

*Identificação biométrica de gado bovino a partir de
imagens do focinho*

Marta Rafaela Ferreira Monteiro

Trabalho de Projeto apresentado à
Escola Superior de Tecnologia e Gestão
Instituto Politécnico de Bragança
para obtenção do Grau de Mestre em
Tecnologia Biomédica

Orientador: Prof. Doutor Fernando Monteiro

Coorientador: Prof. Doutor Vasco Cadavez

novembro de 2015

*“A mente que se abre a uma nova ideia,
jamais volta ao seu tamanho inicial.”*

Albert Einstein

Resumo

A identificação de gado bovino tem sido um problema grave para a associação de criadores. O presente trabalho tem como objetivo implementar um método para identificação de bovinos através de imagens biométricas do seu focinho. Para tal são avaliadas quatro metodologias de identificação, tendo em conta vários parâmetros de avaliação tais como: taxa de acerto, necessidade de pré-processamento e facilidade de utilização, bem como a velocidade de execução.

A primeira metodologia intitulada por “Identificação através de pontos de Landmark” consiste na deteção destes pontos e através destes efetuar a correspondência entre as imagens. A segunda metodologia designada por “Correspondência espectral e *Reweighted random walk matching* (RRWM)”, consiste na utilização de matrizes de afinidade e, a partir delas, encontrar correspondências entre imagens. A terceira metodologia denominada por “Identificação através de pontos SURF”, que se baseia em identificar as características e em efetuar a correspondência entre as imagens utilizando o método SURF (*Speeded Up Robust Features*). O último método designa-se por “Identificação utilizando o diagrama de Voronoi e a triangulação de Delaunay” este baseia-se na deteção dos centróides das glândulas e na identificação de características semelhantes através da triangulação de Delaunay.

O método que produziu melhores resultados de avaliação foi a técnica de identificação baseada nas características obtidas pelo SURF.

No final deste trabalho, e através dos resultados obtidos foi possível concluir-se que a metodologia adotada foi bem-sucedida obtendo uma taxa de acerto de 100 %, tornando-se assim numa alternativa válida de identificação.

Palavras-chave: Gado bovino, Características SURF, Biometria, MATLAB, Processamento, Identificação.

Abstract

The identification of cattle has been a serious problem for the association of breeders.

This work aims to implement a method for identifying cattle through yours biometric muzzle images. To this are evaluated four methodologies of identification, into account various evaluation parameters such as hit rate, the need for pre-processing and ease of use ad execution speed.

The first methodology entitled by "Identification through Landmark points" consists in detecting these points and using that to make correspondence between the images. The second method called "Correspondence spectral and Reweighted Random Walk Matching (RRWM)" consists in the utilization of affinity matrices and from them, find correspondences between images. The third method referred to as "Identification through SURF points", which is based on identifying characteristics and make correspondence between the images using the SURF method (Speeded Up Robust Features). The last method is referred to as "Identification using the Voronoi diagram and Delaunay triangulation". This is based initially for detection of centroids of the glands and identifying similar characteristics by Delaunay Triangulation.

The method that produced the best results of evaluation was the identification technique based on the characteristics obtained by SURF.

At the end of this work, and through the obtained results we conclude that the methodology adopted was successful getting a 100% hit rate, thus becoming a valid alternative of the identification.

Keywords: Cattle, SURF Characteristics, Biometrics, MATLAB, Processing, Identification

Agradecimentos

O espaço limitado desta seção de agradecimentos, seguramente, não me permite agradecer, como devia, a todas as pessoas que, ao longo do meu Mestrado em Tecnologia Biomédica me ajudaram, direta ou indiretamente, a cumprir os meus objetivos e a realizar mais esta etapa da minha formação académica. Desta forma, deixo apenas algumas palavras, poucas, mas um sentido e profundo sentimento de reconhecido agradecimento.

Agradeço em primeiro lugar ao meu orientador, Professor Doutor Fernando Monteiro, não só pelo seu papel de orientador, como também pelas sugestões, pelo incentivo, todo o empenho e credibilidade que me dedicou. Agradeço também pela sua disponibilidade imediata e pela sua boa vontade que foi imprescindível para uma boa prossecução do trabalho.

Em segundo lugar gostaria de agradecer ao Professor Doutor Vasco Cadavez, pela ajuda prestada na obtenção de mais imagens do focinho dos bovinos.

Em terceiro lugar o meu obrigado à quinta do Instituto Politécnico de Bragança, pela colaboração e disponibilidade prestada para a obtenção de mais imagens do focinho dos bovinos.

Em quarto lugar agradecer aos meus familiares, por me terem possibilitado frequentar o mestrado de Tecnologia Biomédica e pelo todo o esforço que fizeram para me apoiar e orientar da melhor maneira possível.

Em quinto lugar, a todos os meus amigos que, direta ou indiretamente, me ajudaram na realização desta dissertação. Obrigado pela compreensão, paciência e companheirismo demonstrado ao longo da realização desta dissertação.

Por fim, a todas as pessoas que de alguma forma contribuíram para o meu bem-estar e me acompanharam durante este período.

Índice

Lista de figuras	xiii
Lista de tabelas	xvii
Capítulo 1	1
Introdução	1
1.1 Motivação	2
1.2 Objetivo	2
1.3 Estrutura do relatório.....	3
Capítulo 2	5
Estado da arte	5
2.1 Identificação Bovina	5
2.1.1 Tatuagem	5
2.1.2 Brincos	7
2.1.3 Marcação a fogo.....	8
2.2 Identificação Biométrica	9
2.3 Obtenção das imagens biométricas do focinho dos bovinos	9
2.4 Metodologias de Identificação	11
2.4.1 Speeded Up Robust Features	11
2.4.2 Análise das Componentes Principais (PCA) e Redes Neurais.....	14
2.4.3 Identificação de bovinos através de imagens biométricas do focinho	16
2.4.4 Correspondências entre impressões digitais	17
2.4.4 Correspondência utilizando a triangulação de Delaunay.....	19
Capítulo 3	23
Materiais e Metodologias utilizadas.....	23
3.1 Aquisição das imagens do focinho dos bovinos.....	23
3.2 Identificação através de pontos de Landmark	24
3.3 Correspondência espectral e <i>Reweighted random walk matching</i> (RRWM)	26
3.4 Identificação através de pontos SURF	28
3.5 Identificação utilizando o diagrama de Voronoi e a triangulação de Delaunay	29

Capítulo 4	35
Resultados	35
4.1 Identificação através de pontos de Landmark	36
4.2 Correspondência espectral e Reweighted Random Walk Matching (RRWM)	40
4.3 Identificação através de pontos SURF	44
4.4 Identificação utilizando o diagrama de Voronoi e a triangulação de Delaunay	48
4.5 Comparação entre as várias metodologias utilizadas	56
Capítulo 5	59
Conclusão e trabalhos futuros	59
Referências Bibliográficas	61
Anexo A	63

Lista de figuras

Figura 1 – Método da Tatuagem [3].	6
Figura 2 – Alicates de Tatuagem mais utilizados [3].	6
Figura 3 – Outro tipo de alicate utilizado no método da tatuagem [3].	7
Figura 4 – Utilização de brincos como método de identificação [3].	7
Figura 5 – Alicates utilizados para a aplicação dos brincos [3].	8
Figura 6 – Marcação a fogo nos membros inferiores [3].	8
Figura 7 - Na imagem à esquerda está a representação de como é retirada a impressão do focinho. E na imagem à direita um exemplo de uma impressão do focinho dos bovinos [2].	9
Figura 8 – Extração das imagens biométricas do focinho dos bovinos através de papel [5].	10
Figura 9 - Na imagem à esquerda está a representação de como é retirada a impressão do focinho pela câmera de vídeo. E na imagem à direita um exemplo da imagem obtida pela câmera [2].	10
Figura 10 – Imagens do focinho dos bovinos, obtidas por fotografia [6].	11
Figura 11 – Os filtros de caixa da aproximação da derivada parcial Gaussiana de segunda ordem. A figura mostra $Lyy(X; \sigma)$, $Lxy(X; \sigma)$, $Dyy(X; \sigma)$ e $Dxy(X; \sigma)$, da esquerda para a direita, respectivamente [7].	13
Figura 12 – Os filtros da wavelet de Haar utilizados para descrever os pontos de interesse [7].	13
Figura 13 – Demonstração da construção do vetor descritor [7].	14
Figura 14 – Camadas constituintes de uma rede neuronal <i>feedforward</i> [11].	15
Figura 15 - Funções de ativação para as redes neurais <i>feedforward</i> [11].	16
Figura 16 - Exemplo de uma triangulação de Delaunay aplicada a uma impressão digital [19].	20
Figura 17 - Triângulo com as variáveis indicadas, sendo as letras <i>A, B</i> e <i>C</i> os ângulos entre os lados, <i>l1, l2</i> e <i>l3</i> . [19]	21
Figura 18 – O retângulo vermelho representa a ROI do focinho. A imagem à esquerda é a imagem original. E à direita a imagem obtida da ROI.	23
Figura 19 – Lei dos cossenos. [22]	32

Figura 20 – Imagem biométrica de teste do focinho do bovino.	35
Figura 21 – Imagens biométricas dos focinhos dos bovinos presentes na base de dados. A imagem à esquerda é a imagem A e a da direita a imagem B.	36
Figura 22 – Da esquerda para a direita estão os pontos de Landmark da imagem de teste de seguida da imagem A e por fim da imagem B.	36
Figura 23 – Correspondência entre a imagem de teste e a imagem A presente na base de dados utilizando os pontos de Landmark.	37
Figura 24 – Correspondência entre a imagem de teste e a imagem B presente na base de dados utilizando os pontos de Landmark.	37
Figura 25 – Correspondência entre a imagem de teste e a imagem A presente na base de dados.	40
Figura 26 – <i>Colormap</i> da correspondência entre a imagem de teste e a imagem A da base de dados.	40
Figura 27 – Correspondência entre a imagem de teste e a imagem B da base de dados.	41
Figura 28 - <i>Colormap</i> da correspondência entre a imagem de teste e a imagem B da base de dados.	42
Figura 29 – Na imagem mais à esquerda os pontos SURF pertencentes à imagem teste, na imagem de seguida os pontos SURF pertencentes à imagem A da base de dados e na imagem mais à direita os pontos SURF da imagem B da base de dados.	44
Figura 30 – Correspondência obtida entre a imagem de teste e a imagem A da base de dados.	44
Figura 31 – Correspondência obtida sem as falsas correspondências entre a imagem de teste e a imagem A da base de dados.	45
Figura 32 – Correspondência obtida entre a imagem de teste e a imagem B da base de dados.	45
Figura 33 – As várias imagens a comparar.	48
Figura 34 – Resultado do pré-processamento sendo a imagem mais à esquerda pertencente à imagem de teste, a imagem ao centro corresponde à imagem pré-processada da imagem A da base de dados e mais à direita a imagem pré-processada referente à imagem B da base de dados.	48
Figura 35 - Resultado da binarização sendo a imagem mais à esquerda pertencente à imagem de teste, a imagem ao centro corresponde à imagem binarizada da imagem A da base de dados e mais à direita a imagem binarizada referente à imagem B da base de dados.	49

