É uma variação do erro quadrático médio (MSE) e fornece uma medida da magnitude

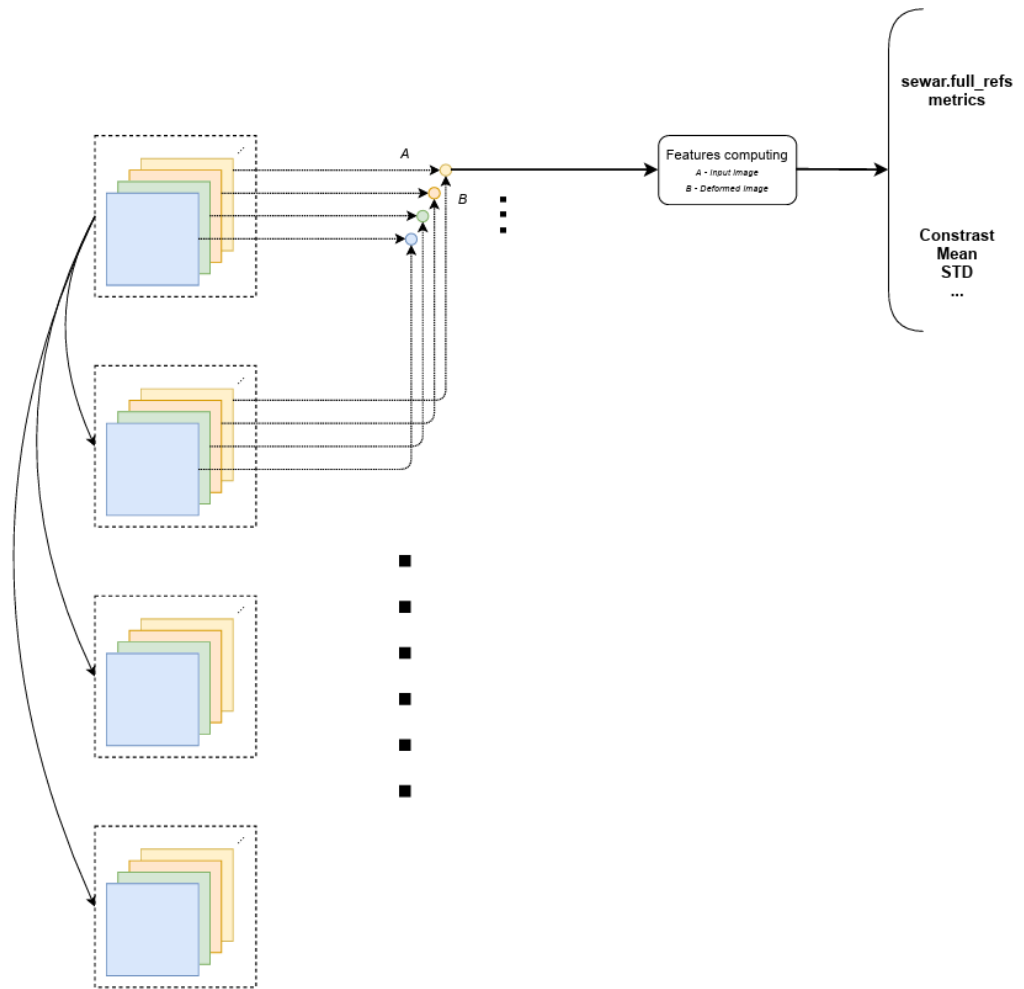


Figura 3.16: Procedimento antes da aplicação das *features*, relativamente ao estudo da evolução da qualidade de imagem.

média dos erros entre os valores previstos e reais, sendo expresso nas unidades originais dos dados.

$$RMSE = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^N (x_i - \hat{x}_i)^2}{N}} \quad (3.14)$$

3. RMSE_SINGLE - RMSE depois da aplicação de um filtro uniforme [70], para um *window_size = 50*.
4. RMSE_SW - RMSE depois da aplicação de um filtro uniforme, para um *window_size = 8*.
5. Peak Signal-to-Noise Ratio (PSNR) [71] - Descritor, cujo valor é dado pela equação 3.15. É uma métrica frequentemente utilizada para avaliar a qualidade de uma imagem reconstruída ou comprimida. Esta mede a fidelidade de uma imagem comparando a

imagem original com a sua versão comprimida ou reconstruída, fornecendo uma medida quantitativa da relação sinal-ruído.

$$PSNR = 10 \log_{10} \left(\frac{Max^2}{MSE} \right) \quad (3.15)$$

6. Universal Quality Indicator (UQI) [72]) - Este coeficiente é calculado através do esquema representado na Figura 3.17. É uma métrica utilizada para avaliar a qualidade das imagens. Esta foi projetada para fornecer uma medida quantitativa que reflita a qualidade percebida de uma imagem, levando em consideração vários aspectos da percepção visual humana. O UQI é particularmente utilizado no contexto de processamento de imagens e avaliação de qualidade de imagens. Os valores do UQI normalmente variam de 0 a 1, sendo que 1 indica uma perfeita similaridade de imagem. Um valor de UQI mais alto sugere uma imagem de maior qualidade, enquanto que um valor mais baixo indica uma maior dissimilaridade entre as imagens originais e as processadas. O UQI é bastante usado em aplicações de processamento de imagem e vídeo, podendo ser utilizado em tarefas como compressão de imagens, melhoramento de imagens e restauração de imagens. Embora o UQI seja concebido para ser uma métrica abrangente, pode não capturar todos os aspectos da percepção humana e a sua eficiência pode variar dependendo das características específicas das imagens que estão a ser comparadas.

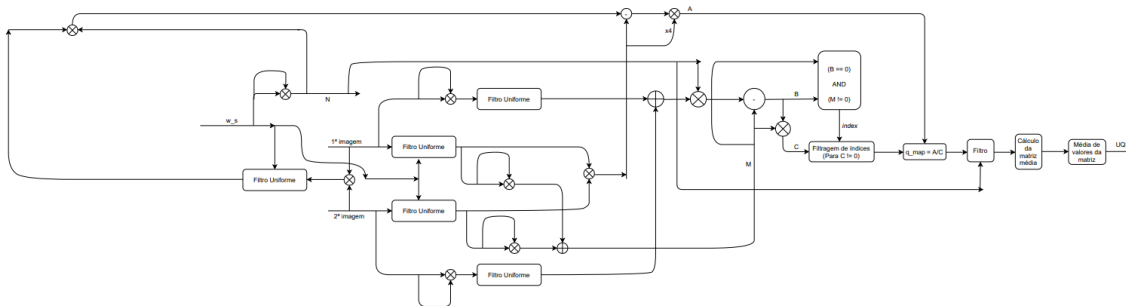


Figura 3.17: Cálculo do coeficiente UQI a partir de duas imagens (a "original" e a "defeituosa")

7. **UQI_SINGLE** - UQI antes de se calcular a média dos valores obtidos.

8. Structural Similarity Index (SSIM) [73] - Descritor, cujo valor é dado pela equação 3.16. É uma métrica amplamente utilizada para avaliar a qualidade de imagens ou de *frames* de vídeos. Este foi projetado para medir a semelhança estrutural entre uma imagem original e uma versão modificada ou comprimida. O SSIM leva em consideração vários aspectos da percepção visual humana, incluindo a luminância, o contraste e a estrutura. Os três componentes do SSIM são definidos da seguinte forma.

- *Luminância (l)*: Mede a semelhança de brilho entre as duas imagens.
- *Contraste (c)*: Mede a similaridade do contraste.
- *Estrutura(s)*: Mede a similaridade estrutural, representando a distribuição espacial dos pixels.

Os valores de SSIM variam de -1 a 1, sendo que 1 indica uma perfeita semelhança entre as duas imagens. Um valor de SSIM mais alto implica uma imagem de maior qualidade. Este fornece uma avaliação mais abrangente da qualidade da imagem em comparação com métricas aos nível dos pixels. O SSIM pode ter limitações em cenários onde a informação estrutural não é o principal fator que afeta a qualidade percebida da imagem.

$$SSIM = \frac{(2\mu_x\mu_y + c_1)(2\sigma_{xy} + c_2)}{(\mu_x^2 + \mu_y^2 + c_1)(\sigma_x^2 + \sigma_y^2 + c_2)} \quad (3.16)$$

9. Error Relative Global Dimensionless Synthesis (ERGAS) - Descritor, cujo valor é dado pela equação 3.17. O quociente $\frac{h}{l}$ tem em conta as várias resoluções da imagem ($h \times l$). É uma métrica de avaliação de qualidade de imagem usada para avaliar o desempenho de métodos de compressão de imagem. É particularmente útil em processamento de imagens de satélite. O ERGAS fornece uma medida do erro relativo entre as imagens originais e comprimidas, levando em consideração características globais e locais [74]. O ERGAS é normalmente expresso em percentagem. Um valor de ERGAS mais baixo indica uma melhor qualidade de imagem.

$$ERGAS = 100 \frac{h}{l} \sqrt{\frac{1}{N} \sum_{k=1}^N \frac{RMSE^2}{Media^2}} \quad (3.17)$$

10. Spatial Correlation Coefficient (SCC) - Descritor, cujo valor é dado pela equação 3.18. É uma métrica utilizada em processamento de imagens para quantificar a semelhança espacial entre duas imagens. Este mede o quão bem os padrões espaciais numa imagem correspondem aos de outra. O SCC é particularmente relevante em aplicações em que a compreensão da relação espacial entre os valores dos pixels é crucial, como na comparação de imagens aéreas ou de satélite. Embora o SCC forneça informações valiosas sobre a correlação espacial, este pode não capturar todos os aspectos da qualidade perceptual da imagem. Além disso, a sua eficiência pode ser influenciada por fatores como o ruído, distorções geométricas ou alterações na iluminação.

$$SCC = \nabla_{x,y}^2 \left(\frac{1}{\sigma_x \sigma_y} \frac{\sum_{i=1}^N [(x_i - \bar{x}) \times (y_i - \bar{y})]}{N - 1} \right) \quad (3.18)$$

11. Relative Average Spectral Error (RASE) - Descritor, cujo valor é dado pela equação 3.19. É uma métrica usada em processamento de imagens para quantificar a semelhança ou dissimilaridade espectral entre dois vetores espectrais, geralmente correspondendo a imagens diferentes. Este fornece uma medida do quão bem as características espectrais de um conjunto de dados correspondem às de outro. O RASE é normalmente expresso em porcentagem, sendo que valores mais baixos indicam uma melhor similaridade espectral. Um valor de 0% indicaria uma correspondência espectral perfeita, enquanto que valores mais altos representam um aumento das diferenças espectrais. Os vetores espectrais representam os valores de uma imagem em diferentes bandas espectrais. Para imagens multiespectrais ou hiperespectrais, cada píxel possui um vetor espectral que caracteriza a sua reflectância ou radiância em vários comprimentos de onda. O RASE é uma medida ponderada que considera tanto a diferença absoluta como a soma dos valores em cada banda espectral. Tal torna-o robusto a variações de magnitude em diferentes bandas. Embora o RASE forneça bastantes informações sobre as diferenças espectrais, este não tem em conta as informações espaciais. Em alguns casos, a combinação de métricas espectrais e espaciais pode oferecer uma avaliação mais abrangente da qualidade da imagem, ou de alterações na mesma. Em [75] é também utilizada esta *feature*.

$$RASE = \frac{100}{\frac{1}{N} \sum_{k=1}^N Media_k} \sqrt{\frac{1}{N} \sum_{k=1}^N RMSE_k^2} \quad (3.19)$$

12. Spectral Angle Mapper (SAM) - Descritor, cujo valor é dado pela equação 3.20, que pode também ser interpretado como um algoritmo de classificação espectral, utilizado em análise de imagens, na classificação de pixels em imagens multiespectrais ou hiperespectrais com base na sua semelhança espectral com espectros de referência. O algoritmo SAM calcula o ângulo espectral entre a representação espectral de um píxel e um espectro de referência, fornecendo uma medida de similaridade. O algoritmo SAM classifica um píxel com base no menor ângulo espectral para um conjunto de espectros de referência. O píxel é atribuído à classe (espectro de referência) com o menor ângulo espectral. O ângulo espectral é normalmente medido em radianos, variando de 0° (correspondência perfeita - 0 radianos) a 90° (espectros ortogonais ou diferentes

- $\frac{\pi}{2}$ radianos). É mais adequado a cenários onde a informação espectral é crítica e é menos sensível a variações das condições de iluminação. Este pode ser utilizado para cenários com objetos claros e escuros de forma eficaz. No entanto, pode não ter um bom desempenho nos casos em que a informação espacial é crucial, uma vez que se concentra principalmente nas características espectrais. Além disso, assume que as diferenças espectrais são os principais indicadores das diferenças entre classes. Existem variações do SAM, como o Extended Spectral Angle Mapper (ESAM), que incorpora informações ou restrições adicionais para melhorar o desempenho da classificação. Em [75] é também utilizada esta *feature*.

$$SAM = \arccos \left(\frac{\sum_{i=1}^{N_b} t_i r_i}{\sqrt{\sum_{i=1}^{N_b} t_i^2} \sqrt{\sum_{i=1}^{N_b} r_i^2}} \right) \quad (3.20)$$

13. Multi-Scale Structural Similarity (MSSSIM) - Descritor, cujo valor é dado pela equação 3.21. É uma extensão do SSIM. Enquanto que o SSIM se concentra na captura de informações estruturais numa única escala, o MSSSIM tem em consideração múltiplas escalas para fornecer uma medida mais abrangente da qualidade da imagem. Assim, este decompõe as imagens à entrada em múltiplas escalas utilizando uma pirâmide gaussiana. Cada escala corresponde a um nível diferente de detalhe ou resolução. O MSSSIM introduz "pesos" escalares para enfatizar a importância de certas escalas em detrimento de outras, uma vez que determinadas informações estruturais podem ser mais críticas em escalas específicas. Semelhante ao SSIM, o índice MSSSIM varia de 0 a 1, onde 1 indica uma similaridade perfeita e 0 indica que não existe qualquer similaridade. O MSSSIM tende a fornecer resultados mais precisos em comparação ao SSIM para cenários onde as imagens sofrem alterações de escala ou de resolução. Este pode ser mais adequado para situações em que determinadas distorções afetam diferentes escalas de forma diferente. Em [76] esta *feature* é também utilizada, sendo ainda feita uma comparação desta com outras já mencionadas.

$$MSSSIM = \frac{1}{M} \sum_{j=1}^M SSIM(x_j, y_j) \quad (3.21)$$

14. Visual Information Fidelity (VIFP) [77] - Descritor que representa uma extensão melhorada do VIF, cujo valor é dado pela equação 3.22. É uma métrica utilizada na

avaliação da qualidade de imagem e vídeo. Este foi projetado para avaliar a fidelidade ou qualidade perceptiva das imagens, quantificando a preservação da informação visual. Este avalia o quão bem uma imagem preserva informações visuais importantes em comparação com uma imagem de referência, através de uma técnica de decomposição escala-espço para analisar as imagens em múltiplas escalas. Tal ajuda na captura de informações em diferentes níveis de detalhe. O VIFP tem em consideração informações locais e globais, garantindo que a métrica é sensível tanto aos detalhes subtis como às características estruturais gerais das imagens. O VIFP divide as imagens em regiões locais e avalia a fidelidade da informação dentro de cada região, permitindo uma avaliação mais localizada da qualidade da imagem. O VIFP foi projetado para ser robusto contra alterações de luminância e contraste, tornando-o adequado para avaliar a qualidade de imagens com níveis variados de brilho e contraste. O coeficiente VIFP normalmente varia de 0 a 1, onde 1 indica uma perfeita fidelidade da informação e 0 indica que não existe qualquer fidelidade.

$$VIF = \frac{\sum_{j \in \text{subbands}} \left[\frac{1}{2} \sum_{n=1}^N \sum_{k=1}^M \log_2 \left(1 + \frac{g_n^2 s_n^2 \lambda_k}{\sigma_V^2 + \sigma_H^2} \right) \right]}{\sum_{j \in \text{subbands}} \left[\frac{1}{2} \sum_{n=1}^N \sum_{k=1}^M \log_2 \left(1 + \frac{s_n^2 \lambda_k}{\sigma_H^2} \right) \right]} \quad (3.22)$$

15. PSNRB (*PSNR* para imagens do tipo B).
16. Mean - Média dos valores dos píxeis da imagem, \bar{x} .
17. Standard Deviation - Desvio padrão dos valores dos píxeis da imagem, σ_x .
18. Contrast - Descritor, cujo valor é dado pela equação 3.1.
19. Angular Second Moment (ASM) - Descritor, cujo valor é dado pela equação 3.23. É uma medida estatística utilizada no processamento de imagens para caracterizar a textura ou homogeneidade de uma imagem. Faz parte do conjunto de *features* de textura de Haralick [78]. O ASM quantifica a homogeneidade local ou uniformidade das intensidades dos píxeis numa imagem. É calculado através da soma dos elementos quadrados da Gray-Level Co-occurrence Matrix (GLCM) de uma imagem [79]. GLCM é uma matriz que captura a distribuição de probabilidade conjunta de pares de intensidades de píxeis numa relação espacial especificada (por exemplo, pares de pixels com uma certa distância e orientação). Os valores de ASM variam de 0 a 1. Um valor de ASM alto sugere que os valores dos píxeis na imagem são relativamente constantes e homogéneos,

contribuindo para uma textura mais suave. Por outro lado, um valor baixo de ASM indica uma textura mais variada e heterogênea. O ASM e outras *features* de textura de Haralick são amplamente utilizadas na análise de imagens e visão computacional para tarefas como classificação de texturas, segmentação e reconhecimento de objetos. Estes fornecem medidas quantitativas de propriedades de textura que podem ser importantes em diversas aplicações. O ASM é invariante a mudanças monotônicas na intensidade da imagem, ou seja, o respetivo valor não varia mesmo que o brilho ou o contraste geral da imagem seja ajustado.

$$ASM = \sum_{i=1}^G \sum_{j=1}^G p(i, j)^2 \quad (3.23)$$

20. Maximum value - Representa o valor do píxel mais luminoso na imagem (valor mais elevado).

Existem ainda outras *features* a explorar:

1. Spectral Correlation Angle (SCA) - Descritor, cujo valor é dado pela equação 3.24. É uma métrica utilizada no processamento de sinais e análise espectral para quantificar a similaridade entre duas funções Power Spectral Density (PSD) ou vetores espectrais. Mede a semelhança angular entre os espectros num espaço multidimensional. No contexto do processamento de sinais, um vetor espectral representa a distribuição de potência ou energia em diferentes gamas de frequência. Os vetores espectrais são frequentemente obtidos através de técnicas como as transformadas de Fourier [80]. O SCA varia de 0 a π (radianos). Um ângulo menor indica um maior grau de similaridade, enquanto um ângulo maior sugere maior dissimilaridade entre os espectros. O SCA é frequentemente utilizado em processamento de sinais de radar, comunicações sem fios e processamento de sinais de áudio. É particularmente útil em cenários onde é fundamental compreender a semelhança ou dissimilaridade entre as componentes de frequência. A métrica é aplicada no domínio da frequência, tornando-a adequada para a análise do conteúdo espectral dos sinais. Com esta, é possível compreender melhor a composição das várias frequências e a estrutura dos sinais.

$$SCA = \arccos \left(\frac{\frac{\langle x-\bar{x}, y-\bar{y} \rangle}{\|x-\bar{x}\| \|y-\bar{y}\|} + 1}{2} \right) \quad (3.24)$$

2. Spectral Correlation Mapper (SCM) [81] - Descritor, cujo valor é dado pela equação 3.25. É um derivado do coeficiente de correlação de Pearson que elimina a correlação negativa e mantém a característica do SAM de minimização do efeito de sombra, obtendo-se melhores resultados. O SCM varia de -1 a 1 . Existem outras *features* baseadas nesta, como o Spectral Identification Method (SIM) [82]. O SIM utiliza também o método Analysis of Variance (ANOVA), que é um método estatístico utilizado para analisar as diferenças entre as médias dos grupos numa amostra.

$$SCM = \arccos \left(\nabla_{x,y} \left(\frac{\sum(x - \bar{x})(y - \bar{y})}{\sqrt{\sum(x - \bar{x})^2 \sum(y - \bar{y})^2}} \right) \right) \quad (3.25)$$

3. Para além destas *features* espetais, estão indicadas outras em [83].

Em [84] são apresentadas também várias *features*, bem como a respetiva aplicação.

De modo a reduzir o número de *features*, aplicou-se o procedimento descrito na Figura 3.18. Calcula-se o desvio-padrão dos dados de cada uma das *features* existentes. As métricas que apresentarem um maior desvio-padrão fornecem mais informação. Assim, são extraídas as 16 métricas com maior desvio-padrão. É de seguida aplicado o PCA com o objetivo de redução da dimensionalidade do conjunto de *features*, obtendo-se apenas 5 *features* no final, das 21 consideradas no início do procedimento.



Figura 3.18: Algoritmo de redução de *features*.

4 RESULTADOS E VALIDAÇÃO EXPERIMENTAL

O principal resultado deste trabalho traduz-se no funcionalismo do equipamento desenvolvido para a aquisição, e na versatilidade da metodologia proposta de processamento. Relativamente à primeira abordagem apresentada através de PCA seguido de *clustering*, os resultados estão apresentados na Figura 4.1. No sentido de se analisar com mais pormenor são apresentadas duas das representações da mesma na Figura 4.2.

De igual forma se apresentam os gráficos relativos à avaliação de qualidade da imagem na Figura 4.3. No sentido de se analisar com mais pormenor são apresentadas duas das representações da mesma na Figura 4.4.

Relativamente aos resultados apresentados na Figura 4.4 b) é possível observar uma maior dispersão relativa à classe A (quando se compara com a classe B) através da representação relativa aos vídeos 1 e 16. Esta dispersão não é tão evidente se analisarmos a Figura 4.4 a) onde os valores da classe B apresentam menor variação (principalmente associada à primeira componente).

Na verdade, o intervalo de tempo entre os vídeos 1 e 16 é de quatro horas, e portanto, neste período as bactérias tiveram tempo para se multiplicar. Assim, existe uma maior variabilidade e dispersão nos valores de correlação associada a este estado devido à intensa atividade bacteriana e ao seu impacto no sinal de *speckle*.

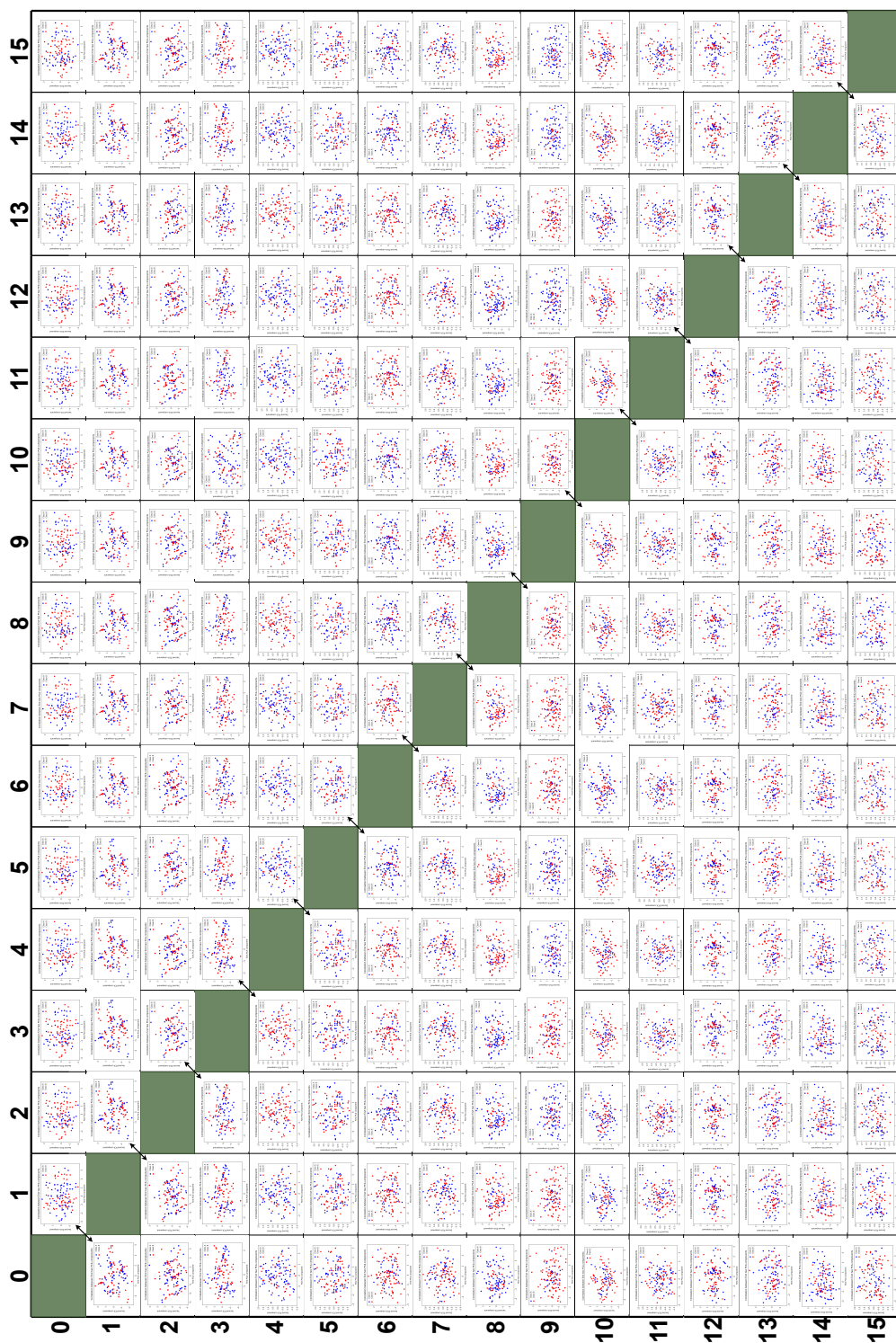


Figura 4.1: Resultados do PCA obtidos, para 16 testes, relativamente aos resultados de *clustering*.

Para testar uma forma alternativa de processamento que possa correr num computador disponível no laboratório, foi testada uma abordagem mais simples para avaliação da atividade antimicrobiana em meio de cultura sólido.

As condições experimentais foram as mesmas apresentadas anteriormente, onde foi preparada uma cultura de *pseudomonas aeruginosa spp*, que após crescimento foi retirada uma colónia

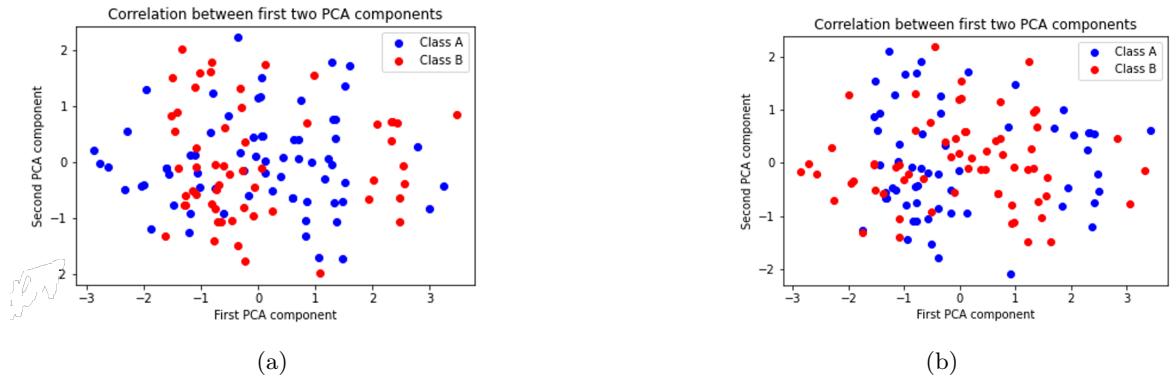


Figura 4.2: Resultado da comparação entre vídeos: a) entre o vídeo 1 e o vídeo 2; b) entre o vídeo 1 e o vídeo 16.

para uma nova placa sendo este o tempo zero.

Para a aquisição foi definido um período de 4 horas a partir do tempo zero com vídeos de 5 segundos e tempo entre aquisições de 15 minutos, num total de 16 vídeos.

Para cada conjunto de *frames* (taxa de aquisição de 25 *frames*/por segundo), e para cada vídeo (para cada ROI, 1 ROI por imagem) foram calculadas as métricas: média, desvio-padrão e contraste médio.

No sentido de perceber a influência do número de *frames* no resultado das métricas, foram testados vários conjuntos de imagens para cada métrica, em cada um dos vídeos. Assim, os resultados que em seguida se apresentam mostram no eixo horizontal o número de *frames* que foram consideradas em cada um dos vídeos que foram utilizados na experiência (1.^o, 5.^o, 10.^o e 16.^o), e que correspondem respectivamente a tempos de aquisição zero, 1 hora, 2 horas e quinze minutos e 3 horas e quarenta e cinco minutos.

O valor do contraste, definido através do quociente entre o desvio padrão e a média tem sido utilizado como uma métrica estável para avaliar a atividade em *laser speckle*. Um valor mais alto de contraste corresponde a atividade mais reduzida e vice-versa.

Neste caso, como as bactérias foram colocadas em meio de cultura com alimento para crescerem e com ambiente controlado de 37 graus, é esperado que com o passar do tempo a sua atividade aumente, e portanto, que o contraste apresente valores com tendência decrescente.

Através da análise da Figura 4.5, e em particular do contraste, é possível verificar uma diminuição do contraste com o tempo, apresentando reduções muito significativas passado uma hora, um tempo bastante interessante (pequeno) para o tipo de bactéria em causa. Nos gráficos da média, desvio-padrão e contraste, o eixo das abcissas representa o n^o de imagens consideradas na análise. O eixo das ordenadas do gráfico da análise dos picos, refere-se

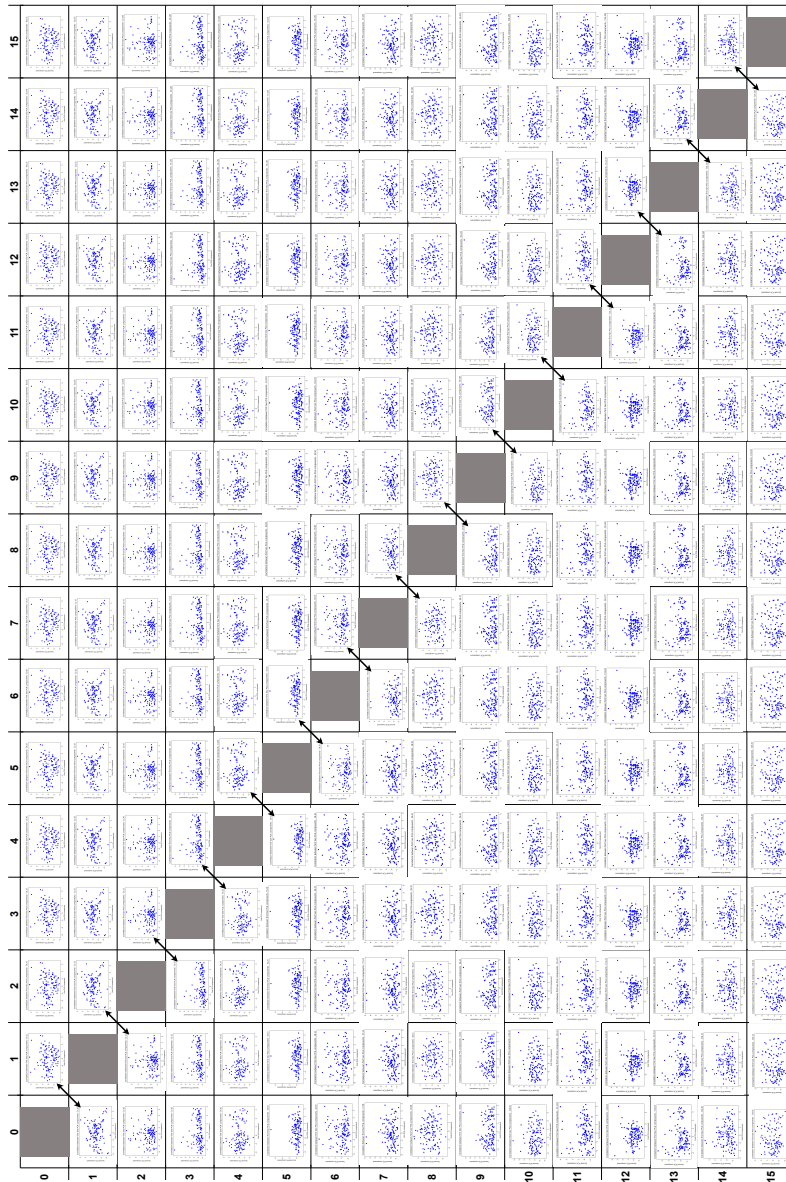


Figura 4.3: Resultados do PCA obtidos, para 16 testes, relativamente à evolução da qualidade de imagem.

também ao contraste.

Adicionalmente foi possível verificar através do gráfico dos valores máximos que até às 10 frames todos os vídeos apresentam máximos nas curvas de contraste, sendo este portanto o valor suficiente que se deve considerar para o cálculo das métricas em cada vídeo. De notar ainda que se forem considerados números elevados de frames (mais de 100) os valores do

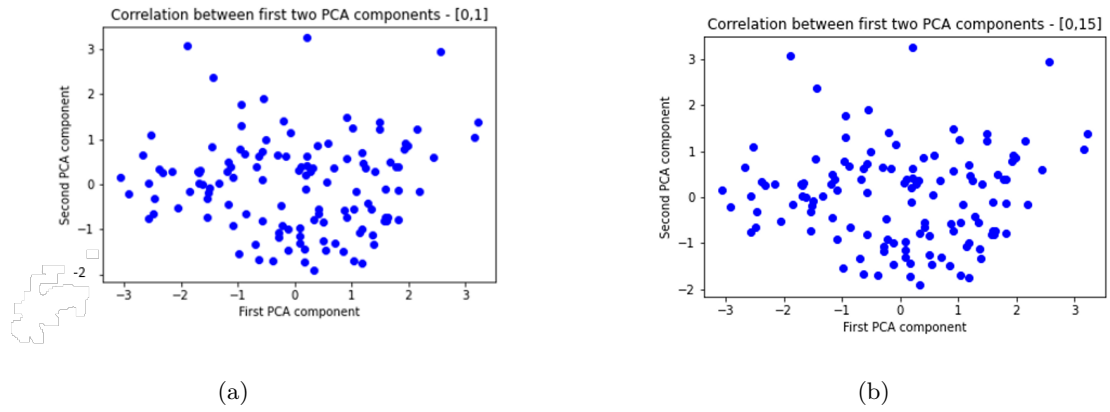


Figura 4.4: Resultado da comparação entre vídeos, relativo à avaliação de qualidade da imagem: a) entre o vídeo 1 e o vídeo 2; b) entre o vídeo 1 e o vídeo 16.

contraste começam a apresentar alguma inconsistência.

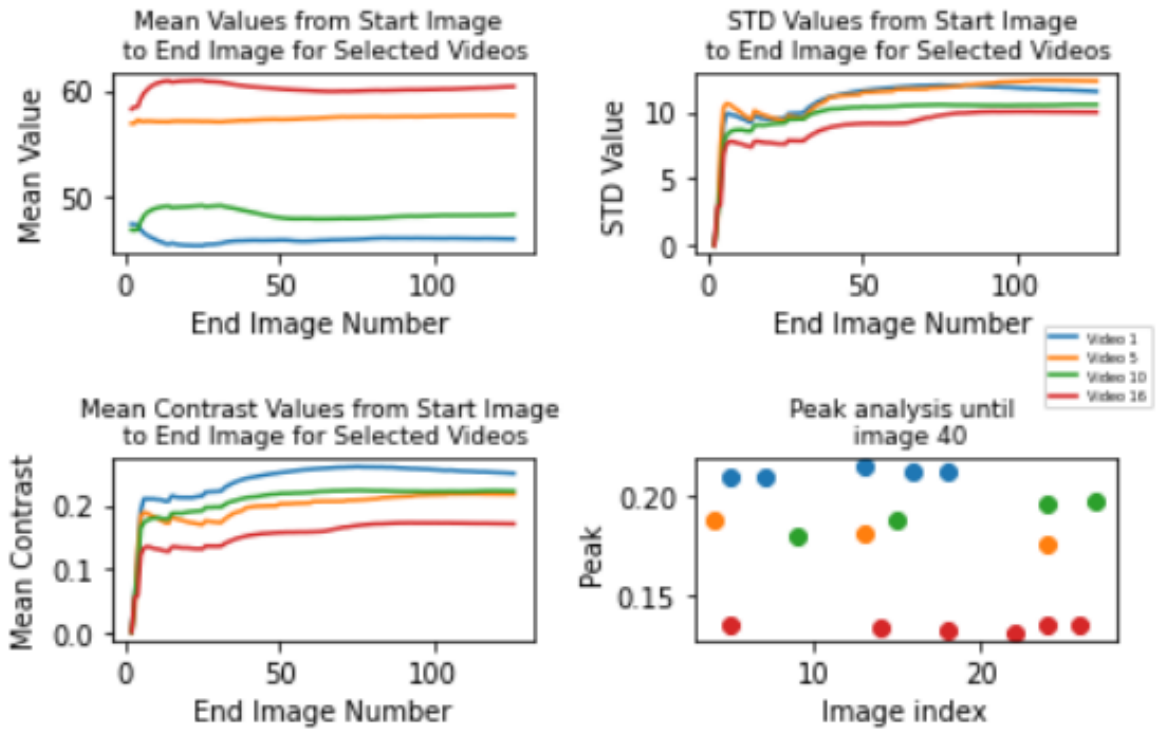


Figura 4.5: Resultados obtidos para os vídeos 1, 5, 10 e 16, considerando um conjunto de imagens de tamanho dinâmico desde a inicial e a subsequente até à inicial e a final.

No sentido de aplicar a mesma metodologia que foi apresentada no capítulo anterior, apresentam-se os resultados do *clustering* na Figura 4.1.

Esta página foi intencionalmente deixada em branco.

5 CONCLUSÃO E TRABALHO FUTURO

Neste capítulo são apresentadas as conclusões do trabalho apresentado anteriormente, sendo feita uma análise crítica geral aos resultados obtidos. São ainda apresentadas sugestões de trabalho futuro.

