Programação Automática de Máquinas Morfológicas por Aprendizado Computacional

Aluno: Caetano Jimenez Carezzato
Orientador: Junior Barrera

Departamento de Ciência da Computação
Instituto de Matemática e Estatística
Universidade de São Paulo

22 de julho de 1999

Bolsa CNPQ

http://www.linux.ime.usp.br/~caetano/ic/relatorios/1998-1999/

Resumo

A Morfologia Matemática é uma teoria útil para modelar transformações entre imagens e, por isso, vem sendo empregada com bastante sucesso para resolver diversos problemas de processamento de imagens. Entretanto, para se obter bons resultados em aplicações, o usuário deve possuir conhecimentos específicos a cerca da técnica empregada, bem como uma vasta experiência na área. Para simplificar a tarefa do usuário, vem sendo estudadas técnicas de projeto automático de operadores (i.e., transformações) morfológicos. Neste trabalho estudamos a aplicação da técnica de aprendizado Provavelmente Aproximadamente Correto para o projeto de operadores morfológicos (ou, equivalentemente, programas para Máquinas Morfológicas), que resolvem problemas de Análise de Imagens. Em particular, estudamos um método híbrido de projeto de operadores (heurístico-estatístico) que viabiliza a solução de problemas complexos e extensões para melhorar a sua precisão.

Sumário

1 Introdução

Neste relatório apresentamos as atividades desenvolvidas ao longo do segundo semestre de 1998 e primeiro semestre de 1999 em nosso programa de iniciação científica.

Neste trabalho continuamos as buscas por novos métodos para obter operadores melhores. A estratégia básica utilizada foi extender métodos já existentes. Para isso estudamos uma série de novos métodos que buscam ampliar a abrangência dos métodos já estudados anteriormente. Além disso, começamos um novo estudo que aplicará as técnicas já aprendidas: o projeto *CAGE*.

Podemos dividir as atividades realizadas em basicamente 4 grupos não necessariamente disjuntos:

- Projeto REAL
- Novos experimentos e implementações
- Leituras
- Projeto CAGE

2 Atividades Realizadas

2.1 Projeto REAL

Na tentativa de melhorar a precisão dos operadores encontrados pelo método PAC, resolvemos criar uma extensão denominada REAL.

O REAL consiste basicamente em calcular a entropia do sistema de bases dos implicantes primos que descrevem o operador obtido e realizar transformações nessas bases a fim de obter um operador mais consistente em relação a determinados parâmetros de entropia. Sendo assim, valoriza-se o agrupamento de determinadas bases que eventualmente podem ser importantes para a identificação de classes de elementos usada por exemplo num OCR.

Participei de diversas reuniões com os demais participantes do projeto. Além disso realizei uma série de implementações do código e sugeri algumas otimizações no código que reduziram a complexidade de algumas partes do algoritmo tornando-o de 20 a 50 vezes mais rápido. Realizei também diversos testes com o novo método.

2.2 Novos experimentos e implementações

Após algum tempo estudando o REAL, resolvemos fazer alguns experimentos para testar a sua viabilidade. Notamos uma pequena melhorara na precisão dos operadores do nosso OCR de dígitos manuscritos, mas, achando ainda não ser suficiente bom para termos um OCR de verdade, resolvemos experimentar novas técnicas.

Resolvemos utilizar um novo método chamado pirâmide que busca minimizar a quantidade de erros devido a dados não observados. A idéia toda do método é procurar preencher toda a tabela de don't cares obtida pelo método PAC com algum valor mais significativo usando janelas de diferentes tamanhos.

Tendo estudado esses dois métodos, realizamos uma série de testes com eles para tentar melhorar a precisão do nosso OCR. Ela melhorou um pouco principalmente diminuindo o erro principal que consiste em não reconhecer alguns letras que deveriam ser reconhecidas.

Para os testes, criamos um novo ambiente automatizado que permite uma mais fácil obtenção e visualização dos dados.

Implementei um pequeno programa de escalonamento de imagens para o Khoros que viabiliza a idéia de outro método, o multi-escala, que também busca preencher a tabela de don't cares com valores mais significativos usando escalonamentos nas imagens de treinamento. Quando esse método for implementado por completo poderemos iniciar uma nova bateria de testes que utilizam esses três métodos juntos e mais um, o multi-resolução ainda em estudo.

Além disso, instalei uma nova rede linux no laboratório o que facilitou os experimentos.

2.3 Leituras

Durante praticamente todo o tempo de vigência da bolsa, realizei uma série de leituras destinadas ao aprendizado de novos métodos ou preparo para o projeto CAGE. As principais leituras consistiram de:

- Manual do Khoros – Essa leitura foi essencial para que eu pudesse ajudar a instalar o khoros no nosso servidor e participar de diversas implementações como a do projeto REAL ou do multi-escala.
- Releitura da tese de mestrado da Nina [1] – Para uma melhor fixação dos conceitos aprendidos no período anterior.
- Artigo sobre o Aperture Filters [3] – Acreditamos que esse será muito útil no futuro para o nosso OCR e para o projeto CAGE.
- Livro sobre DNA e Proteínas [2] – Utilizado no projeto CAGE.
- Diversos artigos sobre micro-array e aplicativos usados para a sequênciação do DNA bem como seu armazenamento e busca – Essencial para participar do projeto CAGE.

2.4 Projeto CAGE

Durante a realização dos experimentos supracitados, surgiu um novo projeto onde muitas das técnicas utilizadas para resolver o já conhecido problema do OCR podem ser reutilizadas no projeto. O projeto consiste basicamente em, em conjunto com a bioquímica, construir um sistema de análise de micro-arrays.