Figura 36 - Resultado da segmentação sendo a imagem mais à esquerda pertencente à imagem de teste, a imagem ao centro corresponde à imagem segmentada da imagem A da base de dados e mais à direita a imagem segmentada referente à imagem B da base de dados.....	49
Figura 37 – Na imagem mais à esquerda estão representados os centróides da imagem de teste. Ao centro estão representados os centróides da imagem A da base de dados. E mais à esquerda estão os centróides da imagem B da base de dados.	49
Figura 38 - Na imagem mais á esquerda está presente o diagrama de Voronoi da imagem de teste, o diagrama seguinte é refente á imagem A da base de dados e o último díagrama pertence à imagem B da base de dados.	50
Figura 39 – Representação dos triângulos na região de Voronoi central.	51

Lista de tabelas

Tabela 1 – Resultados obtidos comparando todos os animais, para a metodologia “Identificação através de pontos de Landmark”.....	39
Tabela 2 – Resultados obtidos comparando todos os animais, para a metodologia “Correspondência espectral e Reweighted Random Walk Matching (RRWM)”... ..	43
Tabela 3 - Resultados obtidos comparando todos os animais, para a metodologia “Identificação através de pontos SURF”.....	47
Tabela 4 – Comparação entre os valores dos R’s obtidos entre a imagem de teste e a imagem A da base de dados, pela alternativa 1 do algoritmo.	51
Tabela 5 – Comparação entre os comprimentos dos lados dos dois triângulos das imagens a testar.	52
Tabela 6 – Comparação entre os ângulos dos dois triângulos das imagens a testar.....	52
Tabela 7 – Comparação entre os R’s da imagem de teste e da imagem B da base de dados pela alternativa 1 do algoritmo.....	53
Tabela 8 – Comparação entre os R’s obtidos da imagem de teste e da imagem B da base de dados pela alternativa 2 do algoritmo.....	54
Tabela 9 – Resultados obtidos para todos os animais, para a metodologia “Identificação utilizando o diagrama de Voronoi e a triangulação de Delaunay”.	55
Tabela 10 – Comparação entre as várias metodologias utilizadas.	56

Abreviaturas

DT	Triangulação de <i>Delaunay</i>
ICAR	<i>International Comittee for Animal Recording</i>
PCA	Análise das Componentes Principais
RANSAC	<i>Random Sample Consensus</i>
RNAs	Redes Neurais
ROI	Região de Interesse
RRWM	<i>Reweight Random Talk Matching</i>
SIFT	<i>Scale Invariant Feature Transform</i>
SURF	<i>Speeded Up Robust Features</i>

Capítulo 1

Introdução

A importância da identificação animal tem sido considerada desde à bastante tempo em várias aplicações tais como, classificação de gado, para o acompanhamento do gado, desde o seu nascimento até à sua morte e para o entendimento da evolução de doenças neste ramo. Torna-se assim importante encontrar um método robusto para a identificação de gado tanto para os consumidores como para a indústria de alimentos uma vez que o uso da identificação robusta de gado está relacionado à rastreabilidade e registo de criação e de *marketing*. Tais sistemas contribuem não só para a segurança alimentar mas também para a garantia de qualidade do produto. Estes sistemas de identificação ajudam também a controlar a propagação das doenças entre estes animais, reduzir as perdas de gado para os produtores devido à presença de doenças, minimizar a perda de comércio esperado, diminuir o custo do governo de controlo, intervenção e erradicação dos surtos de doenças.

A identificação individual dos animais pode ser conseguida por métodos mecânicos, eletrónicos e biométricos [1]. Os métodos mecânicos (brincos, marcação a fogo e tatuagens) são métodos invasivos por vezes e alguns não são permanentes. Os métodos eletrónicos na maioria utilizam etiquetas externas, etiquetas RFID, para reconhecer o animal. No entanto, a utilização destas etiquetas não estão aptas para fornecer a confiabilidade suficiente para a identificação de gado devido ao roubo e duplicação da identificação. Os métodos biométricos (através da íris e análise do ADN) são também usados para a identificação animal. De um modo geral, os métodos biométricos poderia originar boas taxas de identificação, mas estes são invasivos para os animais e não são rentáveis em comparação com abordagens de processamento de imagem.

O padrão do focinho do gado bovino está correlacionado com as impressões digitais humanas, por isso tem sido considerado como um marcador biométrico e pode ser

utilizado na identificação destes animais. Recentes trabalhos sobre este facto indicam que o padrão do focinho destes animais irá desempenhar um papel vital e pode servir como uma ferramenta eficiente para a identificação e diferenciação da raça. O padrão do focinho dos bovinos pode ser capturado de duas maneiras através de papel e por fotografias do mesmo [2].

Neste âmbito, este trabalho representa uma possível técnica de identificação bovina.

1.1 Motivação

No âmbito do mestrado em Tecnologia Biomédica, no ramo de Instrumentação e Sinais Médicos, com a finalidade de obter o grau mestre, foi proposto o tema deste trabalho: “Implementação de um método de identificação de gado bovino através de imagens biométricas do focinho”. Uma vez que uma das áreas principais da Biomédica é o mundo da programação, e um mundo com bastante utilidade decidiu-se utilizar este como a base deste trabalho. Sendo que os métodos de identificação de gado bovino são todos invasivos e alguns não são permanentes, torna-se assim importante tentar encontrar uma alternativa a estes métodos convencionais.

Uma das motivações foi também o facto desta área da identificação bovina estar pouco explorada, podendo assim desenvolver um trabalho novo.

Mas a minha principal motivação para a realização deste trabalho foi tentar resolver situações quando ocorrem perdas de informação acerca da identificação dos bovinos, por exemplo caso um animal que esteja para abate perca a identificação, este já não pode ser abatido perdendo-se assim bastante dinheiro.

1.2 Objetivo

O objetivo final deste trabalho é criar um método computadorizado, automático e de fácil utilização que permita a identificação de gado bovino através das imagens biométricas do focinho. Para cumprir este objetivo, foram utilizadas várias áreas científicas, como por exemplo, o processamento de imagens médicas. Existem também vários objetivos intermédios que se tornam necessários cumprir.

1. Obtenção das imagens biométricas do focinho dos bovinos. Pretende-se adquirir as imagens biométricas utilizando uma máquina fotográfica, substituindo assim a técnica do papel sendo esta a mais utilizada.

2. Criação de uma base de dados. Torna-se necessário criar uma base de dados com as imagens biométricas do focinho dos bovinos, para assim testar o método.

3. Criação de vários métodos de identificação. Assim, no final poderá escolher-se o melhor método para cumprir o objetivo principal deste trabalho.

1.3 Estrutura do relatório

Este trabalho encontra-se dividido em vários Capítulos.

No Capítulo 2, efetua-se uma revisão bibliográfica sobre o assunto em estudo neste relatório, “Implementação de um método de identificação utilizando imagens biométricas do focinho dos bovinos” de forma a demonstrar a evolução cronológica dos conhecimentos desta extensa área. Para isso são referenciados alguns estudos desenvolvidos por investigadores, referindo algumas informações por eles confirmadas assim como métodos por eles desenvolvidos. Verificou-se que estes têm uma aplicação, maioritariamente, na correspondência de impressões digitais e de faces tal como a sua identificação, sendo aplicados minoritariamente, na identificação de gado bovino. Outro aspeto a denotar é que o principal método de obtenção das imagens biométricas dos focinhos é através de papel sendo ainda pouca a utilização de câmaras digitais para a obtenção das mesmas.

No Capítulo 3, são apresentados os materiais utilizados neste trabalho assim como, descritas as quatro metodologias utilizadas, com o objetivo de implementar uma técnica que permita a identificação de gado bovino.

No Capítulo 4, apresentam-se os resultados e a discussão dos mesmos, obtidos pelas quatro metodologias utilizadas nesta dissertação, respetivamente. Serão demonstrados os resultados para duas situações diferentes, primeiramente utilizando duas imagens do mesmo animal e de seguida duas imagens pertencentes a animais diferentes. Por fim será apresentada uma tabela onde estarão representados todos os resultados obtidos. As imagens utilizadas para a ilustração dos resultados serão as mesmas para todas as metodologias para que seja visível o funcionamento destas. Ainda neste capítulo é realizada uma tabela comparativa entre os vários métodos utilizados, seguindo uns determinados critérios, com o objetivo de se perceber qual o melhor método para a correspondência entre imagens biométricas do focinho dos bovinos.

No Capítulo 5, na conclusão do trabalho, são apresentadas algumas conclusões retiradas, os trabalhos futuros e dificuldades sentidas.

Capítulo 2

Estado da arte

2.1 Identificação Bovina

A identificação individual dos bovinos é um passo importante para qualquer sistema de registo de informações.

Este processo deve ser realizado com segurança e tranquilidade, sem causar sofrimento desnecessário aos animais. Existem, atualmente, diferentes métodos de identificação de bovinos. As técnicas mais comuns são a tatuagem, a marcação a fogo e os brincos [1].

É importante referir que todos estes métodos não são 100% eficazes e que o seu bom desempenho, está diretamente relacionado, com a forma como são aplicados aos animais. Quanto melhor realizado o processo de identificação, menores serão os riscos de perda e de erro na identificação dos bovinos.

2.1.1 Tatuagem

A identificação dos bovinos pode ser feita utilizando o método da tatuagem, Figura 1, sendo este uma identificação permanente e de fácil realização. A desvantagem deste método é a dificuldade que existe por vezes na visualização do código, sendo então necessária a deslocação e a contenção dos animais para ser feita a leitura do código com precisão [1] [3].



Figura 1 – Método da Tatuagem [3].

Este tipo de identificação normalmente é aplicada nos primeiros dias de vida do animal. Para a realização da tatuagem são utilizados dois tipos de equipamentos, dos quais o mais comum está presente na Figura 2 [1] [3].



Figura 2 – Alicates de Tatuagem mais utilizado [3].

O alicate menos utilizado está presente na Figura 3 [3].

Este alicate tem como vantagem, o facto que o risco de perda do código de identificação é menor e permite realizar uma maior variedade de códigos de identificação. Mas por outro lado, caso estes estejam danificados, torna-se mais difícil de substituí-los [3].



Figura 3 – Outro tipo de alicate utilizado no método da tatuagem [3].

2.1.2 Brincos

A utilização de brincos para a identificação animal, Figura 4, é bastante comum, especialmente por ser um método de fácil aplicação e de boa visibilidade.



Figura 4 – Utilização de brincos como método de identificação [3].

Como para o método da tatuagem, torna-se necessário que os procedimentos para a aplicação dos brincos sejam realizados de forma correta e segura, minimizando assim os riscos de falha na identificação do bovino [1].

A principal falha na utilização dos brincos como método de identificação dos bovinos é a falha na retenção destes.

Existem dois fatores principais que aumentam os riscos de perdas de brincos, assim como, a utilização de produtos de baixa qualidade e falhas nos procedimentos aquando a aplicação [3].

Na aplicação dos brincos nos bovinos é utilizado um alicate apropriado, como mostrado na Figura 5.



Figura 5 – Alicate utilizado para a aplicação dos brincos [3].

O mau posicionamento do alicate na orelha e a falta ou falhas na contenção dos bovinos no momento da aplicação de brincos podem causar muitos problemas, entre eles: fechar o brinco fora da orelha, rasgar a orelha do animal e a aplicação do brinco num local não recomendado.

2.1.3 Marcação a fogo

A marcação a fogo é o método mais comum para a identificação dos bovinos.