5.1 Conclusão

O principal objetivo desta dissertação foi o da conceção de um sistema de aquisição e processamento, para estudar a atividade bacteriana ao longo do tempo, utilizando a tecnologia de *laser speckle*. Com base nos resultados obtidos, conclui-se que a métrica contraste é inversamente proporcional ao tempo decorrido na experiência de aquisição. A diminuição do contraste traduz-se precisamente num aumento da atividade bacteriana. Conclui-se ainda que, do estudo realizado relativamente à variação da qualidade das imagens obtidas, o *setup* utilizado demonstrou-se funcional, não tendo existido variações de luminosidade significativas que prejudicassem a qualidade das imagens ao longo do tempo.

Mais ainda, o sistema teria de ser suficientemente versátil para permitir alterar os parâmetros de aquisição em laboratório, de forma acessível no sentido de se realizarem baterias de testes com amostras em cultura, com ou sem antibiótico.

Das experiências realizadas e dos resultados aqui apresentados é evidente que a versatilidade relativa aos tempos de registo bem como ao número de vídeos foi conseguida.

Um dos constrangimentos é relativo ao tempo total de processamento que pode ser demorado com a metodologia *PCA+Clustering*, mas que pode aparentemente ser ultrapassado usando metodologias mais clássicas de processamento (que só foram testadas em ambiente

laboratorial controlado de células em cultura, e não com amostras de fluidos contaminados).

5.2 Trabalho Futuro

Como trabalho futuro, uma das tarefas a concretizar seria a de tornar os *softwares* desenvolvidos em *python open-source*, bem como converter os mesmos para formato executável, *.exe*. Uma outra sugestão para trabalho futuro seria a utilização de *dockers*, para que o projeto desenvolvido possa ser utilizado em qualquer sistema operativo (para além do Windows, por exemplo, em Linux ou em Mac)

O desafio adicional para que o *setup* seja ainda mais funcional e adequado às experiências de validação de conceito prende-se com a construção de uma forma adicional de incluir mais *lasers* (com outros comprimentos de onda e potências) e de conceber um sistema para amostras biológicas em cultura em meio líquido.

Bibliografia

- [1] Timothy R Walsh et al. *Antimicrobial resistance: addressing a global threat to humanity*. 2023.
- [2] Nele Brusselaers, Dirk Vogelaers e Stijn Blot. «The rising problem of antimicrobial resistance in the intensive care unit». Em: *Annals of intensive care* 1 (2011), pp. 1–7.
- [3] Julia S Garner et al. «CDC definitions for nosocomial infections, 1988». Em: *American journal of infection control* 16.3 (1988), pp. 128–140.
- [4] W Bereket et al. «Update on bacterial nosocomial infections.» Em: *European Review for Medical & Pharmacological Sciences* 16.8 (2012).
- [5] Borg MA. «Bed occupancy and overcrowding as determinant factors in the incidence of MRSA infections within general ward settings». Em: *J Hosp Infect* 54 (2003), pp. 316–318.
- [6] Rachel J Gordon e Franklin D Lowy. «Pathogenesis of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* infection». Em: *Clinical infectious diseases* 46.Supplement_5 (2008), S350–S359.
- [7] James A Driscoll, Steven L Brody e Marin H Kollef. «The epidemiology, pathogenesis and treatment of *Pseudomonas aeruginosa* infections». Em: *Drugs* 67 (2007), pp. 351–368.
- [8] J Carlet et al. «Multidrug resistant infections in the ICU: mechanisms, prevention and treatment. In 25 Years of progress and innovation in intensive care medicine. Edited by: Kuhlen R, Moreno R, Ranieri VM, Rhodes A». Em: *Medizinisch Wissenschaftliche Verlagsgesellschaft* (2007), pp. 199–211.

- [9] Cassandra D Salgado, Naomi O’Grady e Barry M Farr. «Prevention and control of antimicrobial-resistant infections in intensive care patients». Em: *Critical care medicine* 33.10 (2005), pp. 2373–2382.
- [10] J Christopher Dainty. *Laser speckle and related phenomena*. Vol. 9. Springer science & business Media, 2013.
- [11] TS McKechnie. «Speckle reduction». Em: *Laser speckle and related phenomena*. Springer, 1975, pp. 123–170.
- [12] Shanta Hardas Patil e Rishikesh Kulkarni. «Surface roughness measurement based on singular value decomposition of objective speckle pattern». Em: *Optics and Lasers in Engineering* 150 (2022), p. 106847.
- [13] G Crammond, SW Boyd e JM Dulieu-Barton. «Speckle pattern quality assessment for digital image correlation». Em: *Optics and Lasers in Engineering* 51.12 (2013), pp. 1368–1378.
- [14] Rajpal S Sirohi. *Speckle metrology*. CRC Press, 2020.
- [15] Chandra S Vikram. «Novel applications of speckle metrology». Em: *Speckle Metrology*. CRC Press, 2020, pp. 195–234.
- [16] J Christopher Dainty. «Stellar speckle interferometry». Em: *Laser speckle and related phenomena*. Springer, 1984, pp. 255–280.
- [17] Menghan Hu et al. «Application of biospeckle on analysis of agricultural products quality». Em: *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering* 29.24 (2013), pp. 284–292.
- [18] LKT Srimal, UM Rajagopalan e H Kadono. «Functional optical coherence tomography (fOCT) biospeckle imaging to investigate response of plant leaves to ultra-short term exposure of Ozone». Em: *Journal of Physics: Conference Series*. Vol. 605. 1. IOP Publishing. 2015, p. 012013.
- [19] Hilda Cristina Grassi et al. «A prototype biospecklemeter for microbiological analysis: a starting point for a potential digital-image laser antibiotic susceptibility test». Em: *Laser Physics* 32.9 (2022), p. 095604.
- [20] Oliver Thompson. «Interpretation and medical application of laser biospeckle». Tese de doutoramento. ResearchSpace@ Auckland, 2014.
- [21] Yet al Aizu e T Asakura. «Bio-speckle phenomena and their application to the evaluation of blood flow». Em: *Optics & Laser Technology* 23.4 (1991), pp. 205–219.

- [22] Doaa Youssef et al. «Biospeckle local contrast analysis for surface roughness study of articular cartilage». Em: *Optik* 183 (2019), pp. 55–64.
- [23] et al. Magiorakos AP Srinivasan A. «Multidrug-resistant, extensively drug-resistant and pandrugresistant bacteria: an international expert proposal for interim standard definitions for aquired resistance». Em: *Clin Microbiol Infect* 2012 18 (2011), pp. 268–281. DOI: 10.1111/J.1469-0691.2011.03570.x.
- [24] Sónia G. Pereira, Juan Verdugo e Rui Fonseca-Pinto. «Rapid Antimicrobial Susceptibility Testing Using Laser Speckle Technology». Em: *2022 45th Jubilee International Convention on Information, Communication and Electronic Technology (MIPRO), Opatija, Croatia*. 2022, pp. 389–392. DOI: 10.23919/MIPRO55190.2022.9803789.
- [25] Ina Gajic et al. «Antimicrobial susceptibility testing: A comprehensive review of currently used methods». Em: *Antibiotics* 11.4 (2022), p. 427.
- [26] Philipp Oberhettinger et al. «Evaluation of two rapid molecular test systems to establish an algorithm for fast identification of bacterial pathogens from positive blood cultures». Em: *European Journal of Clinical Microbiology & Infectious Diseases* 39 (2020), pp. 1147–1157.
- [27] Yannick Charretier e Jacques Schrenzel. «Mass spectrometry methods for predicting antibiotic resistance». Em: *PROTEOMICS–Clinical Applications* 10.9-10 (2016), pp. 964–981.
- [28] G Dubourg, B Lamy e R Ruimy. «Rapid phenotypic methods to improve the diagnosis of bacterial bloodstream infections: meeting the challenge to reduce the time to result». Em: *Clinical Microbiology and Infection* 24.9 (2018), pp. 935–943.
- [29] A Bizzini e G Greub. «Matrix-assisted laser desorption ionization time-of-flight mass spectrometry, a revolution in clinical microbial identification». Em: *Clinical Microbiology and infection* 16.11 (2010), pp. 1614–1619.
- [30] Giannoula S Tansarli e Kimberle C Chapin. «Diagnostic test accuracy of the BioFire® FilmArray® meningitis/encephalitis panel: a systematic review and meta-analysis». Em: *Clinical Microbiology and Infection* 26.3 (2020), pp. 281–290.
- [31] Jonathan E Schmitz e Yi-Wei Tang. «The GenMark ePlex®: another weapon in the syndromic arsenal for infection diagnosis». Em: *Future microbiology* 13.16 (2018), pp. 1697–1708.
- [32] S Emonet et al. «Application and use of various mass spectrometry methods in clinical microbiology». Em: *Clinical Microbiology and Infection* 16.11 (2010), pp. 1604–1613.

- [33] Hanan Awad, Mona M Khamis e Anas El-Aneed. «Mass spectrometry, review of the basics: ionization». Em: *Applied Spectroscopy Reviews* 50.2 (2015), pp. 158–175.
- [34] Matthias Karrasch et al. «Early adjustment of antimicrobial therapy after PCR/electrospray ionization mass spectrometry-based pathogen detection in critically ill patients with suspected sepsis». Em: *Clinical Chemistry and Laboratory Medicine (CCLM)* 56.8 (2018), e207–e209.
- [35] Wilfried MA Niessen. *Liquid chromatography-mass spectrometry*. CRC press, 2006.
- [36] Zeeshan A Khan, Mohd F Siddiqui e Seungkyung Park. «Current and emerging methods of antibiotic susceptibility testing». Em: *Diagnostics* 9.2 (2019), p. 49.
- [37] Eduardo Asín-Prieto, Alicia Rodríguez-Gascón e Arantxazu Isla. «Applications of the pharmacokinetic/pharmacodynamic (PK/PD) analysis of antimicrobial agents». Em: *Journal of Infection and Chemotherapy* 21.5 (2015), pp. 319–329.
- [38] Beata Kowalska-Krochmal e Ruth Dudek-Wicher. «The minimum inhibitory concentration of antibiotics: Methods, interpretation, clinical relevance». Em: *Pathogens* 10.2 (2021), p. 165.
- [39] Fabio Arena et al. «Antibiotic susceptibility testing: present and future». Em: *The Pediatric infectious disease journal* 34.10 (2015), pp. 1128–1130.
- [40] Timothy JJ Inglis e Oskar Ekelund. «Rapid antimicrobial susceptibility tests for sepsis; the road ahead». Em: *Journal of Medical Microbiology* 68.7 (2019), pp. 973–977.
- [41] Pricilla Dias Moura de Matos et al. «Molecular markers of antimicrobial resistance in Methicillin-resistant Staphylococcus aureus SCC mec IV presenting different genetic backgrounds». Em: *Microbial Drug Resistance* 22.8 (2016), pp. 700–706.
- [42] Danish Khan, Muhammad Ayaz Shirazi e Min Young Kim. «Single shot laser speckle based 3D acquisition system for medical applications». Em: *Optics and Lasers in Engineering* 105 (2018), pp. 43–53. ISSN: 0143-8166. DOI: 10.1016/J.OPTLASENG.2018.01.001.
- [43] Caroline AA Beaumont et al. «Three-dimensional surface scanners compared with standard anthropometric measurements for head shape». Em: *Journal of Cranio-Maxillofacial Surgery* 45.6 (2017), pp. 921–927.
- [44] Joanneke M Plooiij et al. «Digital three-dimensional image fusion processes for planning and evaluating orthodontics and orthognathic surgery. A systematic review». Em: *International journal of oral and maxillofacial surgery* 40.4 (2011), pp. 341–352.

- [45] Naiara Rodriguez-Florez et al. «Quantifying the effect of corrective surgery for trigonocephaly: a non-invasive, non-ionizing method using three-dimensional handheld scanning and statistical shape modelling». Em: *Journal of Cranio-Maxillofacial Surgery* 45.3 (2017), pp. 387–394.
- [46] Jae Kyu Suhr. «Kanade-lucas-tomasi (klt) feature tracker». Em: *Computer Vision (EEE6503)* (2009), pp. 9–18.
- [47] F. Salgueiro. «Sistema de aquisição de imagens stereo para laser speckle». 2022.
- [48] L. Bento et al. «Evaluation of cutaneous microcirculation patterns by laser speckle imaging». Em: *2018 41st International Convention on Information and Communication Technology, Electronics and Microelectronics (MIPRO)*. 2018, pp. 0290–0293. DOI: 10.23919/MIPRO.2018.8400055.
- [49] et al. Gonzalez MA Guzmán M.N. «Qualitative characterization of skin tissue with dynamic laser speckle». Em: *Revista Argentina de Bioingeniería* (2018), pp. 19–23.
- [50] Chia-Hung Yeh et al. «Robust laser speckle recognition system for authenticity identification». Em: *Optics express* 20.22 (2012), pp. 24382–24393.
- [51] Rajiv Mehrotra, Kameswara Rao Namuduri e Nagarajan Ranganathan. «Gabor filter-based edge detection». Em: *Pattern recognition* 25.12 (1992), pp. 1479–1494.
- [52] Tony Lindeberg. «Scale invariant feature transform». Em: (2012).
- [53] Eman S Sabry et al. «Evaluation of feature extraction methods for different types of images». Em: *Journal of Optics* 52.2 (2023), pp. 716–741.
- [54] Francisco Cunha et al. «Stereo laser speckle dissimilarity analysis using self-organizing maps». Em: *CMBEBIH 2019: Proceedings of the International Conference on Medical and Biological Engineering, 16–18 May 2019, Banja Luka, Bosnia and Herzegovina*. Springer. 2020, pp. 51–60.
- [55] Diana Filipa Sousa Capela. «Hemodynamic Parameters Extraction Using Laser Speckle Effect». Tese de doutoramento. Universidade de Coimbra (Portugal), 2014.
- [56] Rajpal S Sirohi. *Introduction to optical metrology*. CRC press, 2017.
- [57] Makio Kurashige et al. «The evaluation of speckle contrast with variable speckle generator». Em: *Journal of the Society for Information Display* 19.9 (2011), pp. 631–638.
- [58] Stijn Roelandt et al. «Standardized speckle measurement method matched to human speckle perception in laser projection systems». Em: *Opt. Express* 20.8 (abr. de 2012), pp. 8770–8783. DOI: 10.1364/OE.20.008770.

- [59] Basler ace. «User’s manual for GigE cameras». Em: 20 (2015).
- [60] Arindrajit Seal, Arunava Das e Prasad Sen. «Watershed: an image segmentation approach». Em: *International Journal of Computer Science and Information Technologies* 6.3 (2015), pp. 2295–2297.
- [61] Desgraupes, Bernard. «Clustering indices». Em: *University of Paris Ouest-Lab Modal ‘ X 1.1* (2013), p. 34.
- [62] Wolf M. Ledoit O. «A well-conditioned estimator for large-dimensional covariance matrices». Em: *Journal of Multivariate Analysis* 88.2 (2004), pp. 365–411. DOI: 10.1016/S0047-259X(03)00096-4.
- [63] Pearson K. «On lines and planes of closest fit of systems of points in space». Em: *Philosophical Magazine* 6.2 (1901), pp. 559–572.
- [64] Fakhri K. Benyamin G. Ali G. «Generative locally linear embedding: A module for manifold unfolding and visualization». Em: *Software Impacts* 9 (2021), pp. 100–105. ISSN: 2665-9638. DOI: 10.1016/J.SIMPA.2021.100105.
- [65] Jolliffe I. T. «Principal component analysis». Em: *Springer* (2016).
- [66] Hinton G. Maaten L. van deer. «Visualizing data using t-SNE.» Em: *Journal of Machine Learning Research* 9.Nov. (2008), pp. 2579–2605.
- [67] Melville J. McInnes L. Healy J. «Uniform Manifold Approximation and Projection for Dimension Reduction». Em: arXiv preprint arXiv:1802.03426 (2018).
- [68] Cox M.A.A. Cox T.F. «Multidimensional scaling». Em: *CRC press* (2008).
- [69] Langford J.C. Tenenbaum J.B. de Silva V. «A global geometric framework for nonlinear dimensionality reduction». Em: *Science* 290.5500 (2000), pp. 2319–2323.
- [70] William M Wells. «Efficient synthesis of Gaussian filters by cascaded uniform filters». Em: *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* 2 (1986), pp. 234–239.
- [71] Alexander Tanchenko. «Visual-PSNR measure of image quality». Em: *Journal of Visual Communication and Image Representation* 25.5 (2014), pp. 874–878.
- [72] A.C.Bovik Z.Wang. «A Universal Image Quality Index». Em: *IEEE Signal Processing Letters* 3.2 (2002), p. 5.
- [73] Illya Bakurov et al. «Structural similarity index (SSIM) revisited: A data-driven approach». Em: *Expert Systems with Applications* 189 (2022), p. 116087.

-
- [74] Diego Renza, Estibaliz Martinez e Agueda Arquero. «A new approach to change detection in multispectral images by means of ERGAS index». Em: *IEEE Geoscience and Remote Sensing Letters* 10.1 (2012), pp. 76–80.
- [75] Jagalingam Pushparaj e Arkal Vittal Hegde. «Evaluation of pan-sharpening methods for spatial and spectral quality». Em: *Applied Geomatics* 9 (2017), pp. 1–12.
- [76] Umme Sara, Morium Akter e Mohammad Shorif Uddin. «Image quality assessment through FSIM, SSIM, MSE and PSNR—a comparative study». Em: *Journal of Computer and Communications* 7.3 (2019), pp. 8–18.
- [77] ScienceDirect. «Visual Information Fidelity - an overview ». Em: *ScienceDirect* (2022).
- [78] Angela M Puetz e RC Olsen. «Haralick texture features expanded into the spectral domain». Em: *Algorithms and Technologies for Multispectral, Hyperspectral, and Ultraspectral Imagery XII*. Vol. 6233. SPIE. 2006, pp. 356–367.
- [79] Saliha Aouat, Idir Ait-hammi e Izem Hamouchene. «A new approach for texture segmentation based on the Gray Level Co-occurrence Matrix». Em: *Multimedia Tools and Applications* 80 (2021), pp. 24027–24052.
- [80] Jyrki Kauppinen e Jari Partanen. *Fourier transforms in spectroscopy*. John Wiley & Sons, 2001.
- [81] P. R. Meneses O. Junior. «Spectral Correlation Mapper (SCM): An improvement on the Spectral Angle Mapper (SAM)». Em: 163 (2000), p. 2.
- [82] OSMAR ABÍLIO et al. «Spectral Identification Method (SIM): a new classifier based on the ANOVA and Spectral Correlation Mapper (SCM) Methods». Em: *Proc. AVIRIS*. 2001.
- [83] S. Robila. «An analysis of spectral metrics for hyperspectral image processing». Em: *IEEE* (2004).
- [84] L. Wald. «Data fusion. Definitions and architectures - Fusion of images of different spatial resolutions». Em: *Ecole des Mines de Paris - Les Presses* 355 (2002), p. 1.

Esta página foi intencionalmente deixada em branco.

Anexos

Esta página foi intencionalmente deixada em branco.

Anexo A

DEPARTAMENTO DE ENGENHARIA ELETROTÉCNICA

Manual de instalação das ferramentas necessárias para a utilização dos vários
softwares

Autores: Marco Gameiro Nº: 2213276

Leiria, 20 de junho de 2024

Esta página foi intencionalmente deixada em branco.

Índice

Lista de Figuras	v
Lista de Tabelas	vii
1 Introdução	1
2 Desenvolvimento	3
2.1 Instalação do <i>Spyder</i>	3
2.2 Instalação do <i>Python</i>	3
2.3 Instalação do FFMPEG	4
2.4 Instalação do <i>pip</i> e respectivas dependências	6
2.4.1 Instalação do <i>pip</i>	6
2.4.2 Instalação das bibliotecas do <i>pip</i> necessárias	6
2.5 Instalação do <i>Anaconda/miniConda</i> e respectivas dependências	13
2.5.1 Instalação do <i>Anaconda/miniConda</i>	13
2.5.2 Instalação das bibliotecas do <i>Anaconda/miniConda</i> necessárias	13
2.6 Configuração do ambiente para a utilização de <i>softwares</i>	14
3 Conclusão	17
Bibliografia	17

Esta página foi intencionalmente deixada em branco.

Lista de Figuras

- 2.1 Diagrama em árvore do ambiente adequado para a utilização dos *softwares* desenvolvidos 15

Esta página foi intencionalmente deixada em branco.

Lista de Tabelas

2.1	Bibliotecas do <i>pip</i> necessárias - parte 1.	7
2.2	Bibliotecas do <i>pip</i> necessárias - parte 2.	8
2.3	Bibliotecas do <i>pip</i> necessárias - parte 3.	9
2.4	Bibliotecas do <i>pip</i> necessárias - parte 4.	10
2.5	Bibliotecas do <i>pip</i> necessárias - parte 5.	11
2.6	Bibliotecas do <i>pip</i> necessárias - parte 6.	12
2.7	Bibliotecas do <i>conda</i> necessárias.	13

Esta página foi intencionalmente deixada em branco.

1 Introdução

Este manual foi desenvolvido no âmbito do projeto 2ART, e visa orientar o utilizador na instalação do IDE (*Integrated Development Environment*) e respetivas dependências associadas necessárias para a utilização dos *softwares* desenvolvidos.

Esta página foi intencionalmente deixada em branco.

2 Desenvolvimento

Neste capítulo é descrita a instalação das várias ferramentas necessárias para a utilização dos *softwares* desenvolvidos.

2.1 Instalação do *Spyder*

O sistema operativo utilizado é o Windows 10, sendo que o *download* do *Spyder* (*Scientific Python Development Environment*) pode ser feito diretamente através da respetiva página.

A versão do *Spyder* IDE utilizada é a 5.4.0 (*standalone*).

Depois de instalar o *software* verifique se este está na diretoria pretendida:

C: / Users / {user_name} / AppData / Local / Programs / Spyder

De seguida, verifique também se, dentro desta pasta, está:

- A pasta *pkgs* (*packages*), na qual têm de ser colocadas todas as pastas e ficheiros referentes às bibliotecas utilizadas.
- A pasta *Python*, a qual deverá conter a respetiva licença, o ficheiro executável do Python, bem como as DLL (*Dynamic Link Library*) necessárias.
- A licença, sob o formato de ficheiro de texto (*LICENSE.txt*).

2.2 Instalação do *Python*

O Python pode ser instalado na respetiva página. A versão do Python utilizada é a 3.8.10, para 64-bit. No entanto, se esta não estiver disponível, instale uma das 3.8.

Certifique-se que a versão do Python instalado corresponde à versão utilizada pelo Spyder.

2.3 Instalação do FFMPEG

O FFMPEG pode ser instalado através da página VideoHelp, tendo sido utilizado para conversão entre formatos de ficheiro de vídeo. A versão do FFMPEG utilizada é a 5.0.1.

Os *softwares* foram desenvolvidos na seguinte diretoria base:

C: / Users / Other / files_python / py_scripts / ffmpeg-5.0.1-full_build / bin / GUI

Não se escolheu o mesmo *user* que para o Spyder, Python e respetivas dependências, uma vez que o mesmo não poderia conter espaços. Assim criou-se um novo *user* com o nome *Users*, tendo sido feito um conjunto de passos que possibilita o acesso às *packages* a partir deste novo utilizador. Assim as principais pastas dentro da pasta *Others* são as seguintes:

- *.conda* - Esta pasta contém apenas um ficheiro de texto, *environments.txt*, com o seguinte conteúdo (permitindo fazer a ligação entre *users*):

C: \ Users \ {main user_name} \ miniconda3

C: \ Users \ {main user_name} \ miniconda3 \ envs \ env

- *.spyder* - Contém uma pasta, *plugins*, e um ficheiro com o nome *langconfig*.
- *.matplotlib* - Contém 2 ficheiros JSON, *fontList* e *fontlist-v330*, e ainda uma pasta com o nome *tex.cache*.
- *miniconda3* - Contém toda a informação relativa ao *miniconda*, presente na pasta análoga, no *user* principal (DLLs, as pastas *pkgs*, *condabin*, *conda-meta*, *libs*, *Lib*, *include*, *envs*, *tcl* e *Scripts*, ...)
- *miniforge3* - Contém toda a informação relativa ao *miniforge*, presente na pasta análoga, no *user* principal (DLLs, as pastas *pkgs*, *condabin*, *conda-meta*, *libs*, *Lib*, *include*, *envs*, *tcl* e *Scripts*, ...)
- *files_python* - Esta pasta contém várias sub-pastas essenciais, enumeradas em seguida:
 1. A pasta *Lib*, que contém algumas das *packages*. Como foi utilizado o *virtualenv* para armazenar as bibliotecas necessárias num ambiente virtual, contém também os *scripts* a este associados.
 2. A pasta *libs*, que contém todos os ficheiros *.lib*.

3. A pasta *pypylon*, que contém a informação relativa ao Pypylon (pastas *docs*, *samples*, *scripts*, *src* e *tests*, e os ficheiros *gitignore*, *changelog*, a licença, o ficheiro *README* e os ficheiros *python setup* e *VersionInfo*).
4. A pasta *py_scripts*, que contém a pasta *ffmpeg-5.0.1-full_build*.

A pasta *ffmpeg-5.0.1-full_build* contém:

- A pasta *bin*, que contém o ficheiro executável *ffmpeg* e a pasta *GUI*.
- A pasta *doc*, que contém a documentação relativa ao FFMPEG, e ficheiros de estilo (CSS), sendo um deles o *bootstrap*.
- A pasta *presets*, que contém apenas ficheiros do tipo *.ffpreset*.
- A licença.
- o ficheiro *README*.

2.4 Instalação do *pip* e respectivas dependências

Neste subcapítulo é descrita como deve ser feita a instalação do *pip* e respectivas dependências.

2.4.1 Instalação do *pip*

Antes de instalar o *pip* crie um ambiente virtual, de modo a que as bibliotecas instaladas não tenham qualquer dependência com as já existentes. Ao fazer isto, o *pip* é automaticamente instalado. No entanto, se tal não tiver acontecido deve consultar a respetiva documentação ¹.

2.4.2 Instalação das bibliotecas do *pip* necessárias

Nas tabelas 2.1, 2.2, 2.3, 2.4, 2.5 e 2.6 é apresentada uma lista de dependências necessárias do *pip* necessárias para o correto funcionamento dos *softwares* desenvolvidos.

¹<https://pip.pypa.io/en/stable/installation/>

Tabela 2.1: Bibliotecas do *pip* necessárias - parte 1.

Nome da biblioteca	Aplicação	Instalação
altgraph	<i>Altgraph</i> é um <i>fork</i> do <i>graphlib</i> : uma <i>package</i> gráfica (rede) para construir gráficos, travessias BFS e DFS, classificação topológica, caminhos mais curtos, etc. com <i>output graphviz</i> .	<code>pip install altgraph==0.17.4</code>
argon2-ffi	Permite fazer <i>password hashing</i>	<code>pip install argon2-ffi==21.3.0</code>
argon2-ffi-bindings	Fornecer ligações CFFI (<i>C Foreign Function Interface</i>) de baixo nível para o algoritmo de <i>password hashing</i> Argon2, incluindo uma versão vendida destes.	<code>pip install argon2-ffi-bindings==21.2.0</code>
arrow	Arrow é uma biblioteca Python que oferece uma abordagem sensata e amigável para criar, manipular, formatar e converter datas, horas e conjuntos de data/hora.	<code>pip install arrow==1.2.3</code>
astroid	O objetivo deste módulo é fornecer uma representação base comum do código-fonte python. Atualmente é a biblioteca que potencializa os recursos do <i>pylint</i> .	<code>pip install astroid==2.12.12</code>
asttokens	O módulo anota as <i>Abstract Syntax Trees</i> (ASTs) do Python com as posições dos <i>tokens</i> e do texto no código-fonte que os gerou.	<code>pip install asttokens==2.2.1</code>
attrs	<i>Package</i> Python que permite ajudar a escrever <i>software</i> conciso e correto sem deixar o código lento.	<code>pip install attrs==22.1.0</code>
autopep	<i>Autopep8</i> formata automaticamente o código Python para estar em conformidade com o guia de estilo PEP (<i>Python Enhancement Proposal</i>) 8. Este utiliza a funcionalidade <i>pycodestyle</i> para determinar quais partes do código precisam de ser formatadas. <i>Autopep8</i> é capaz de corrigir a maioria dos problemas de formatação que podem ser relatados pelo <i>pycodestyle</i> .	<code>pip install autopep8==1.6.0</code>
Babel	Um conjunto de ferramentas para internacionalizar aplicações Python.	<code>pip install Babel==2.0.3</code>
backcall	Especificações para funções de retorno de chamada passadas para uma API (<i>Application Programming Interface</i>)	<code>pip install backcall==0.2.0</code>
beautifulsoup4	<i>Beautiful Soup</i> é uma biblioteca que facilita a extração de informações de páginas da <i>web</i> . Este assenta sobre um analisador HTML ou XML, fornecendo expressões idiomáticas Python para iterar, pesquisar e modificar a árvore de análise.	<code>pip install beautifulsoup4==4.11.1</code>
binaryornot	<i>Package</i> Python para ultraleve para verificar se um ficheiro é binário ou de texto.	<code>pip install binaryornot==0.4.4</code>
black	Formatador de código intransigente.	<code>pip install black==22.10.0</code>
bleach	Bleach é uma biblioteca de limpeza HTML baseada numa lista permitida que não considera ou remove marcações e atributos.	<code>pip install bleach==5.0.1</code>
cachetools	Este módulo fornece vários conjuntos e decoradores de memorização, incluindo variantes do decorador de função <i>lru_cache</i> da Biblioteca Padrão Python.	<code>pip install cachetools==5.3.2</code>
certifi	Fornecer um conjunto cuidadosamente selecionado de certificados raiz da Mozilla para validar a confiabilidade dos certificados SSL (<i>Secure Sockets Layer</i>) enquanto verifica a identidade dos hosts TLS (<i>Transport Layer Security</i>)	<code>pip install certifi==2022.6.15</code>
ffi	<i>Foreign Function Interface</i> para Python chamando código C.	<code>pip install ffi==1.15.1</code>
chardet	Detector de codificação universal para Python 3	<code>pip install chardet==5.0.0</code>
charset-normalizer	Biblioteca que ajuda a ler texto de uma codificação de um conjunto de caracteres desconhecido.	<code>pip install charset-normalizer==2.1.1</code>
cloudpickle	Torna possível serializar construtores Python não suportados pelo módulo padrão <i>pickle</i> da biblioteca padrão do Python	<code>pip install cloudpickle==2.1.0</code>
colorama	Texto de terminal colorido multiplataforma	<code>pip install colorama==0.4.5</code>
coloredlogs	<i>Output</i> do terminal colorido para módulo de registo do Python	<code>pip install coloredlogs==15.0.1</code>
contourpy	Biblioteca Python para o cálculo de contornos de grades de 4 lados 2D	<code>pip install contourpy==1.0.6</code>
cookiecutter	Ferramenta de linha de comandos que cria projetos a partir de modelos de projeto, por exemplo, criando um projeto de <i>package</i> Python a partir de um modelo de projeto de <i>package</i> Python.	<code>pip install cookiecutter==2.1.1</code>
cryptography	<i>Package</i> que fornece receitas criptográficas e primitivas para programadores Python.	<code>pip install cryptography==37.0.4</code>
cycler	Ciclos de estilo combináveis	<code>pip install cycler==0.11.0</code>
Cython	O compilador <i>Cython</i> para escrever extensões C em linguagem Python.	<code>pip install Cython==0.29.32</code>
debugpy	Uma implementação do DAP (<i>Debug Adapter Protocol</i>) para Python	<code>pip install debugpy==1.6.3</code>

Tabela 2.2: Bibliotecas do *pip* necessárias - parte 2.

Nome da biblioteca	Aplicação	Instalação
decorator	Facilita a definição de decoradores de função de preservação de assinatura e fábricas de decoradores. Também inclui uma implementação de despacho múltiplo e outras sutilezas	pip install decorator==4.4.2
defusedxml	Proteção contra "bombas" XML para módulos <i>stdlib</i> do Python	pip install defusedxml==0.7.1
diff-match-patch	Correspondência e patch de comparação - gera um <i>patchset</i> (análogo à correspondência unificada) entre dois textos	pip install diff-match-patch==20200713
dill	Serializar todo o Python (quase)	pip install dill==0.3.5.1
docstring-to-markdown	pode reconhecer texto reestruturado e converter várias das suas <i>features</i> para <i>Markdown</i>	pip install docstring-to-markdown==0.10
docutils	Sistema modular para processar documentação para formatos úteis, como HTML, XML e LaTeX.	pip install docutils==0.19
entrypoints	Os "pontos de entrada" são uma forma de as <i>packages</i> Python anunciarem objetos com alguma <i>interface</i> comum.	pip install entrypoints==0.4
et-xmlfile	Uma implementação do ficheiro <i>lxml.xml</i> para a biblioteca padrão. Biblioteca com pouca memória para criar ficheiros XML grandes	pip install et-xmlfile==1.1.0
executing	Permite obter informações sobre o que está uma <i>frame</i> a fazer atualmente, especialmente se o nó AST que está a ser executado.	pip install executing==1.2.0
fastjsonschema	Implementação Python mais rápida do esquema JSON	pip install fastjsonschema==2.16.1
flake8	Verificador de código-fonte modular para o <i>pyflakes</i> e o <i>pycodestyle</i>	pip install flake8==4.0.1
fonttools	Biblioteca para manipulação de fontes, escrita em Python	pip install fonttools==4.37.1
humanfriendly	<i>Output</i> amigável para <i>interfaces</i> de texto utilizando Python	pip install humanfriendly==10.0
idna	<i>Internationalized Domain Names in Applications</i> (IDNA)	pip install idna==3.3
imageio-ffmpeg	<i>Wrapper</i> do FFmpeg para Python	pip install imageio-ffmpeg==0.4.7
imagesize	Permite obter o tamanho da imagem do ficheiro PNG/JPEG/JPEG/GIF	pip install imagesize==1.4.1
importlib-metadata	Permite ler metadados de <i>packages</i> Python	pip install importlib-metadata==4.12.0
importlib-resources	Permite ler recursos de <i>packages</i> Python	pip install importlib-resources==5.10.0
inflection	Biblioteca de transformação de <i>strings</i> . Este singulariza e pluraliza palavras em inglês e transforma <i>strings</i> de <i>CamelCase</i> em <i>strings</i> sublinhadas.	pip install inflection==0.5.1
ipykernel	Esta <i>package</i> fornece o <i>kernel</i> IPython para Jupyter.	pip install ipykernel==6.15.2
ipython	Fornecer um <i>kit</i> de ferramentas avançado para ajudar a aproveitar ao máximo o uso interativo do Python.	pip install ipython==7.34.0
ipython-genutils	Funcionalidades já não utilizadas do IPython	pip install ipython-genutils==0.2.0
ipywidgets	Também conhecidos como <i>jupyter-widgets</i> ou simplesmente <i>widgets</i> , são <i>widgets</i> HTML interativos para <i>notebooks</i> Jupyter e o <i>kernel</i> IPython.	pip install ipywidgets==8.0.2
isort	Uma funcionalidade/biblioteca Python para ordenar os <i>imports</i> em Python.	pip install isort==5.10.1
jaraco.classes	Este projeto e as entidades responsáveis pela manutenção de milhares de outras <i>packages</i> estão a trabalhar com o Tidelift para fornecer uma assinatura empresarial que cubra todo o código aberto que se utiliza.	pip install jaraco.classes==3.2.3
jedi	Uma ferramenta de preenchimento automático para Python que pode ser usada por editores de texto	pip install jedi==0.18.1
jellyfish	Biblioteca para correspondência aproximada e fonética de <i>strings</i> .	pip install jellyfish==0.9.0
Jinja2	Um mecanismo de <i>template</i> muito rápido e expressivo.	pip install Jinja2==3.1.2
jinja2-time	Extensão do Jinja2 para datas e horários	pip install jinja2-time==0.2.0
jsonschema	Uma implementação de validação de esquema JSON para Python	pip install jsonschema==4.14.0
jupyter	<i>Metapackage</i> do Jupyter. Instale todos os componentes do Jupyter de uma só vez.	pip install jupyter==1.0.0
jupyter-console	Uma consola <i>frontend</i> baseada num terminal para <i>kernels</i> Jupyter. Este código é baseado no terminal IPython de processo único.	pip install jupyter-console==6.4.4
jupyter-core	<i>Packet</i> principal do Jupyter. Uma <i>packages</i> básica da qual os projetos Jupyter dependem.	pip install jupyter-core==4.11.1
jupyter-client	Implementação do protocolo Jupyter e bibliotecas de cliente	pip install jupyter-client==7.3.5
jupyterlab-pygments	Tema <i>Pygments</i> usando variáveis CSS do JupyterLab	pip install jupyterlab-pygments==0.2.2
jupyterlab-widgets	<i>Widgets</i> interativos Jupyter para JupyterLab	pip install jupyterlab-widgets==3.0.3
keyboard	Conecta e simula eventos de teclado no Windows e Linux	pip install keyboard==0.13.5

Tabela 2.3: Bibliotecas do *pip* necessárias - parte 3.