Para participar desse novo projeto, realizei uma série de leituras já especificadas e assisti uma série de palestras que visavam introduzir alguns conceitos de bioquímica e micro-array. Foram eles:

- 2 seminários introdutórios realizados no IME. Falou-se praticamente de um pouco da linguagem de bioquímica, uma visão geral de coisas que tornam essa área uma das mais interessantes atualmente e algumas coisas mais dirigidas à nossa proposta de atuação, enfatizando aspectos de sequenciamento e microarrays.
- Seminário sobre o Dictyostelium, um organismo que provavelmente dará origem aos primeiros microarrays que poderemos analisar.
- Seminário sobre coclo celular: fenomenologia e modelagem.
- 2 seminários sobre princípios básicos de Biologia Molecular do Gene. O objetivo foi tornar acessíveis ao pessoal do IME conceitos e métodos importantes no entendimento da análise da expressão gênica através da metodologia de microarrays de DNA. Os tópicos abordados foram: Organização e análise dos genes e Níveis de controle da expressão dos genes.
- Seminário sobre o CAGE falando de "Análise da expressão gênica no Câncer: como o CAGE se relaciona com o projeto FAPESP/LICR de sequenciamento do genoma humano do câncer".
- Seminário sobre microarrays num nível básico.
- Seminário de Biologia Molecular Computacional – Reconstrução Filogenética: enfoques e perspectivas.

3 Conclusão

Após realizarmos uma série de experimentos, concluímos que o melhor a fazer seria uma série de leituras sobre novos métodos. A maior parte do tempo foi dedicada a essas leituras.

Paramos um pouco com implementações e experimentos visando uma nova fase de iniciação científica constituída por um aprendizado mais aprofundado numa série de novas técnicas que surgiram e outras que estão sendo desenvolvias pelos meus colegas.

Além disso, encontramos um novo horizonte representado pelo projeto CAGE que força uma nova abordagem dos métodos já aprendidos e de outros ainda não estudados o que pode vir a ser uma ótima aplicação para o estudo já realizado.

O OCR, objeto de estudo dessa bolsa e da anterior, teve uma ligeira melhora com os novos métodos mas ainda não o achamos suficientemente bom. Paramos um pouco de desenvolvê-lo para estudar técnicas que possam torná-lo viável.

Portanto, estamos agora numa nova fase que consiste basicamente no estudo de novos métodos e problemas de aplicações para os métodos já aprendidos.

Referências

[1] Tomita, N. S. *Programação Automática de Máquinas Morfológicas Binárias baseada em Aprendizado PAC.* 1996.

[2] Bishop, M. J. Rawlings, C. J. *DNA and protein sequence analysis: a pratical approach.* 1st edition. Oxfor Press, 1997.

[3] Hirata, R. Dougherty, E. E. Barrera, J. *Aperture Filters.* 1999.

[4] T. H. Cormen, C. E. Leiserson, R. L. Rivest. *Introduction to Algorithms.* McGraw-Hill, 1990.

[5] Barrera, J.; Dougherty, E. R.; Tomita, N. S. *Design of optimal morphological operators from prior filters.* To appear in the special issue on Mathematical Morphology of the journal Acta Steriologica, edited by Jeulin and Charmant.

[6] Dougherty, E. R.; Barrera, J. *Bayesian design of optimal morphological operators based on prior distributions for conditional probabilities.* To appear in the special issue on Mathematical Morphology of the journal Acta Steriologica, edited by Jeulin and Charmant.

[7] Barrera, J.; Terada, R.; Hirata Jr., R. *Automatic Programming of Morphological Machines by PAC Learning.* Invited submission to the special issue on Mathematical Morphology, edited by Henk Heijmans and John Goutsias, of the journal Fundamenta Informatikae.

[8] Barrera, J; Banon, G. J. F.; Lotufo, R. A. *MMach: a Mathematical Morphology toolbox for the KHOROS system.* To appear in the Journal of Electronic Imaging, edited by SPIE.

[9] Barrera, J; Dougherty, E. R.; Tomita, N. S. *Automatic Programming od Binary Morphological Machines by design of statistically optimal opeerators in the context of computational learning theory.* Journal of Electronic Imaging, special section on Random Models on Images, pp. 54-67, January 1997.

[10] Barrera, J.; Salas, G. P. *Set operations on collections of closed intervals and their applications to the automatic programming of Morphological Machines.* Journal of Electronic Imaging, special section on Non Linear Image Processing, pp 335-352, July 1996.

[11] Banon, G. J. F.; Barrera, J. *Decomposition of mappings between complete lattices by Mathematical Morphology.* Part I: general lattices. Signal Processing 30, pp. 299-327, 1993.

[12] Banon, G. J. F.; Barrera, J. *Minimal representation for translation invariant set mappings by Mathematical Morphology.* SIAM J. APPL. MATH. vol. 51, N. 6, pp. 1782-1798, Dec. 1991.

[13] Banon, G. J. F. ; Barrera, J. *Bases da Morfologia Matemática para Análise de Imagens.* 250 pp. Escola de Computação, Recife, Julho/1994.

[14] Dougherty, E. R.; Barrera, J. *Computational Gray-Scale Operators.* To appear in Non Linear Filters for Image Processing, edited by E. R. Dougherty and J. A. Astola.

[15] Dougherty, E. R.; Barrera, J. *Binary Logical Operators.* To appear in Non Linear Filters for Image Processing, edited by E. R. Dougherty and J. A. Astola