Este método quando bem executado realiza uma identificação de fácil visualização e permanente, no entanto caso ocorra uma má aplicação deste, é um método que traz muitos riscos para os animais, nomeadamente queimadura graves o que resulta em dor e sofrimento para o animal. Este método deve ser aplicado em zonas menos sensíveis para o animal, por exemplo nos membros inferiores, como demonstrado na Figura 6 [1].



Figura 6 – Marcação a fogo nos membros inferiores [3].

Sendo estes métodos bastante invasivos para os animais e não sendo 100% eficazes, a necessidade de um método de identificação robusta é uma necessidade.

2.2 Identificação Biométrica

A Biometria é a ciência que estuda a identificação de um indivíduo através das suas características físicas e comportamentais [4].

Os sistemas chamados biométricos baseiam o seu princípio de funcionamento em diversas características dos seres vivos, por exemplo: os olhos, a palma da mão, as impressões digitais do dedo, a retina ou a íris dos olhos. A premissa em que se fundamentam é a de que cada ser vivo é único e possui características físicas e comportamentos distintos, traços aos quais são característicos de cada ser vivo [4].

2.3 Obtenção das imagens biométricas do focinho dos bovinos

O padrão do focinho dos bovinos como um meio de identificação tem sido estudado desde 1921 [5].

Minagawa et al. [2] para o registo de bovinos para a reprodução e comercialização no Japão, o padrão do focinho foi retirado através de uma técnica manual onde o focinho é pintado com tinta preta e de seguida é aplicado um papel branco onde fica a impressão do focinho, como demonstrado na Figura 7. Esta técnica é aplicada nos bovinos com idade entre 4 meses e para o registo avançado mais de 14 meses.



Figura 7 - Na imagem à esquerda está a representação de como é retirada a impressão do focinho. E na imagem à direita um exemplo de uma impressão do focinho dos bovinos [2].

Este padrão é diferente de animal para animal tal como as impressões digitais dos seres humanos. Por esta razão, o padrão pode ser utilizado para identificar o gado.

O método mais utilizado para a extração das imagens biométricas do focinho dos bovinos é através de papel, como demonstrado na Figura 8.



Figura 8 – Extração das imagens biométricas do focinho dos bovinos através de papel [5].

Existem algumas desvantagens associadas a este método tais como, necessidade de imobilização do animal, é um processo onde se perde algum tempo até se obter uma boa imagem biométrica e é um método subjetivo uma vez que é o ser humano, sem recorrer a nenhuma técnica, que distingue os padrões. Recentemente, tem sido utilizada uma câmara de vídeo especial para capturar as imagens dos padrões do focinho, ilustrado na Figura 9 [2].

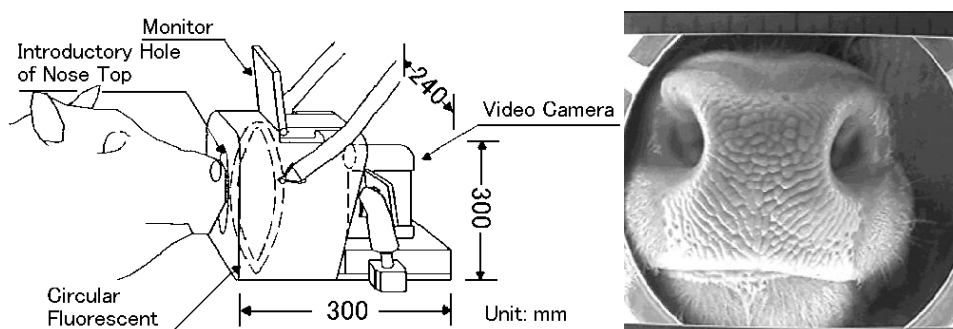


Figura 9 - Na imagem à esquerda está a representação de como é retirada a impressão do focinho pela câmara de vídeo. E na imagem à direita um exemplo da imagem obtida pela câmara [2].

Ao longo do tempo começou-se a obter imagens biométricas do focinho dos bovinos através de fotografias.

Awad et al. [6] têm tido um cuidado especial à qualidade das imagens recolhidas. As imagens recolhidas foram obtidas tendo em conta os níveis de qualidade e fatores de degradação, tais como a rotação da imagem, para simular algumas condições de identificação em tempo real. As imagens foram obtidas através de animais vivos. As

imagens da impressão do focinho mostram diferentes fatores de deterioração incluindo imagens com orientações diferentes e imagens com baixa resolução, presentes na Figura 10.



Figura 10 – Imagens do focinho dos bovinos, obtidas por fotografia [6].

2.4 Metodologias de Identificação

Após a obtenção das imagens biométricas, existem vários métodos utilizados e implementados com o objetivo de se realizar a correspondência entre duas imagens biométricas.

2.4.1 Speeded Up Robust Features

Um dos métodos utilizados é o Speeded Up Robust Features, SURF. Em que consiste, em recolher primeiramente um conjunto de imagens. De seguida extrair e guardar os pontos de interesse e os correspondentes descritores.

2.4.1.1 Detecção dos pontos de interesse

Bay et al. [7] apresentam um novo detetor e descritor invariante à escala e à rotação designado por SURF. Este método utiliza o determinante da aproximação da matriz Hessiana como base do detetor. Para detetar os pontos de interesse, localizam-se estruturas *blob-like* em locais onde o determinante é máximo. Dado um ponto $X = (x, y)$ de uma imagem I , a matriz de Hessiana, $H(X; \sigma)$, em X na escala σ é definida como se segue:

$$H(X;\sigma) = \begin{bmatrix} L_{xx}(X, \sigma) & L_{xy}(X, \sigma) \\ L_{yx}(X, \sigma) & L_{yy}(X, \sigma) \end{bmatrix} \quad (1)$$

Onde $L_{xx}(X, \sigma)$, $L_{xy}(X, \sigma)$ e $L_{yy}(X, \sigma)$ são as convoluções de segunda ordem, derivadas parciais de Gauss com a imagem I e no ponto X , respetivamente [7].

Para reduzir o tempo de computação, aplica-se um conjunto de filtros de caixa 9x9 (ver Figura 11), como aproximações de um Gaussiano com $\sigma=1.2$, que representa a mais alta resolução espacial, para calcular os mapas de resposta *blob*. Os filtros serão representados por $D_{xx}(X, \sigma)$, $D_{xy}(X, \sigma)$ e $D_{yy}(X, \sigma)$. Os pesos aplicados às regiões retangulares são simples para a eficiência computacional [7]. Assim:

$$\det(H_{approx}) = D_{xx}D_{yy} - (\omega D_{xy})^2 \quad (2)$$

Onde ω é o peso para a conservação de energia entre os kernels Gaussianos e os *kernels* Gaussianos aproximados e,

$$\omega = \frac{|L_{xy}(1.2)|_F |D_{yy}(9)|_F}{|L_{yy}(1.2)|_F |D_{xy}(9)|_F} = 0.912 \quad (3)$$

$|X|_F$ é a norma de Frobenius. Dada a matriz A a norma de Frobenius é calculada por:

$$\|A\|_F = \sqrt{\text{traço}(AA^T)} \quad (4)$$

Onde A^T representa a transposta da matriz A , isto é, a matriz que se obtém da troca de linhas por colunas da matriz A .

O traço de uma matriz é uma função matricial que efetua a soma dos elementos da diagonal principal de uma dada matriz, neste caso da matriz A .

Para a escala invariante, o SURF constrói uma escala em pirâmide do espaço. Este método muda diretamente a escala dos filtros de caixa para implementar a escala do espaço, devido ao uso da caixa de filtro e a imagem integral [7] [8].

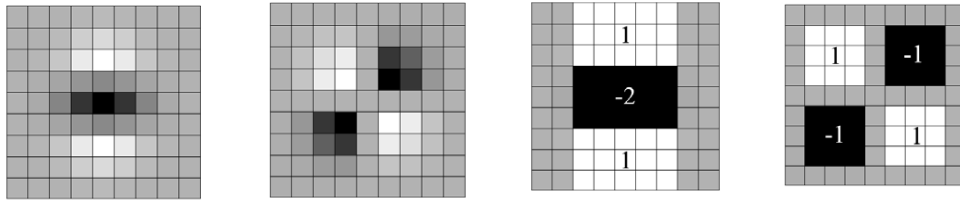


Figura 11 – Os filtros de caixa da aproximação da derivada parcial Gaussiana de segunda ordem. A figura mostra $L_{yy}(X; \sigma)$, $L_{xy}(X; \sigma)$, $D_{yy}(X; \sigma)$ e $D_{xy}(X; \sigma)$, da esquerda para a direita, respectivamente [7].

2.4.1.2 Descrição dos pontos de interesse

O SURF utiliza o somatório das repostas da *wavelet* de Haar, para descrever a funcionalidade de um ponto de interesse. Na Figura 12, estão representados os filtros da *wavelet* de Haar utilizados para obter as respostas na direção x e y. Para a extração do descritor, o primeiro passo consiste em construir uma região quadrada centrada no ponto de interesse e orientada ao longo da orientação, definida pelo método de seleção de orientação introduzida [7].



Figura 12 – Os filtros da *wavelet* de Haar utilizados para descrever os pontos de interesse [7].

A região está dividida igualmente em pequenas 4x4 sub-regiões quadradas, como demonstrado na Figura 13. Para cada sub-região obteve-se as respostas da *wavelet* Haar em 5x5 pontos amostrais, igualmente espaçados. Para simplificar, designa-se por dx a resposta da *wavelet* Haar na direção horizontal e dy a resposta da *wavelet* Haar na direção vertical [7].

Em seguida, as respostas dx e dy são adicionadas em cada sub-região e forma-se um primeiro conjunto de entradas no vetor de recurso. A fim de trazer as informações sobre a polaridade das mudanças de intensidade, é necessário extrair a soma dos vetores absolutos das respostas, $|dx|$ e $|dy|$. Assim cada sub-região tem um vetor, v , de 4 dimensões para a sua estrutura subadjacente de intensidade,

$$v = (\sum dx, \sum dy, \sum |dx|, \sum |dy|) \quad (5)$$

Concatenando isso para todas as 4x4 sub-regiões, isto resulta num vetor descritor de comprimento 64. As respostas wavelet são invariantes á iluminação [7].

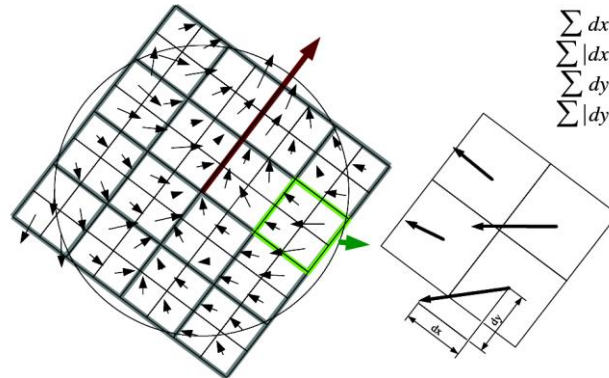


Figura 13 – Demonstração da construção do vetor descritor [7].

2.4.2 Análise das Componentes Principais (PCA) e Redes Neurais

Rady [9] propõe um sistema de reconhecimento facial para a identificação pessoal e verificação utilizando o PCA com diferentes classificadores de distância. O PCA é uma técnica entre a maioria das técnicas de extração de características comuns, utilizada para o reconhecimento facial. Este tenta encontrar os *Eigen vectors* da matriz de covariância que corresponde à direção dos Componentes Principais dos dados originais. Esta técnica é baseada na decomposição de imagens faciais num pequeno conjunto de imagens características designadas por *eigenfaces*, sendo estas as principais componentes das imagens. Após a aplicação do PCA, um classificador de vizinhança é aplicado.