Nome da biblioteca	Aplicação	Instalação
keyring	Permite armazenar e acessar às senhas com segurança.	pip install keyring==23.8.2
kiwisolver	Uma implementação rápida do solucionador de restrições <i>Cassowary</i>	pip install kiwisolver==1.4.4
lazy-object-proxy	<i>Proxy</i> de objeto lento, rápido e completo.	pip install lazy-object-proxy==1.7.1
light-process	Permite fazer multiprocessamento em Python, não sendo necessário importar <code>..main...</code>	pip install light-process==0.0.7
lxml	Biblioteca de processamento XML poderosa em Python que combina <i>libxml2/libxslt</i> com a API <i>ElementTree</i> .	pip install lxml==4.9.1
MarkupSafe	Implementa um objeto de texto que "salta" caracteres para que seja seguro usar em HTML e XML	pip install MarkupSafe==2.1.1
matplotlib	Biblioteca abrangente, que permite criar visualizações estáticas, animadas e interativas em Python.	pip install matplotlib==3.5.3
matplotlib-inline	<i>Back-end</i> do Matplotlib embutido para Jupyter	pip install matplotlib-inline==0.1.6
mccabe	Verificador McCabe, <i>plugin</i> para o <i>flake8</i>	pip install mccabe==0.6.1
mistune	Analizador <i>Markdown</i> sensato e rápido com <i>plugins</i> e <i>rendereres</i> úteis	pip install mistune==2.0.4
more-itertools	A biblioteca <i>itertools</i> do Python é muito boa - é possível compor soluções elegantes para uma variedade de problemas com as funções que esta fornece. Em <i>more-itertools</i> , existem blocos de construção, receitas e rotinas adicionais para trabalhar com iteráveis em Python.	pip install more-itertools==9.0.0
moviepy	Biblioteca Python para edição de vídeo: corte, concatenações, inserções de títulos, composição de vídeo (também conhecida como edição não linear), processamento de vídeo e criação de efeitos personalizados.	pip install moviepy==1.0.3
mpmath	Biblioteca Python para aritmética de ponto flutuante de precisão arbitrária	pip install mpmath==1.2.1
mypy-extensions	Digita extensões de sistema para programas verificados com o verificador de tipo <i>mypy</i> .	pip install mypy-extensions==0.4.3
nbclient	Biblioteca cliente para execução de <i>notebooks</i> . Anterior <i>ExecutePreprocessor</i> do <i>nbconvert</i> .	pip install nbclient==0.6.7
nbconvert	Permite fazer a conversão de <i>notebooks</i> para vários outros formatos através de modelos Jinja	pip install nbconvert==7.0.0
nbformat	Esta <i>package</i> contém a implementação básica do formato Jupyter Notebook, e APIs Python para trabalhar com <i>notebooks</i>	pip install nbformat==5.4.0
nest-asyncio	<i>Patch</i> <i>asyncio</i> para permitir <i>loops</i> de eventos próximos	pip install nest-asyncio==1.5.5
notebook	Jupyter Notebook - Um ambiente de <i>notebook</i> baseado na <i>web</i> para computação interativa	pip install notebook==6.4.12
numpy	<i>Package</i> fundamental para computação de <i>arrays</i> em Python	pip install numpy==1.22.4
numpydoc	Extensão Sphinx para suportar <i>docstrings</i> no formato <i>Numpy</i>	pip install numpydoc==1.4.0
opencv-contrib-python	<i>Package wrapper</i> para o OpenCV em Python.	pip install opencv-contrib-python==4.6.0.66
openpyxl	Biblioteca Python para ler/gravar ficheiros <i>xlsx/xlsm/xltx/xltm</i> do Excel 2010.	pip install openpyxl==3.0.10
package-parser	Funcionalidade em Python para analisar nomes de ficheiros de <i>packages</i> para obter o nome e a versão da <i>package</i> .	pip install package-parser==1.0.2
packaging	Fornece funcionalidades que implementam as especificações de interoperabilidade que têm claramente um comportamento correto (por exemplo: PEP 440) ou autobeneficiam-se muito de ter uma única implementação compartilhada (por exemplo: PEP 425).	pip install packaging==23.2
pandas	Contém estruturas de dados poderosas para análise de dados, séries temporais e estatísticas	pip install pandas==1.4.3
pandocfilters	Funcionalidades para escrever filtros <i>pandoc</i> em Python	pip install pandocfilters==1.5.0
paramiko	Biblioteca que contém a implementação em Python do protocolo SSHv2	pip install paramiko==3.4.0
parso	Analizador Python que oferece suporte à recuperação de erros e análise de ida e volta para diferentes versões do Python (em várias versões do Python).	pip install parso==0.8.3
pathspec	Biblioteca de funcionalidades para correspondência de padrões de estilo <i>gitignore</i> de diretórias de ficheiros.	pip install pathspec==0.10.1
pefile	Módulo de análise Python <i>Portable Executable</i> (PE)	pip install pefile==2023.2.7
pexpect	Permite um fácil controlo de aplicações de consola interativas.	pip install pexpect==4.8.0
pickleshare	Pequeno conjunto de dados tipo <i>shelve</i> com suporte de simultaneidade	pip install pickleshare==0.7.5
Pillow	Biblioteca para imagens de Python (<i>Fork</i>)	pip install pillow==9.3.0
pip	A ferramenta recomendada pelo PyPA para instalar <i>packages</i> Python	pip install pip==23.2.1
pkgutil_resolve_name	Resolve um nome para um objeto.	pip install pkgutil_resolve_name==1.3.10
platformdirs	Uma pequena <i>package</i> Python para determinar diretórias específicos da plataforma apropriados, por exemplo. uma "diretória de dados do utilizador"	pip install platformdirs==2.5.2
pluggy	Mecanismos de chamada de <i>plugin</i> e <i>hook</i> para Python	pip install pluggy==1.0.0

Tabela 2.4: Bibliotecas do *pip* necessárias - parte 4.

Nome da biblioteca	Aplicação	Instalação
proglog	Sistema de registo do progresso para Python	pip install proglog==0.1.10
prometheus-client	Cliente Python para o sistema de monitorização Prometheus.	pip install prometheus-client==0.14.1
prompt-toolkit	Biblioteca para construir linhas de comando interativas poderosas em Python	pip install prompt-toolkit==3.0.30
psutil	Biblioteca de plataforma cruzada para monitorização de processos e sistemas em Python.	pip install psutil==5.9.1
ptyprocess	Permite executar um subprocesso num pseudo-terminal	pip install ptyprocess==0.7.0
pure-eval	<i>Package</i> em Python que permite avaliar com segurança determinados nós AST sem acionar código arbitrário que possa ter efeitos colaterais indesejados.	pip install pure-eval==0.2.2
py2exe	Permite criar executáveis independentes para Windows, a partir de ficheiros Python	pip install py2exe==0.13.0.1
pycodestyle	Ferramenta para verificar o código Python em relação a algumas das convenções de estilo do PEP 8	pip install pycodestyle==2.8.0
pycparser	Analizador completo da linguagem C, escrito em Python puro, utilizando a biblioteca de análise PLY	pip install pycparser==2.21
pydocstyle	Verificador de estilo de doutrina Python	pip install pydocstyle==6.1.1
pyflakes	Um programa simples que verifica a existência de erros nos ficheiros de origem do Python.	pip install pyflakes==2.4.0
pygame	Biblioteca multiplataforma gratuita e de código aberto para o desenvolvimento de aplicações multimédia como videojogos utilizando Python	pip install pygame==2.1.2
Pygments	<i>Package</i> que permite realçar a sintaxe, escrita em Python.	pip install Pygments==2.13.0
pyinstaller	Agrupa uma aplicação Python e todas as suas dependências numa única <i>package</i>	pip install pyinstaller==6.2.0
pyinstaller-hooks-contrib	<i>Hooks</i> mantidos pela comunidade para o PyInstaller	pip install pyinstaller-hooks-contrib==2023.10
pylibimp	Ferramenta em Python para controlar <i>packages</i> que foram importadas e isolar <i>imports</i> .	pip install pylibimp==1.0.1
pylibimport	Ferramenta em Python para fazer o <i>import</i> de <i>packages</i> com o mesmo nome, mas com versões diferentes.	pip install pylibimport==1.9.2
pylint	Analizador de código estático para Python 2 ou 3	pip install pylint==2.15.0
pylint-venv	Fornece um <i>hook</i> de inicialização do Pylint para utilizar a mesma instalação do Pylint com diferentes ambientes virtuais	pip install pylint-venv==2.3.0
pyls-spyder	Extensões Spyder para o servidor <i>python-lsp</i>	pip install pyls-spyder==0.4.0
pywin32	—	pip install pywin32==223
ppylon	<i>Wrapper</i> em Python para o Basler Pylon Camera Software Suite.	pip install ppylon==1.8.0
ppylon-opencv-viewer	Aplicação de função <i>impro</i> ao salvar e obter imagem	pip install ppylon-opencv-viewer==1.1.0
PyQt5	Ligações Python para o <i>kit</i> de ferramentas de aplicações multiplataforma Qt	pip install PyQt5==5.15.7
PyQt5-Qt5	Subconjunto de uma instalação Qt necessária ao PyQt5	pip install PyQt5-Qt5==5.15.2
PyQt5-sip	Módulo de extensão <i>sip</i> que fornece suporte para a <i>package</i> PyQt5.	pip install PyQt5-sip==12.11.0
PyQtWebEngine	Conjunto de ligações Python para a <i>framework</i> Qt WebEngine da The Qt Company	pip install PyQtWebEngine==5.15.6
PyQtWebEngine-Qt5	Subconjunto de uma instalação Qt exigida pelo PyQtWebEngine	pip install PyQtWebEngine-Qt5
pyreadline3	Implementação em Python da linha de leitura GNU.	pip install pyreadline3==3.4.1
pyrsistent	Número de coleções persistentes (por alguns chamadas de estruturas de dados funcionais)	pip install pyrsistent==0.18.1
PySimpleGUI	Permite desenvolver GUIs em Python	pip install PySimpleGUI==4.60.4
PySimpleGUIWeb	Permite desenvolver GUIs em Python na <i>web</i>	pip install PySimpleGUIWeb==0.39.0
python-dateutil	Extensões para o módulo <i>datetime</i> padrão do Python	pip install python-dateutil==2.8.2
python-lsp-black	<i>Plugin</i> preto para o servidor Python LSP	pip install python-lsp-black==1.2.1
python-lsp-jsonrpc	Biblioteca do servidor JSON RPC 2.0	pip install python-lsp-jsonrpc==1.0.0
python-lsp-server	Servidor de linguagem Python para o protocolo de servidor de linguagem	pip install python-lsp-server
pytoolconfig	Ferramenta de configuração em Python	pip install pytoolconfig==1.2.2
pytz	Definições de fuso horário mundial, modernas e históricas	pip install pytz==2022.2.1
pywin32	Python para extensões da janela	pip install pywin32==305
pywin32-ctypes	Reimplementação (parcial) do <i>pywin32</i> utilizando <i>ctypes/cffi</i>	pip install pywin32-ctypes==0.2.2
pywinpty	Suporte ao pseudo-terminal para Windows a partir de Python	pip install pywinpty==2.0.7
pyxargs	Uma implementação parcial de <i>xargs</i> em Python com algumas <i>features</i> adicionais	pip install pyxargs==2.0.0

Tabela 2.5: Bibliotecas do *pip* necessárias - parte 5.

Nome da biblioteca	Aplicação	Instalação
pyxdg	Contém implementações dos padrões freedesktop.org em Python	pip install pyxdg==0.28
pyzmq	Contém ligações Python para ZeroMQ	pip install pyzmq==23.2.1
QDarkStyle	A folha de estilo escuro/claro mais completa para aplicações C++/Python e Qt	pip install QDarkStyle==3.0.3
qstylizer	Gerador de folhas de estilo para PyQt4-5/PySide1-2	pip install qstylizer==0.2.1
QtAwesome	Ícones FontAwesome para aplicações PyQt e PySide	pip install QtAwesome==1.1.1
qtconsole	Console Qt do Jupyter	pip install qtconsole==5.3.2
QtPy	Fornecer uma camada de abstração sobre as várias ligações Qt (PyQt5, PyQt4 e PySide) e <i>QWidgets</i> personalizados adicionais.	pip install QtPy
remi	Biblioteca de <i>interface</i> remota em Python	pip install remi==2020.3.10
requests	Python HTTP para humanos	pip install requests==2.28.1
rope	Biblioteca de refabricação Python de código aberto mais avançada do mundo	pip install rope==1.3.0
RuNAs	<i>Pipeline</i> do RNAseq	pip install RuNAs==0.1
scikit-image	Processamento de imagem em Python	pip install scikit-image==0.19.3
Send2Trash	Ficheiro final para a lixeira, de forma nativa, no Mac OS X, Windows e Linux	pip install Send2Trash==1.8.0
setupTools	É possível fazer o <i>download</i> , construir, instalar, atualizar e desinstalar facilmente <i>packages</i> Python, utilizando esta ferramenta	pip install setuptools==65.3.0
six	Ferramentas de compatibilidade Python 2 e 3	pip install six==1.16.0
snowballstemmer	Esta <i>package</i> fornece 29 <i>stemmers</i> para 28 idiomas gerados a partir de algoritmos Snowball.	pip install snowballstemmer==2.2.0
sortedcontainers	<i>Containers</i> ordenados - lista ordenada, dicionário ordenado, conjunto ordenado	pip install sortedcontainers==2.4.0
soupsieve	Uma implementação moderna de seletor CSS para BeautifulSoup	pip install soupsieve==2.3.2.post1
Sphinx	Gerador de documentação Python	pip install Sphinx==5.1.1
sphinxcontrib-applehelp	Extensão Sphinx que produz livros de ajuda da Apple	pip install sphinxcontrib-applehelp==1.0.2
sphinxcontrib-devhelp	Extensão Sphinx que gera documentos Devhelp	pip install sphinxcontrib-devhelp==1.0.2
sphinxcontrib-htmlhelp	Extensão Sphinx que produz ficheiros de ajuda HTML	pip install sphinxcontrib-htmlhelp==2.0.0
sphinxcontrib-jsmath	Extensão Sphinx que produz e apresenta matemática em HTML via JavaScript	pip install sphinxcontrib-jsmath==1.0.1
sphinxcontrib-qthelp	Extensão Sphinx que gera documentos QtHelp	pip install sphinxcontrib-qthelp==1.0.3
sphinxcontrib-serializinghtml	Extensão Sphinx que gera ficheiros HTML "serializados" (<i>json</i> e <i>pickle</i>)	pip install sphinxcontrib-serializinghtml==1.1.5
spyder-kernels	<i>Kernels</i> Jupyter para a consola do Spyder	pip install spyder-kernels==2.3.3
spyder-terminal	<i>Plugin</i> Spyder para exibir um terminal virtual (independente do sistema operacional) dentro da janela principal do Spyder	pip install spyder-terminal==1.2.2
stack-data	Extraí dados de <i>frames</i> da "pilha" Python e <i>tracebacks</i> para apresentações informativas	pip install stack-data==0.5.1
swig	Ferramenta de desenvolvimento de <i>software</i> que conecta programas escritos em C e C++ com uma variedade de linguagens de programação de alto nível.	pip install swig==4.0.2
sympy	<i>Computer Algebra System</i> (CAS) em Python	pip install sympy==1.11.1
terminado	<i>Backend</i> Tornado <i>websocket</i> para a biblioteca do emulador de terminal Javascript <i>Xterm.js</i>	pip install terminado==0.15.0
text-unidecode	Porta Text::Unidecode mais básica	pip install text-unidecode==1.3
textdistance	Para calcular a distância entre os dois textos ou sequências de vários algoritmos	pip install textdistance==4.4.0
threadpoolctl	<i>Helpers</i> Python para limitar o número de <i>threads</i> usadas no <i>pool</i> de <i>threads</i> de bibliotecas nativas comuns usadas para computação científica e ciência de dados (por exemplo, BLAS e OpenMP).	pip install threadpoolctl==3.1.0
three-merge	Biblioteca simples para fazer o <i>merge</i> de duas <i>strings</i> em relação a uma <i>string</i> de base	pip install three-merge==0.1.1
tinycss2	Um pequeno analisador CSS	pip install tinycss2==1.1.1
tk	TensorKit é um auxiliar de <i>deep learning</i> entre Python e C++.	pip install tk==0.1.0
toml	Biblioteca Python para analisar e criar TOML	pip install toml==0.10.2
tomli	Um pequeno analisador TOML	pip install tomli==2.0.1
tomlkit	Biblioteca TOML com preservação de estilo	pip install tomlkit==0.11.4
tornado	<i>Framework web</i> Python e biblioteca de rede assíncrona, originalmente desenvolvida no Friend-Feed.	pip install tornado==6.2
tqdm	Medidor de progresso rápido e extensivo	pip install tqdm==4.65.0
traitlets	Sistema de configuração de <i>traitlets</i> em Python	pip install traitlets==5.3.0

Tabela 2.6: Bibliotecas do *pip* necessárias - parte 6.

Nome da biblioteca	Aplicação	Instalação
typing-extensions	Hints de tipo <i>backport</i> e experimental para Python 3.8+	pip install typing-extensions==4.3.0
ujson	Codificador e decodificador JSON ultrarrápido para Python	pip install ujson==5.4.0
Unidecode	Transliterações ASCII de texto Unicode	pip install Unidecode==1.3.7
urllib3	Biblioteca HTTP com <i>pool</i> de conexões seguras para <i>threads</i> , disposição de ficheiros e muito mais.	pip install urllib3==1.26.12
watchdog	Monitorização de eventos do sistema de ficheiros	pip install watchdog==2.1.9
wcwidth	Mede a largura apresentada das <i>strings</i> Unicode num terminal	pip install wcwidth==0.2.5
webencodings	Aliases de codificação de caracteres para legacidade do conteúdo da <i>web</i>	pip install webencodings==0.5.1
whatthepatch	Uma análise de <i>patch</i> e biblioteca de aplicações	pip install whatthepatch==1.0.2
wheel	Um formato de <i>package</i> integrado para Python	pip install wheel==0.37.1
widgetsnbextension	<i>Widgets</i> interativos Jupyter para Jupyter Notebook	pip install widgetsnbextension==4.0.3
win10toast	Uma biblioteca Python fácil de utilizar para mostrar notificações do Windows 10 Toast	pip install win10toast==0.9
wincertstore	Módulo Python para extrair "certificados" CA e CRL do armazenamento de "certificados" do Windows (baseado em <i>ctypes</i>).	pip install wincertstore==0.2
wrapt	Módulo para decoradores, invólucros e <i>patches</i> "macaco"	pip install wrapt==1.14.1
XlsxWriter	Um módulo Python para criar ficheiros <i>excel</i> XLSX.	pip install XlsxWriter==3.0.3
yapf	Um formatador para código Python	pip install yapf==0.32.0
zipf	<i>Backport</i> do <i>wrapper</i> de objeto compatível com <i>pathlib</i> para ficheiros <i>zip</i>	pip install zipf==3.10.0

2.5 Instalação do *Anaconda/miniconda* e respectivas dependências

Neste subcapítulo é descrita como deve ser feita a instalação do *Anaconda* e respectivas dependências.

2.5.1 Instalação do *Anaconda/miniconda*

A instalação do *Anaconda* e respetivas variantes pode ser feita diretamente através da respetiva página. Considere também a utilização do *software Orange* e do *Anaconda Navigator*.

2.5.2 Instalação das bibliotecas do *Anaconda/miniconda* necessárias

Na tabela é apresentada uma lista de dependências necessárias do *Anaconda* necessárias para o correto funcionamento dos *softwares* desenvolvidos.

Tabela 2.7: Bibliotecas do *conda* necessárias.

Nome da biblioteca	Aplicação	Instalação
alabaster	<i>Alabaster</i> é um tema Sphinx visualmente limpo, responsivo e configurável. A partir do Sphinx 1.3, o <i>Alabaster</i> é selecionado como tema padrão do Sphinx.	conda install anaconda::alabaster
scipy	Algoritmos fundamentais para computação científica em Python	conda install -c anaconda scipy

2.6 Configuração do ambiente para a utilização de *softwares*

Na figura 2.1 é apresentado um diagrama em árvore do ambiente adequado para a utilização dos *softwares* desenvolvidos, incluindo todos os ficheiros *python* e pastas necessárias. Se pretender testar o *software* como um todo, utilize o ficheiro *menu_2art.py*.

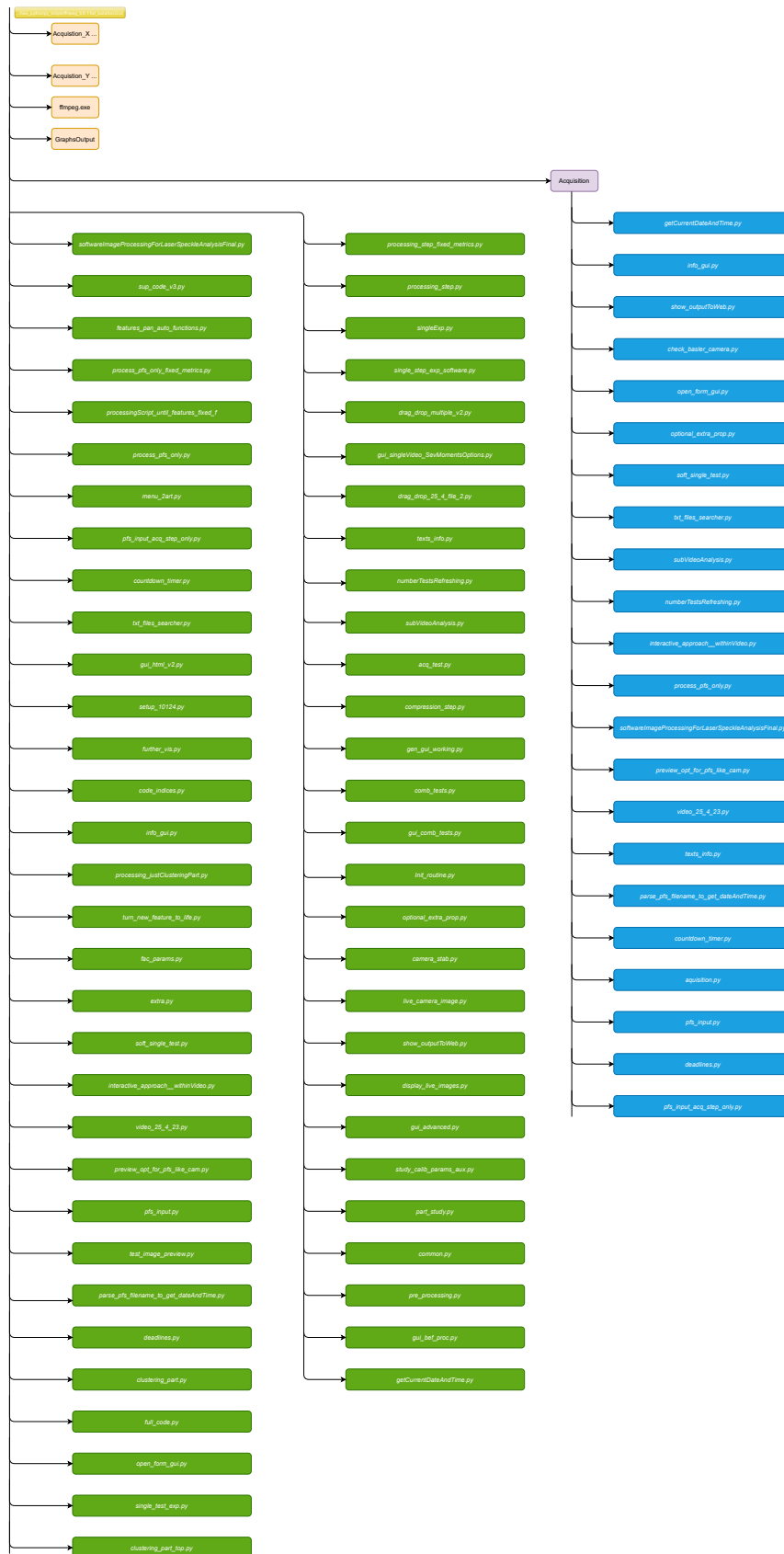


Figura 2.1: Diagrama em árvore do ambiente adequado para a utilização dos *softwares* desenvolvidos

Esta página foi intencionalmente deixada em branco.

3 Conclusão

O objetivo deste manual era o de esclarecer sobre a instalação das várias ferramentas tendo em vista o correto funcionamento dos *softwares* desenvolvidos. Caso, com este manual, não tenha ficado esclarecido, poderá sempre consultar a documentação.

Anexo B

DEPARTAMENTO DE ENGENHARIA ELETROTÉCNICA

Manual da GUI desenvolvida

Autores: Marco Gameiro Nº: 2213276

Leiria, 20 de junho de 2024

Esta página foi intencionalmente deixada em branco.

Índice

Lista de Figuras	ix
Lista de Tabelas	xi
1 Introdução	1
2 Desenvolvimento	3
2.1 <i>All-In-One</i>	3
2.1.1 Aquisição e Processamento	5
2.1.1.1 Vídeo pré-gravado	5
2.1.1.2 Nova aquisição	6
2.1.2 Aquisição	25
2.1.3 Processamento	25
2.2 <i>Aquisition</i>	25
2.3 <i>Processing All-In-Ones</i>	31
2.4 <i>Processing-till-features characterization</i>	43
2.5 <i>Clustering step</i>	47
3 Conclusão	55
Bibliografia	55

Esta página foi intencionalmente deixada em branco.

Lista de Figuras

2.1	Fluxograma de imagens completo.	4
2.2	Janela de confirmação da funcionalidade.	5
2.3	Nova aquisição ou vídeo pré-gravado.	5
2.4	Opções de processamento para um vídeo pré-gravado.	5
2.5	Janela para seleção do ficheiro de vídeo.	6
2.6	Utilização ou não um ficheiro <i>.pfs</i>	6
2.7	Seleção do número de testes.	7
2.8	Seleção do intervalo entre testes.	7
2.9	Seleção de opções adicionais.	7
2.10	Janela para seleção do ficheiro <i>.pfs</i>	8
2.11	Janela para seleção da pasta de destino.	8
2.12	Janela com a imagem da câmara.	8
2.13	GUI auxiliar ao ajuste da câmara.	8
2.14	GUI para seleção da duração de cada teste, em segundos.	9
2.15	Janela de <i>trigger</i> para o início da aquisição.	9
2.16	Seleção da pasta de destino para as imagens correspondentes a um primeiro momento.	9
2.17	Seleção da pasta de destino para as imagens correspondentes a um segundo momento.	10
2.18	GUI principal de especificação dos parâmetros de aquisição.	10

2.19	<i>Preview</i> da imagem da câmara.	12
2.20	Menu inicial dos parâmetros avançados.	15
2.21	Redefinição dos <i>headers</i> (cabeçalho do ficheiro <i>.pfs</i>).	15
2.22	1ª janela para redefinição dos parâmetros <i>standard</i>	15
2.23	2ª janela para redefinição dos parâmetros <i>standard</i>	16
2.24	3ª janela para redefinição dos parâmetros <i>standard</i>	16
2.25	4ª janela para redefinição dos parâmetros <i>standard</i>	17
2.26	5ª janela para redefinição dos parâmetros <i>standard</i>	17
2.27	6ª janela para redefinição dos parâmetros <i>standard</i>	18
2.28	<i>Headers details</i> das propriedades extra.	18
2.29	<i>Timer details</i> das propriedades extra.	18
2.30	<i>Color details</i> das propriedades extra.	19
2.31	<i>Stacked Zone Imaging details</i> das propriedades extra.	19
2.32	<i>Acquisition & Exposure details</i> das propriedades extra.	19
2.33	<i>Sequence & Decimation details</i> das propriedades extra.	20
2.34	<i>Stream Grabber details</i> (primeira parte) das propriedades extra.	20
2.35	<i>Stream Grabber details</i> (segunda parte) das propriedades extra.	20
2.36	<i>TI Parameters details</i> das propriedades extra.	21
2.37	<i>Bandwidth details</i> das propriedades extra.	21
2.38	Restantes propriedades extra.	21
2.39	Painel de parâmetros básicos de aquisição.	22
2.40	Janela para seleção da imagem para calibração da câmara.	22
2.41	Exemplo de imagem para calibração da câmara.	22
2.42	Introdução do nome do ficheiro <i>metadata</i> à saída, com a informação de calibração da câmara.	22
2.43	Janela com os parâmetros de calibração obtidos.	23
2.44	Janela para seleção da diretoria de destino.	24

2.45	Indicação do nome do ficheiro <i>csv</i> , com os <i>timestamps</i>	24
2.46	Janela para seleção de uma opção adicional.	24
2.47	Utilização da câmara com o <i>switch</i>	25
2.48	Nova tentativa de aquisição.	26
2.49	Janela para seleção do número de testes.	26
2.50	Janela para seleção do intervalo entre testes.	26
2.51	Janela para seleção da duração de cada teste, em segundos.	27
2.52	Janela com as configurações <i>standard</i> temporais.	28
2.53	Especificação do <i>software</i> utilizado para gerar o ficheiro <i>.pfs</i> carregado.	28
2.54	Especificação do tempo de prazo de validade para o ficheiro <i>.pfs</i>	28
2.55	Janela de <i>trigger</i> para a rotina de ajuste da câmara.	29
2.56	Janela de auxílio ao ajuste da câmara em relação ao ambiente de aquisição.	29
2.57	Imagem da câmara em <i>real-time</i>	29
2.58	Janela de controlo à rotina de ajuste da câmara.	30
2.59	Janelas de auxílio ao ajuste da câmara.	30
2.60	Janela com o tempo restante, em segundos, até ao próximo teste.	31
2.61	Indicação do nome do ficheiro <i>csv</i> , com os tempos de aquisição.	31
2.62	Registo das experiências de aquisição feitas anteriormente.	32
2.63	Experiências de aquisição selecionada para processamento.	32
2.64	Processamento em curso.	32
2.65	Janela de resultados do processamento.	33
2.66	Informação base de processamento.	34
2.67	Lista final de <i>features</i> obtida.	34
2.68	Características do PC utilizado.	35
2.69	Versões do(a)s <i>softwares/packages</i> principais utilizado(a)s.	35
2.70	Janela <i>web</i> com algumas <i>packages</i> e respetivas versões.	36
2.71	Lista de imagens relativas a resultados de <i>clustering</i> obtidos anteriormente.	36

2.72	Janela informativa principal.	37
2.73	Janela informativa da Aquisição de Imagem.	37
2.74	Janela informativa do Processamento de Imagem.	37
2.75	Janela informativa das técnicas de <i>machine learning</i> utilizadas.	37
2.76	Janela informativa relativa à análise dos resultados.	38
2.77	Janela informativa adicional, referente às características do sistema.	38
2.78	Resultado da aplicação da técnica PCA.	39
2.79	Janela de acesso à visualização das distâncias das amostra de cada <i>cluster</i> ao respetivo centróide.	39
2.80	Distâncias das amostra do <i>cluster</i> A ao respetivo centróide.	39
2.81	Número de partes em que se pretende dividir o vídeo.	40
2.82	Seleção da metodologia de divisão do vídeo de teste.	40
2.83	Janela para introdução do nome do sub-ficheiro de vídeo.	40
2.84	<i>Drop</i> das imagens para a constituição do sub-vídeo.	41
2.85	Lista de diretorias das imagens carregadas.	41
2.86	Janela para adição de mais imagens ao sub-vídeo.	42
2.87	Especificação dos limites temporais para o sub-vídeo.	42
2.88	Janela para redefinição do <i>frame rate</i> do sub-vídeo.	42
2.89	Indicação do <i>frame rate</i> para o sub-vídeo.	43
2.90	Janela para adição de mais <i>features</i>	44
2.91	Janela para definição da <i>feature</i> a adicionar.	44
2.92	Exemplo de definição de <i>feature</i>	45
2.93	Nome do ficheiro <i>excel</i> onde se pretende guardar a fórmula da <i>feature</i>	45
2.94	Sucesso ao guardar a equação da <i>feature</i> anteriormente definida.	46
2.95	Janela para gestão do ficheiro <i>extra.py</i>	46
2.96	Janela para introdução do nome do ficheiro <i>excel</i> com a informação das <i>features</i>	46
2.97	Dados das <i>features</i> guardados com sucesso.	47

2.98	Janela para seleção do ficheiro excel com as diretorias para as ROI's.	47
2.99	Janela para seleção do ficheiro excel com os dados das <i>features</i>	48
2.100	Sucesso na extração dos dados das <i>features</i> , do ficheiro <i>excel</i> carregado.	48
2.101	Possibilidade de utilização de <i>features</i> anteriormente definidas.	48
2.102	Opções de utilização de <i>features</i> anteriormente definidas.	49
2.103	Seleção de uma das <i>features</i> anteriormente definidas.	49
2.104	Atribuição de valores para cada variável.	50
2.105	Seleção do ficheiro <i>excel</i> com a lista de expressões matemáticas das <i>features</i>	50
2.106	Expressão matemática da <i>feature</i> encontrada com sucesso.	50
2.107	Ficheiro <i>excel</i> com a lista de expressões matemáticas das <i>features</i> válido.	50
2.108	Número de <i>features</i> constantes adicionadas.	51
2.109	Atribuição de um valor único para cada variável.	51
2.110	Número de <i>features</i> constantes adicionadas, para a 2ª opção.	51
2.111	Seleção de <i>features</i> como variáveis.	52
2.112	Lista de <i>features</i> selecionadas.	52
2.113	Nº de testes da experiência de aquisição selecionada.	53
2.114	Apenas um teste.	53
2.115	Mais do que um teste.	53

Esta página foi intencionalmente deixada em branco.

Lista de Tabelas

2.1	Lista das várias resoluções possíveis	11
-----	---	----

Esta página foi intencionalmente deixada em branco.

1 Introdução

Este manual foi desenvolvido no âmbito do projeto 2ART, e visa orientar o utilizador em atividades de aquisição e processamento, ao nível do *software*.

Esta página foi intencionalmente deixada em branco.

2 Desenvolvimento

Esta GUI contém 5 funcionalidades, detalhadamente explicadas a seguir:

- Aquisição e processamento seguidos, na secção 2.1.
- Apenas a parte da aquisição, na secção 2.2.
- Apenas a parte de processamento, englobando todos os procedimentos a este subjacentes, na secção 2.3.
- Da parte de processamento, apenas o processamento até à obtenção do *dataset* com as *features*, na secção 2.4.
- Da parte de processamento, apenas o processamento, do *dataset* com as *features* até à apresentação dos resultados de *clustering*, na secção 2.5.

Na figura 2.1 está representado o fluxograma completo geral de imagens que compõem a GUI desenvolvida.

2.1 *All-In-One*

Esta funcionalidade, que pode ser testada diretamente utilizando o respetivo ficheiro executável (.exe) contém 3 opções (aquisição, processamento ou aquisição e processamento), listadas na figura 2.2. Apesar de este passo ser aparentemente redundante, o objetivo é o de confirmar aquilo que se pretende efetivamente fazer.

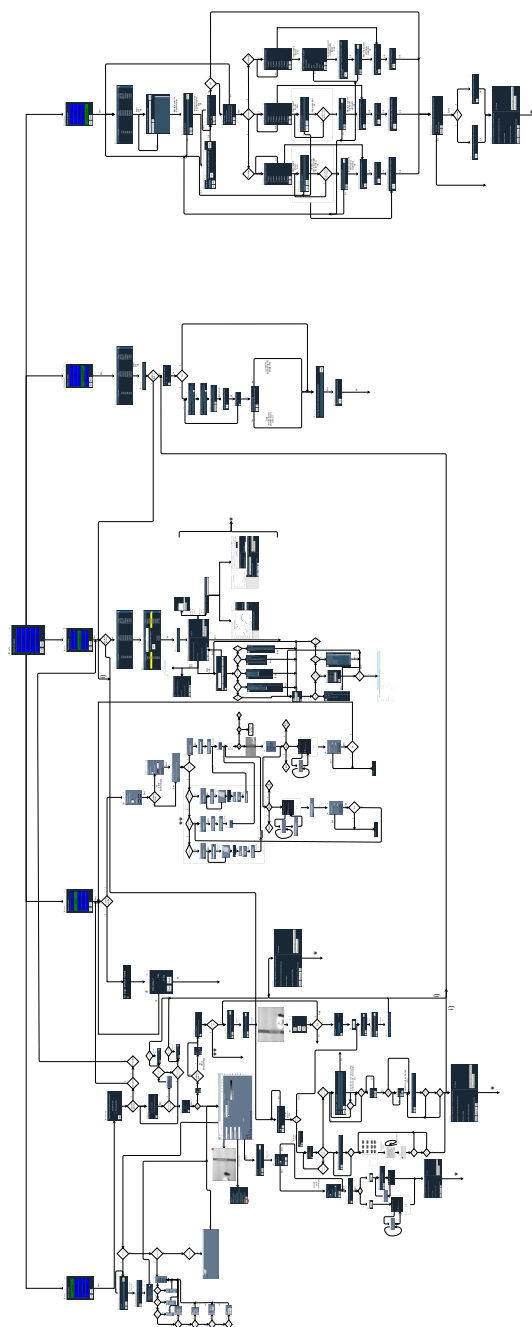


Figura 2.1: Fluxograma de imagens completo.

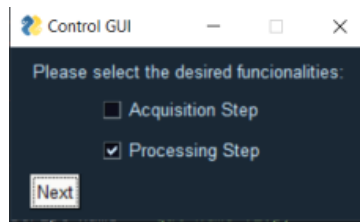


Figura 2.2: Janela de confirmação da funcionalidade.

2.1.1 Aquisição e Processamento

Se selecionar a opção principal das apresentadas (aquisição e processamento), poderá utilizar um ficheiro de vídeo de uma aquisição anterior ou fazer uma nova aquisição, seguida de processamento, tal como está na figura 2.3.

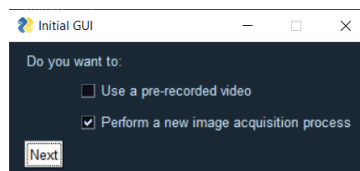


Figura 2.3: Nova aquisição ou vídeo pré-gravado.

2.1.1.1 Vídeo pré-gravado

Caso tiver selecionado esta opção, o próximo passo é o do processamento. Tendo o vídeo já gravado, extraem-se as imagens do mesmo. Existem duas opções de processamento, também apresentadas na figura 2.4:

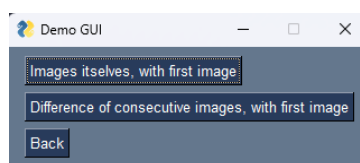


Figura 2.4: Opções de processamento para um vídeo pré-gravado.

- Processamento com base na evolução da primeira imagem para cada uma das subsequentes.
- Processamento com base na evolução da primeira imagem para o resultado da diferença de duas imagens consecutivas, subsequentes a esta.

Para ambas as opções acima apresentadas, são sempre utilizados dois ficheiros de vídeo. Assim a janela da figura 2.5 aparecerá duas vezes, devendo selecionar o ficheiro de vídeo pretendido em cada uma dessas vezes (têm de ser vídeos diferentes).

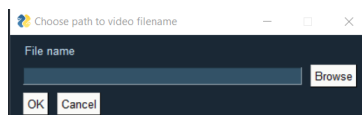


Figura 2.5: Janela para seleção do ficheiro de vídeo.

Execute de seguida o procedimento descrito nos passos 3 e 4 da secção 2.3.

2.1.1.2 Nova aquisição

Caso pretenda fazer uma nova aquisição, poderá utilizar ou não um ficheiro *.pfs* (*Parameters File System*), de acordo com a figura 2.6. O ficheiro *.pfs* contém a informação relativa aos parâmetros de aquisição. Caso não se pretenda utilizar um ficheiro desse tipo, podem-se especificar manualmente alguns dos parâmetros de aquisição, sendo que os restantes estão já configurados por *default*.