Os classificadores utilizados são: o classificador de distância *City-Block*, a distância Euclidiana, a distância Euclidiana ao quadrado e o classificador da distância de Chebyshev ao quadrado. O classificador utilizando a distância Euclidiana produz uma taxa de reconhecimento superior aos classificadores da distância *City-Block* e da distância de Chebyshev ao quadrado. No entanto têm resultados semelhantes ao quadrado da distância Euclidiana.

Paul et al. [10] abordou principalmente a construção de um sistema de reconhecimento facial utilizando o PCA. Sendo este uma abordagem estatística utilizada para reduzir o número de variáveis no reconhecimento facial. No PCA cada imagem, no conjunto das imagens de treino, é representada como uma combinação linear de vetores próprios,

designados por *eigenfaces*. Estes vetores próprios são obtidos a partir da matriz de covariância. O reconhecimento é realizado por um teste da imagem a projetar sobre o subespaço gerado pelos *eigenfaces* e, em seguida, a classificação é feita pelo cálculo do mínimo da distância Euclidiana entre os vetores.

Cori et al. [11] propuseram a construção de um sistema com o objetivo de identificar e reconhecer as impressões digitais através de redes neuronais artificiais. O sistema baseia-se inicialmente na aquisição da imagem, seguida no tratamento desta, na extração das minudências, na eliminação de falsas minudências, na aplicação da rede neuronal e na comparação dos resultados através de validações. As redes neuronais (RNAs) tentam representar a funcionalidade do cérebro. Estas são sistemas computacionais que imitam as habilidades dos neurónios biológicos.

Os RNAs mais conhecidos são ADALINE/MADALINE, *feedforward*, *Time-Delay*, *Recurrent*, *BAM* (Memória Associativa Bidirecional), *Hopfield* e *Kohonen* [11].

Um exemplo de um *feedforward* está representado na Figura 14.

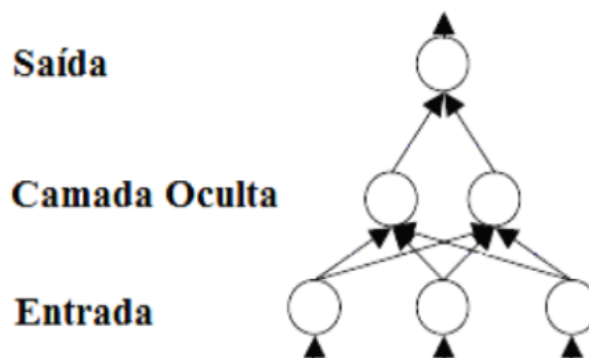


Figura 14 – Camadas constituintes de uma rede neuronal *feedforward* [11].

Através da Figura 14 podemos ver as três camadas constituintes de uma rede neuronal *feedforward*, sendo estas: a camada de entrada, onde são apresentados os dados a inserir na rede neuronal. A camada oculta, onde é realizado o principal processamento da rede e por fim a camada de saída, onde é demonstrado o resultado final.

A camada de entrada serve apenas para inserir os dados necessários para as camadas seguintes, não sendo feito qualquer processamento nesta camada. Cada camada possui uma função de ativação, esta função pode ser diferente mediante quais os dados necessários de saída.

A função de ativação de um neurônio é uma função não-linear. A Figura 15 representa as três diferentes funções de ativação utilizadas para as redes neuronais *feedforward* [11].

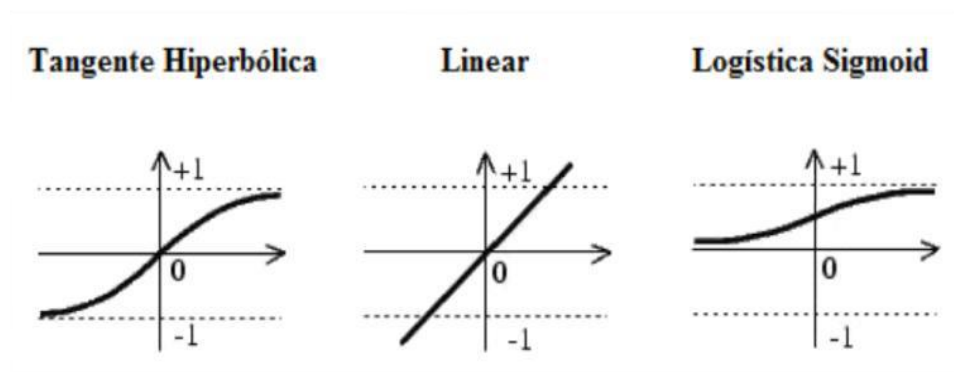


Figura 15 - Funções de ativação para as redes neuronais *feedforward* [11].

2.4.3 Identificação de bovinos através de imagens biométricas do focinho

Barry et al. [12] utilizaram o algoritmo da análise de componentes principais (PCA), para obter as características, em conjunto com a distância euclidiana, utilizada como classificador. Este trabalho tem como objetivo investigar a viabilidade da utilização do padrão do focinho como um identificador biométrico. As imagens biométricas do focinho foram obtidas através de impressões de tinta e também através de fotografias.

Para testar este método foi utilizada uma base de dados com 29 bovinos (conjuntos de 2, 4, 6, 8 imagens, e 10 de formação por animal). O desempenho desta técnica foi avaliada num conjunto separado de imagens (3 imagens normalizadas do focinho por animal). Os resultados mostraram que quando se utiliza 230 vetores próprios (de 290), a taxa de reconhecimento foi 98,85%, e que os vetores próprios adicionais não melhoram a taxa de reconhecimento. Como esperado, quando se utiliza menos componentes principais (inferior a 230) ocorre uma redução na taxa de reconhecimento [12].

Minagawa et al. [2] retiraram as imagens biométricas do focinho através de papel no entanto transformaram essas imagens em formato digital através de um *scanner*.

A estas imagens foram aplicadas técnicas de análise de imagem, foram aplicados filtros, a binarização, e operações de segmentação. Para a identificação foram extraídos os *pixels* dos cruzamentos entre as linhas que delimitam as glândulas presentes no focinho dos bovinos. Posto isto foi comparada a vizinhança destes de todas as imagens.

Tharwat et al. [13] propuseram um método de identificação rápida e robusta de bovinos. Este utiliza o método *Local Binary Pattern* (LBP) para extrair as características

do focinho dos bovinos. Foram também aplicados vários classificadores tais como, *Nearest Neighbor*, Naive Bayes, SVM e o KNN. Obtiveram-se resultados com uma taxa de acerto de 99,5%. Na fase de testes as imagens foram rodadas e foram alterados os tamanhos para testar a eficácia do método.

Awad et al. [6] propuseram um sistema robusto e rápido de identificação de gado a partir de imagens obtidas por papel do padrão do focinho dos animais utilizando características invariantes locais. O sistema proposto utiliza o *Scale Invariant Feature Transform* (SIFT) para detetar os pontos de interesse para posteriormente serem utilizadas para a realização da correspondência entre eles. Para obter melhores resultados foi aplicado também o algoritmo RANSAC (*Random Sample Consensus*). Para remover os pontos isolados e conseguir assim melhor robustez do método.

2.4.4 Correspondências entre impressões digitais

A maior área de aplicação dos métodos de correspondência é na identificação das impressões digitais, pois tem uma importância elevada, principalmente na área da criminologia, na identificação de suspeitos, podendo por vezes resolver crimes.

Anil et al. [14] propõem o seguinte algoritmo aplicado às impressões digitais com fraca qualidade:

1º Correspondência local das minudências – Nesta etapa, calcula-se a semelhança entre cada minudência da impressão digital.

2º Correspondência global das minudências – Nesta fase, usa-se cada um dos 5 pares de minudências com mais semelhanças encontradas, na primeira etapa, como um par inicial de minudências, assim encontra-se um conjunto de pares de minudências correspondentes.

3º Cálculo do valor de correspondência – Por último, um valor de correspondência é calculado para cada conjunto de pares de minudências correspondentes e o valor máximo obtido é utilizado como o valor de correspondência entre a impressão digital a procurar na base de dados e a impressão digital da base de dados correspondente.

Jiang et al. [15] utilizam métodos de correlação local para a identificação de impressões digitais. Este consiste em:

- Similaridade local da vizinhança. A correlação da vizinhança é utilizada para medir a semelhança local entre dois pares correspondentes de minudências

de duas impressões digitais. Seleciona-se um vizinho de 21×21 à volta da minudência, de seguida calcula-se a correlação 2-D entre as duas regiões, usando a Equação 6. Por fim retira-se um valor de correspondência da vizinhança para cada par de minudências correspondentes.

$$cor(1,2) = \frac{\sum_{i,j=1}^{21} (p_{ij}^1 - M^1)(p_{ij}^2 - M^2)}{(\sum_{i,j=1}^{21} (p_{ij}^1 - M^1))^2 (\sum_{i,j=1}^{21} (p_{ij}^2 - M^2))^2}^{1/2} \quad (6)$$

Nesta equação o M^K indica o valor médio da intensidade dos pixels p_{ij}^K na vizinhança considerada de 21×21 da impressão digital K .

Com o objetivo de atingir um valor de correlação mais fiável calculou-se os valores de correlação para locais alternativos de pontos de minudências. O melhor valor de correlação é utilizado para encontrar a melhor correspondência entre as duas regiões.

- Similaridade local dos contornos. A correlação do contorno é utilizada para medir a semelhança do local dos contornos a níveis de cinzento entre dois pares de minudências correspondentes. O contorno é definido como um segmento de linha entre dois pontos de minudências. Para cada par de pontos de minudências correspondentes, escolhem-se dois contornos que conectem os pontos das minudências correspondentes que se localizem mais perto, nas duas impressões digitais [15].

Feng Liu et al. [16] aplica o SIFT (*Scale Invariant Feature Transform*) para a identificação de impressões digitais. O método SIFT é muito utilizado no reconhecimento de objetos e na recuperação de imagens e é bom para tratar imagens de baixa qualidade e na variação da deformação e rica em quantidade. Mas devido à existência de falsas minudências ocorrem falsas correspondências e por isso os algoritmos precisam de ser ajustados para apenas selecionarem as minudências verdadeiras. Para este fim, o clássico algoritmo RANSAC (*Random Sample Consensus*), que é insensível ao alinhamento inicial, foi utilizado. A metodologia consiste em:

- Encontrar correspondências estabelecidas baseadas no mapa dos cumes das impressões digitais. Antes de estabelecer as correspondências através do mapa dos cumes é necessário um pré-processamento. O método de estimativa da orientação do cume com base no gradiente é o mais simples e intuitivo. É eficiente e popularmente utilizado em estudos de reconhecimento de impressões digitais. No

entanto, também tem algumas desvantagens, tais como, a sensibilidade ao ruído quando a orientação é estimada numa escala muito pequena e baixa precisão quando fatores suaves são utilizados para o mapa de orientação [16].

- Encontrar correspondências estabelecidas baseadas nas minudências. As minudências são extraídas através do mapa dos cumes. Uma vez que o modelo de transformação é obtido quando as correspondências obtidas pelo método SIFT são estabelecidas e o conjunto de minudências podem ser alinhadas através do cálculo do modelo de transformação. Depois, a correspondência das minudências iniciais é estabelecida pelo método da vizinhança mais perto e o resultado final é conseguido pelo algoritmo de RANSAC [16].