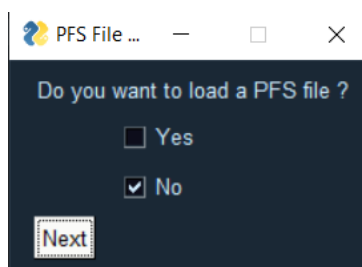


Figura 2.6: Utilização ou não um ficheiro *.pfs*.

- **Utilizando um ficheiro *.pfs*:**

O próximo passo é o de seleccionar o número de testes para a experiência de aquisição e fazer *Next*, de acordo com a figura 2.7 sendo permitido um máximo de 20 testes.

Se tiver seleccionado um número de testes superior a 1 (por exemplo, 2), terá de especificar o intervalo entre testes e fazer *Save*, de acordo com a figura 2.8, existindo uma vasta gama de intervalos, desde 30 segundos a 1 hora.

De seguida, poderá seleccionar opções adicionais, listadas na figura 2.9:

- Ativar a funcionalidade de validação do ficheiro *.pfs* - caso se pretenda estabelecer um limite para até quando o ficheiro pode ser utilizado.

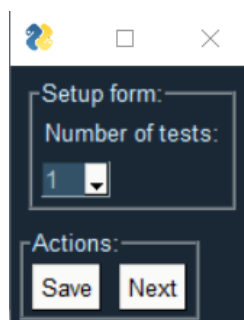


Figura 2.7: Seleção do número de testes.

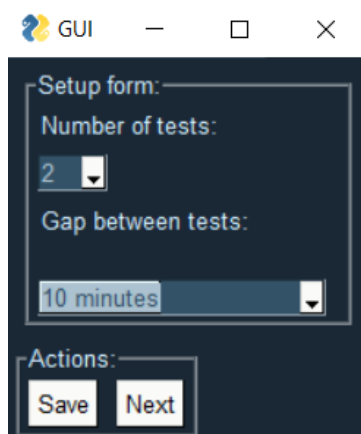


Figura 2.8: Seleção do intervalo entre testes.

- Ativar a funcionalidade de guardar, num ficheiro *excel* o tempo de aquisição de cada uma das imagens adquiridas.

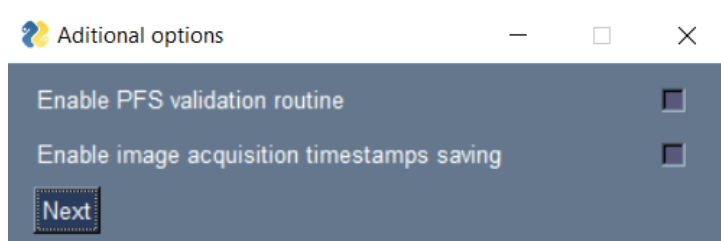


Figura 2.9: Seleção de opções adicionais.

Se tiver selecionado alguma destas opções (ou ambas), deverá dirigir-se para o passo 4 da secção 2.2.

Se não selecionou nenhuma das opções acima mencionadas:

1. Terá agora de carregar o ficheiro *.pfs* e fazer *OK*, de acordo com a figura 2.10.
2. De seguida, deverá selecionar a pasta de destino e fazer *OK*, de acordo com a figura 2.11.
3. Nesta fase, antes de proceder à aquisição propriamente dita, é necessário verificar se o ambiente de aquisição é o pretendido. Nesse sentido, poderá observar a imagem da câmara,

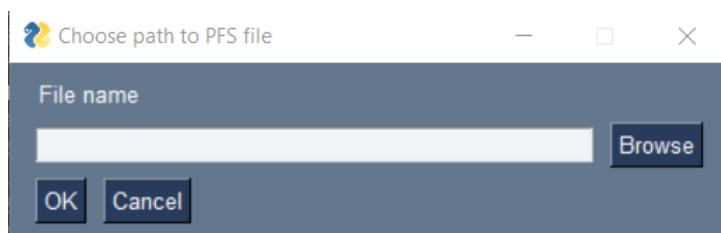


Figura 2.10: Janela para seleção do ficheiro *.pfs*.

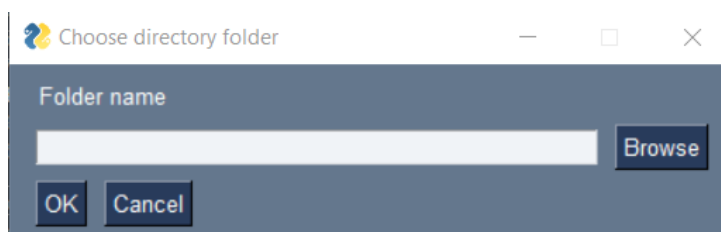


Figura 2.11: Janela para seleção da pasta de destino.

apresentada na figura 2.12. Ao fechar esta janela, aparecerá a janela da figura 2.13.

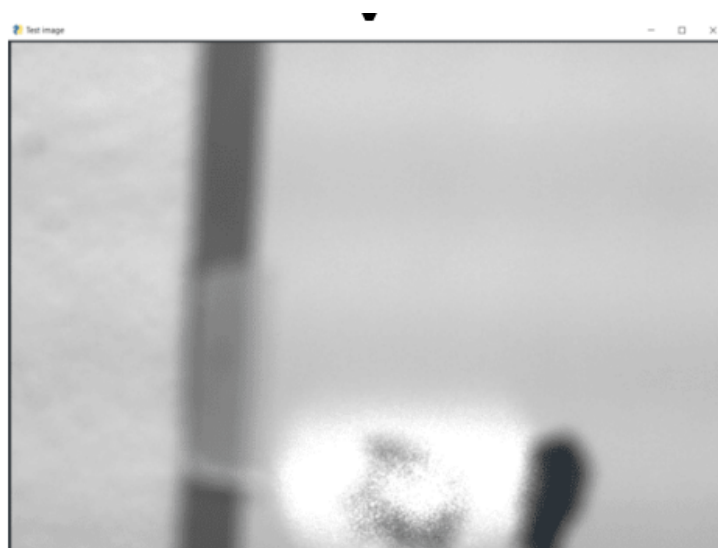


Figura 2.12: Janela com a imagem da câmara.

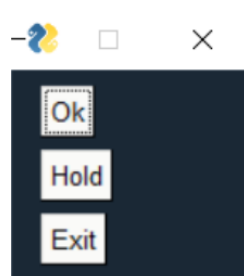


Figura 2.13: GUI auxiliar ao ajuste da câmara.

Esta janela contém três opções:

- A opção *Ok*, que remete para o próximo passo.
- A opção *Hold*, que possibilita fazer ajustes do ambiente de aquisição. Caso selecione esta opção, será remetido novamente para o ponto 1 deste procedimento.
- A opção *Exit*, que remete de volta para o passo 1.

O próximo passo é o de especificar o tempo de aquisição para cada teste, em segundos, movendo o *slider* presente na figura 2.14.

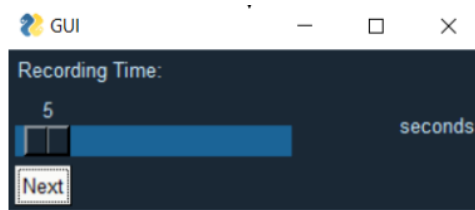


Figura 2.14: GUI para seleção da duração de cada teste, em segundos.

4. De seguida aparecerá uma outra janela, presente na figura 2.15. Ao fazer *Continue* terá início o processo de aquisição, tendo em conta o tempo de aquisição para cada teste, o número de testes e o intervalo entre cada teste anteriormente especificados.

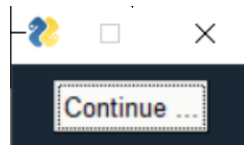


Figura 2.15: Janela de *trigger* para o início da aquisição.

-
5. Quando o processo de aquisição terminar, terá de indicar as pastas de destino para as imagens do(s) video(s) num primeiro momento e num segundo momento, como apresentado nas figuras 2.16 e 2.17 para que se possa estabelecer uma comparação entre as imagens, verificando a respetiva evolução.

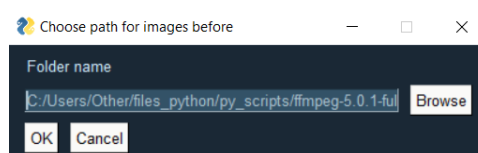


Figura 2.16: Seleção da pasta de destino para as imagens correspondentes a um primeiro momento.

- Não utilizando ficheiro *.pfs*:

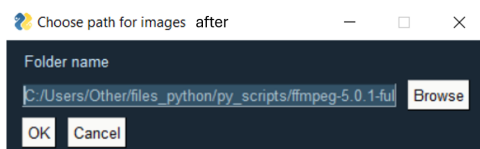


Figura 2.17: Seleção da pasta de destino para as imagens correspondentes a um segundo momento.

Não utilizando ficheiro *.pfs* terá de especificar manualmente os parâmetros através da janela da figura 2.18.

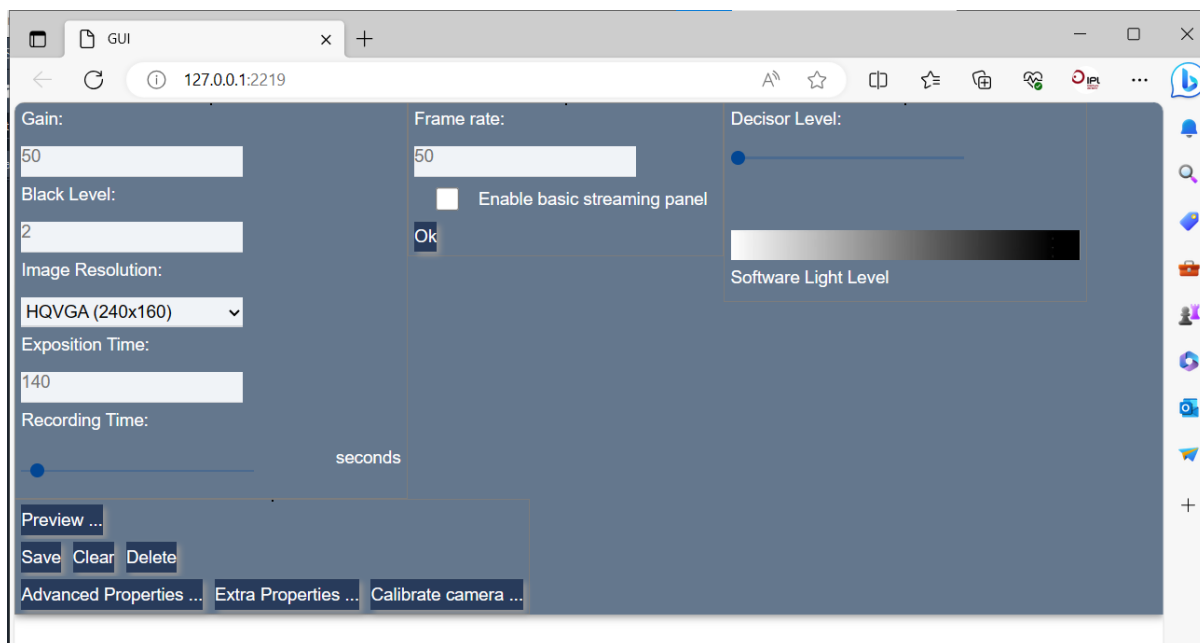


Figura 2.18: GUI principal de especificação dos parâmetros de aquisição.

Esta GUI exhibe vários parâmetros, entre os quais:

- *Gain* - O ganho inerente à experiência de aquisição (Parametro interno do Pylon). É recomendado o valor 50, que está a sombreado. No entanto, quanto maior for este valor, dependendo das condições, mais informação terão as imagens produzidas. O valor mínimo aceite é 0.
- *Black Level* - O nível de preto inerente à experiência de aquisição (Parametro interno do Pylon). Quanto menor for, melhor. Neste caso é recomendado o valor 2. O valor mínimo aceite é 0, o máximo aceite é de 10.
- *Image Resolution* - A resolução da imagem. Existem vários tipos de resolução de imagem, como apresentado na tabela 2.1.
- *Exposition Time* - Tempo de exposição inerente à experiência de aquisição (Parametro interno do Pylon), em μs . É recomendado o valor 140. O valor mínimo aceite é de 20, o máximo aceite de 35000.

Tabela 2.1: Lista das várias resoluções possíveis

Resolução	Dimensões	Categoria
Full HD (<i>Full High Definition</i>)	1920 × 1080	Alta Resolução
HD+ (<i>High Definition Plus</i>)	1600 × 900	Alta Resolução
HD (<i>High Definition</i>)	1280 × 720	Alta Resolução
qHD (<i>Quad High Definition</i>)	960 × 540	Alta Resolução
nHD (<i>Ninth HD</i>)	640 × 360	Alta Resolução
960H (<i>High</i>)	960 × 480	Baixa a Média Resolução
HVGA (<i>Half Video Graphics Array</i>)	480 × 320	Baixa resolução
VGA (<i>Video Graphics Array</i>)	640 × 480	Baixa a Média Resolução
SVGA (<i>Super Video Graphics Array</i>)	800 × 600	Média Resolução
DVGA (<i>Double Video Graphics Array</i>)	640 × 960	Baixa a Média Resolução
QVGA (<i>Quarter Video Graphics Array</i>)	320 × 240	Baixa Resolução
QQVGA (<i>Quarter Quarter Video Graphics Array</i>)	160 × 120	Muito Baixa Resolução
HQVGA (<i>Half Quarter Video Graphics Array</i>)	240 × 160	Baixa Resolução

- *Frame rate* - *Frame rate* associado à experiência de aquisição (Parametro interno do Pylon). É recomendado o valor de 50 FPS, embora também se possa considerar o valor 25 (para uma resolução de imagem de Full HD (1920x1080), o FPS máximo possível é de 25, para a câmara utilizada).
- *Decisor Level* - Nível referente às condições de luminosidade. É recomendado um valor diferente de 0, embora quanto menor for, melhor. Semelhante ao parâmetro *Black Level*.
- *Recording time* - Tempo de vídeo, em segundos. Para tal é utilizado um *slider*, sendo momentaneamente apresentado um texto com o valor correspondente quando se faz *Save*.

Se não editar os valores a sombreado, serão estes os valores por *default*.

Esta GUI contém ainda várias atividades:

1. *Preview* - Se clicar neste botão, terá acesso à imagem da câmara nesse preciso momento,

representada na figura 2.19, para os valores de parâmetros anteriormente especificados. Se pretender poderá fechar a janela com a imagem, mudar os valores dos parâmetros e voltar a fazer o *Preview* quantas vezes as que necessitar.



Figura 2.19: *Preview* da imagem da câmara.

2. *Clear* - Se clicar neste botão, os valores referentes a 4 dos campos (ganho, nível de preto, tempo de exposição e tipo de resolução) são automaticamente reconfigurados para os valores *default*.
3. *Delete* - Se clicar neste botão, os valores referentes a 3 dos campos (ganho, nível de preto e tempo de exposição) são automaticamente apagados, restando apenas os valores a sombreado.
4. *Advanced Properties* - Se clicar neste botão, aparece um menu, sendo que cada opção corresponde a um conjunto diferente de parâmetros, tal como está representado nas figuras 2.20, 2.21, 2.22, 2.23, 2.24, 2.25, 2.26 e 2.27. A função de cada um destes parâmetros é detalhada em baixo.
 - *Version of GenAPI persistence file* - Indica a versão do formato de arquivo de persistência GenAPI.
 - *Device version* - Especifica a versão do dispositivo da câmara.
 - *Device name* - Representa o nome do dispositivo da câmara.
 - *Initial code* - Refere-se ao código inicial associado à câmara.
 - *Product GUID* - Significa *Identificador Globalmente Único do Produto*, um identificador único para o produto da câmara.
 - *Product version GUID* - Semelhante ao GUID do produto, mas para uma versão específica do produto da câmara.

- *Sequence set total number* - Indica o número total de conjuntos de sequências.
- *Sequence set index* - Especifica o índice do conjunto de sequências atual.
- *Sequence set executions* - Indica o número de execuções para o conjunto de sequências atual.
- *Sequence set advance mode* - Especifica o modo de avanço para o conjunto de sequências.
- *Gain auto* - Indica se o ajuste automático de ganho está ativado.
- *Gain selector* - Especifica o modo de seleção de ganho.
- *Black level selector* - Especifica o modo de seleção de nível preto.
- *Gamma enable* - Indica se a correção *gamma* está habilitada.
- *Gamma selector* - Especifica o modo de seleção *gamma*.
- *Gamma* - Representa o valor *gamma* para correção de imagem.
- *Digital shift* - Refere-se às configurações de deslocamento digital.
- *Pixel format* - Especifica o formato dos pixels na imagem.
- *Reverse X* - Indica se o eixo X está invertido.
- *Test image selector* - Especifica o modo de seleção de imagem de teste.
- *Offset X* - Especifica o deslocamento no eixo X.
- *Offset Y* - Especifica o deslocamento no eixo Y.
- *Center X* - Especifica a coordenada X do centro da imagem.
- *Center Y* - Especifica a coordenada Y do centro da imagem.
- *Binning mode horizontal* - Especifica o modo de *binning* horizontal.
- *Binning horizontal* - Especifica o valor de *binning* horizontal.
- *Binning mode vertical* - Especifica o modo de *binning* vertical.
- *Binning vertical* - Especifica o valor de *binning* vertical.
- *Acquisition frame count* - Indica o número de *frames* adquiridas.
- *Trigger selector* - Especifica o modo de seleção de *trigger*.
- *Trigger mode* - Especifica o modo de *trigger*.
- *Trigger source* - Especifica a fonte do *trigger*.
- *Trigger activation* - Especifica o modo de ativação do *trigger*.
- *Trigger delay (abs)* - Representa o módulo do atraso do *trigger*.
- *Exposure mode* - Especifica o modo de exposição.
- *Exposure auto* - Indica se o ajuste automático de exposição está ativado.
- *Shutter mode* - Especifica o modo de obturador (*shutter*).

- *Acquisition frame-rate enable* - Indica se o *frame rate* para aquisição está ativado.
- *Line selector* - Especifica o modo de seleção de linha.
- *Line mode* - Especifica o modo de linha.
- *Line source* - Especifica a fonte do sinal de linha.
- *Line inverter* - Indica se o sinal de linha está invertido.
- *Line debouncer time* - Especifica o tempo de eliminação de falhas para o sinal de linha.
- *Min. out pulse width* - Especifica a largura mínima do pulso de saída.
- *Counter selector* - Especifica o modo de seleção de contador.
- *Counter event source* - Especifica a fonte do evento do contador.
- *Counter reset source* - Especifica a fonte do *reset* do contador.
- *LUT selector* - Especifica o modo de seleção da LUT (*Look-Up Table*).
- *LUT value* - Representa o valor da LUT.
- *LUT Enable* - Indica se a LUT está ativada.
- *Gev. stream channel selector* - Especifica o modo de seleção do canal de transmissão Gev.
- *Auto target value* - Representa o valor alvo automático.
- *Grey value adjustment damping* - *Damping* do ajuste de valor de cinza.
- *Balance white adjustment damping* - *Damping* do ajuste de balanceamento de branco.
- *Auto gain lower* - Limite inferior do ganho automático.
- *Auto gain upper* - Limite superior do ganho automático.
- *Exposure time lower* - Limite inferior do tempo de exposição.
- *Exposure time upper* - Limite superior do tempo de exposição.
- *Auto function profile* - Perfil da função automática.
- *Auto function AOI Width* - Largura da Área de Interesse para a função automática.
- *Auto function AOI Height* - Altura da Área de Interesse para a função automática.
- *Auto function AOI Offset X* - Deslocamento X da Área de Interesse para a função automática.
- *Auto function AOI Offset Y* - Deslocamento Y da Área de Interesse para a função automática.
- *User defined value selector* - Especifica o modo de seleção de valor definido pelo utilizador.
- *User defined value* - Representa o valor definido pelo utilizador.

- *Chunk mode active* - Indica se o modo de *chunk* está ativo.
- *Event selector* - Especifica o modo de seleção de evento.
- *Event notification* - Notificação de evento.



Figura 2.20: Menu inicial dos parâmetros avançados.

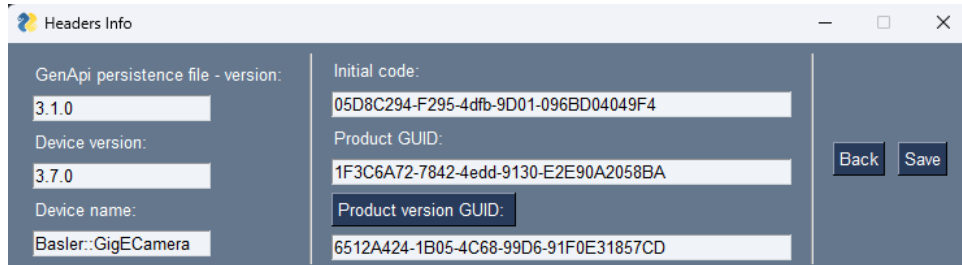


Figura 2.21: Redefinição dos *headers* (cabeçalho do ficheiro *.pfs*).

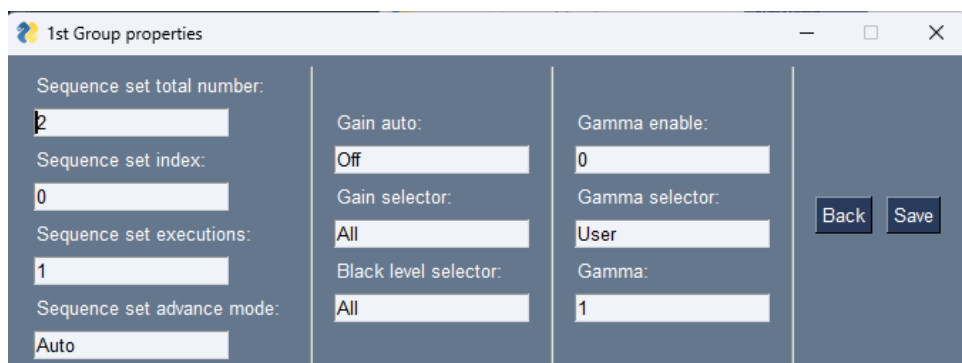


Figura 2.22: 1ª janela para redefinição dos parâmetros *standard*.



Figura 2.23: 2ª janela para redefinição dos parâmetros *standard*.

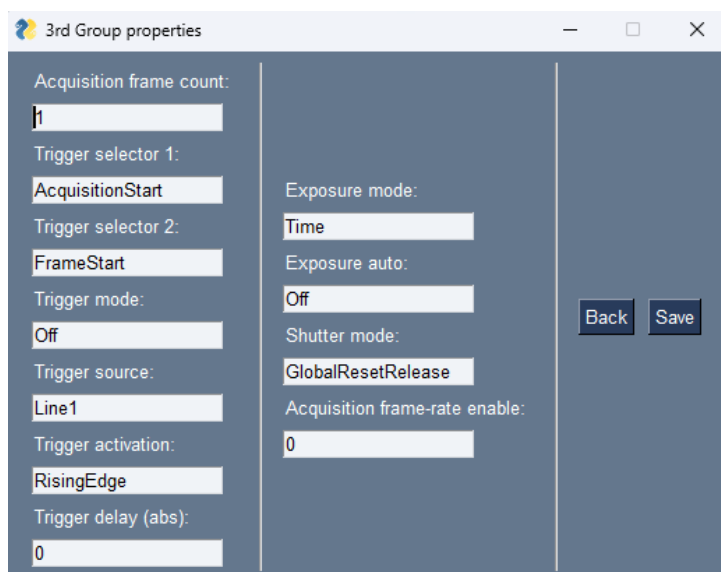


Figura 2.24: 3ª janela para redefinição dos parâmetros *standard*.

5. *Extra Properties ...* - Caso selecione esta opção, aparece a janela da figura 2.28, onde estão listados alguns dos parâmetros internos do *Pylon*, cuja definição pelo utilizador é facultativa. Poderá visualizar as restantes janelas, presentes nas figuras 2.29, 2.30, 2.31, 2.32, 2.33, 2.34, 2.35, 2.36, 2.37 e 2.38. Se fizer *Back* ou *Exit*, será remetido novamente para a janela da figura 2.18.

Nota: Os parâmetros, neste *software*, não são editáveis.

6. *Enable basic streaming panel* - Caso selecione esta opção e fizer *Ok*, aparecerá uma outra janela com outros parâmetros de aquisição cujo valor também poderá alterar, apresentada na figura 2.39. Estes parâmetros são:

- *Packet size* - Tamanho do pacote de dados inerente à experiência de aquisição (Parâmetro interno do *Pylon*). É recomendado o valor 1500.
- *Inter-Packet Delay* - *Delay* entre pacotes, referente à experiência de aquisição (Parâmetro interno do *Pylon*). É recomendado o valor 5000, embora, dependendo do *frame rate*, se possa considerar também o valor 10000.

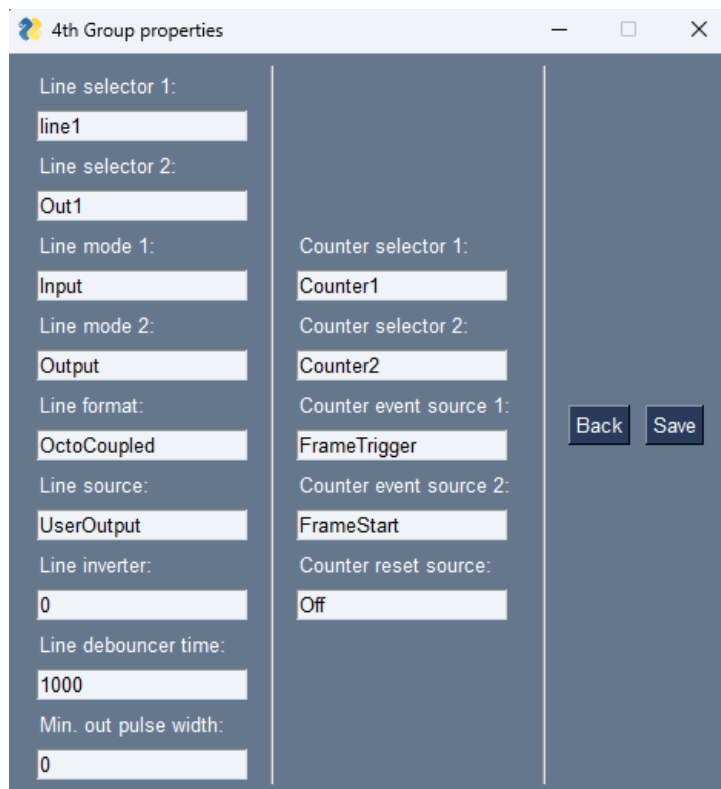


Figura 2.25: 4ª janela para redefinição dos parâmetros *standard*.

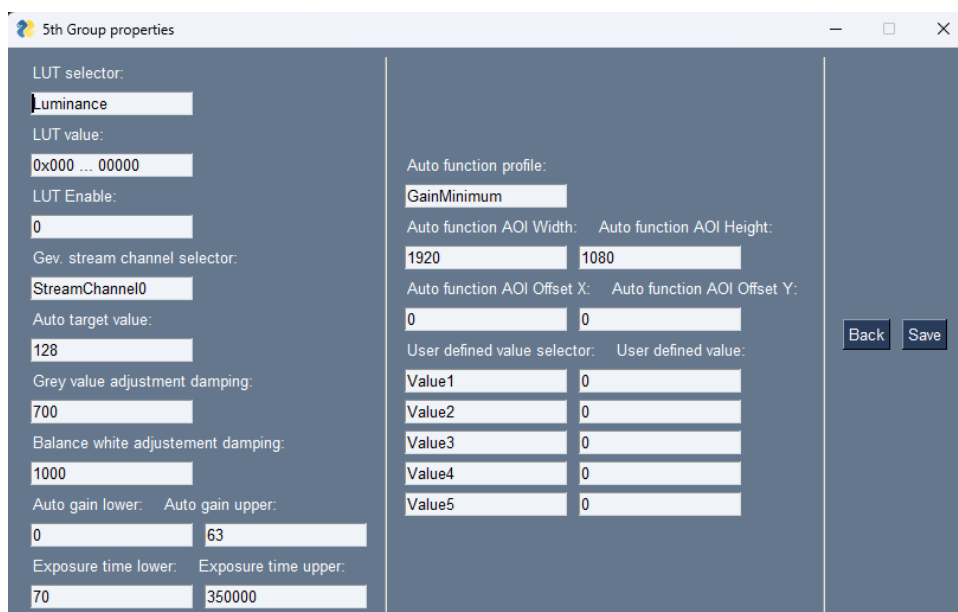


Figura 2.26: 5ª janela para redefinição dos parâmetros *standard*.

- *Bandwidth reserve accumulation* - Parametro interno do Pylon. É recomendado o valor 4.
- *Bandwidth reserve* - Parametro interno do Pylon. É recomendado o valor 10.

Ao fazer *Next* nada acontece. Faça *Save* nesta janela para guardar.

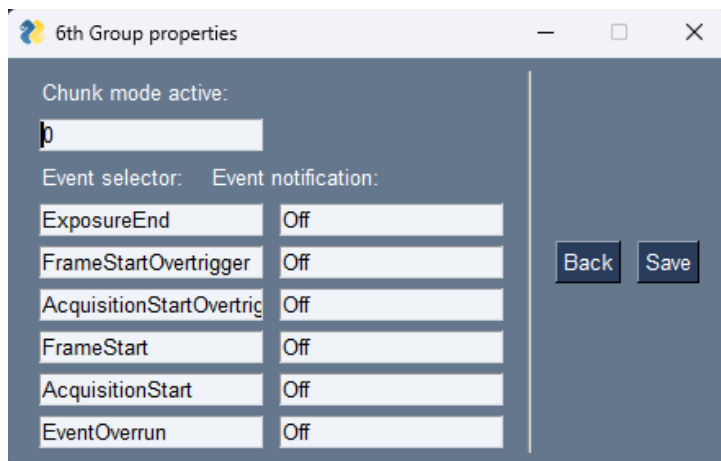


Figura 2.27: 6ª janela para redefinição dos parâmetros *standard*.

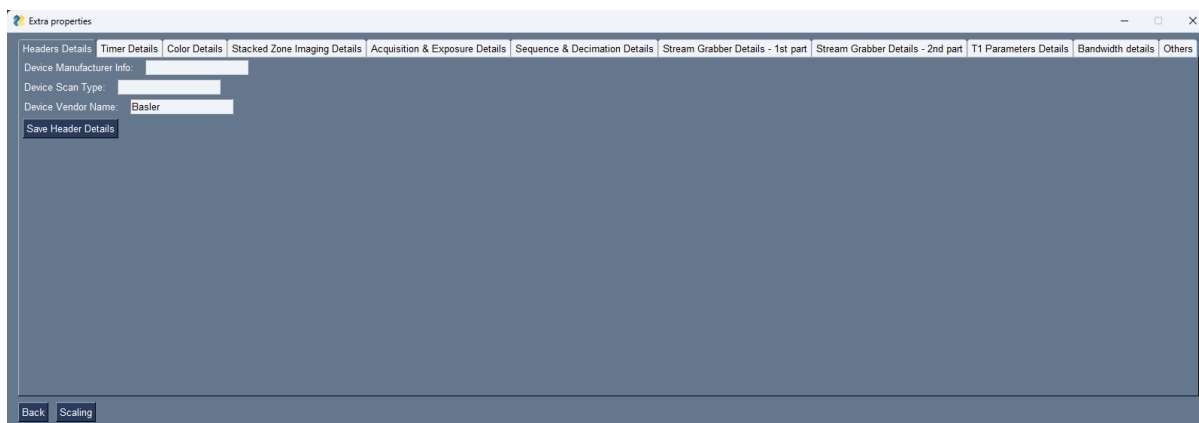


Figura 2.28: *Headers details* das propriedades extra.



Figura 2.29: *Timer details* das propriedades extra.

7. *Calibrate camera ...* - Caso selecione esta opção, terá de executar o seguinte procedimento:

- Selecionar a imagem para calibração através da janela da figura 2.40, e fazer *OK*. Certifique-se que seleciona um ficheiro de tipo *.png*, e que a imagem contém um tabuleiro de xadrez, como o representado na figura 2.41. Se fizer *Cancel*, repita este

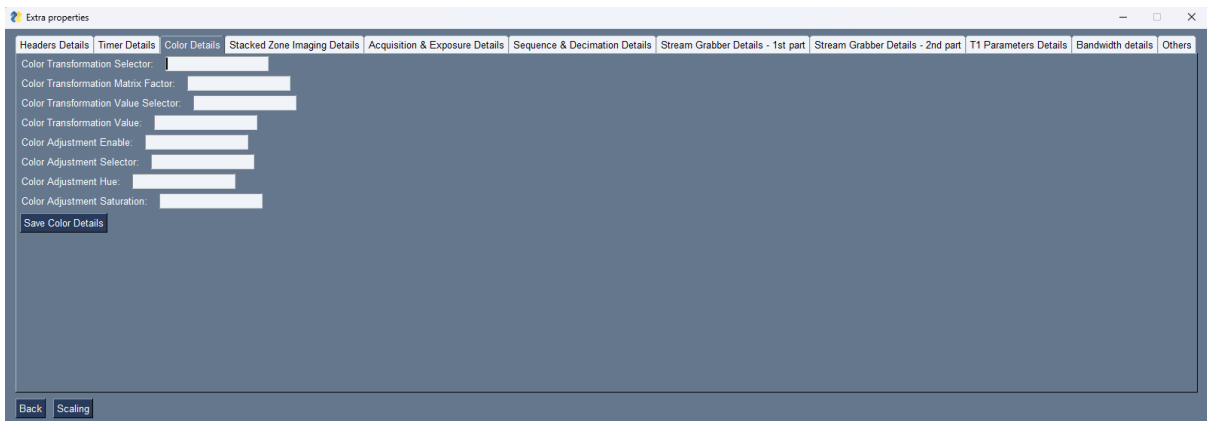


Figura 2.30: *Color details* das propriedades extra.

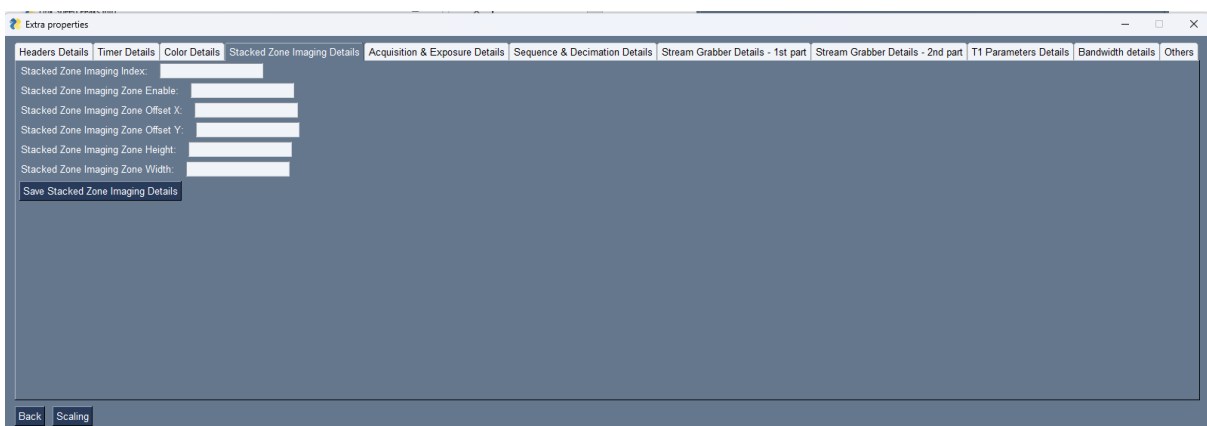


Figura 2.31: *Stacked Zone Imaging details* das propriedades extra.



Figura 2.32: *Acquisition & Exposure details* das propriedades extra.

passo.

- De seguida, indique o nome do ficheiro *metadata*, com ou sem extensão, onde pretende visualizar com maior detalhe os parâmetros de calibração, através da janela da figura 2.42.
- Ao fim de algum tempo surge a janela da figura 2.43, contendo os parâmetros de



Figura 2.33: *Sequence & Decimation details* das propriedades extra.



Figura 2.34: *Stream Grabber details* (primeira parte) das propriedades extra.



Figura 2.35: *Stream Grabber details* (segunda parte) das propriedades extra.

calibração obtidos, para a imagem selecionada.

Destes parâmetros:

- * F_x - Representa a distância focal da câmara ao longo do eixo x.
- * F_y - Representa a distância focal da câmara ao longo do eixo y.
- * PP_x - Representa a abcissa do ponto principal da câmara.

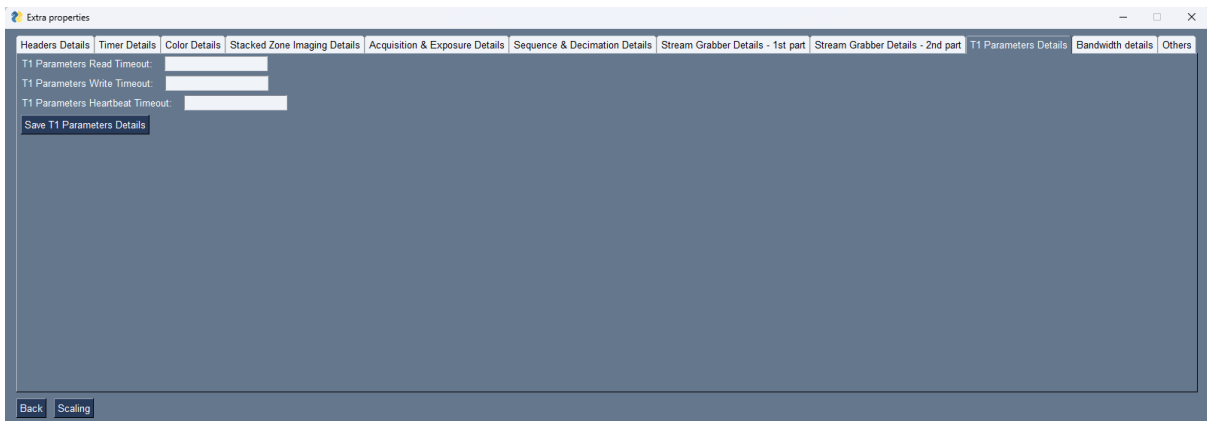


Figura 2.36: *T1 Parameters details* das propriedades extra.



Figura 2.37: *Bandwidth details* das propriedades extra.



Figura 2.38: Restantes propriedades extra.

* *PPy* - Representa a ordenada do ponto principal da câmara.

Estes parâmetros compõem a matriz de calibração representada na equação 2.1.

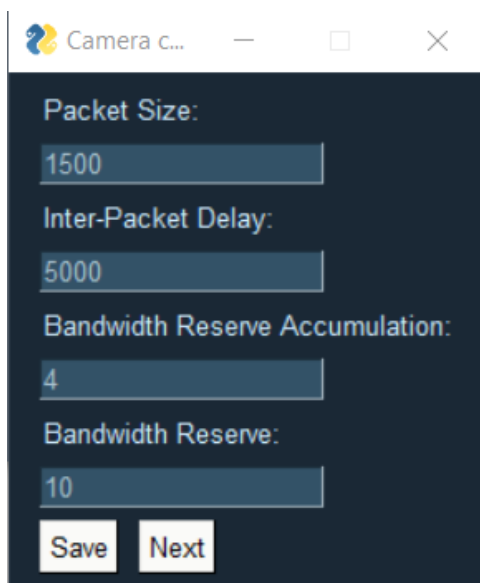


Figura 2.39: Painel de parâmetros básicos de aquisição.

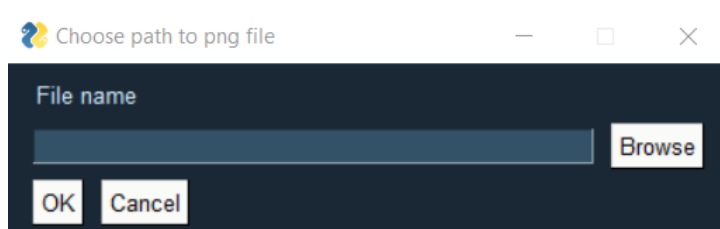


Figura 2.40: Janela para seleção da imagem para calibração da câmara.



Figura 2.41: Exemplo de imagem para calibração da câmara.

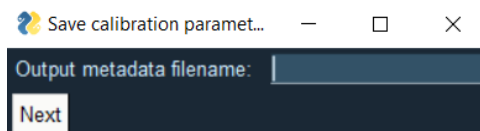


Figura 2.42: Introdução do nome do ficheiro *metadata* à saída, com a informação de calibração da câmara.

$$K = \begin{bmatrix} f_x & 0 & pp_x \\ 0 & f_y & pp_y \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \tag{2.1}$$



Figura 2.43: Janela com os parâmetros de calibração obtidos.

No modelo da câmara *Pinhole*, abordado com maior detalhe no corpo da Tese, e que é frequentemente utilizado em visão computacional, a relação entre as coordenadas no mundo real (X, Y, Z) e as coordenadas da imagem (u, v) é dada pelo sistema de equações representado em 2.2.

$$\begin{cases} u = \frac{f_x \cdot X}{Z} + pp_x \\ v = \frac{f_y \cdot Y}{Z} + pp_y \end{cases} \quad (2.2)$$

Neste caso, resolvendo o sistema de equações para os parâmetros de calibração obtidos, tem-se que a relação entre as coordenadas no mundo real e as coordenadas da imagem, é dada pelo sistema de equações representado em 2.3.

$$\begin{cases} u = \frac{1930.13 \cdot X}{Z} + 99.90 \\ v = \frac{1926.77 \cdot Y}{Z} + 93.52 \end{cases} \quad (2.3)$$

8. **Save** - Ao fazer *Save* já não é possível voltar atrás e o próximo passo é indicar a pasta de destino, de acordo com a figura 2.44.

De seguida, terá de seleccionar o número de testes que pretende que a experiência de aquisição tenha, através da figura 2.7. Se tiver seleccionado um número de testes:

- Superior a 1 (por exemplo, 2), terá de especificar o intervalo entre testes e fazer *Save*, de acordo com a figura 2.8, existindo uma vasta gama de intervalos, desde 30 segundos

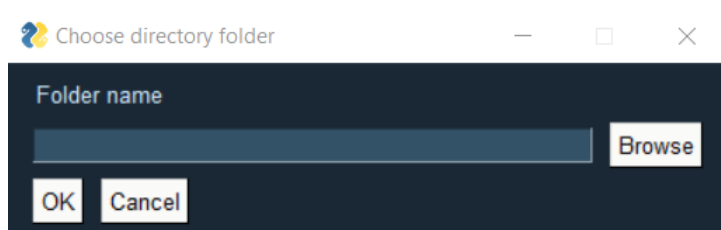


Figura 2.44: Janela para seleção da diretoria de destino.

a 1 hora. Ao fazer *Save*, poderá escolher a opção apresentada na janela da figura 2.46, que permite ativar a funcionalidade de guardar, num ficheiro *excel* o tempo de aquisição de cada uma das imagens adquiridas. De seguida, ao fazer *Next*, aparecerá uma outra janela, presente na figura 2.15. Ao fazer *Continue*, caso não tenha selecionado a opção acima mencionada, terá início o processo de aquisição. Caso tiver selecionado, para cada teste, terá de especificar o nome do ficheiro *.csv* onde pretende guardar os respetivos tempos de aquisição, através da janela da figura 2.45. A 1ª parte do processo de aquisição está descrita na secção 2.2.11.

Execute o procedimento descrito nos passos 3 e 4 da secção 2.3.

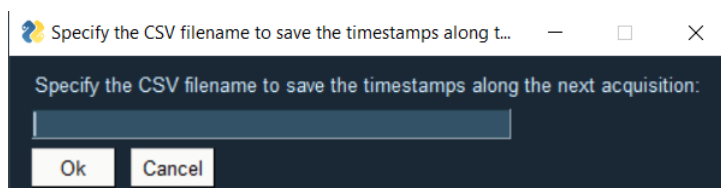


Figura 2.45: Indicação do nome do ficheiro *csv*, com os *timestamps*.

- Igual a 1, poderá escolher a opção apresentada na janela da figura 2.46, que permite ativar a funcionalidade de guardar, num ficheiro *excel* o tempo de aquisição de cada uma das imagens adquiridas.



Figura 2.46: Janela para seleção de uma opção adicional.

De seguida, ao fazer *Next*, aparecerá uma outra janela, presente na figura 2.15. Ao fazer *Continue* terá início o processo de aquisição. O processo de aquisição está descrito na secção 2.2.11.

Execute o procedimento descrito nos passos 3 e 4 da secção 2.3.

2.1.2 Aquisição

Caso tenha seleccionado esta opção, será remetido para a secção 2.2.

2.1.3 Processamento

Caso tenha seleccionado esta opção, será remetido para a secção 2.3.

2.2 Aquisition

Esta funcionalidade, que pode ser testada directamente utilizando o respetivo ficheiro executável (.exe), é a da aquisição de imagens da câmara. Assim, verifique se tem o PC correctamente ligado por *Ethernet* ao 2º porto do *switch*, e a câmara ligada ao 1º porto deste, tal como está na figura 2.47. Neste caso, utilizou-se um adaptador USB para *Ethernet*.

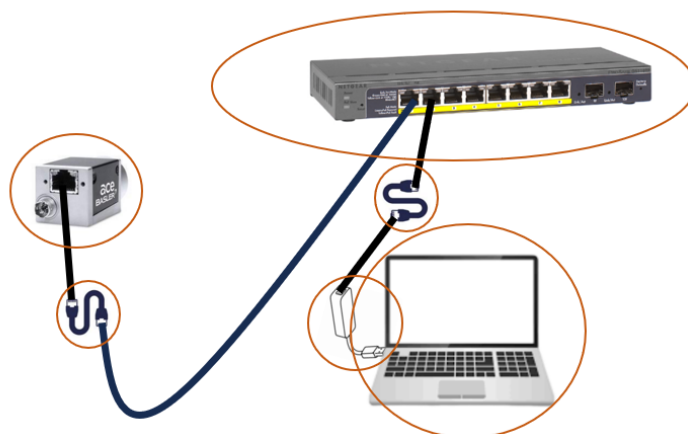


Figura 2.47: Utilização da câmara com o switch.

A aquisição é um procedimento que contém várias etapas:

1. Assim que se clica em *Aquisition*, o *software* verifica se a câmara está ou não conectada. Se não estiver conectada ou, por algum motivo, não está a ser possível detetar a mesma, aparecerá a janela da figura 2.48. Antes de tentar novamente, verifique se o PC está numa posição estável de forma a que o cabo Ethernet ligado ao mesmo não esteja a forçar e se os cabos *Ethernet* estão em condições. Se a câmara estiver bem conectada, salte para o passo 3.
2. Observando a janela da figura 2.48:

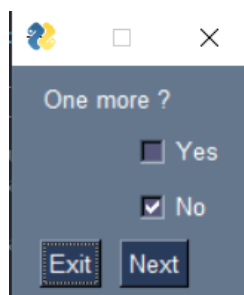


Figura 2.48: Nova tentativa de aquisição.

- a) Se seleccionar a opção *No* e fizer *Next* ou se fizer apenas *Exit*, o programa termina. Neste caso, feche o IDE utilizado e volte a abrir.
 - b) Se seleccionar a opção *Yes* e fizer *Next*, volte para o passo 1.
3. De seguida, terá de especificar o número de testes que pretende que a experiência de aquisição tenha, através da figura 2.49.

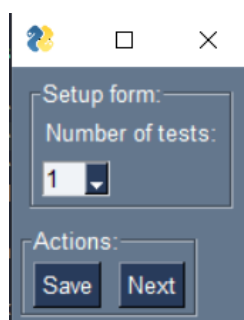


Figura 2.49: Janela para seleção do número de testes.

Se tiver seleccionado um número de testes superior a 1 (por exemplo, 2), terá de especificar o intervalo entre testes e fazer *Save*, de acordo com a figura 2.50, existindo uma vasta gama de intervalos, desde 30 segundos a 1 hora.

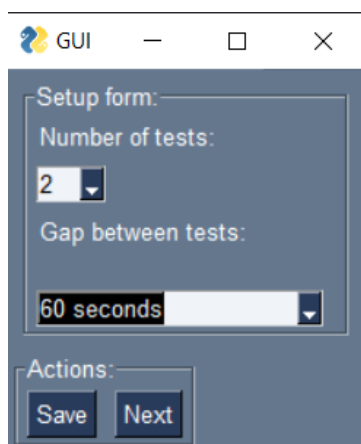


Figura 2.50: Janela para seleção do intervalo entre testes.

4. De seguida, poderá seleccionar opções adicionais, listadas na figura 2.9, já anteriormente apresentadas na secção 2.1.1.2. Se não seleccionou nenhuma das opções acima mencionadas, salte para o passo 5. Se seleccionou alguma das opções ou ambas, salte para o passo 6.
5. Neste caso, será necessário executar o seguinte procedimento.
 - (a) Seleccionar a duração de cada teste, em segundos, e fazer *Next*, através da janela da figura 2.51.

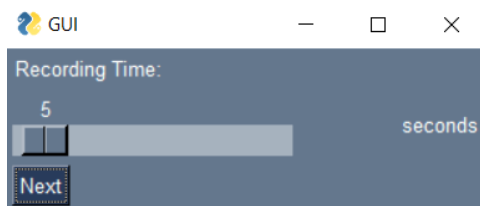


Figura 2.51: Janela para seleção da duração de cada teste, em segundos.

- (b) Carregar o ficheiro *.pfs* e fazer *OK*, de acordo com a figura 2.10.
 - (c) Seleccionar a pasta de destino e fazer *OK*, de acordo com a figura 2.11.
 - (d) De seguida, salte para o passo 9.
6. (a) Se tiver seleccionado apenas a segunda opção salte para o passo 7 e se tiver seleccionado ambas as opções, salte para o passo 8.
 - (b) Tendo apenas seleccionado a primeira opção, será necessário executar o seguinte procedimento.
 - i. Seleccionar a duração de cada teste, em segundos, e fazer *Next*, através da janela da figura 2.51.
 - ii. Carregar o ficheiro *.pfs* e fazer *OK*, de acordo com a figura 2.10.
 - iii. Verificar as configurações *standard* em termos de noções temporais, de acordo com a figura 2.52, e fazer *Save*. Caso faça *Back* será remetido para o passo anterior (*ii*) .
 - iv. Especificar se o ficheiro *.pfs* foi gerado utilizando este *software*, ou outro (por exemplo, o *software Basler_pylon*), de acordo com a figura 2.53.
Tendo em conta que o nome de cada ficheiro *.pfs* gerado utilizando este *software* contém uma sintaxe específica (*_{data}_{hora}_*), caso o ficheiro *.pfs* introduzido tenha sido gerado utilizando este *software*, é feita a respetiva verificação de sintaxe. Se o ficheiro *.pfs* introduzido foi gerado por outro *software* esta verificação não é feita.
 - v. Estabelecer um prazo de validade para o ficheiro *.pfs* e fazer *Next*, através da janela da figura 2.54, de acordo com as opções apresentadas.

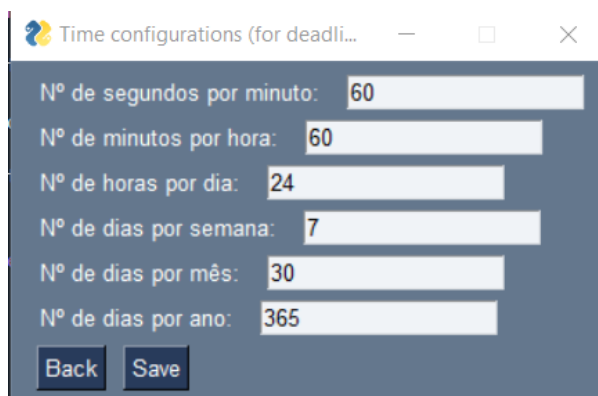


Figura 2.52: Janela com as configurações *standard* temporais.

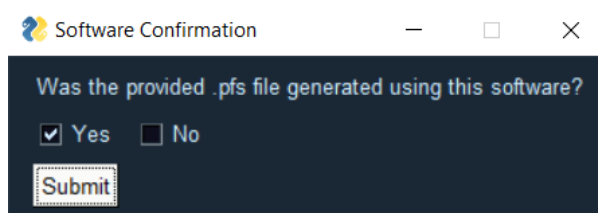


Figura 2.53: Especificação do *software* utilizado para gerar o ficheiro *.pfs* carregado.

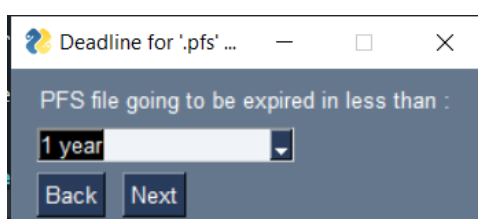


Figura 2.54: Especificação do tempo de prazo de validade para o ficheiro *.pfs*.

- vi. Selecionar a pasta de destino e fazer *OK* de acordo com a figura 2.11.
- (c) De seguida, salte para o passo 9.
- 7. (a) Tendo apenas selecionado a segunda opção, será necessário executar o seguinte procedimento.
 - i. Selecionar a duração de cada teste, em segundos, e fazer *Next*, através da janela da figura 2.51.
 - ii. Carregar o ficheiro *.pfs* e fazer *OK*, de acordo com a figura 2.10.
 - iii. Selecionar a pasta de destino e fazer *OK* de acordo com a figura 2.11.
- (b) De seguida, salte para o passo 9.
- 8. (a) Tendo selecionado ambas as opções, será necessário executar o procedimento descrito no passo 6. *b*).
 - (b) De seguida, salte para o passo 9. A especificação dos nomes dos ficheiros *.csv* onde pretende

guardar os tempos de aquisição de cada imagem, para cada um dos testes, é feita posteriormente.

9. De seguida aparecerá uma outra janela, presente na figura 2.55. Ao fazer *Continue* salte para o passo 10.

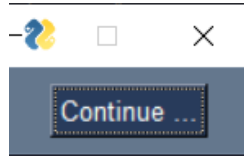


Figura 2.55: Janela de *trigger* para a rotina de ajuste da câmara.

10. Será necessário proceder ao ajuste da câmara em relação ao ambiente de aquisição, através da janela da figura 2.56.

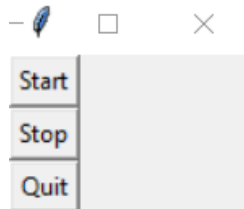


Figura 2.56: Janela de auxílio ao ajuste da câmara em relação ao ambiente de aquisição.

Esta janela exhibe três opções:

- *Start* - Ao clicar neste botão, terá acesso à câmara em real-time, tal como está na figura 2.57, podendo ajustar a mesma como pretender.

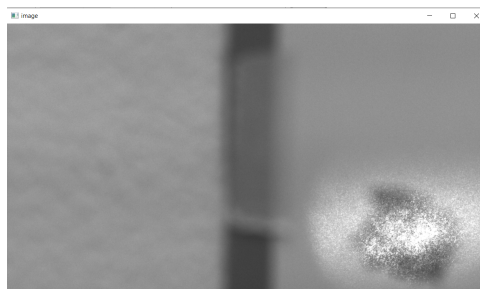


Figura 2.57: Imagem da câmara em *real-time*.

Ao fim de um certo período de tempo, surge a janela da figura 2.58.

Esta janela contém também três opções:

- *Adjust* - Ao clicar neste botão, tem início uma rotina de verificação se a imagem está ou não centrada. Nesse sentido:

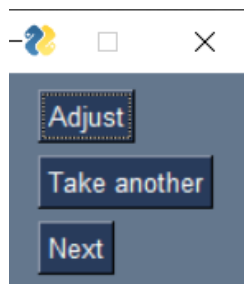


Figura 2.58: Janela de controlo à rotina de ajuste da câmara.

- (a) Considera-se a última imagem apresentada e procura-se na mesma estruturas circulares.
- (b) Considera-se apenas a primeira estrutura circular encontrada e coloca-se um círculo em volta da mesma.
- (c) É medida a distância do centro do círculo ao centro da imagem.
- (d) Se a distância for superior a um determinado limiar, considera-se que a imagem não está centrada.
- (e) Caso não esteja centrada, é apresentada uma mensagem, durante apenas 5 segundos, de auxílio ao ajuste da câmara (mover para a esquerda, direita, cima ou baixo).

No caso da figura 2.59, o círculo encontra-se mais à esquerda. Assim é necessário mover para a esquerda, de forma que a câmara fica centrada.

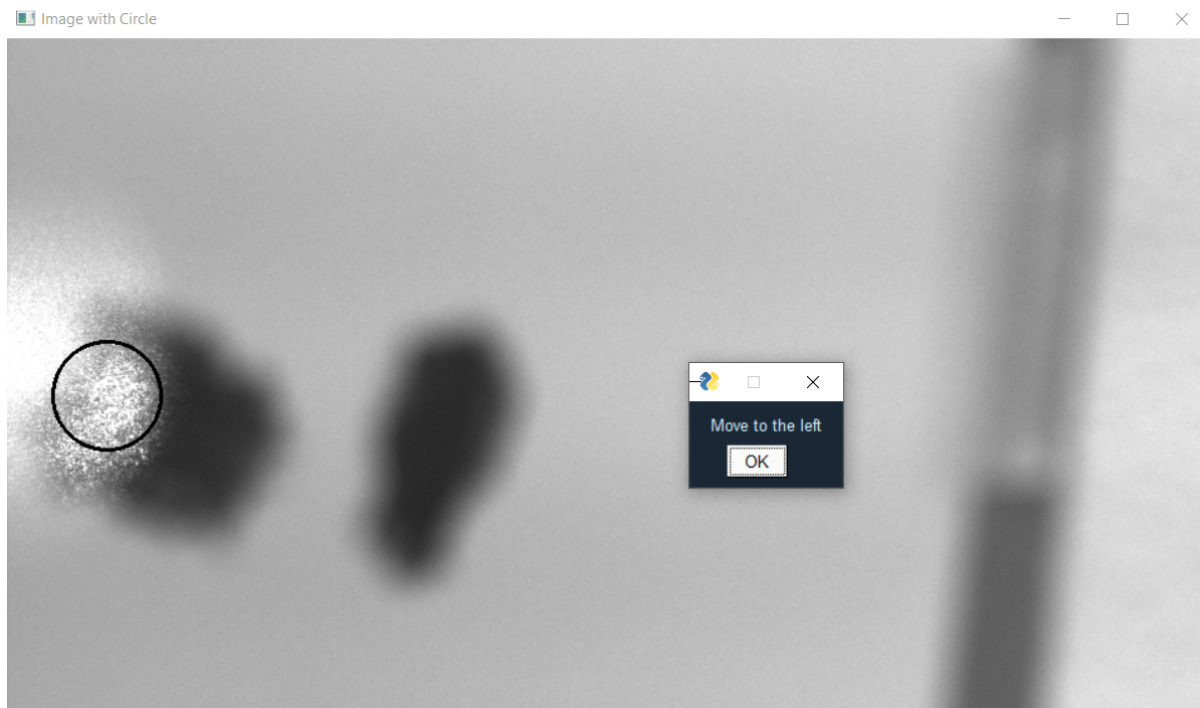


Figura 2.59: Janelas de auxílio ao ajuste da câmara.

- *Take another* - Ao clicar neste botão, o processo é repetido.
- *Next* - Ao clicar neste botão, inicia o processo de aquisição propriamente dito, descrito no passo 11.
- *Stop* - Ao clicar neste botão, caso antes se tenha clicado em *Start* a imagem da câmara para. Caso não se tenha clicado anteriormente em *Start*, não faz nada.
- *Quit* - Ao clicar neste botão, o programa termina.

11. Durante o processo de aquisição, certifique-se que o ambiente de aquisição está de acordo com o pretendido. No intervalo entre cada teste, é apresentada uma janela com o tempo restante, em segundos, até ao próximo teste, de acordo com a figura 2.60 (para uma experiência de aquisição com mais do que um teste).

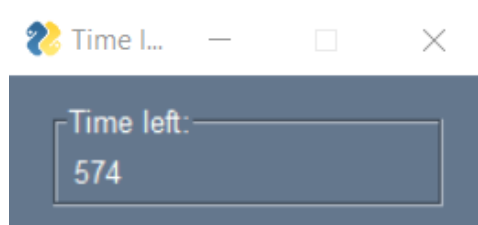


Figura 2.60: Janela com o tempo restante, em segundos, até ao próximo teste.

Para o caso apresentado no passo 8, no fim de cada teste terá também de especificar o nome do ficheiro *.csv* onde pretende guardar os tempos de aquisição, através da figura 2.61.

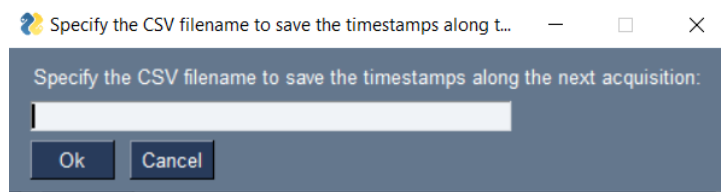


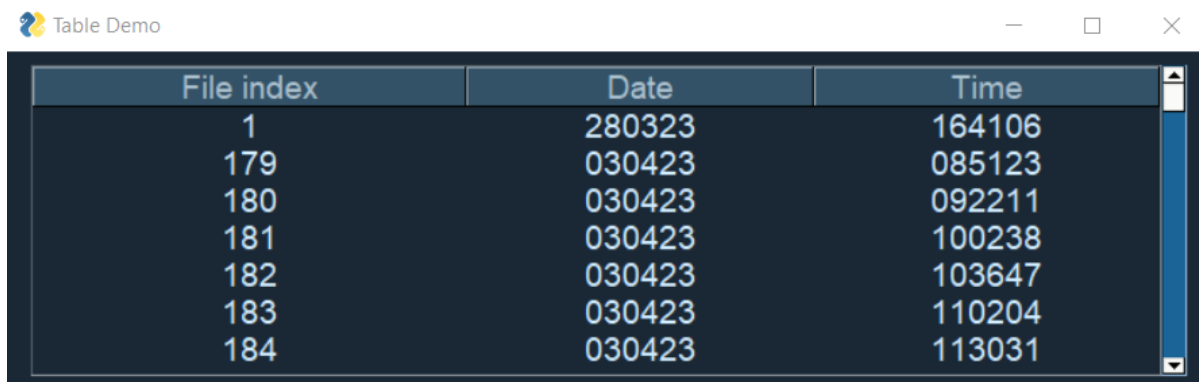
Figura 2.61: Indicação do nome do ficheiro *csv*, com os tempos de aquisição.

2.3 Processing All-In-Ones

Caso seleccione esta opção, execute o seguinte procedimento.

1. Escolher qual a experiência de aquisição anteriormente feita que quer submeter para processamento, de acordo com a tabela apresentada na janela da figura 2.62. Nesta tabela:

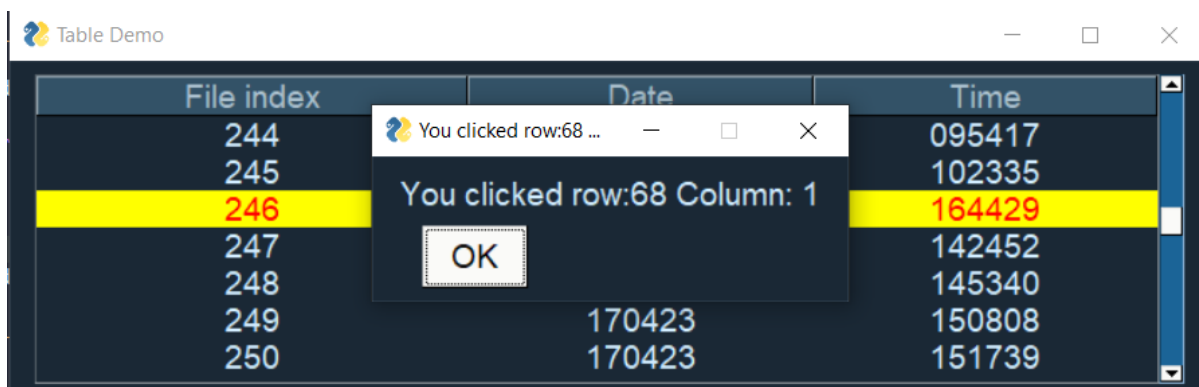
- A 1ª coluna contém os índices das pastas correspondentes aos testes efetuados.
- A 2ª coluna contém as datas, no formato $\{dia\}:\{mês\}:\{ano\}$, relativas a cada uma dos testes efetuados.
- A 3ª coluna contém a hora em que foi feito cada um dos testes, no formato $\{horas\}:\{minutos\}:\{segundos\}$



File index	Date	Time
1	280323	164106
179	030423	085123
180	030423	092211
181	030423	100238
182	030423	103647
183	030423	110204
184	030423	113031

Figura 2.62: Registro das experiências de aquisição feitas anteriormente.

2. Ao escolher a experiência de aquisição, surge a janela da figura 2.63 com o número da linha que selecionou, de acordo com a ordem da informação disposta na tabela. Faça *OK*.



File index	Date	Time
244		095417
245		102335
246		164429
247		142452
248		145340
249	170423	150808
250	170423	151739

Figura 2.63: Experiências de aquisição selecionada para processamento.

3. De seguida, aparece a janela da figura 2.64 que indica que o processamento está em curso.



Figura 2.64: Processamento em curso.

4. Caso a experiência de aquisição selecionada tenha:

a) Mais do que um teste:

- Caso pretenda fazer o processamento a partir de um teste que não o primeiro, deverá antes seguir um conjunto de passos.

(a) Remover os ficheiros de texto de configuração da pasta.

(b) Atualizar o ficheiro de texto relativo à experiência de aquisição, em relação ao número de testes (p.e., considerando que o 4º teste é agora o 1º, para um conjunto de 10 testes inicial, o número de testes deverá ser alterado para 7).

(c) Ainda relativamente a este ficheiro de texto, é necessário também alterar a última parte do nome do mesmo. Em vez da hora relativa ao 1º teste, deverá colocar a hora do teste a partir do qual pretende iniciar o processamento.

- Assumindo que se pretende fazer o processamento sempre entre o primeiro teste e um dos subsequentes, o procedimento a seguir encontra-se aqui delineado.

– Assim que o processamento terminar, surge a janela de resultados da figura 2.65.

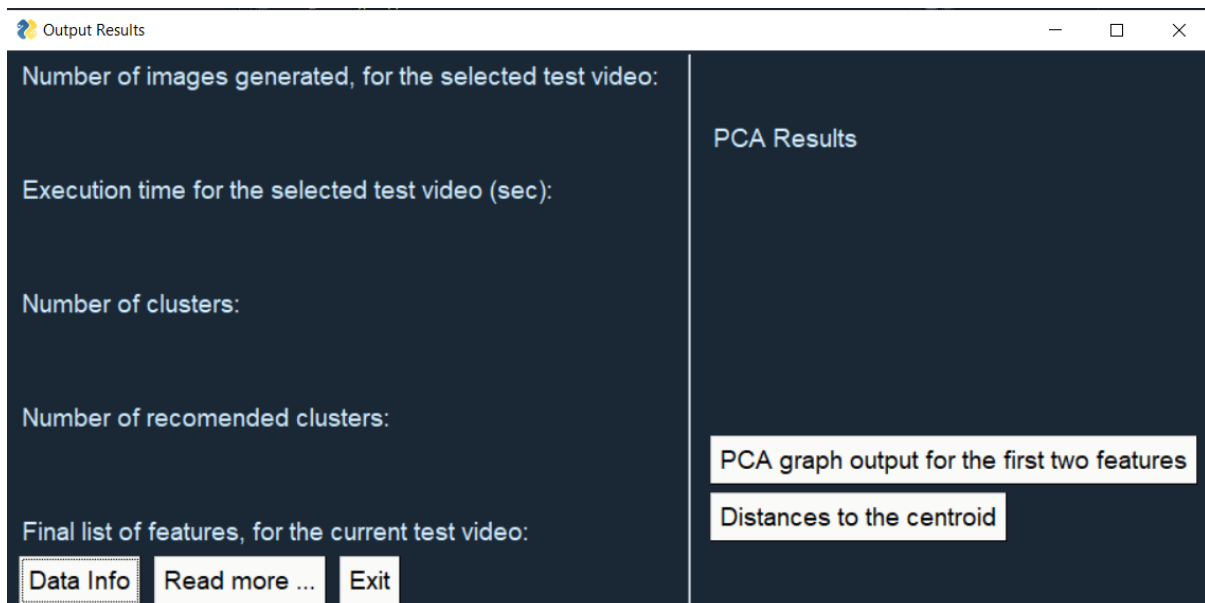


Figura 2.65: Janela de resultados do processamento.

Nesta janela:

- * Se clicar em *Data Info* a informação do lado esquerdo da janela é preenchida, tal como está na figura 2.66. É ainda aberta automaticamente uma página *web* com a lista final de *features* obtidas, de acordo com a figura 2.67.
- * Se clicar em *Exit*, o programa termina.

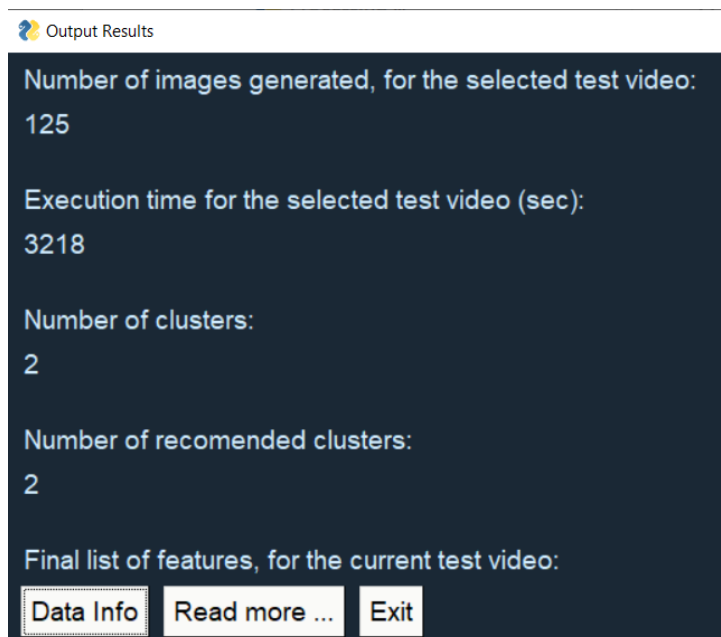


Figura 2.66: Informação base de processamento.

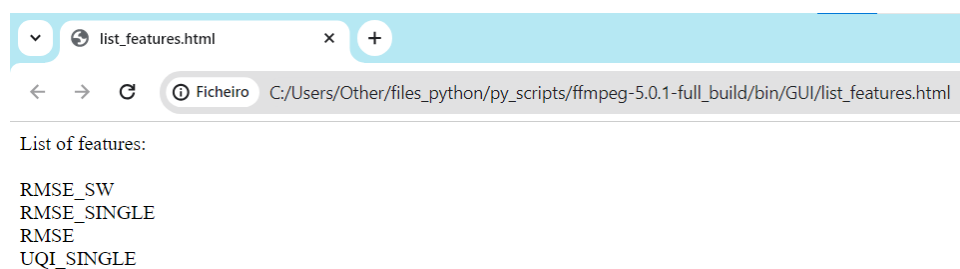


Figura 2.67: Lista final de *features* obtida.

- * Se clicar em *Read more ...*, surge a janela da figura 2.72. Nesta janela, se clicar em *Back*, volte para o início deste passo. Esta janela contém várias atividades:
- (a) *Image Acquisition* - Se selecionar esta opção, surge a janela informativa da figura 2.73. Se fizer *Back*, volte para o passo anterior.
 - (b) *Image Processing* - Se selecionar esta opção, surge a janela informativa da figura 2.74. Se fizer *Back*, volte para o passo anterior.
 - (c) *Machine Learning Techniques* - Se selecionar esta opção, surge a janela informativa da figura 2.75. Se fizer *Back*, volte para o passo anterior.
 - (d) *Results Analysis* - Se selecionar esta opção, surge a janela informativa da figura

2.76. Se fizer *Back*, volte para o passo anterior.

(e) *Others* - Se selecionar esta opção, surge a janela da figura 2.77. Se fizer *Back*, volte para o passo anterior. Nesta janela existem ainda um conjunto de informações:

- *PC Info* - Se selecionar esta opção, surge a janela da figura 2.68, que contém as características do PC utilizado. Se fizer *Back*, volte para o passo anterior.

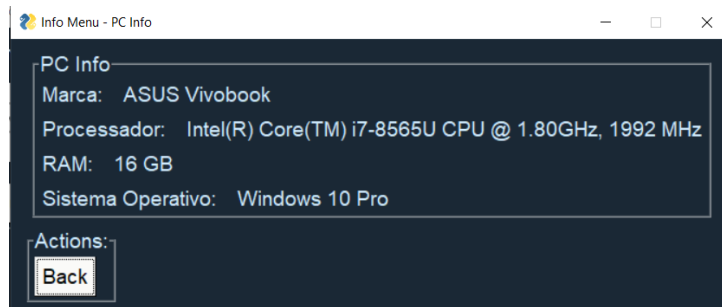


Figura 2.68: Características do PC utilizado.

- *Software and related packages* - Se selecionar esta opção, surge a janela da figura 2.69. Nesta janela está indicada a:

1. Versão do *Python* utilizada.
2. Versão do *Pylon* utilizada.
3. Versão do *Spyder* (IDE) utilizada.
4. A opção *Required packages* - Se selecionar esta opção, é aberta uma página *web*, como a representada na figura 2.70, com uma lista de todas as *packages*, de *Python*, necessárias para o funcionamento do *software*, e respetiva versão. Se fizer *Back*, volte para o passo anterior.

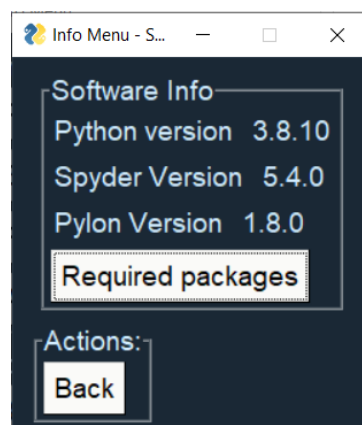


Figura 2.69: Versões do(a)s *softwares/packages* principais utilizado(a)s.

- *Results from last set of tests* - Se selecionar esta opção, surge a janela da figura 2.71. Se fizer *Exit*, volte para o passo anterior. Esta janela contém uma

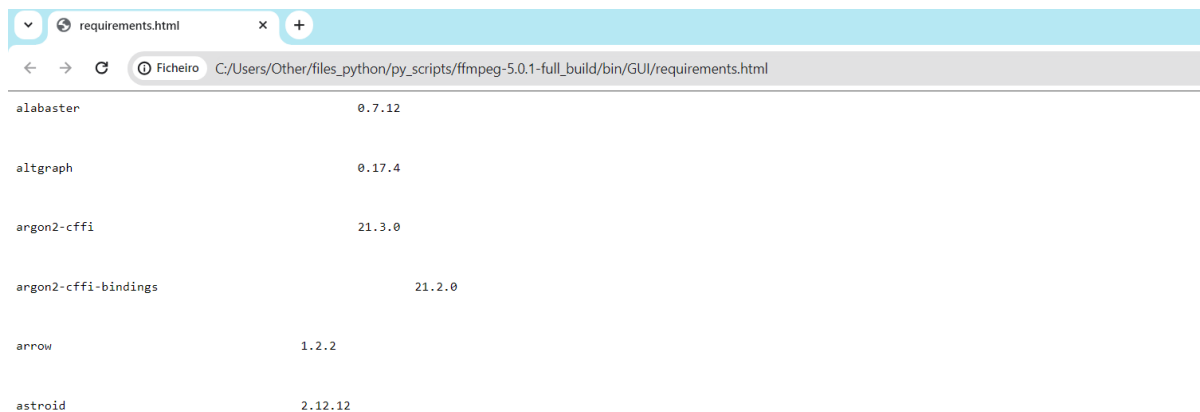


Figura 2.70: Janela *web* com algumas *packages* e respetivas versões.

tabela com os nomes das imagens guardadas na pasta *GraphsOutput*, na mesma diretoria onde está o software. Ao selecionar uma dos nomes, surge um janela com a imagem correspondente.