2.4.4 Correspondência utilizando a triangulação de Delaunay

No ramo da matemática, uma Triangulação de Delaunay para um conjunto de pontos P no plano é uma triangulação $DT(P)$ onde nenhum ponto em P está dentro da circunferência formada por qualquer triângulo na $DT(P)$. A Triangulação de Delaunay maximiza o menor ângulo de todos os triângulos na triangulação [17].

A triangulação foi inventada por Boris Delaunay em 1934. Para um conjunto de pontos existentes na mesma linha, não existe Triangulação de Delaunay (o conceito de triangulação é desfeito para este caso). Para quatro ou mais pontos pertencentes ao mesmo círculo (isto é, os vértices de um retângulo) a Triangulação de Delaunay não é única: cada uma das duas possibilidades de triangulação que divide o quadrilátero em dois triângulos satisfaz a “condição Delaunay”, isto é, as circunferências de todos os triângulos não contenham nenhum ponto P [18].

Uma aplicação prática da triangulação de Delaunay é na correspondência de impressões digitais.

A comparação dos triângulos que contem as minudências é uma abordagem comum de combinar um par de conjuntos de minudências. Para esta tarefa, é necessário formar triângulos de minudências triplos e estes são correspondentes através das características invariantes. Em geral, um par de triângulos de minudências fornece informações suficientes para calcular a transformação que potencialmente alinha os conjuntos de

pormenores. O melhor alinhamento é aquele que maximizar o número de sobreposição de minudências [17].

O sistema de identificação das impressões digitais, baseado na triangulação de Delaunay, proposto pelos autores, George et al. [19] representam as impressões digitais em termos das minudências. A maioria das minudências proeminentes correspondem a terminações de cristas e bifurcações das impressões digitais.

Cada minudência é representada pelas suas coordenadas (x, y) . Uma vez as minudências extraídas, a triangulação Delaunay é aplicada [19].

A Figura 16 demonstra a triangulação de Delaunay das minudências extraídas de uma impressão digital.



Figura 16 - Exemplo de uma triangulação de Delaunay aplicada a uma impressão digital [19].

Após a construção da triangulação de Delaunay, primeiramente realiza-se o alinhamento das impressões digitais, tendo como base, a semelhança dos invariantes considerados, a translação, a rotação e a escala, e de seguida realiza-se o processo de correspondência entre as impressões digitais.

Tendo o triângulo, representado na Figura 17, primeiramente classificaram-se os lados do triângulo para evitar considerar todas as ordens possíveis dos três lados do triângulo [19].

- $l_1 < l_2 < l_3$;

Por fim, foram estabelecidas três premissas importantes, sendo estas:

- $0 \leq l_1/l_3 \leq 1$;
- $0 \leq l_2/l_3 \leq 1$;
- $-1 \leq \cos(A) \leq 1$;

Onde a variável A é o angulo entre os lados menores do triângulo.

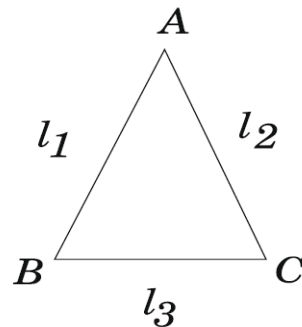


Figura 17 - Triângulo com as variáveis indicadas, sendo as letras A, B e C os ângulos entre os lados, l_1, l_2 e l_3 . [19]

A razão pelo qual se utiliza o cosseno do ângulo e não o valor do ângulo em si é devido ao facto de o valor do ângulo ser sensível ao ruído, introduzido aquando a extração das minudências, enquanto o cosseno pode filtrar parte desse ruído.

Deve ser mencionado que o ângulo que se considera para a indexação é o maior dos três ângulos do triângulo sob consideração [19].

Após a obtenção dos valores dos comprimentos dos triângulos e os respetivos ângulos estes são quantificados [19].

De seguida, cada uma das entradas recuperadas da tabela de índice representa uma correspondência hipotética entre três minudências da impressão digital de consulta e três minudências no modelo da impressão digital.

Capítulo 3

Materiais e Metodologias utilizadas

3.1 Aquisição das imagens do focinho dos bovinos

Para a obtenção das fotografias foi necessário inicialmente isolar os animais dos restantes presentes na quinta. De seguida os tratadores prenderam os animais de forma que o focinho ficasse voltado para cima para ser mais fácil tirar a fotografia. E por último limpou-se a zona nasal do bovino, para que se realçassem as glândulas.

Foram obtidas fotografias do focinho através de catorze animais. A foto do focinho de cada animal foi tirada cinco vezes. Basicamente, as três melhores fotografias de cada animal foram utilizadas para a formação da base de dados e outra fotografia do focinho é utilizada para a fase de testes.

As fotos do focinho foram retiradas em iluminações diferentes e com diferentes pontos de vista.

Após a obtenção das fotografias foi necessário recortar de toda a fotografia apenas a zona nasal do focinho. Para isso criou-se um retângulo centrado na linha mínima entre as narinas, que é tomado como a região de interesse (ROI). A ilustração da ROI é mostrada na Figura 18.

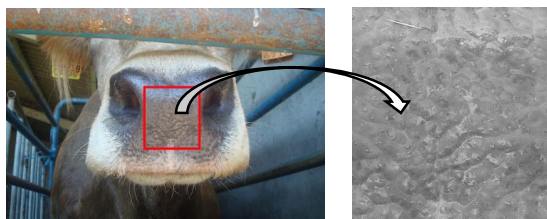


Figura 18 – O retângulo vermelho representa a ROI do focinho. A imagem à esquerda é a imagem original. E à direita a imagem obtida da ROI.

3.2 Identificação através de pontos de Landmark

Todos os métodos de correspondência seguem a seguinte metodologia, inicialmente retiram-se os pontos característicos das imagens e de seguida através destes irá se realizar então a correspondência destes pontos, entre as duas imagens.

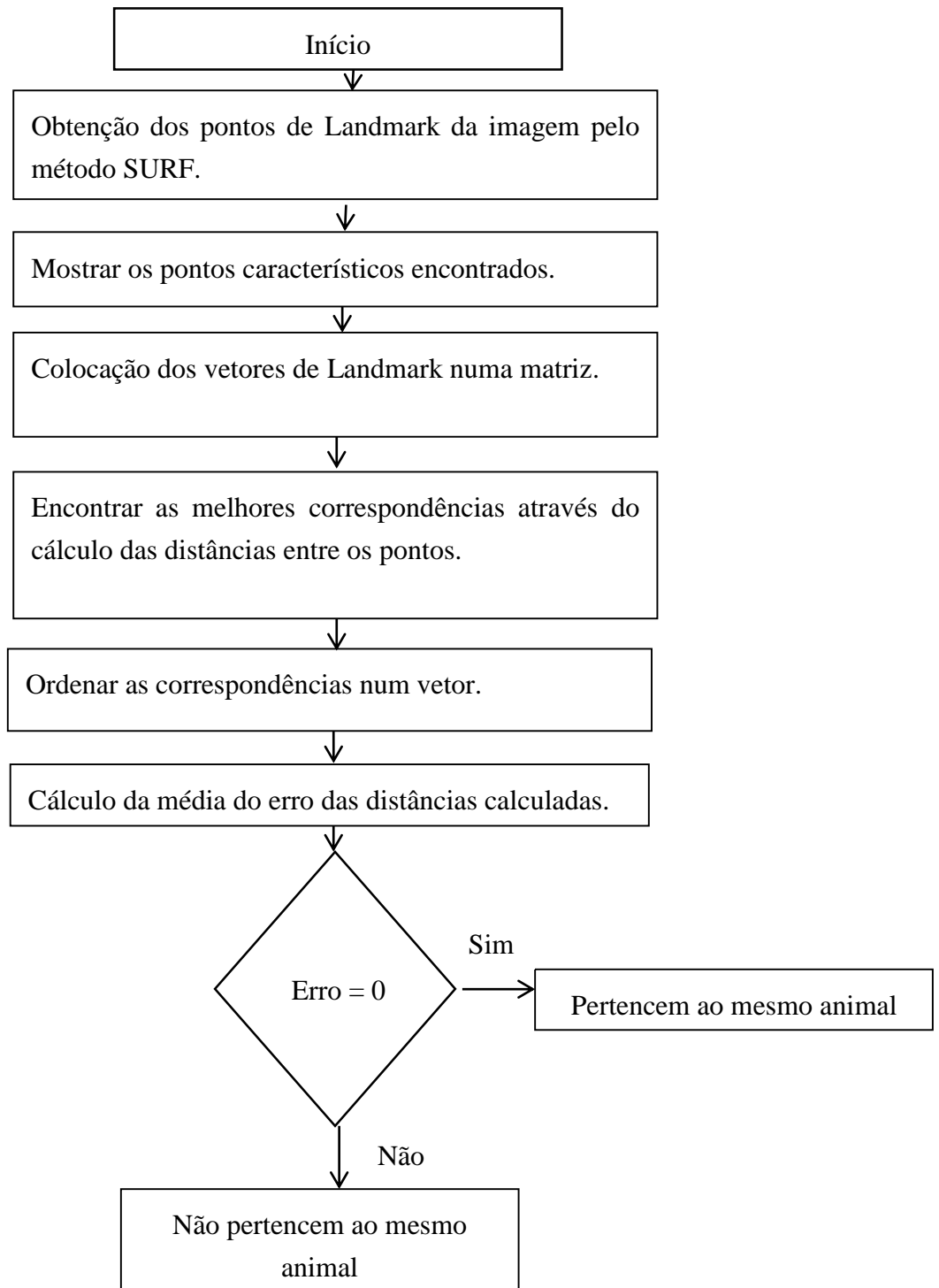
Sendo o SURF um método muito utilizado na correspondência entre imagens foi então selecionado para realizar a identificação de imagens biométricas do focinho dos bovinos.

Primeiramente torna-se necessário retirar os pontos-chave das imagens, utilizando então o método SURF. Este método irá detetar os pontos de Landmark nas imagens e descreve-os por um vetor robusto à rotação, à escala e ao ruído. Estes são pontos de contorno do objeto em que as correspondências intra e inter das populações do objeto são preservadas.

Os pontos de Landmark são colocados numa estrutura onde se obtém a informação das suas coordenadas x e y , a sua escala, o Laplaciano da vizinhança desses pontos, a orientação em radianos e por fim o descritor para a correspondência dos pontos.

Sendo que a resposta do operador Laplaciano é nula quando o ponto central e os seus vizinhos têm os mesmos valores de intensidade, ou seja, pertencem a uma zona homogênea da imagem. Tendo esta informação, colocaram-se os descritores obtidos das duas imagens a testar, numa matriz. De seguida através destas matrizes foram calculadas as distâncias euclidianas entre os descritores obtidos de forma a obter as melhores correspondências. Por fim, foram calculados os vários erros e a média destes. O valor do erro é o valor mínimo encontrado das distâncias calculadas para efetuar a correspondência entre os pontos característicos.

Assim se utilizarmos uma imagem de um certo animal e a compararmos com uma imagem diferente mas do mesmo animal a média do erro será sempre o valor mais pequeno que se irá obter se compararmos essa mesma imagem com uma imagem de um animal diferente, podendo assim concluir-se que a imagem é do mesmo animal ou de animais diferentes. Para demonstrar esta metodologia realizou-se o seguinte diagrama de blocos.