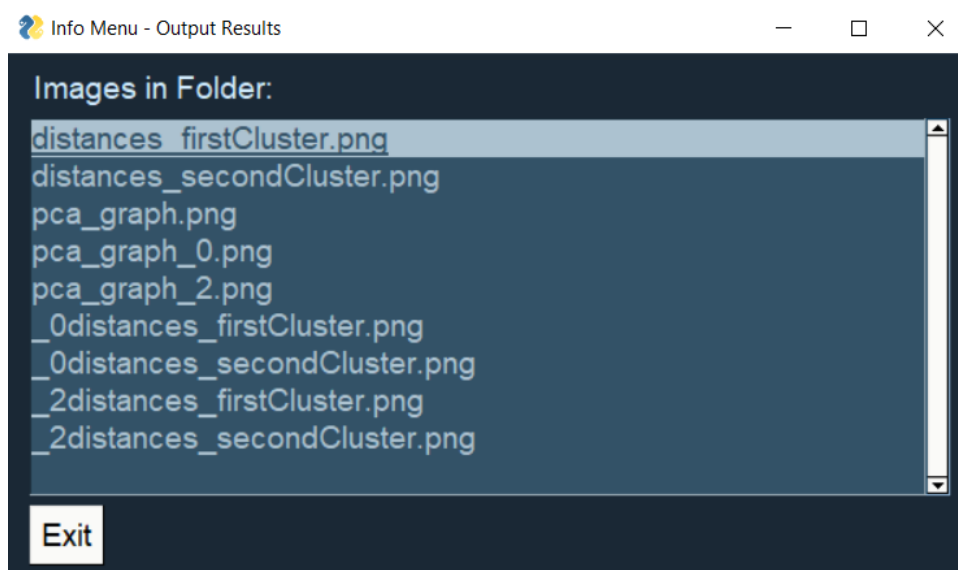


Figura 2.71: Lista de imagens relativas a resultados de *clustering* obtidos anteriormente.

- *Additional info* - Se selecionar esta opção, volte para o passo anterior.
- * Se clicar em *PCA graph output for the first two features*, surge um gráfico, apresentado na janela da figura 2.78 que representa as duas primeiras features, já com valores normalizados, do resultado da aplicação da técnica PCA, para as várias classes consideradas.
- * Se clicar em *Distances to the centroid*, aparece uma segunda janela, como a da figura 2.79, que permite visualizar, para cada *cluster*, a distância normalizada das várias amostras, ao centróide.

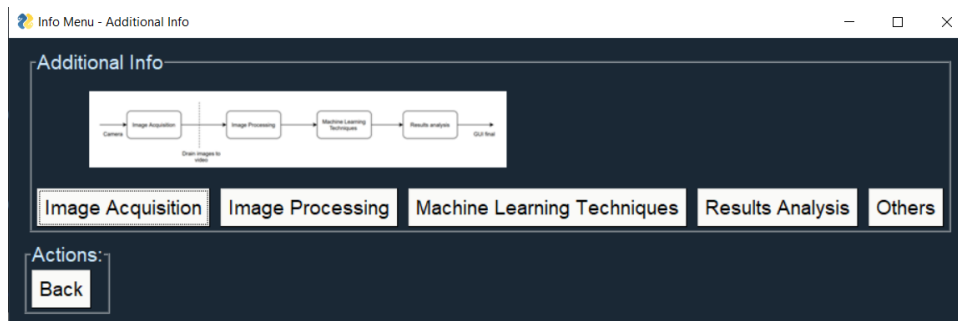


Figura 2.72: Janela informativa principal.



Figura 2.73: Janela informativa da Aquisição de Imagem.

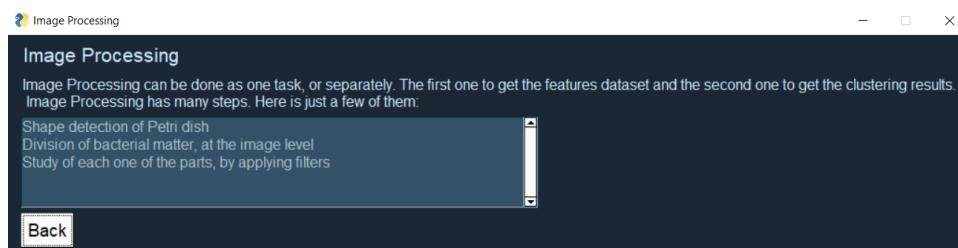


Figura 2.74: Janela informativa do Processamento de Imagem.

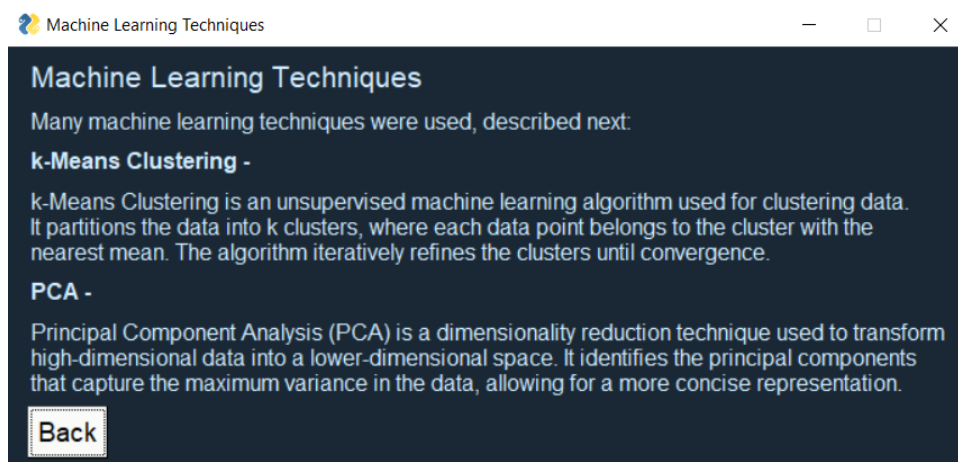


Figura 2.75: Janela informativa das técnicas de *machine learning* utilizadas.

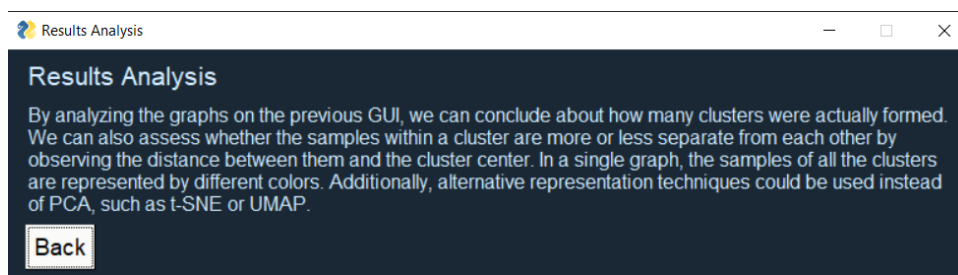


Figura 2.76: Janela informativa relativa à análise dos resultados.

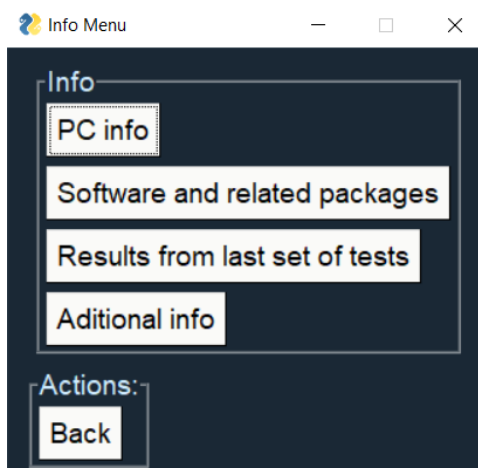


Figura 2.77: Janela informativa adicional, referente às características do sistema.

Nesta janela:

- a) Para visualizar os gráficos terá de clicar nas várias opções por ordem. Por exemplo, se pretender ver apenas o 2º gráfico, terá de primeiro clicar no botão correspondente ao 1º gráfico, fechar, e só depois clicar então no referente ao 2º gráfico.
- b) Cada um dos gráficos apresentados, tal como o indicado na figura 2.80 contém:
 - i) No eixo das abcissas, o nº da amostra.
 - ii) No eixo das ordenadas, a distância normalizada das várias amostras do *cluster* ao respetivo centróide.
- b) Apenas um teste:
 - Surge a janela da figura 2.81. Se das opções disponíveis, seleccionar a opção 2 (se pretender dividir o vídeo de teste em duas partes), faça *Next* e salte para o passo 5 da secção 2.1.1.2, utilizando um ficheiro *.pfs*. Se seleccionar outra opção diferente de 2 (3, 4, 5, 6, ...), faça *Next* e salte para o próximo passo. Se fizer *Exit*, repita este passo.

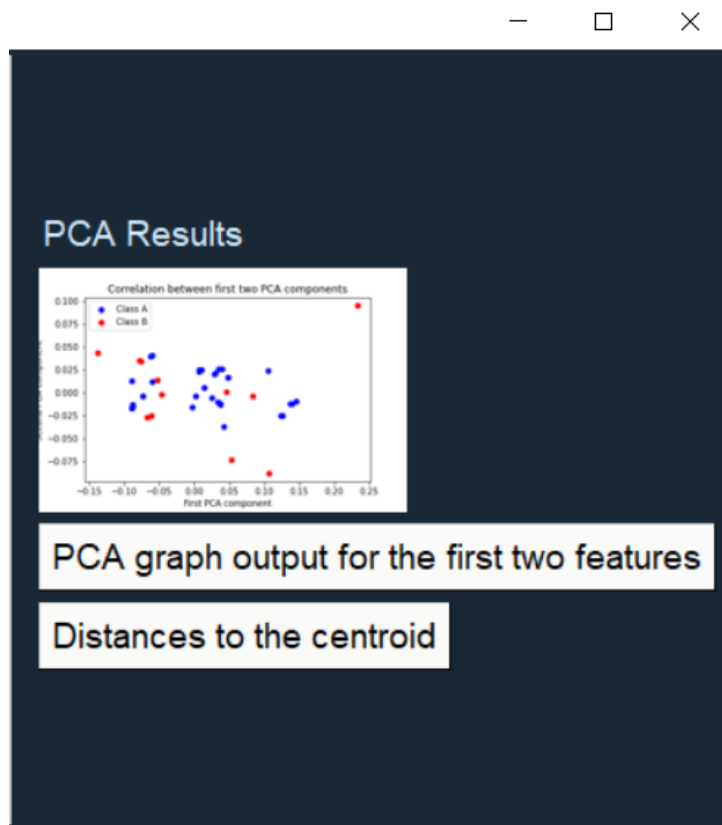


Figura 2.78: Resultado da aplicação da técnica PCA.



Figura 2.79: Janela de acesso à visualização das distâncias das amostra de cada *cluster* ao respetivo centróide.

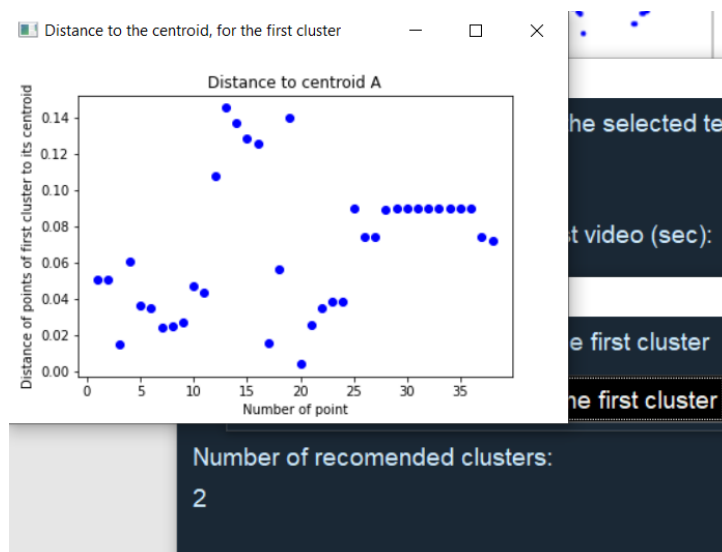


Figura 2.80: Distâncias das amostra do *cluster* A ao respetivo centróide.

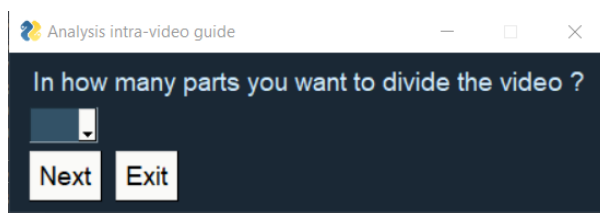


Figura 2.81: Número de partes em que se pretende dividir o vídeo.

– Terá de especificar como pretende fazer a divisão do vídeo de teste, através da janela da figura 2.82, existindo duas opções:

- a) *Image selection* - Permite a seleção imagem a imagem da diretoria do teste.
- b) *Manual specification of time marks* - Permite a especificação manual do instante inicial e final, em segundos, de cada parte do vídeo de teste.

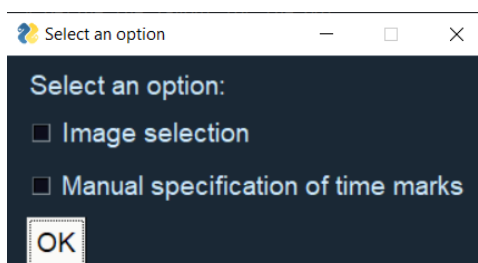


Figura 2.82: Seleção da metodologia de divisão do vídeo de teste.

Se seleccionar ambas as opções e fizer *OK*, repita este passo.

– Se seleccionar apenas:

* A 1ª opção, execute o seguinte procedimento, tantas vezes quanto o número de partes em que pretende dividir o vídeo.

- i) Introduzir o nome do ficheiro de vídeo, sem extensão, correspondente a esta parte, e fazer *Next*, através da janela da figura 2.83. Se fizer *Exit*, o programa termina.



Figura 2.83: Janela para introdução do nome do sub-ficheiro de vídeo.

Caso já exista algum ficheiro de vídeo com o mesmo nome, nesta diretoria, terá de repetir este passo.

- ii) "Arrastar" as imagens, correspondentes ao vídeo principal, que se pretende incluir no novo vídeo, através das janelas da figura 2.84. Quando "largar" as imagens na janela da esquerda, surgirão, nessa janela, as diretorias correspondentes a cada uma das imagens, tal como está na janela da figura 2.85.

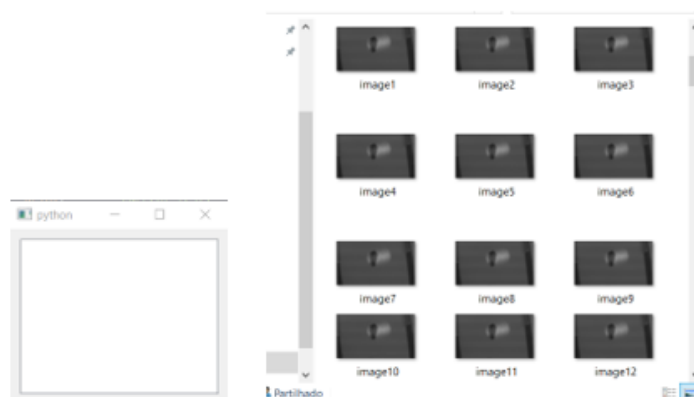


Figura 2.84: Drop das imagens para a constituição do sub-vídeo.

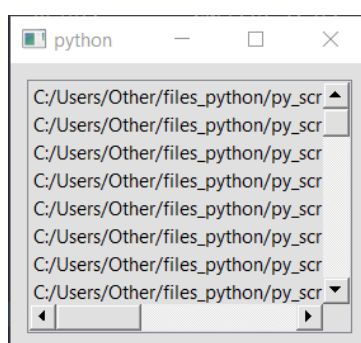


Figura 2.85: Lista de diretorias das imagens carregadas.

- iii) De seguida, aparece a janela da figura 2.86. Se seleccionar a opção *Yes*, ou seja, se pretender adicionar mais imagens, volte para a alínea anterior. Se seleccionar a opção *No*, salte para o próximo passo.
- * A 2ª opção, execute o seguinte procedimento.
- i) Execute esta alínea tantas vezes quanto o número de partes em que pretende dividir o vídeo.

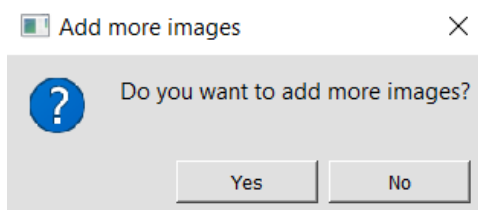


Figura 2.86: Janela para adição de mais imagens ao sub-vídeo.

- (a) Especificar os instantes temporais inicial e final, desta parte, em segundos, através da janela da figura 2.87. Neste janela também está o tempo total do vídeo principal. Assim, os limites temporais especificados devem estar dentro do intervalo, e devem ter a sintaxe: $\{x\}.\{y\}$ (com ponto, e não com vírgula). Faça *Next*. Se os limites temporais estabelecidos não estiverem dentro do intervalo, repita este passo. Se fizer *Exit*, repita igualmente este passo.

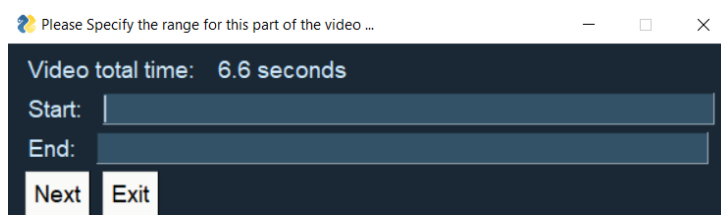


Figura 2.87: Especificação dos limites temporais para o sub-vídeo.

- ii) De seguida, aparece a janela da figura 2.88. Se pretender definir um novo *frame-rate* (nº de *frames* por segundo) para o novo vídeo, selecione a opção *Yes*. Se pretender manter o *frame-rate* (igual ao do vídeo principal), selecione a opção *No*. Faça *Next*. Se fizer *Exit*, repita este passo.

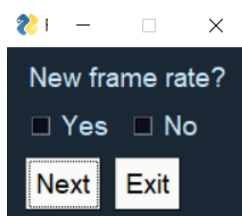


Figura 2.88: Janela para redefinição do *frame rate* do sub-vídeo.

- iii) Se especificou que pretende manter o *frame-rate* salte para a próxima alínea. Se especificou que pretende definir um novo *frame-rate*, indique-o através da janela da figura 2.89 e faça *Next*. Se fizer *Exit*, repita este passo.
- iv) Execute esta alínea tantas vezes quanto o número de partes em que pretende

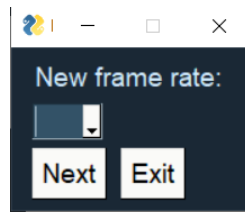


Figura 2.89: Indicação do *frame rate* para o sub-vídeo.

dividir o vídeo.

- (a) Introduzir o nome do ficheiro de vídeo sem extensão, correspondente a esta parte, e fazer *Next*, através da janela da figura 2.83. Se fizer *Exit*, o programa termina.
- (b) Caso já exista algum ficheiro de vídeo com o mesmo nome, nesta diretoria, terá de repetir o passo anterior.

– De seguida, execute o procedimento descrito na alínea *a*).

2.4 *Processing-till-features characterization*

Caso seleccione esta opção, execute o seguinte procedimento.

1. Seguir os passos 1, 2 e 3 da secção 2.3. Nesta fase já se tem a informação de todas as *features*.
2. Se a experiência de aquisição selecionada tiver mais do que um teste, salte para o próximo passo. Se a experiência de aquisição selecionada tiver apenas um teste, terá de:
 - (a) Indicar as pastas de destino para as imagens do(s) vídeo(s) num primeiro momento e num segundo momento, como apresentado nas figuras 2.16 e 2.17 para que se possa estabelecer uma comparação entre as imagens, verificando a respetiva evolução.
 - (b) Executar o procedimento descrito na alínea *b*) do passo 4 da secção 2.3, exceto o último passo.
3. De seguida, poderá adicionar mais *features*, face às existentes, através da janela da figura 2.90.

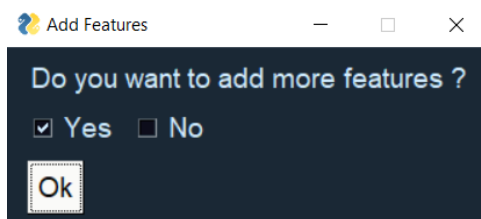


Figura 2.90: Janela para adição de mais *features*.

4. Se tiver selecionado a opção *No*, salte para o passo 6. Se selecionou a opção *Yes*, terá de definir a *feature* que pretende adicionar, de acordo com a janela da figura 2.91.

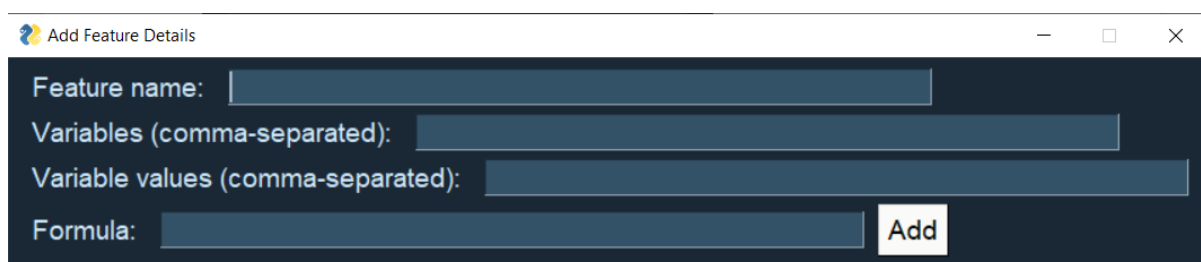


Figura 2.91: Janela para definição da *feature* a adicionar.

Nesta janela:

- a) *Feature name* - Representa o campo onde deve indicar o nome da *feature*. O nome tem de ser apenas uma letra maiúscula.

Nota:

- a) A letra escolhida não pode conter nenhum acento.
- b) Não é permitida a escolha da letra ç.

1. Caso não tenha em conta as alíneas acima, aparecerá uma janela com a mensagem:

Feature name must not contain any special characters!

Nesse caso, faça *OK* e repita este passo.

2. O nome da *feature* não pode ser de uma já existente. Caso coloque um nome de uma *feature* já existente, surge um janela com a mensagem:

Feature already exists!

Nesse caso, faça *OK* e repita este passo.

- b) *Variables (comma-separated)* - Neste campo deve indicar todas as variáveis independentes, separadas por vírgula. As variáveis têm de ser letras minúsculas (apenas uma letra), e diferentes da letra dada à *feature* no campo anterior.

c) *Variable values (comma-separated)* - Neste campo deve indicar tantos valores quantas as variáveis especificadas no campo anterior, separados por vírgula. Por forma a simplificar, dê valores unitários por ordem crescente (*p.e.*: 1,2,3,4 se forem 4 variáveis).

d) *Formula* - O texto aqui introduzido deve ter a sintaxe:

$$\{Feature\ Name\} = \{Combinação\ linear\ de\ features\}$$

Assim na equação são permitidos os sinais: + (soma), - (subtração), * (multiplicação), / (divisão), ^ (exponenciação).

Tendo em conta todas estas especificações, a janela da figura 2.92 contém um exemplo de definição de *feature*.



Figura 2.92: Exemplo de definição de *feature*.

De seguida, faça *Add* para adicionar a *feature*.

5. Aparece a janela da figura 2.93, através da qual deve introduzir o nome do ficheiro excel, com extensão (.xlsx), onde pretende guardar a equação da *feature* definida.

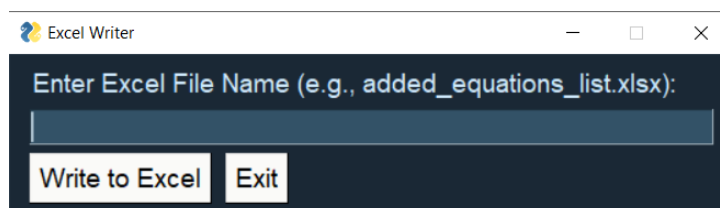


Figura 2.93: Nome do ficheiro *excel* onde se pretende guardar a fórmula da *feature*.

6. Em continuação do passo anterior, surge também uma mensagem de sucesso ao guardar a fórmula da *feature*, apresentada na janela da figura 2.94.

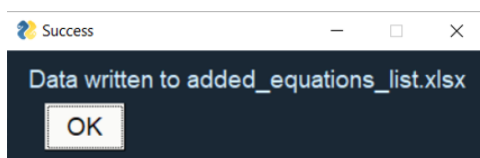


Figura 2.94: Sucesso ao guardar a equação da *feature* anteriormente definida.

7. Tendo já adicionado uma *feature* poderá adicionar mais. Assim, a janela da figura 2.90 surge novamente. Se pretender adicionar mais alguma *feature*, faça *Yes* e *OK* e volte para o passo 4. Se não quiser adicionar mais nenhuma, faça *No* e *OK*.
8. Quando adicionada, para cada uma das *features*, é criada uma função, no ficheiro *extra.py*, cujo nome contém a sintaxe: $\{Feature\ Name\}_feature$. De forma a que não se defina mais do que uma *feature* com o mesmo nome, surge a janela da figura 2.95.

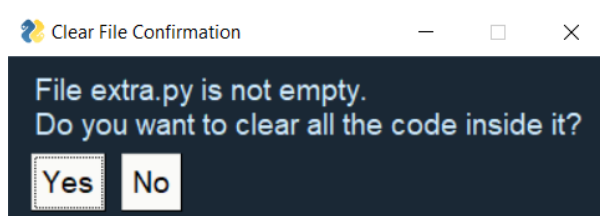


Figura 2.95: Janela para gestão do ficheiro *extra.py*.

Se selecionar a opção *Yes*, é limpo todo o código que está dentro do ficheiro *extra.py* e é adicionada a função com a *feature* e respetivas dependências. Se selecionar a opção *No*, a função com a *feature* e respetivas dependências é adicionada por baixo do código existente. Selecione a opção que considere mais adequada e salte para o próximo passo.

9. De seguida, terá de especificar o nome do ficheiro *excel*, sem extensão (*.xlsx*), de acordo com a janela da figura 2.96, onde pretende guardar a informação das *features*.

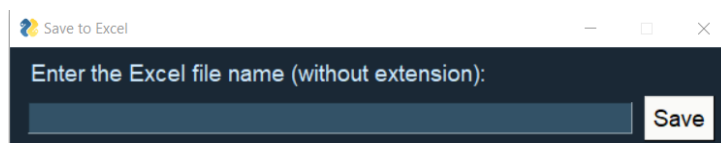


Figura 2.96: Janela para introdução do nome do ficheiro *excel* com a informação das *features*.

Nota: As *features* adicionadas não são ainda consideradas nesta fase.

Faça *Save* e salte para o próximo passo.

10. Surge a janela da figura 2.97 que indica que a informação foi guardada com sucesso. Faça *OK* para terminar o processo.

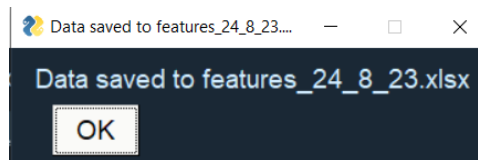


Figura 2.97: Dados das *features* guardados com sucesso.

2.5 Clustering step

Caso seleccione esta opção, execute o seguinte procedimento.

1. Seguir os passos 1 e 2 da secção 2.3.
2. Selecionar o ficheiro *excel*, que contém as diretorias para as *Regions Of Interest* (ROI's) dos dois momentos (inicial e final, para comparação), de acordo com a janela da figura 2.98.

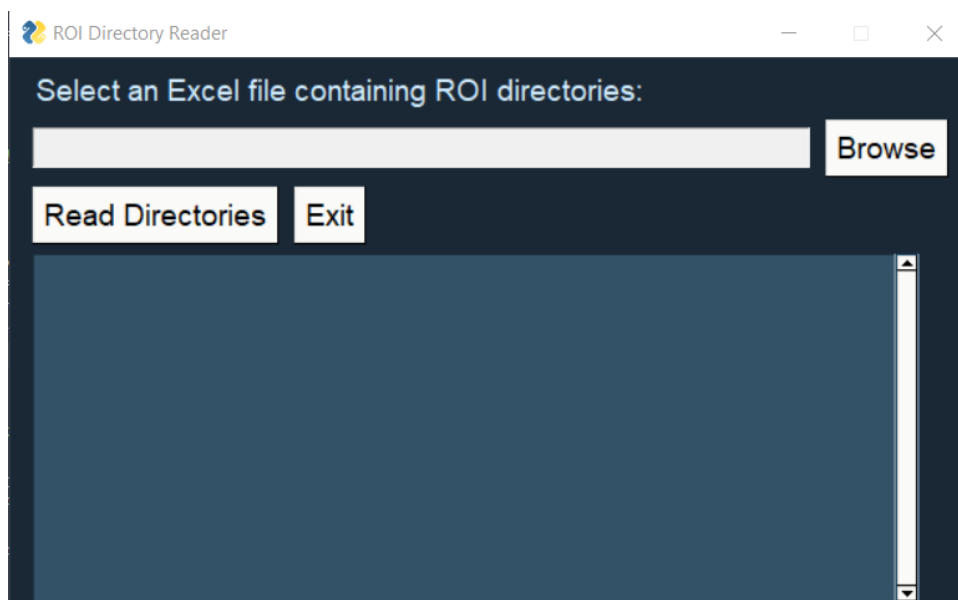


Figura 2.98: Janela para seleção do ficheiro excel com as diretorias para as ROI's.

De seguida, existem duas opções:

- a) *Read Directories* - Se clicar nesta opção, as diretorias são lidas do ficheiro *excel* carregado.
 - b) *Exit* - Se clicar nesta opção, repita este passo nº2.
3. Selecionar o ficheiro *excel* que contém as informações das features, guardado no passo 7 da secção 2.4, através da janela da figura 2.99. Se fizer *Exit* terá de voltar para o passo 1.
 4. Ao fazer *Ok*, surge a janela da figura 2.100. Faça *OK* e salte para o próximo passo.

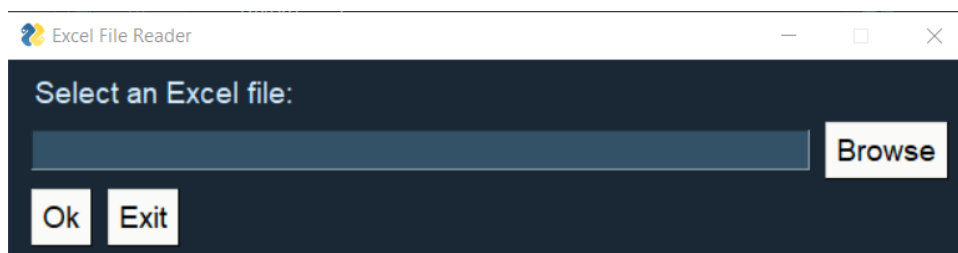


Figura 2.99: Janela para seleção do ficheiro excel com os dados das *features*.

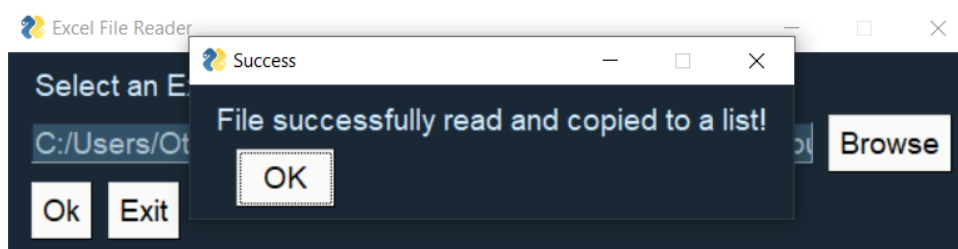


Figura 2.100: Sucesso na extração dos dados das *features*, do ficheiro *excel* carregado.

5. Aparece a janela da figura 2.101. Se fizer *Yes* e *OK*, salte para o próximo passo. Se fizer *No* e *OK*, salte para o passo 10. Se fizer *Cancel*, ao fim de 5 segundos, repita este passo.

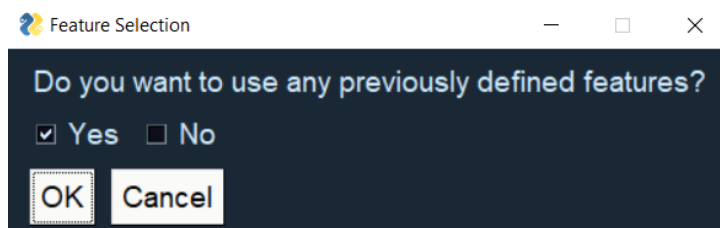


Figura 2.101: Possibilidade de utilização de *features* anteriormente definidas.

6. De seguida, aparece a janela da figura 2.102, que contém três opções:

- a) *Input parameter values* - Permite atribuir um valor a cada variável, tantas vezes quantas se pretender.
- b) *Single values for each parameter* - Permite atribuir um valor a cada variável, apenas uma vez.
- c) *Associate with existing features* - Permite associar as variáveis a *features* já existentes. Ou seja, a *feature* definida passa a ser uma *feature*, resultado de uma combinação linear de *features* existentes.

Selecione a opção que considere mais adequada e faça *Next*. Se fizer *Exit*, volte para o passo 1.

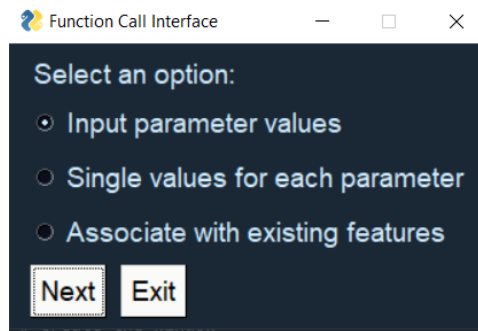


Figura 2.102: Opções de utilização de *features* anteriormente definidas.

7. Se tiver selecionado a 2ª opção salte para o passo 7 e se tiver selecionado a 3ª opção salte para o passo 8. Se tiver selecionado a 1ª opção, terá de selecionar uma das *features* anteriormente definidas, através da janela da figura 2.103.

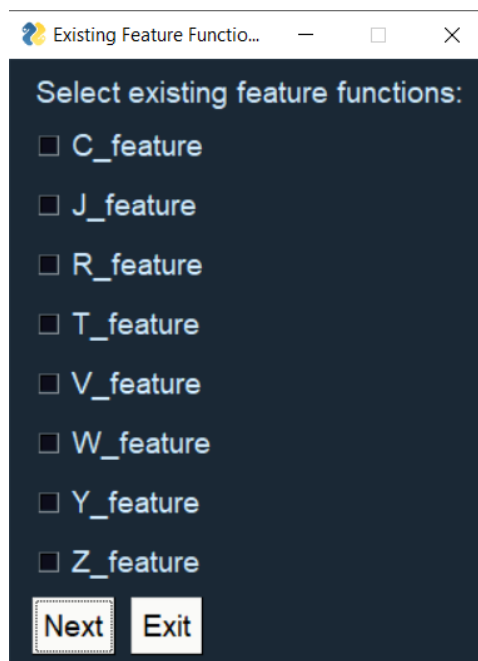


Figura 2.103: Seleção de uma das *features* anteriormente definidas.

De seguida, faça *Next* e execute o seguinte procedimento. Se fizer *Exit*, repita este passo nº6.

- a) Para cada variável, surgirá a janela da figura 2.104, onde deverá indicar os valores para essa variável, separados por vírgula. Faça *Ok* e repita este passo para todas as variáveis. Se fizer *Cancel* terá de repetir todo o procedimento desde o passo 1.

Nota: O número de valores atribuídos a cada variável deve igual para todas as variáveis da qual a *feature* selecionada depende.

- b) Selecione o ficheiro *excel* com a lista das expressões matemáticas das *features* definidas, guardado no passo 5 da secção 2.4, e faça *Ok*, através da janela da figura 2.105. Se fizer

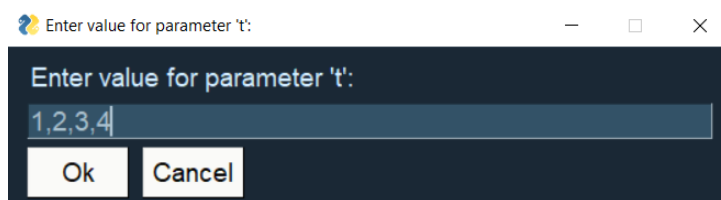


Figura 2.104: Atribuição de valores para cada variável.

Exit terá de repetir todo o procedimento desde o passo 1.

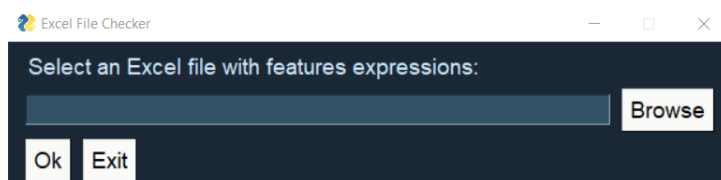


Figura 2.105: Seleção do ficheiro *excel* com a lista de expressões matemáticas das *features*.

- c) Tendo por base a lista de expressões matemáticas extraída na alínea anterior, e o nome da *feature*, obtido no início deste passo nº6, surgirá uma mensagem, de seguida, de sucesso, como a da janela apresentada na figura 2.106. Faça *OK*.

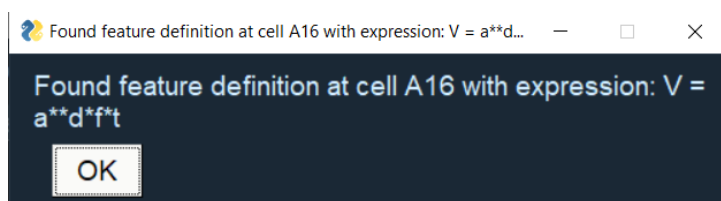


Figura 2.106: Expressão matemática da *feature* encontrada com sucesso.

Nota: A sintaxe ****** apresentada na expressão presente na janela da figura 2.106 representa, em linguagem *python*, a exponenciação.

- d) Aparece ainda uma segunda mensagem de sucesso, apresentada na janela da figura 2.107, que confirma a validação do ficheiro *excel* anteriormente carregado.