3.3 Correspondência espectral e *Reweighted random walk matching* (RRWM)

Esta metodologia foi implementada por Minsu Cho, Jungmin Lee, and Kyoung Mu Lee [20]. Este método é bastante diferente do anterior e mais complexo. Primeiro são definidos os parâmetros fixos para a extração das características e para a correspondência entre estas. Em segundo é definido o método utilizado para se realizar a correspondência entre as duas imagens, correspondência espectral ou RRWM.

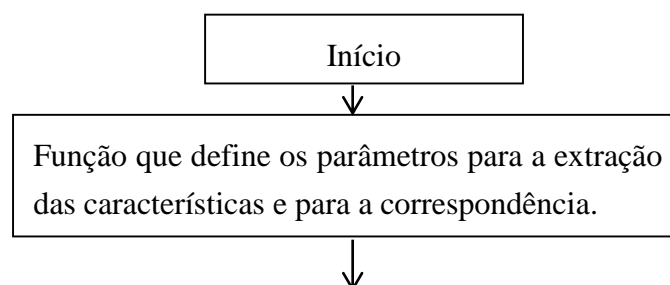
No qual a correspondência espectral consiste em calcular a matriz de afinidade entre as duas imagens a comparar e o RRWM consiste em calcular também a matriz de afinidade entre as duas imagens, mas cria dois grupos de pontos característicos pertencentes a cada imagem. Em terceiro são retiradas as características das imagens e calculadas as primeiras correspondências entre estas. Em quarto calculados os erros.

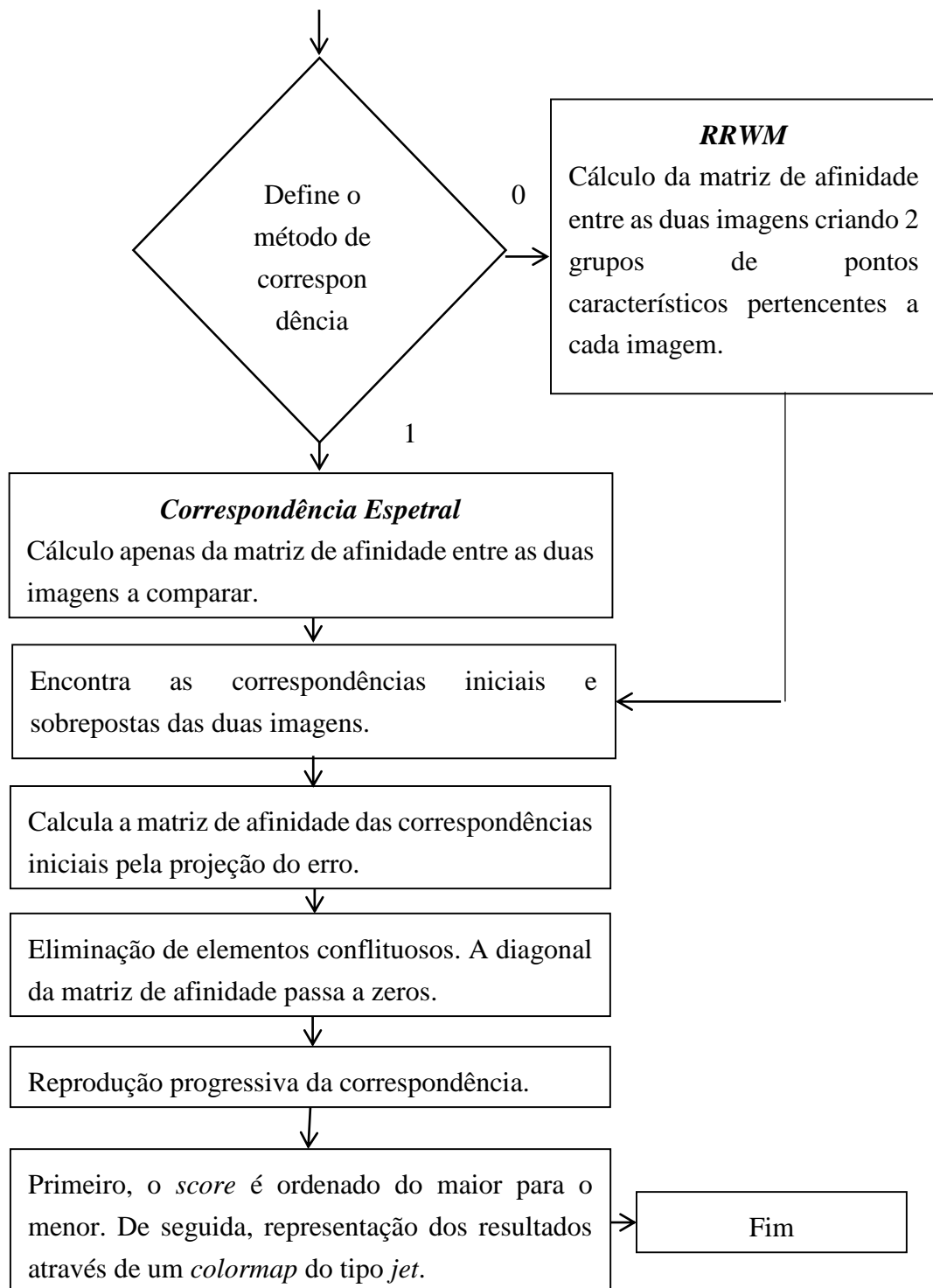
Destas correspondências, cria-se assim a matriz de afinidade entre as duas imagens pela projeção do erro. De seguida são eliminados elementos conflituosos, isto é, a diagonal da matriz de afinidade passa a zeros. Por fim é realizada a correspondência entre as imagens e calculado o *score* de correspondência e representados os resultados através de um *colormap* do tipo *jet*.

Um *colormap* é uma matriz de valores entre zero e um que definem as cores para gráficos objetos como objetos de superfície e de imagem. O *colormap* pode ser de qualquer comprimento, mas deve ter três colunas de largura. Cada linha da matriz define uma cor.

Este *colormap* representa as correspondências através de cores, isto é, são feitas as correspondências entre as imagens e é-lhe atribuído uma cor. Esta cor se for de tons quentes, isto é, vermelho, laranja ou amarelo, indica que existe uma correspondência forte entre os pontos, caso a cor seja em tons frios, ou seja, azul e verde, significa que existe pouca correspondência entre os pontos.

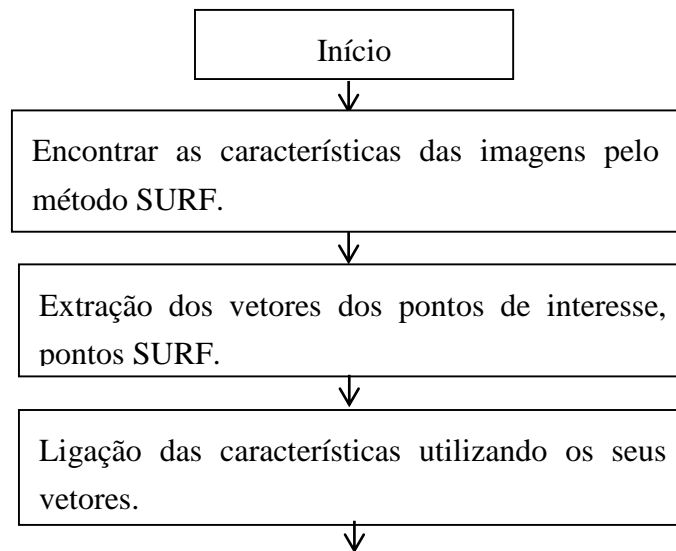
Para demonstrar esta metodologia realizou-se o seguinte diagrama de blocos.

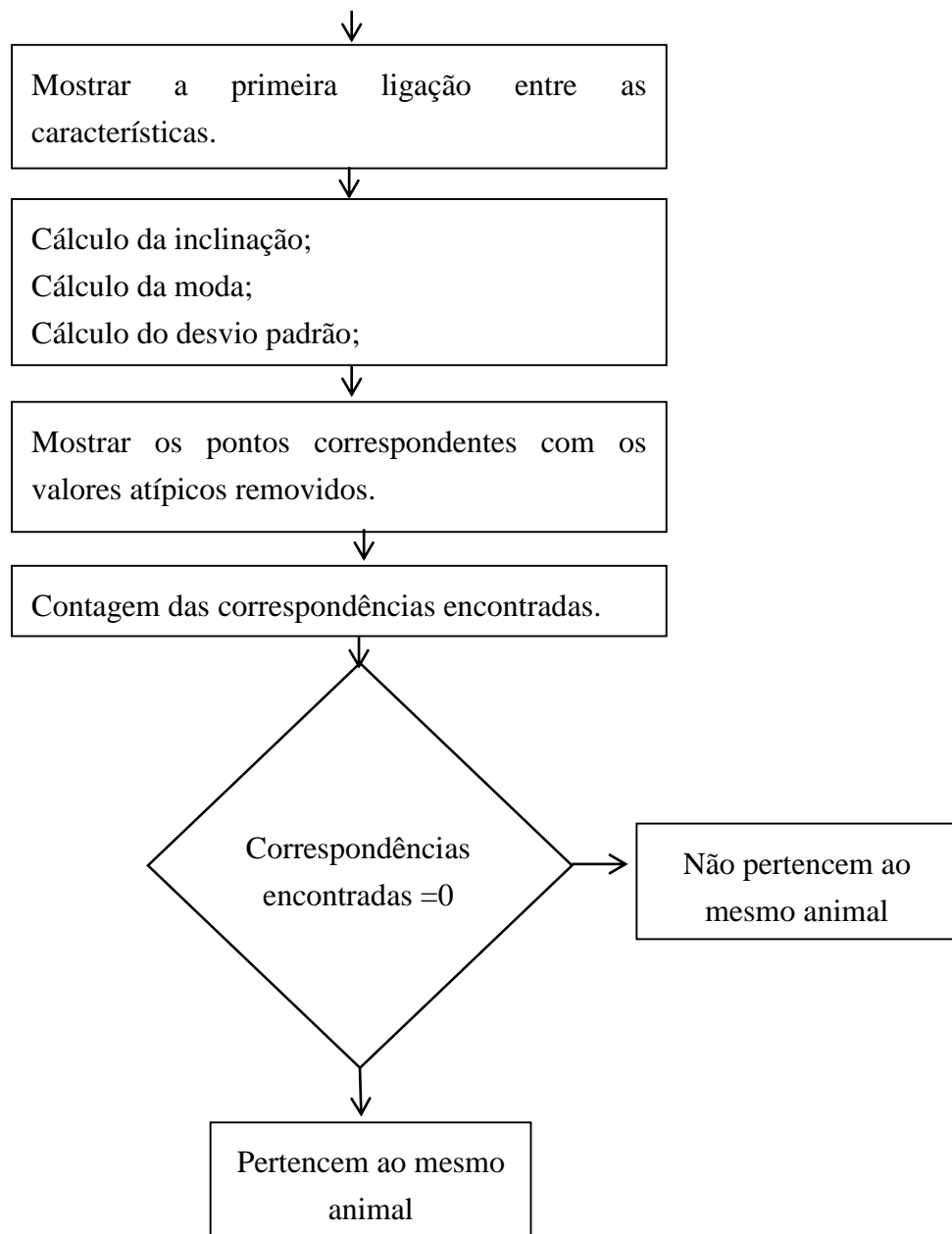




3.4 Identificação através de pontos SURF

Primeiramente são encontradas as características das imagens através do método SURF, onde são retornadas as características num *array* com as seguintes informações, a escala, a orientação, a métrica, a localização, o número de pontos encontrados e o sinal Laplaciano. De seguida são extraídos os vetores das características, também conhecidos por descritores. Estes são necessários para descrever e ligar as características específicas pela localização dos pontos. Posteriormente são obtidos os índices de pontos que contem as características que correspondem entre os dois conjuntos de descritores. Depois são demonstradas as possíveis ligações entre as características. De forma a eliminar falsas correspondências aplicou-se o método de refinamento que consiste no cálculo dos declives das várias ligações encontradas entre as características. De seguida calcula-se a moda e o desvio padrão destes. Assim serão eliminadas as ligações que estão fora da seguinte condição $\text{moda} - \text{desvio padrão} \leq \text{declive} \leq \text{moda} + \text{desvio padrão}$. Por fim são demonstradas as ligações entre as características, mas com os valores atípicos removidos, e efetuada a contagem destas ligações. Assim quanto maior for o número de ligações encontradas, maior a probabilidade de a imagem pertencer ao mesmo animal. Para demonstrar esta metodologia realizou-se o seguinte diagrama de blocos





3.5 Identificação utilizando o diagrama de Voronoi e a triangulação de Delaunay

Esta metodologia segue o artigo de Hamzeh Khazaei e Ali Mohades [21]. Este método tem como base os centróides das glândulas presentes no focinho dos bovinos. Inicialmente foi necessário submeter as imagens a um pré-processamento para o melhoramento da qualidade da imagem para se tornar mais fácil a localização dos centróides das glândulas.

O pré-processamento utilizado foi o seguinte, primeiro aplicou-se o filtro mediana à imagem para que fosse retirado qualquer tipo de ruído existente na imagem, para que esse não interferisse no restante pré-processamento a aplicar. Em segundo, aplicou-se a equalização adaptativa, com o objetivo de se obter melhor contraste e não perder muita informação da imagem. Em terceiro, foi utilizada a função de logaritmo e exponencial de forma a melhorar a luminosidade da imagem. Em quarto, foi feita a binarização automática da imagem exponencial. A binarização utiliza o método de Otsu, que escolhe o melhor valor de *threshold* para efetuar a binarização, guardando esse valor numa variável de nome *level*. Em quinto foram eliminadas certas regiões, da imagem, com determinadas áreas. Em sexto, foi feita uma operação de fecho, utilizando um disco de raio três como elemento estruturante. No sentido de uniformizar as glândulas para obtenção de melhores resultados, foi feita uma operação de erosão, aplicada à imagem resultante da operação anterior, utilizando o mesmo elemento estruturante. Por fim obtiveram-se os centróides que foram desenhados na imagem resultante do passo anterior, recorrendo a um ciclo for.

Após a aplicação do pré-processamento e a localização dos centróides estar efetuada, utilizou-se o diagrama de Voronoi e a triangulação de Delaunay para efetuar a identificação para isso, aplicou se um algoritmo que consiste em:

1º Realizar o diagrama de Voronoi;

2º Encontrar a célula central de Voronoi, dividindo tanto as linhas como as colunas por dois;

3º Ordenar os comprimentos dos lados da célula central de Voronoi por ordem ascendente, $L1 < L2 < L3 \dots L_{n-1} < L_n$.

Os comprimentos são calculados pela fórmula da distância euclidiana entre dois pontos, $(x1,y1)$ e $(y1,y2)$, sendo esta,

$$de = \sqrt{((x1 - x2)^2 + (y1 - y2)^2)} \quad (6)$$

De seguida este algoritmo é dividido em duas alternativas, a alternativa 1 que diz:

Primeiro é atribuída a letra B ao maior comprimento dos lados da célula de Voronoi, $L_n=B$;

De seguida, efetua-se a divisão de todos os lados da célula central de Voronoi pelo lado maior desta, sendo atribuídas, a estes resultados, as letras Ri para a imagem a testar (*input*) e Rt para a imagem na base de dados (*template*). Assim,

$\{L_i/B \mid i=1,2,3\dots,n\}$; Sendo que L_i representa os comprimentos dos lados da célula central de Voronoi da imagem *input*.

$\{L_t/B \mid t=1,2,3\dots,n\}$; Sendo que L_t representa os comprimentos dos lados da célula central de Voronoi da imagem do *template*.

$R_i=L_i/B$, onde $0 < R_i \leq 1$;

$R_t=L_t/B$, onde $0 < R_t \leq 1$;

Assim, R_i e R_t são correspondentes se satisfizerem a seguinte condição:

$1-\mu < R_i/R_t < 1+\mu$;

Caso haja um R_i e um R_t que não sejam correspondentes, partimos então para a alternativa 2, que após os lados da célula central estarem ordenados por ordem ascendente do seu tamanho, é necessário fazer:

1º Atribuição à letra B, o tamanho menor da célula central de Voronoi,

$L_1=B$;

2º Calcular os valores de R_i e R_t da seguinte forma:

$\{B/L_i \mid i=1, 2,3\dots, n\}$;

$\{B/L_t \mid t=1, 2,3\dots, n\}$;

$R_i=B/L_i$, onde novamente, $0 < R_i \leq 1$;

$R_t=B/L_t$, $0 < R_t \leq 1$;

Se novamente, o R_i e o R_t não seguem a condição assim referida, então conclui-se que as duas imagens não correspondem ao mesmo animal.

Mas caso na alternativa 1 haja correspondência entre o R_i e o R_t é necessário encontrar um triângulo correspondente entre as duas imagens. De seguida para que os triângulos sejam correspondentes estes têm de seguir as seguintes condições:

$|L_i-L_t| < T_1$, $i, t=1, 2,3$; E $T_1 = 2$. Onde T_1 é um valor de *threshold* atribuído mediante os resultados obtidos. Isto é após a obtenção dos resultados foi atribuído o valor de *threshold* de forma que o valor distinguísse se as imagens pertencem ou não ao mesmo animal.

$|\alpha_i-\alpha_t| < T_2$, $i, t=1, 2,3$; E $T_2 = 4^\circ$.

Onde, α_i e α_t são os ângulos internos dos triângulos da imagem a testar e as imagens na base de dados. Para calcular α_i e α_t recorreu-se às fórmulas da lei dos cossenos, representadas na Figura 19. Sendo o valor de T_2 foi atribuído com o mesmo critério de atribuição para o T_1 .

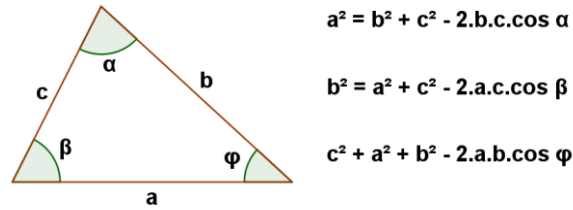
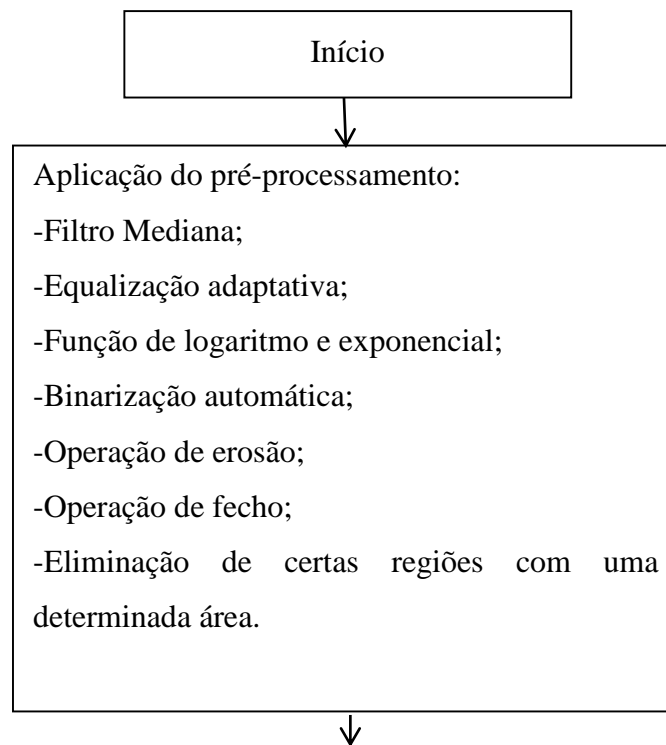
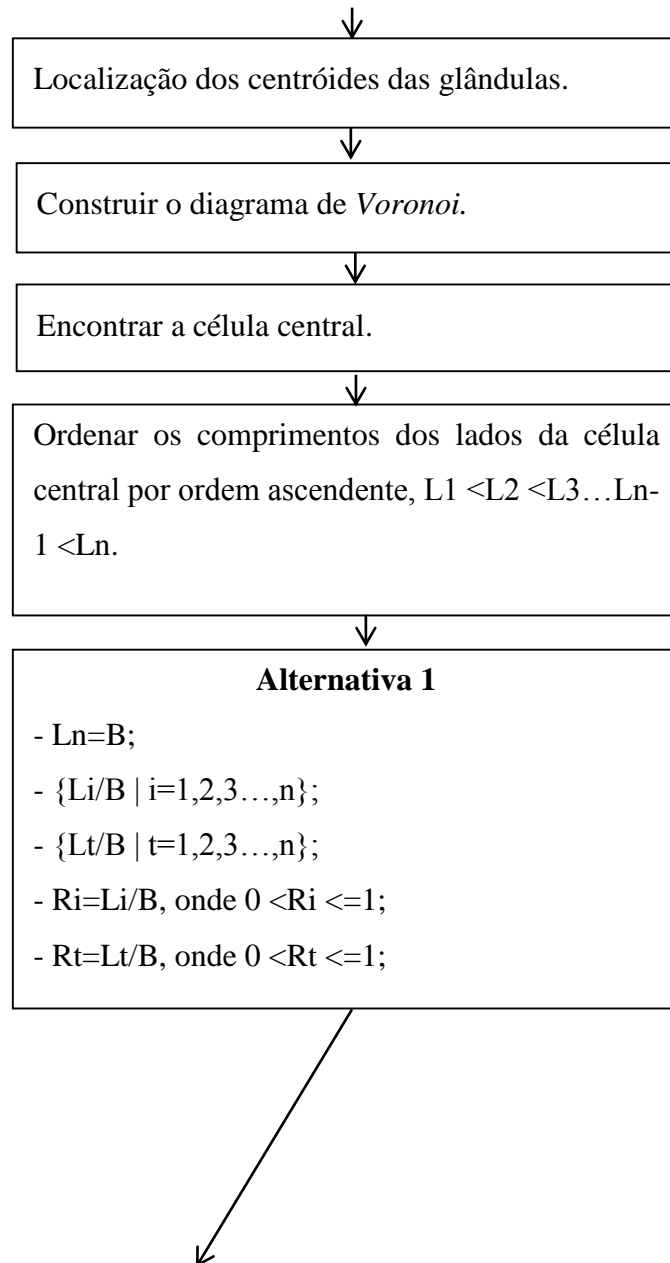