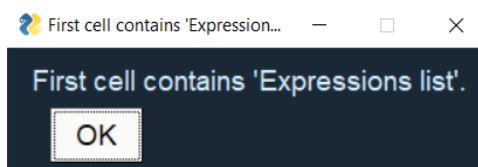


Figura 2.107: Ficheiro *excel* com a lista de expressões matemáticas das *features* válido.

- e) Existe ainda uma outra mensagem de sucesso que aparece, como a apresentada na janela da figura 2.108, que indica quantas *features* constantes (que têm o mesmo valor para todas as amostras) foram adicionadas ao conjunto de dados das *features* já existente.

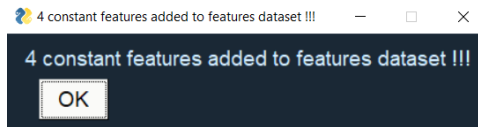


Figura 2.108: Número de *features* constantes adicionadas.

f) Salte para o passo 9.

8. Tendo selecionado a 2ª opção, terá de selecionar de seguida uma das *features* anteriormente definidas, através da janela da figura 2.103.

De seguida, faça *Next* e execute o seguinte procedimento. Se fizer *Exit*, repita este passo nº7.

a) Para cada variável, surgirá a janela da figura 2.109, onde deverá indicar apenas um valor. Faça *Ok* e repita este passo para todas as variáveis. Se fizer *Cancel* terá de repetir todo o procedimento desde o passo 1.

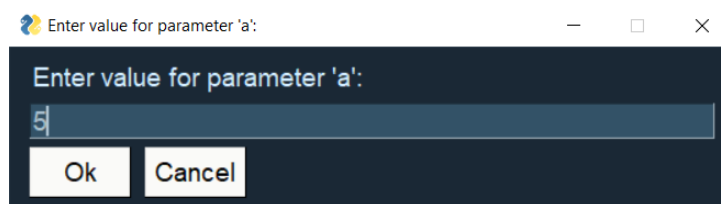


Figura 2.109: Atribuição de um valor único para cada variável.

b) Execute o procedimento descrito nas alíneas *b)*, *c)* e *d)* do passo 6.

c) Existe ainda uma outra mensagem de sucesso que aparece, como a apresentada na janela da figura 2.110, que indica quantas *features* constantes (que têm o mesmo valor para todas as amostras) foram adicionadas ao conjunto de dados das *features* já existente. Neste caso, tendo em conta que foi atribuído um valor único para cada variável, apenas uma *feature* constante foi adicionada.

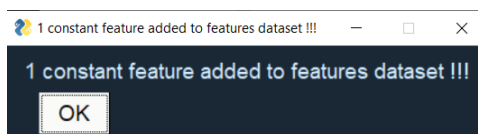


Figura 2.110: Número de *features* constantes adicionadas, para a 2ª opção.

9. Tendo selecionado a 3ª opção, terá de selecionar de seguida uma das *features* anteriormente definidas, através da janela da figura 2.103.

De seguida, faça *Next* e execute o seguinte procedimento. Se fizer *Exit*, repita este passo nº8.

- a) Selecione tantas *features* quantas as variáveis das quais a *feature* definida, previamente selecionada, depende, de acordo com a janela da figura 2.111 (neste caso a *feature* selecionada depende de 4 variáveis, correspondendo a 4 *features* utilizadas). De seguida, faça *Next*.

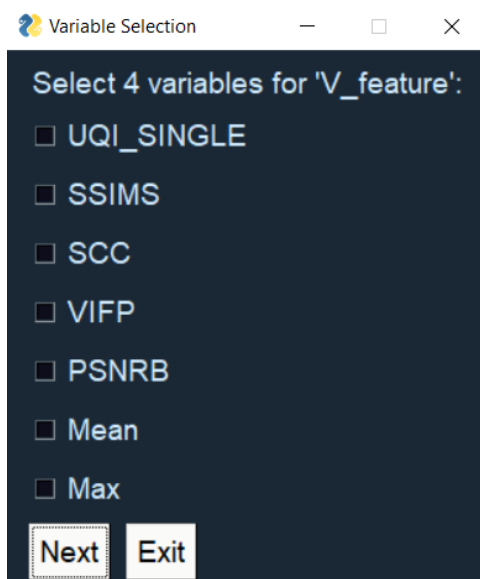


Figura 2.111: Seleção de *features* como variáveis.

- b) Surge a janela da figura 2.112, indicando as *features* selecionadas na alínea anterior. Faça *OK*. Se fizer *Exit*, terá de repetir todo o procedimento desde o passo 1.

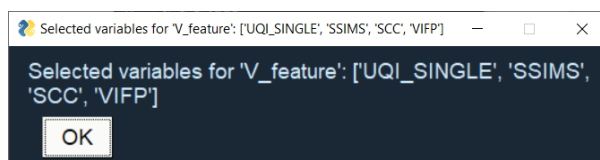


Figura 2.112: Lista de *features* selecionadas.

- c) Execute o procedimento descrito nas alíneas *b)*, *c)* e *d)* do passo 6.
10. De seguida, aparece a janela da figura 2.113. Se a experiência de aquisição que selecionou tem apenas um teste, selecione a 1ª opção. Se a experiência de aquisição que selecionou tem mais do que um teste, selecione a 2ª opção. Faça *Submit*. Se fizer *Exit*, o programa termina.
11. Se selecionou a 1ª opção, aparece a janela da figura 2.114. Se selecionou a 2ª opção, aparece a janela da figura 2.115. Faça *OK*.
12. Execute o procedimento descrito no passo 4 da secção 2.3.

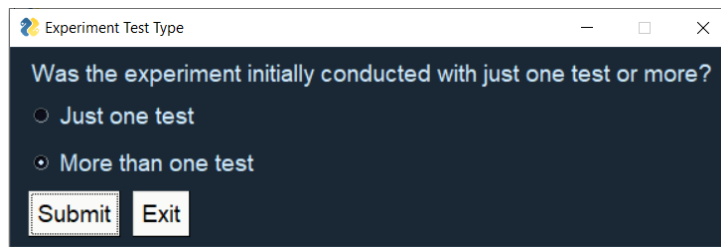


Figura 2.113: Nº de testes da experiência de aquisição selecionada.

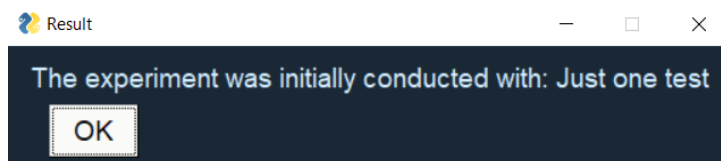


Figura 2.114: Apenas um teste.

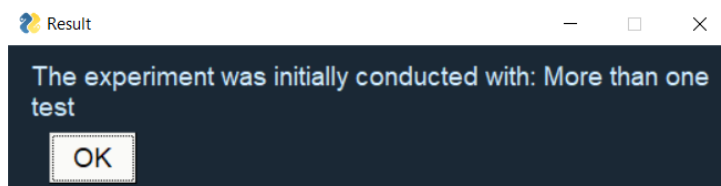


Figura 2.115: Mais do que um teste.

Esta página foi intencionalmente deixada em branco.

3 Conclusão

O objetivo desta GUI era o de ser o mais flexível e robusta possível. Este é um manual bastante exaustivo relativamente a todo o funcionamento da mesma. Caso tenha alguma dúvida de implementação, poderá sempre consultar o respetivo código em Python, seguindo a estrutura em árvore apresentada na parte final do manual de instalação das ferramentas necessárias.

Anexo C

DEPARTAMENTO DE ENGENHARIA ELETROTÉCNICA

Manual da sub-GUI de visualização de dados desenvolvida

Autores: Marco Gameiro Nº: 2213276

Leiria, 20 de junho de 2024

Esta página foi intencionalmente deixada em branco.

Índice

Lista de Figuras	v
Lista de Tabelas	vii
1 Introdução	1
2 Desenvolvimento	3
2.1 Apresentação detalhada da sub-GUI para visualização dos dados de <i>clustering</i>	5
3 Conclusão	25
Bibliografia	28

Esta página foi intencionalmente deixada em branco.

Lista de Figuras

2.1	Fluxograma de imagens completo, da sub-GUI de visualização de dados.	4
2.2	Janela para seleção do ficheiro <i>excel</i> com os dados das <i>features</i>	5
2.3	GUI principal para visualização dos dados de <i>clustering</i>	5
2.4	Janela para seleção do ficheiro <i>.csv</i> com a informação das <i>features</i>	6
2.5	Janela de resultados de <i>clustering</i> , pelo método de <i>scattering</i>	6
2.6	Janela de resultados de <i>clustering</i> , pelo método de visualização radial.	7
2.7	Janela de resultados de <i>clustering</i> , pelo método PCP, de coordenadas paralelas.	8
2.8	Janela de resultados de <i>clustering</i> , pelo método <i>Rank2D</i> , utilizando a covariância.	9
2.9	Janela de resultados de <i>clustering</i> , pelo método <i>Rank2D</i> , utilizando o coeficiente de <i>Pearson</i>	10
2.10	Janela de resultados de <i>clustering</i> , pelo método <i>manifold Locally Linear Embedding</i>	11
2.11	Janela de resultados de <i>clustering</i> , pelo método <i>manifold Principal Component Analysis</i>	13
2.12	Janela de resultados de <i>clustering</i> , pelo método <i>manifold Stochastic Neighbor Embedding</i> , utilizando a distribuição estatística <i>T-Student</i>	15
2.13	Janela de resultados de <i>clustering</i> , pelo método <i>Uniform Manifold Approximation and Projection</i>	18
2.14	Janela de resultados de <i>clustering</i> , pelo método <i>manifold Multidimensional Scaling</i>	20
2.15	Janela de resultados de <i>clustering</i> , pelo método <i>manifold Isometric Mapping</i>	22

Esta página foi intencionalmente deixada em branco.

Lista de Tabelas

2.1	Resumo de algumas das distribuições de probabilidade	17
-----	--	----

Esta página foi intencionalmente deixada em branco.

1 Introdução

Este manual foi desenvolvido no âmbito do projeto 2ART, e visa fornecer ao utilizador várias alternativas para visualização dos dados de *clustering*, que se complementam entre si.

Esta página foi intencionalmente deixada em branco.

2 Desenvolvimento

Na figura 2.1 está representado o fluxograma completo geral de imagens que compõem a sub-GUI de visualização de dados desenvolvida.

Esta sub-GUI contém cerca de 11 alternativas para visualização dos dados de *clustering*, apresentadas na secção 2.1.

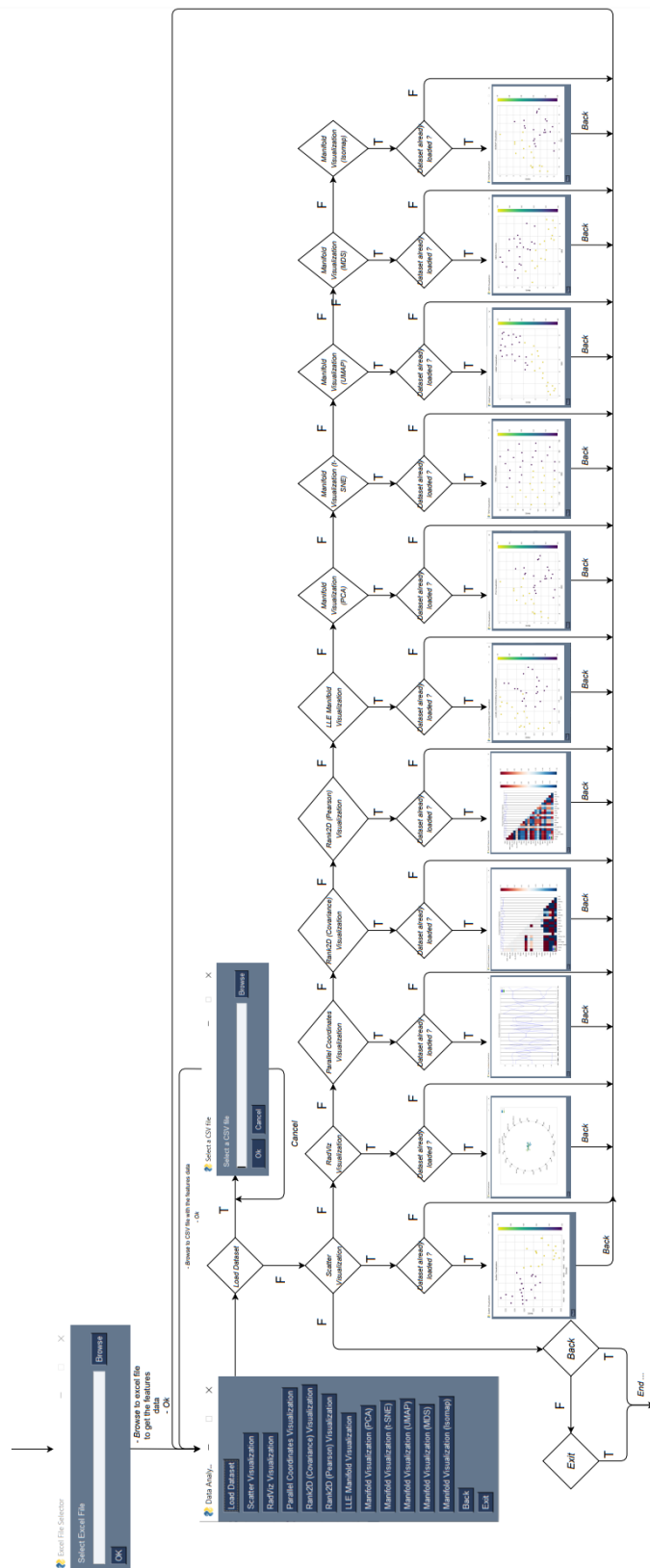


Figura 2.1: Fluxograma de imagens completo, da sub-GUI de visualização de dados.

2.1 Apresentação detalhada da sub-GUI para visualização dos dados de *clustering*

Esta sub-GUI, que pode ser testada diretamente utilizando o respetivo ficheiro executável (.exe), permite visualizar os dados de *clustering* de diversas formas.

Nota: O propósito desta GUI não é o de utilização conjunta com a GUI principal, ou com o ficheiro executável referente à etapa de processamento (*procallinones.exe*), uma vez que neste caso a etapa de *clustering* é também feita. Nesse sentido, será necessário selecionar o ficheiro *excel* com os dados das *features* e fazer *OK*, através da janela da figura 2.2.



Figura 2.2: Janela para seleção do ficheiro *excel* com os dados das *features*.

Surge, de seguida, a janela da figura 2.3. Se selecionar a opção *Back* ou a opção *Exit*, o programa termina. Se selecionar uma das restantes opções, execute o passo, do seguinte procedimento, correspondente à opção selecionada.

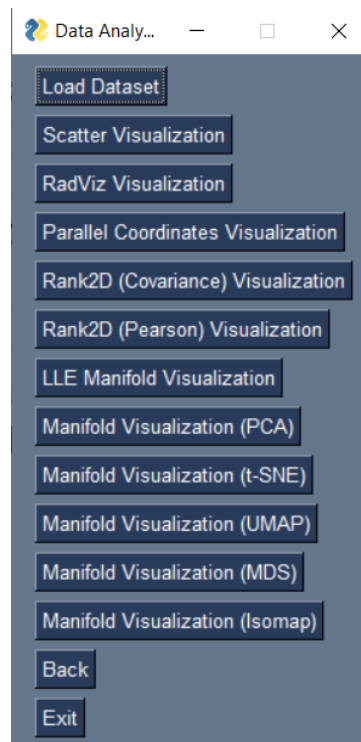


Figura 2.3: GUI principal para visualização dos dados de *clustering*.

1. Se tiver selecionado a opção *Load Dataset*, selecione o ficheiro *.csv* com a informação das *features*, carregada a partir do ficheiro *excel* anteriormente introduzido, e faça *Ok*, através da janela da figura 2.4. Certifique-se que o nome do ficheiro *.csv* é similar ao do ficheiro *excel* anteriormente selecionado, terminando em *_modified*. Se fizer *Cancel*, repita este procedimento.



Figura 2.4: Janela para seleção do ficheiro *.csv* com a informação das *features*.

Nota: Nesta fase já foi feita a etapa de *clustering*.

2. Se tiver selecionado a opção *Scatter Visualization*, e ainda não tiver carregado o ficheiro *.csv*, repita este procedimento. Se já fez o *load* do mesmo, aparece a janela da figura 2.5.

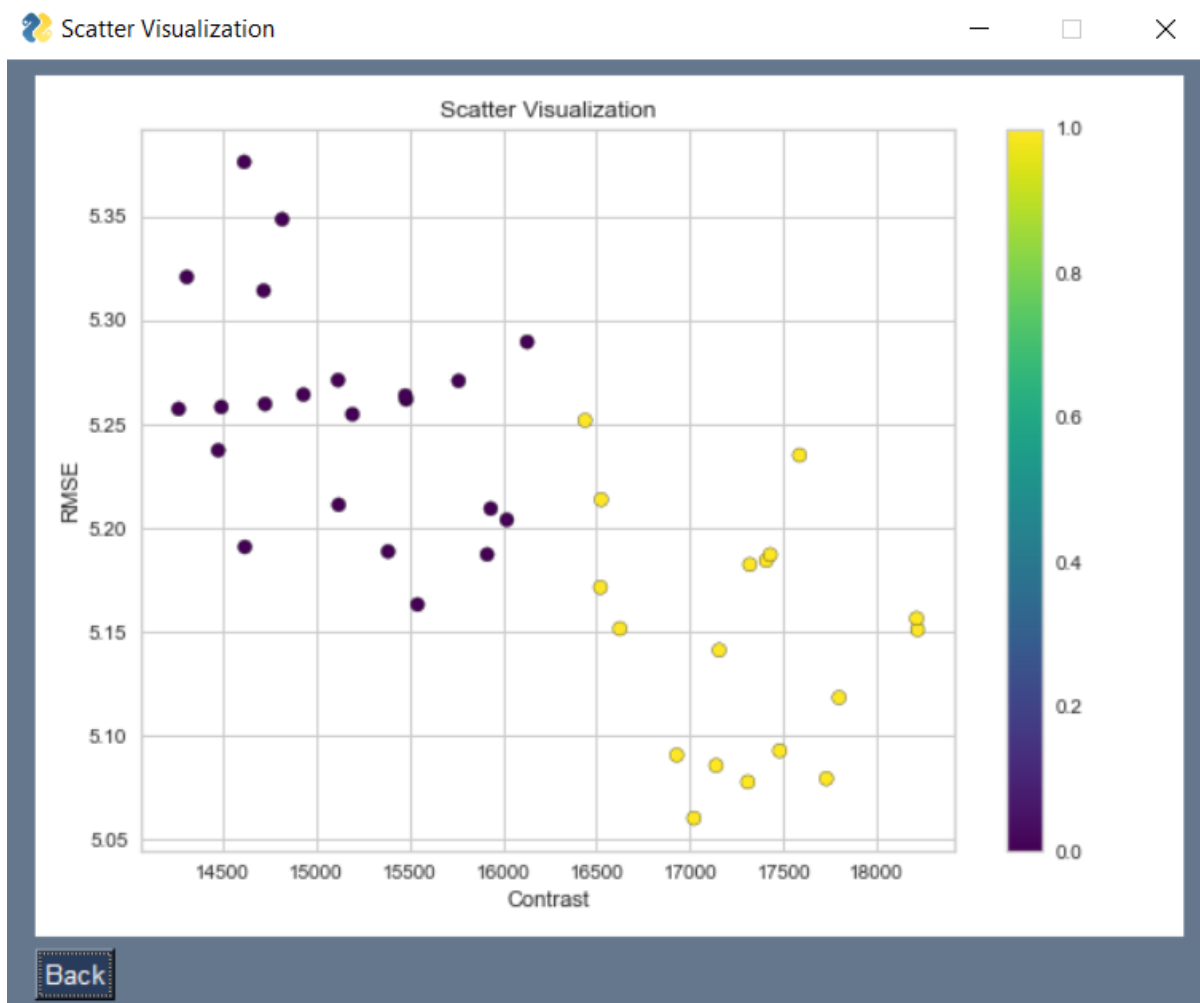


Figura 2.5: Janela de resultados de *clustering*, pelo método de *scattering*.

Esta janela contém um gráfico que relaciona o contraste com o RMSE. A barra de cores à direita corresponde ao valor normalizado da saída (y). Tendo em conta que a variável y corresponde ao número da classe, os pares (Contraste, RMSE) neste gráfico estão já organizados por classes.

Se selecionar nesta janela a opção *Back*, repita este procedimento.

3. Se tiver selecionado a opção *RadViz Visualization*, e ainda não tiver carregado o ficheiro *.csv*, repita este procedimento. Se já fez o *load* do mesmo, aparece a janela da figura 2.6.



Figura 2.6: Janela de resultados de *clustering*, pelo método de visualização radial.

Este gráfico contém, distribuídas radialmente, as 21 *features*. Neste caso, as amostras estão também já divididas por classes (a verde e a azul). Neste gráfico, se uma amostra estiver centrada no círculo, pode-se concluir que esta é influenciada de forma equivalente por todas as *features*.

Caso uma amostra esteja mais perto da linha radial de uma das *features* significa que é mais influenciada por esta *feature* do que pelas outras. Assim sendo, neste gráfico, a localização de uma determinada amostra no círculo resulta de uma combinação linear das *features*.

Se seleccionar nesta janela a opção *Back*, repita este procedimento.

4. Se tiver seleccionado a opção *Parallel Coordinates Visualization*, e ainda não tiver carregado o ficheiro *.csv*, repita este procedimento. Se já fez o *load* do mesmo, aparece a janela da figura 2.7.

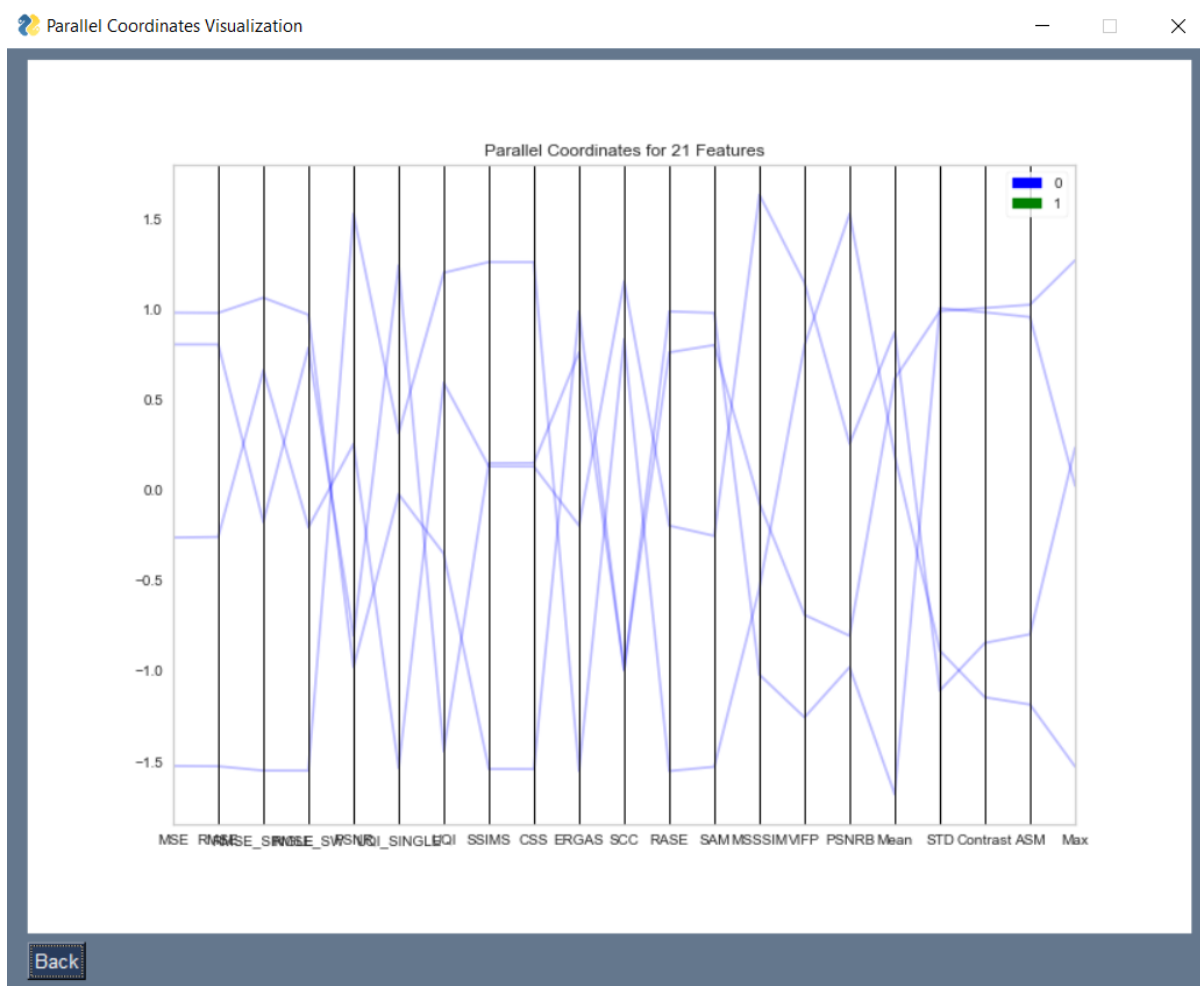


Figura 2.7: Janela de resultados de *clustering*, pelo método PCP, de coordenadas paralelas.

Neste gráfico, cada eixo representa uma *feature*. Assim a posição vertical de cada ponto ao longo de um eixo representa o valor da *feature* para esse conjunto de dados. Neste caso, existem duas classes, sendo apenas visível no gráfico uma delas. Este gráfico permite então visualizar o com-

portamento dos vários conjuntos de dados em relação às várias *features*.

Se selecionar nesta janela a opção *Back*, repita este procedimento.

- Se tiver selecionado a opção *Rank2D (Covariance) Visualization*, e ainda não tiver carregado o ficheiro *.csv*, repita este procedimento. Se já fez o *load* do mesmo, aparece a janela da figura 2.8.

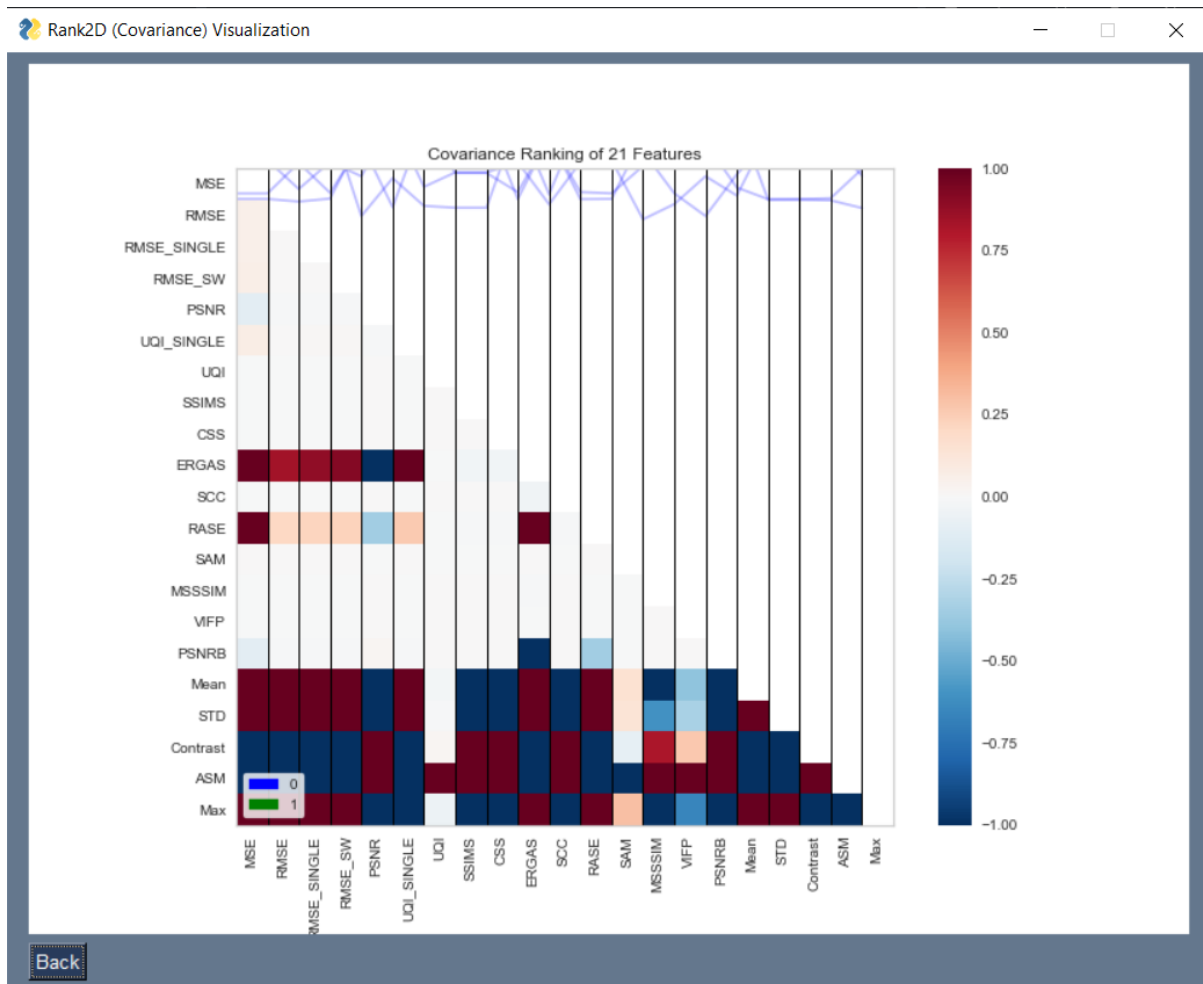


Figura 2.8: Janela de resultados de *clustering*, pelo método *Rank2D*, utilizando a covariância.

Este gráfico apresenta as áreas de maior e menor covariância. Cores mais intensas indicam uma correlação mais forte, enquanto que cores mais suaves indicam uma correlação mais fraca, entre as *features* representadas nos eixos *x* e *y*.

Se seleccionar nesta janela a opção *Back*, repita este procedimento.

- Se tiver seleccionado a opção *Rank2D (Pearson) Visualization*, e ainda não tiver carregado o ficheiro *.csv*, repita este procedimento. Se já fez o *load* do mesmo, aparece a janela da figura 2.9.

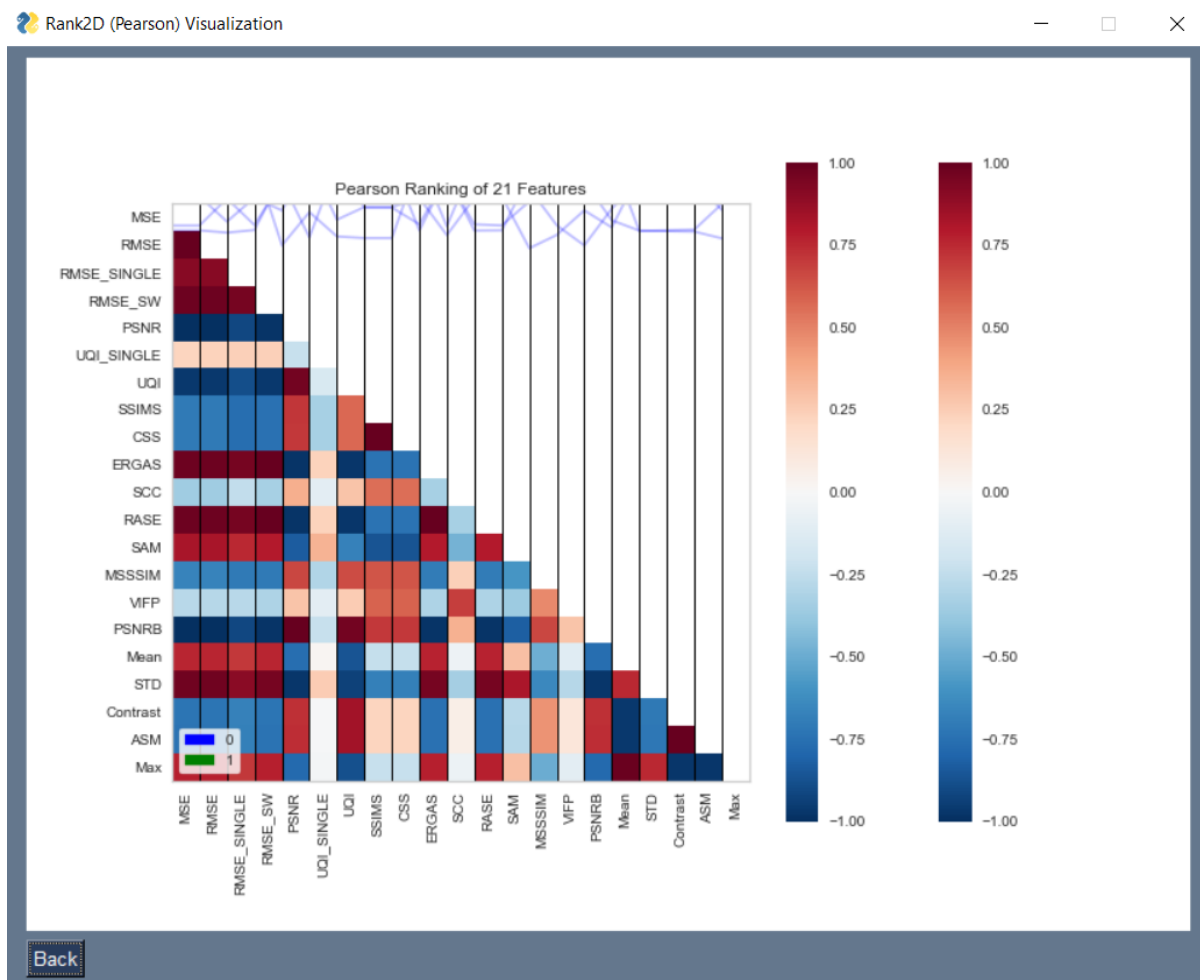


Figura 2.9: Janela de resultados de *clustering*, pelo método *Rank2D*, utilizando o coeficiente de *Pearson*.

Este gráfico apresenta as áreas onde existe maior ou menor correlação entre *features* para ambas as classes. as 2 barras de cores representadas correspondem às duas classes existentes. Tendo em conta que as barras são similares entre si, pode-se concluir que não existe uma distinção clara entre classes. À semelhança do gráfico anterior, cores mais intensas indicam uma correlação mais forte, enquanto que cores mais suaves indicam uma correlação mais fraca, entre as *features* representadas nos eixos *x* e *y*. Neste caso a correlção é dada pelo coeficiente de *Pearson*.

Se selecionar nesta janela a opção *Back*, repita este procedimento.

7. Se tiver selecionado a opção *LLE Manifold Visualization*, e ainda não tiver carregado o ficheiro *.csv*, repita este procedimento. Se já fez o *load* do mesmo, aparece a janela da figura 2.10.

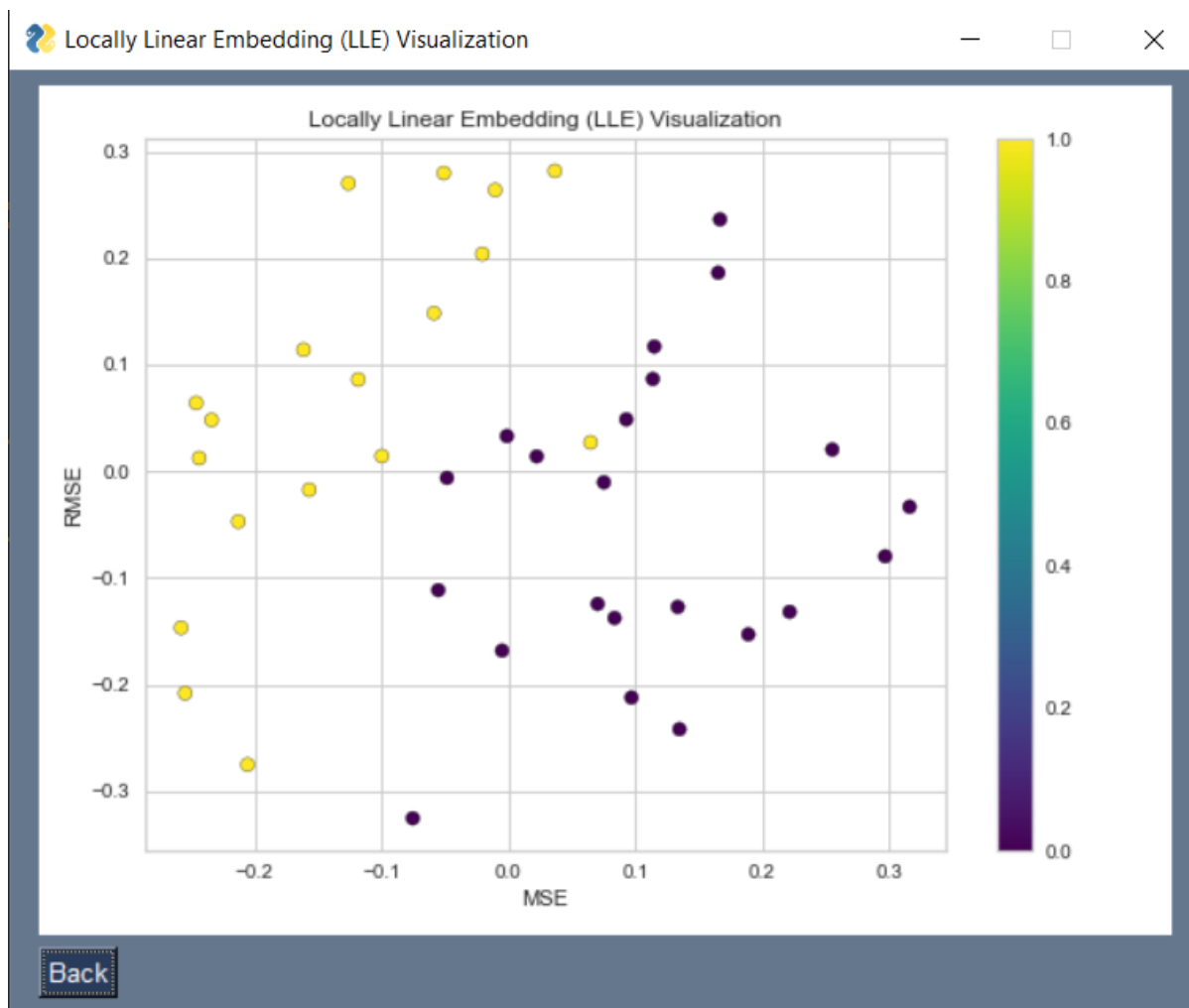


Figura 2.10: Janela de resultados de *clustering*, pelo método *manifold Locally Linear Embedding*.

Ao analisar um gráfico deste género, tem de ter em conta:

(a) *Estrutura não linear:*

Se observar agrupamentos distintos ou padrões em regiões específicas do gráfico de LLE, isso sugere que os dados têm uma estrutura não linear. Isso é valioso quando os métodos lineares, como o PCA, podem falhar em capturar tais relações complexas.

(b) *Densidade de ponto:*

A densidade de pontos em determinadas regiões do gráfico pode indicar áreas de maior densidade no espaço original. Se houver aglomerações densas no gráfico, isso sugere que as regiões correspondentes nos dados originais tinham uma concentração mais elevada de

pontos.

(c) *Transições e descontinuidades:*

Onde observa mudanças abruptas ou descontinuidades no gráfico, pode indicar transições ou limites significativos nos dados originais. Essas transições podem representar mudanças bruscas nos dados das *features*.

(d) *Identificação de clusters ou grupos:*

Se há áreas onde os pontos formam clusters bem definidos, isso sugere que esses pontos têm relações próximas no espaço original. Cada *cluster* no gráfico pode representar um grupo distinto nos dados originais.

(e) *Análise comparativa:*

Compare o gráfico de LLE com outras representações, como gráficos de dispersão ou visualizações de agrupamentos. Se notar consistência nas relações entre pontos em diferentes projeções, isso reforça a confiabilidade da estrutura identificada pelo LLE.

(f) *Validação com conhecimento de domínio:*

Se você tiver conhecimento de domínio sobre os dados, use-o para validar as interpretações. Por exemplo, se espera que certos grupos ou padrões existam com base na natureza dos dados, procure esses padrões no gráfico de LLE.

Se selecionar nesta janela a opção *Back*, repita este procedimento.

8. Se tiver selecionado a opção *Manifold Visualization (PCA)*, e ainda não tiver carregado o ficheiro *.csv*, repita este procedimento. Se já fez o *load* do mesmo, aparece a janela da figura 2.11.

Ao analisar um gráfico deste género, tem de ter em conta:

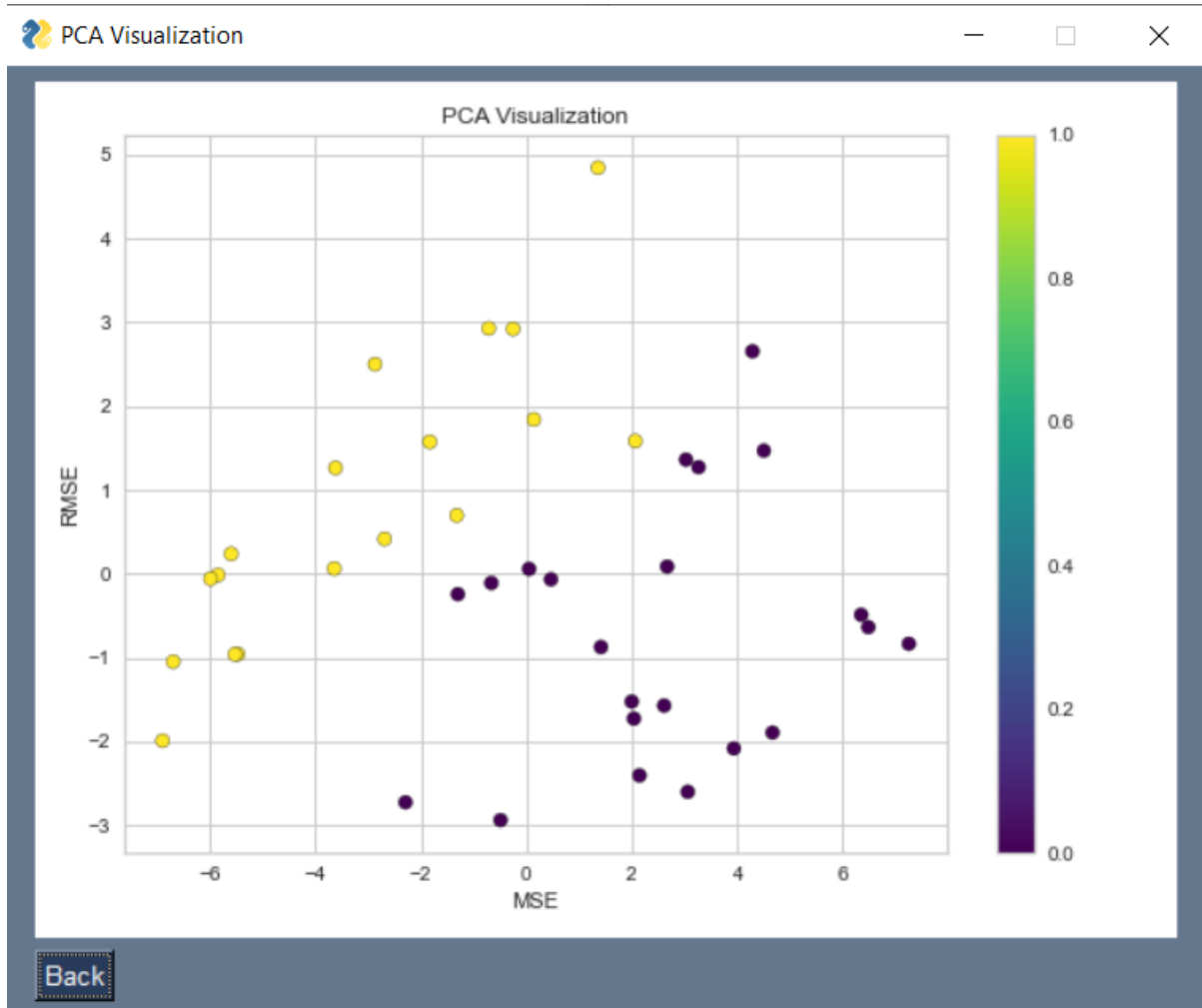


Figura 2.11: Janela de resultados de *clustering*, pelo método *manifold Principal Component Analysis*.

- (a) *Variância associada:* Cada componente principal (PC) no gráfico de PCA representa uma combinação linear das variáveis originais. A proporção da variância total explicada por cada PC é indicada pelos autovalores. Os PCs com maiores autovalores representam uma maior percentagem da variação nos dados.
- (b) *Direção dos vetores de features:* Os vetores de *features* (ou *loadings*) num gráfico de PCA indicam a direção e a força das variáveis originais em cada componente principal. Quanto maior for o "peso" num PC, mais influência esse "peso" tem na variável.
- (c) *Clusters e agrupamentos:* Se observar aglomerações ou agrupamentos de pontos no gráfico de PCA, isso pode indicar a presença de subgrupos ou padrões nos dados. Pontos próximos no gráfico têm perfis de variáveis semelhantes. Por outras palavras, a proximidade de pontos no gráfico sugere que pontos de dados similares compartilham *features* ou tendências semelhantes nos seus valores de variáveis. Isso pode ser útil para identificar estruturas subjacentes ou relações inerentes ao conjunto de dados.

- (d) *Distorções e distâncias*: Distâncias entre pontos no gráfico de PCA refletem as distâncias originais no espaço de *features*. Tal é especialmente verdade se tiver existido uma normalização dos dados antes da análise. Pontos que estão mais próximos no gráfico têm perfis de variáveis mais semelhantes.
- (e) *Contribuição das variáveis*: Ao observar a direção e o comprimento dos vetores de *features*, é possível identificar quais as variáveis que contribuem mais para a variação em diferentes direções. Assim pode-se concluir quais as variáveis que estão associadas a diferentes aspectos da variabilidade dos dados.
- (f) *Componentes negativas e positivas*: Componentes negativas e positivas indicam a direção das correlações positivas ou negativas das variáveis originais com o PC. Desta forma, é possível perceber melhor as relações entre variáveis na formação de padrões.
- (g) *Seleção de componentes*: Se o objetivo for de redução de dimensionalidade para simplificar a análise, escolha o número de componentes com base na percentagem cumulativa da variância associada. Tal determinará quantos PCs deverá incluir para manter uma quantidade significativa de informação.
- (h) *Interpretação Contextual*: Tenha sempre em consideração o contexto específico do seu conjunto de dados. Conhecimento prévio sobre as variáveis e o domínio do problema é essencial para uma melhor interpretação dos resultados do PCA.

Se selecionar nesta janela a opção *Back*, repita este procedimento.

9. Se tiver selecionado a opção *Manifold Visualization (t-SNE)*, e ainda não tiver carregado o ficheiro *.csv*, repita este procedimento. Se já fez o *load* do mesmo, aparece a janela da figura 2.12.

O *t-SNE* (*t-distributed Stochastic Neighbor Embedding*), é uma técnica de redução de dimensionalidade frequentemente utilizada para visualizar dados de alta dimensão em espaços de dimensão



Figura 2.12: Janela de resultados de *clustering*, pelo método *manifold Stochastic Neighbor Embedding*, utilizando a distribuição estatística *T-Student*.

mais baixa. A parte *t-distributed* do nome refere-se ao uso da distribuição *T-Student* na modelação das similaridades par a par entre os pontos de dados.

A distribuição *T-Student* é uma distribuição de probabilidade semelhante à distribuição normal. É bastante utilizada em situações em que o tamanho da amostra é pequeno ou o desvio padrão da população é desconhecido. A característica-chave da distribuição *T-Student* é sua capacidade de lidar com valores atípicos e fornecer mais robustez.

No contexto do *t-SNE*, a distribuição *T-Student* é utilizada na modelação de similaridades par a par entre as amostras de alta dimensão no espaço original e no espaço de dimensão mais baixa. A distribuição *T-Student* permite manter um equilíbrio entre preservar a estrutura local dos dados e espalhar as amostras no espaço de dimensão mais baixa, através do controlo da *perplexidade*. A *perplexidade* é um parâmetro muito importante no *t-SNE*. Na maioria das implementações, a *perplexidade* é configurada como 30. Tal concentra o objetivo do *t-SNE*

na preservação das distâncias aos seus 30 vizinhos mais próximos e praticamente não coloca "peso" na preservação das distâncias aos restantes pontos. Para além da *perplexidade*, existem outros parâmetros intrínsecos ao *t-SNE*, detalhados a seguir.

- **Exagero** - De modo a amplificar as diferenças entre as probabilidades condicionais para pontos distantes, facilitando assim a identificação de *clusters* e a formação da estrutura desejada no espaço de baixa dimensão, existe, no *t-SNE*, a fase de exagero. A fase de exagero em *t-SNE* refere-se a uma etapa específica do algoritmo onde as distâncias entre pontos no espaço de baixa dimensão são temporariamente exageradas. Este aumento temporário das distâncias é realizado multiplicando as similaridades entre pontos no espaço de alta dimensão por um fator de exagero durante a otimização.

O fator de exagero é normalmente usado durante a fase inicial de exagero. Este fator aumenta as forças atrativas entre os pontos e permite que estes se movam mais livremente, encontrando mais facilmente os seus vizinhos mais próximos. O valor mais típico de exagero durante a fase inicial de exagero é de 12, mas, de acordo com [1] podem-se utilizar valores mais elevados em combinação com diferentes taxas de aprendizagem.

- **Parâmetros de otimização** - O *t-SNE* usa uma variação do procedimento de otimização de descida de gradiente que incorpora o *momentum* para acelerar a convergência do processo. Existem assim três parâmetros de otimização:
 - (a) **Taxa de aprendizagem** - Controla o tamanho do passo das atualizações do gradiente. A taxa de aprendizagem mais adequada é a resultante divisão do número de amostras pelo fator de exagero.
 - (b) **Momentum** - Para aumentar a velocidade de convergência e reduzir o número de iterações necessárias, pode-se aumentar a descida do gradiente com um *momentum*. O *Momentum* armazena uma soma exponencialmente decrescente de atualizações de gradiente de iterações anteriores.
 - (c) **Máximo gradiente normalizado** - Ao incorporar novos dados num conjunto já existente, tem de ter cuidado para que não exista *overflow* do gradiente. Este parâmetro alivia esse problema.
- **Parâmetros Barnes-Hut** - Referem-se ao algoritmo de *Barnes-Hut* [2]. Um destes parâmetros é o θ , um parâmetro de compensação entre a velocidade e a precisão.
- **Parâmetros de interpolação** - Neste sentido, existe uma versão do *t-SNE* baseada em interpolação, apresentada em [3]. São 3 os parâmetros de interpolação que se pode ter em conta: o número de pontos de interpolação, o número mínimo de intervalos e o número de

unidades em cada intervalo.

O algoritmo *t-SNE* tem como objetivo fazer a modelação de similaridades par a par de forma que amostras semelhantes no espaço de alta dimensão tenham altas probabilidades de serem escolhidos como vizinhos no espaço de dimensão mais baixa. Ao usar a distribuição *T-Student*, o *t-SNE* pode ser aplicado a aglomerados de pontos e manter uma separação clara entre estes.

Em resumo, o *t-SNE* utiliza a distribuição *T-Student* para fazer a modelação de similaridades par a par, permitindo capturar estruturas locais e globais nos dados. A escolha da distribuição *T-Student* contribui para a robustez do *t-SNE* na preservação da estrutura de conjuntos de dados complexos. Existem outras distribuições de probabilidade, algumas delas indicadas em 2.1.

Para analisar um gráfico *t-SNE*, observe a distribuição e agrupamento dos pontos. Pontos próximos no gráfico têm características semelhantes, indicando que estes são similares no espaço de alta dimensão. *Clusters* densos podem representar grupos distintos no conjunto de dados. Além disso, considere a interpretação do gráfico em relação ao seu contexto específico e às características dos dados originais. Experimente ajustar parâmetros, como a *perplexidade*, para obter *insights* diferentes e aprimorar a visualização.

Tabela 2.1: Resumo de algumas das distribuições de probabilidade

Distribuição	Função densidade de probabilidade (PDF)
Poisson [4]	$P(X = k) = \frac{\lambda^k e^{-\lambda}}{k!}$
Normal [5]	$f(x \mu, \sigma^2) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma^2}} e^{-\frac{(x-\mu)^2}{2\sigma^2}}$
Uniforme [6]	$f(x a, b) = \frac{1}{b-a}$
Exponencial [7]	$f(x \lambda) = \lambda e^{-\lambda x}$
<i>T-Student</i> [8]	$f(t \nu) = \frac{\Gamma((\nu+1)/2)}{\sqrt{\nu\pi}\Gamma(\nu/2)} \left(1 + \frac{t^2}{\nu}\right)^{-\frac{\nu+1}{2}}$
Beta [9]	$f(x a, b) = \frac{x^{a-1}(1-x)^{b-1}}{B(a, b)}$
Gamma [10]	$f(x a, b) = \frac{b^a x^{a-1} e^{-bx}}{\Gamma(a)}$
Log-Normal [11]	$f(x \mu, \sigma) = \frac{1}{x\sigma\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{(\ln(x)-\mu)^2}{2\sigma^2}}$
Chi-Square [12]	$f(x k) = \frac{1}{2^{k/2}\Gamma(k/2)} x^{\frac{k}{2}-1} e^{-\frac{x}{2}}$
Weibull [13]	$f(x c, \lambda) = \frac{c}{\lambda} \left(\frac{x}{\lambda}\right)^{c-1} e^{-\left(\frac{x}{\lambda}\right)^c}$

Se selecionar nesta janela a opção *Back*, repita este procedimento.

- Se tiver selecionado a opção *Manifold Visualization (UMAP)*, e ainda não tiver carregado o ficheiro *.csv*, repita este procedimento. Se já fez o *load* do mesmo, aparece a janela da figura 2.13.

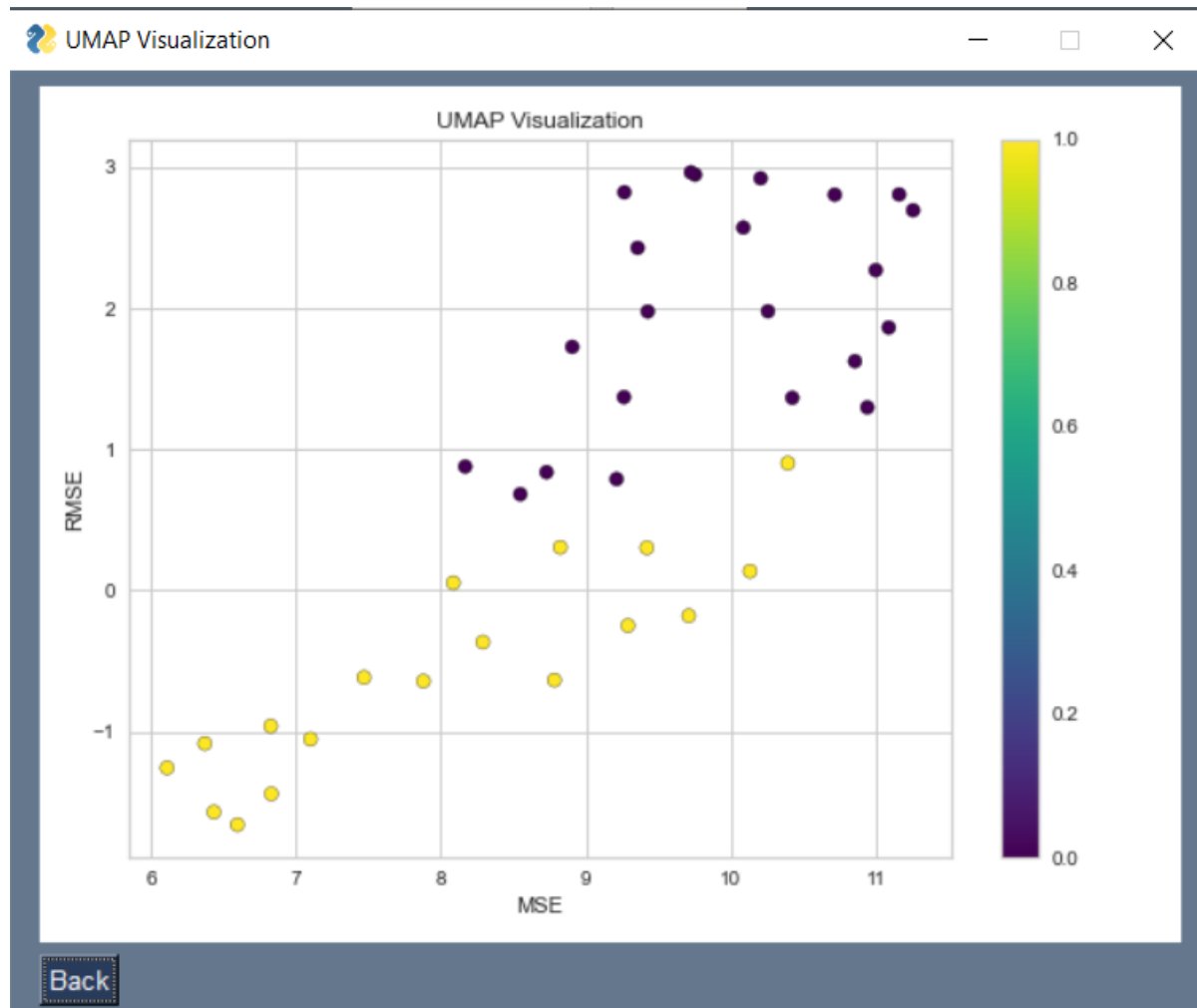


Figura 2.13: Janela de resultados de *clustering*, pelo método *Uniform Manifold Approximation and Projection*.

O UMAP utiliza uma abordagem de teoria de conjuntos difusos para mapear dados de alta dimensão para um espaço de dimensão inferior. Este constrói uma representação de baixa dimensão que preserva as relações locais e globais. O algoritmo possui uma sólida base matemática, envolvendo conceitos da geometria Riemanniana [14] e de topologia algébrica. Existem dois parâmetros cruciais associados a esta técnica, a seguir indicados.

- **Nº vizinhos:** Determina o tamanho da vizinhança local usada para aproximação *manifold*. Valores mais altos capturam uma estrutura mais global, mas podem também suavizar detalhes mais finos.
- **Distância mínima:** Controla a distância mínima entre pontos incorporados. Valores menores resultam em *clusters* mais compactos.

Ao analisar um gráfico UMAP (Aproximação e Projeção de *Manifold* Uniforme), podemos obter *insights* valiosos considerando vários aspectos, a seguir indicados.

- *Clusters*: Localize grupos de pontos que formam *clusters* compactos. Cada *cluster* pode representar um grupo ou categoria distinta nos seus dados. Quanto mais compacto for o *cluster*, mais semelhantes serão as amostras dentro do mesmo.
- *Distâncias*: Observe as distâncias entre os pontos no gráfico UMAP. Pontos mais próximos indicam maiores semelhanças entre pares no espaço original de alta dimensão, enquanto pontos distantes podem ter características diferentes.
- *Preservação da Topologia*: Analise como os pontos estão conectados no gráfico UMAP. O UMAP foi projetado para preservar estruturas locais e globais. Os pontos conectados no gráfico provavelmente serão vizinhos no espaço original.
- *Outliers*: Identifique pontos isolados que não fazem parte de nenhum *cluster* discernível. Os pontos isolados podem representar *outliers* ou instâncias únicas no conjunto de dados.

Em resumo, um gráfico UMAP fornece uma representação visual das relações e estruturas dentro dos seus dados de alta dimensão. *Clusters*, distâncias, preservação de topologia e *outliers* podem ser tidos em conta, de modo a extrair *insights* significativos da visualização.

Se selecionar nesta janela a opção *Back*, repita este procedimento.

11. Se tiver selecionado a opção *Manifold Visualization (MDS)*, e ainda não tiver carregado o ficheiro *.csv*, repita este procedimento. Se já fez o *load* do mesmo, aparece a janela da figura 2.14.

O MDS pode ser classificado em versões métricas e não métricas:

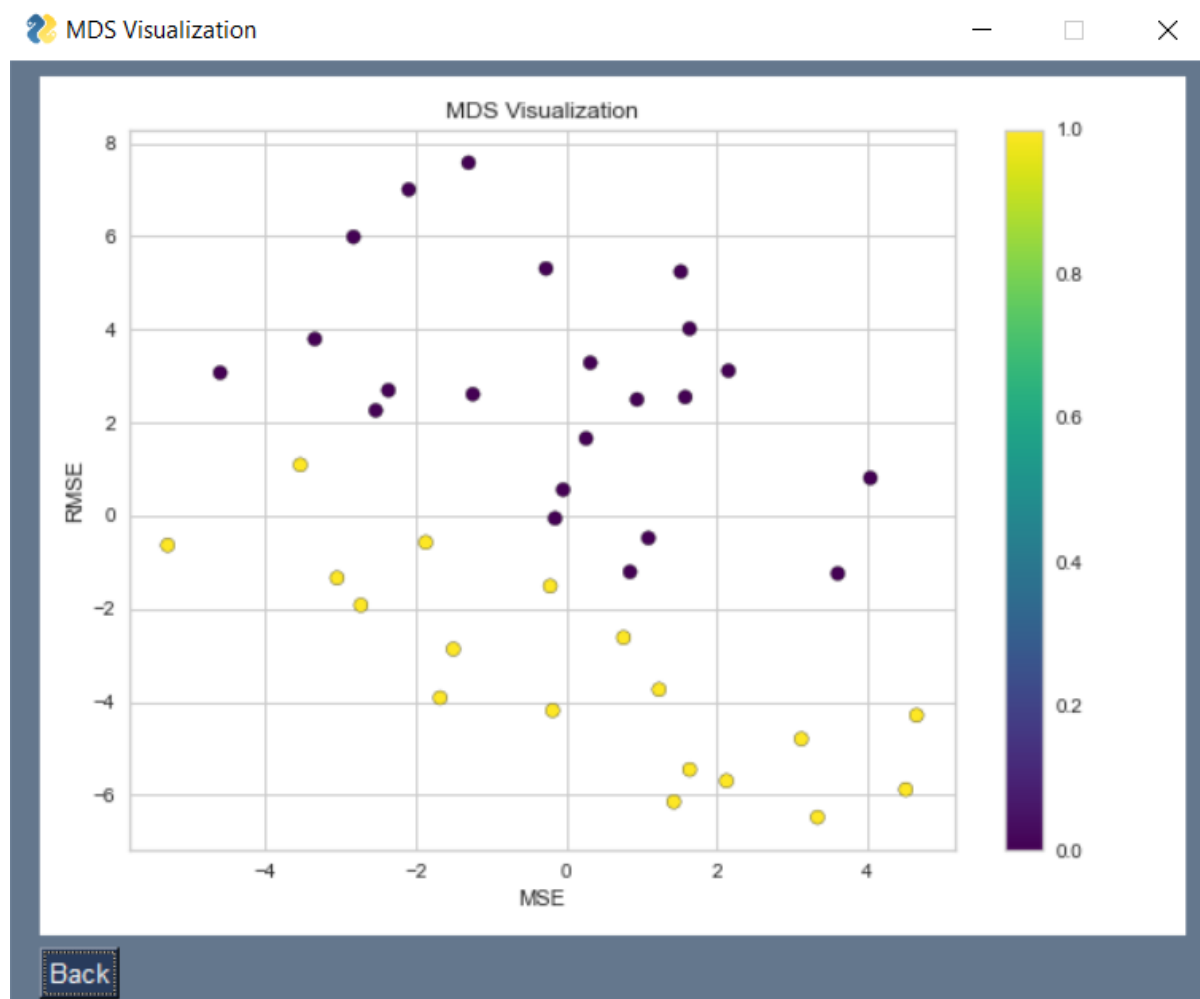


Figura 2.14: Janela de resultados de *clustering*, pelo método *manifold Multidimensional Scaling*.

- *Versão métrica:* O MDS métrico preserva as distâncias reais entre as amostras, assumindo uma métrica de distância euclidiana.
- *Versão não métrica:* O MDS não métrico concentra-se na preservação da ordem de classificação das distâncias, proporcionando flexibilidade no tratamento de dissimilaridades não euclidianas. Por outras palavras, em vez de assumir uma métrica específica (como distâncias euclidianas), o MDS não métrico trabalha com dissimilaridades ordenadas por classificação. Isso significa que considera quais pares de pontos são mais ou menos diferentes entre si sem se comprometer com valores numéricos precisos. Neste sentido, existe uma função auxiliar, chamada de função de *stress* [15], cuja descrição está a seguir melhor detalhada.

A função de *stress* é uma medida do quão bem a representação de dimensão inferior preserva as dissimilaridades entre pares. Valores de *stress* mais baixos indicam um melhor ajuste, enquanto valores de *stress* mais elevados sugerem uma representação pior.

Existe ainda uma versão não métrica do MDS, denominada de MDS não métrico de *Kruskal*. A

diferença entre o MDS clássico e este é que, enquanto o MDS clássico envolve a decomposição de uma matriz de distâncias euclidianas quadradas, o MDS não métrico de *Kruskal* [16] utiliza dissimilaridades ordinais (classificadas), fornecendo uma solução mesmo quando os dados não aderem às propriedades métricas.

Ao interpretar um gráfico de escala multidimensional (MDS), considere os seguintes aspectos para uma análise mais abrangente.

- *Clusters*: Identifique grupos de pontos que formam *clusters* no gráfico MDS. Cada *cluster* pode indicar um padrão ou categoria distinta nos seus dados.
- *Distâncias*: Examine as distâncias entre pontos na visualização MDS. Pontos mais próximos refletem maior similaridade no espaço original de alta dimensão, enquanto distâncias maiores sugerem a existências de dissimilaridades.
- *Preservação da topologia*: Analise como os pontos estão posicionados uns em relação aos outros. O MDS visa preservar as distâncias entre pares, mantendo a estrutura geral de dados.
- *Outliers*: Procure pontos isolados e que não façam parte de nenhum *cluster* reconhecido. Pontos isolados podem significar *outliers* ou instâncias únicas no conjunto de dados.

Em resumo, um gráfico de escala multidimensional oferece insights sobre as relações de similaridade entre pontos de dados. Clusters, distâncias, preservação de topologia e valores discrepantes contribuem para uma compreensão diferenciada da estrutura subjacente em dados de alta dimensão.

Se seleccionar nesta janela a opção *Back*, repita este procedimento.

12. Se tiver selecionado a opção *Manifold Visualization (Isomap)*, e ainda não tiver carregado o ficheiro *.csv*, repita este procedimento. Se já fez o *load* do mesmo, aparece a janela da figura 2.15.

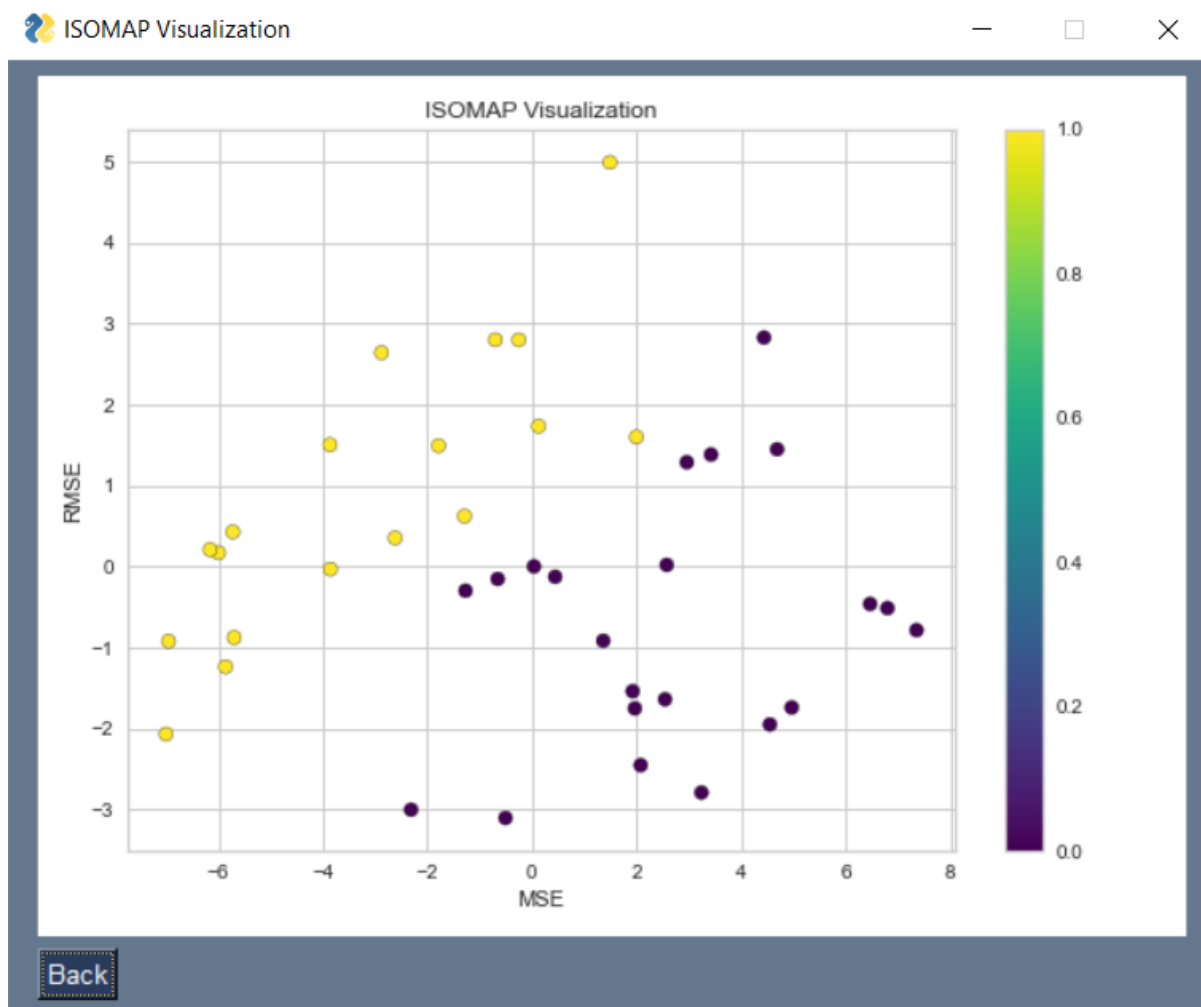


Figura 2.15: Janela de resultados de *clustering*, pelo método *manifold Isometric Mapping*.

Isomap é uma técnica de redução de dimensionalidade que se concentra na preservação das distâncias geodésicas entre todos os pares de amostras. O objetivo é desdobrar ou desenrolar o *manifold* subjacente dos dados, especialmente quando o *manifold* é curvado ou torcido no espaço de alta dimensão. O Isomap é composto por três etapas.

- (a) *Construção do mapa de vizinhança:* O Isomap constrói um gráfico de vizinhança, onde cada amostra está conectada aos seus vizinhos mais próximos.
- (b) *Estimação de distância geodésica:* Estima as distâncias geodésicas entre todos os pares de pontos do *manifold*. Distâncias geodésicas são as distâncias medidas ao longo da superfície curva do *manifold* subjacente.
- (c) *Incorporação numa dimensão inferior:* O Isomap incorpora os dados num espaço de menor dimensão, normalmente duas ou três dimensões, preservando as distâncias geodésicas

estimadas.

Ao interpretar um gráfico de Isomap, é preciso ter em conta os seguintes aspectos.

- *Estrutura manifold*: Observe a estrutura global do *manifold* no gráfico Isomap. Procure por curvas ou dobras, pois o Isomap é excelente na captura de geometrias complexas.
- *Preservação do Caminho Geodésico*: Preste atenção aos caminhos entre pontos. O Isomap visa preservar os caminhos geodésicos, fornecendo *insights* sobre como os pontos estão conectados ao longo do *manifold* intrínseco.
- *Relações locais vs. globais*: Avalie até que ponto o Isomap mantém as relações locais e globais. Os detalhes locais e as estruturas globais devem ser representados fielmente no espaço de dimensão inferior.
- *Distâncias geodésicas na incorporação*: Examine as distâncias entre os pontos na incorporação do Isomap. Distâncias menores indicam que as amostras correspondentes tinham caminhos geodésicos mais curtos no *manifold* original.
- *Pontos Críticos e Funis*: Identifique pontos críticos, como funis ou gargalos, onde vários caminhos convergem. Estas áreas podem representar regiões de alta densidade ou transições cruciais nos dados.

Se seleccionar nesta janela a opção *Back*, repita este procedimento.

Esta página foi intencionalmente deixada em branco.

3 Conclusão

Esta GUI foi desenvolvida com o objetivo de fornecer algumas alternativas para visualização de dados. Tendo em conta todas as funcionalidades acima listadas, corresponde aos objetivos esperados.

Esta página foi intencionalmente deixada em branco.

Bibliografia

- [1] George C. Linderman e Stefan Steinerberger. «Clustering with t-SNE, Provably». Em: *SIAM Journal on Mathematics of Data Science* 1.2 (2019), pp. 313–332. DOI: 10.1137/18M1216134.
- [2] L. van der Maaten. «Barnes-Hut-SNE». Em: *Pattern Recognition and Bioinformatics Group, Delft University of Technology - arXiv* 4 (2013). DOI: 1301.3342.
- [3] George C. Linderman e Stefan Steinerberger. «Fast interpolation-based t-SNE for improved visualization of single-cell RNA-seq data». Em: *Nature Methods* 16.3 (2019), pp. 243–245.
- [4] S. D. Poisson. «On the Theory of Errors of Observation». Em: *Proceedings of the Royal Society of London* 8 (1856), pp. 270–275. DOI: 10.1098/rsp1.1856.0070.
- [5] Douglas G Altman e J Martin Bland. «Statistics notes: The normal distribution». Em: *BMJ* 310.6975 (1995), p. 298. ISSN: 0959-8138. DOI: 10.1136/bmj.310.6975.298.
- [6] B. R. Barmisht e C. M. Lagoat. «The uniform distribution: A rigorous justification for its use in robust ness analysis». Em: *Springer-Verlag London Limited* 10 (1997), pp. 203–222.
- [7] D. Kundu e R. D. Gupta. «An extension of the generalized exponential distribution». Em: *Statistical Methodology, Elsevier* 8.6 (2011), pp. 485–496. ISSN: 1572-3127. DOI: 10.1016/j.stamet.2011.06.003.
- [8] V. E. Bening e V. Yu. Korolev. «On an Application of the Student Distribution in the Theory of Probability and Mathematical Statistics — Theory of Probability & Its Applications — Vol. 49, No. 3 — Society for Industrial and Applied Mathematics». Em: *Theory probab. appl., Society for Industrial and Applied Mathematics - Translated from Russian Journal* 49.3 (2005), pp. 377–391. DOI: 10.1137/S0040585X97981159.
- [9] J. G. Mauldon. «A Generalization of the Beta-Distribution». Em: *The Annals of Mathematical Statistics* 30.2 (1959), pp. 509–520. ISSN: 00034851.

- [10] Marcelo Bourguignon e Maria do Carmo S. Lima. «A new generalized gamma distribution with applications». Em: *American Journal of Mathematical and Management Sciences* 34.4 (2015), pp. 309–342. DOI: 10.1080/01966324.2015.1040178.
- [11] Ulf Olsson. «Confidence Intervals for the Mean of a Log-Normal Distribution». Em: *Journal of Statistics Education* 13.1 (2005). DOI: 10.1080/10691898.2005.11910638.
- [12] Todd Michael Franke, Timothy Ho e Christina A. Christie. «The Chi-Square Test: Often Used and More Often Misinterpreted». Em: *American Journal of Evaluation* 33.3 (2012), pp. 448–458. DOI: 10.1177/1098214011426594.
- [13] Saad J. Almalki e Saralees Nadarajah. «Modifications of the Weibull distribution: A review». Em: *Reliability Engineering System Safety* 124 (2014), pp. 32–55. ISSN: 0951-8320. DOI: 10.1016/j.ress.2013.11.010.
- [14] Richard L. Bishop. *Riemannian Geometry*. 2013. arXiv: 1303.5390 [math.DG].
- [15] L. Chen e A. Buja. «Stress functions for nonlinear dimension reduction, proximity analysis, and graph drawing». Em: *Journal of Machine Learning Research* 14 (2013), pp. 1145–1173.
- [16] J. B. Kruskal. «Nonmetric multidimensional scaling: a numerical method». Em: *Psychometrika* 29.2 (1964).