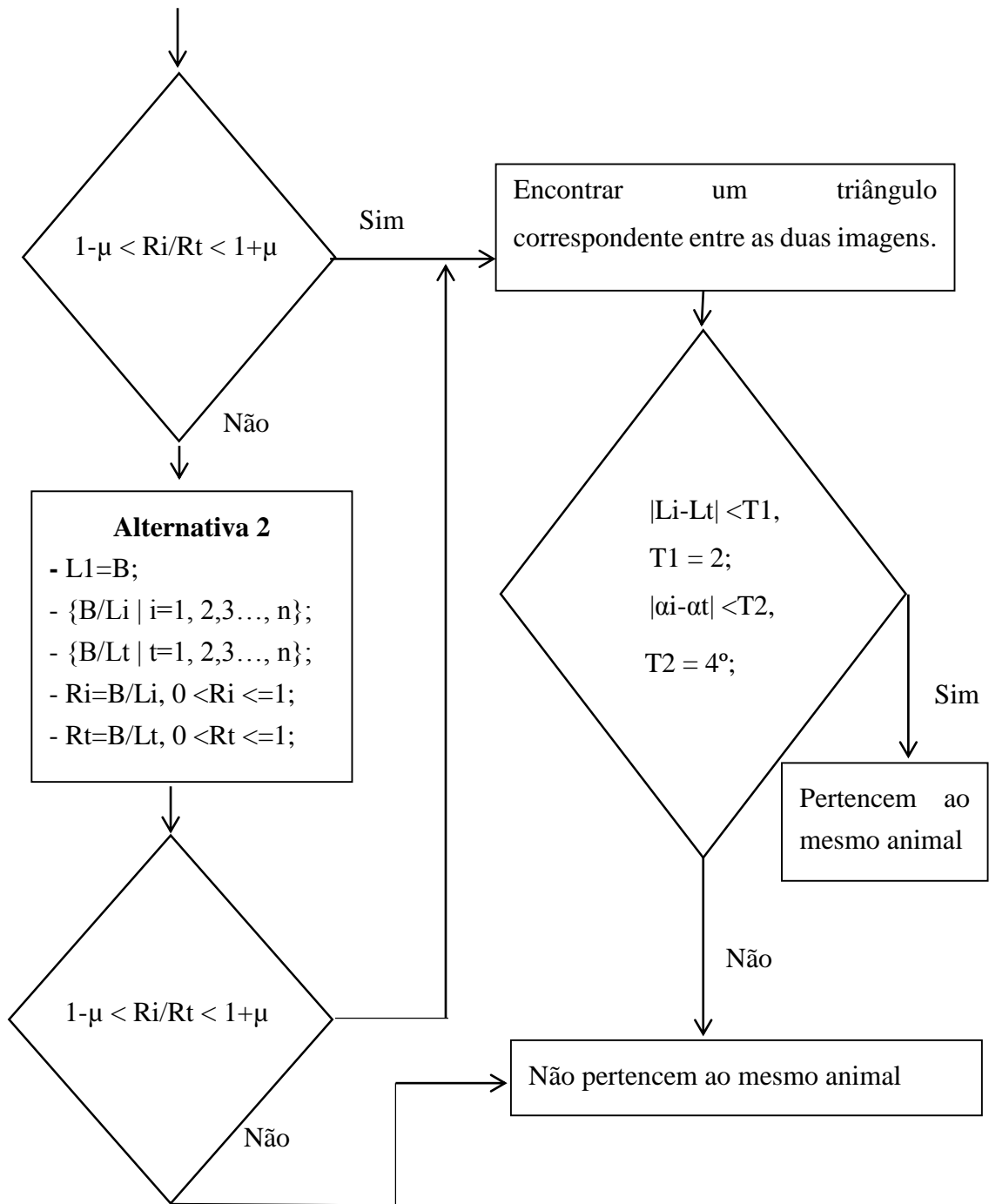
Figura 19 – Lei dos cossenos. [22]

Caso estas condições não se verifiquem significa que as imagens não pertencem ao mesmo animal. Mas caso ocorra o contrário, ou seja, haja a verificação destas condições podemos concluir que as imagens pertencem ao mesmo animal.

Para se tornar mais perceptível o funcionamento deste método, realizou-se um diagrama de blocos, representado de seguida.







Capítulo 4

Resultados

Nesta secção irão ser apresentados os resultados e a discussão destes. Para tal foram seleccionadas três imagens, das quais uma será a imagem teste ou imagem de entrada, representada na Figura 20 e as restantes, Figura 21, são as imagens que estão presentes na base de dados no qual, respetivamente, foram atribuídas as letras A e B, com as quais vamos comparar com a imagem de teste.

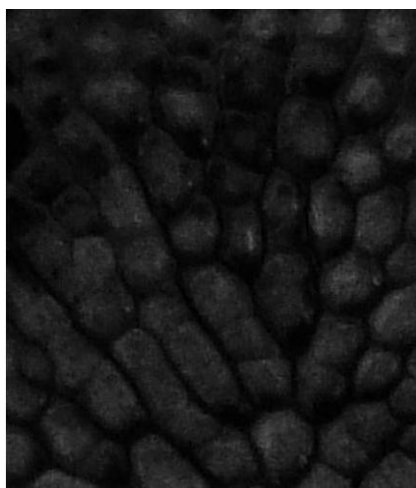


Figura 20 – Imagem biométrica de teste do focinho do bovino.

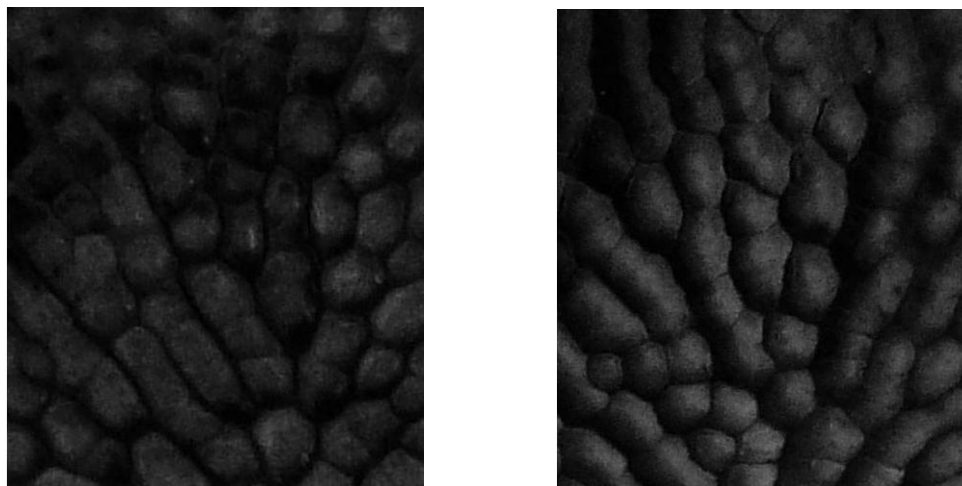


Figura 21 – Imagens biométricas dos focinhos dos bovinos presentes na base de dados. A imagem à esquerda é a imagem A e a da direita a imagem B.

4.1 Identificação através de pontos de Landmark

Inicialmente e como descrito anteriormente na explicação da metodologia, retirou-se os pontos de Landmark presentes nas três imagens, representados na Figura 22.

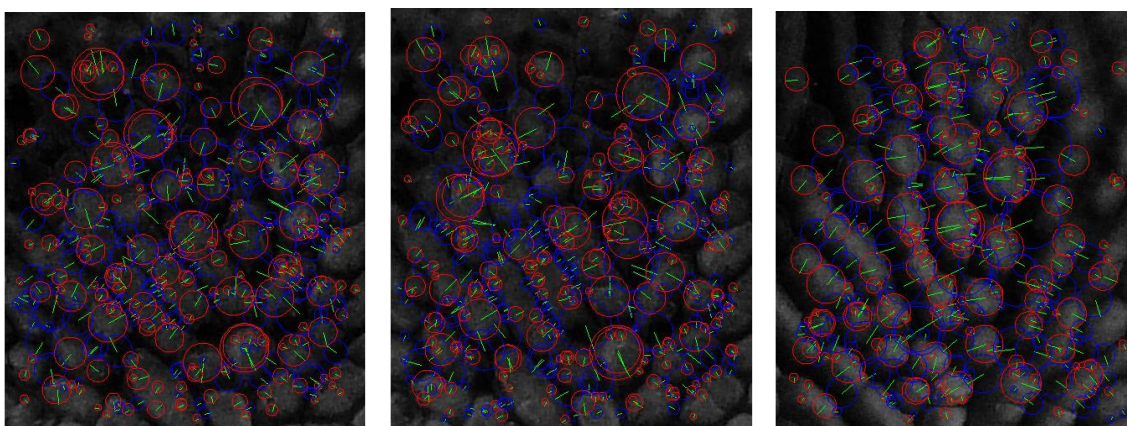


Figura 22 – Da esquerda para a direita estão os pontos de Landmark da imagem de teste de seguida da imagem A e por fim da imagem B.

Após a obtenção dos pontos de Landmark e de toda a informação destes, procedeu-se então ao processo de correspondência, primeiramente, entre a imagem de teste e a imagem A presente na base de dados, Figura 23, e de seguida entre a imagem de teste e a imagem B da base de dados, Figura 24.

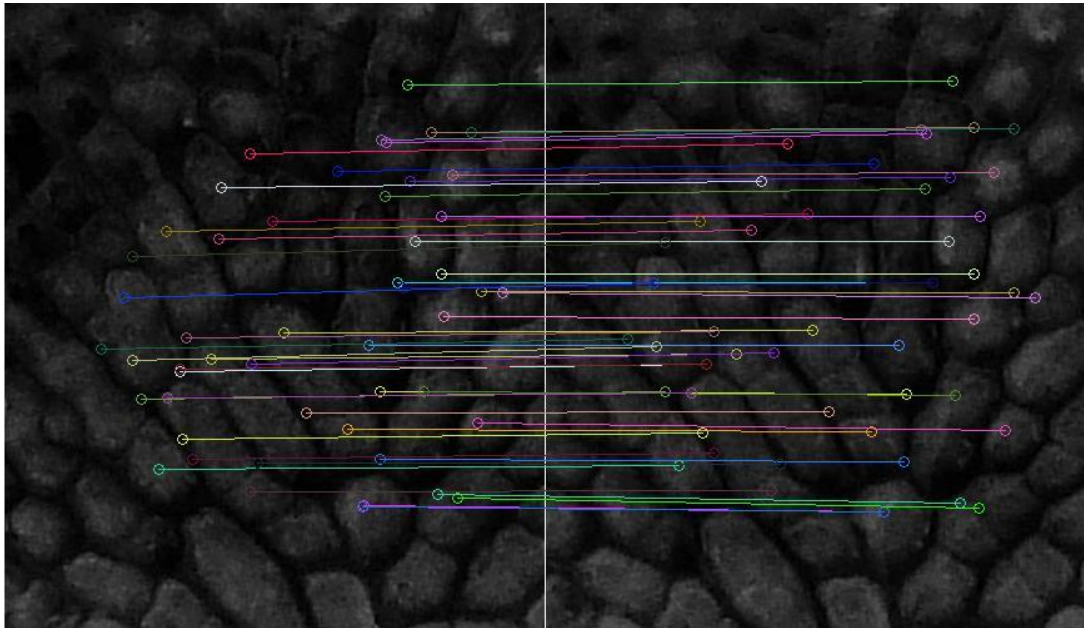


Figura 23 – Correspondência entre a imagem de teste e a imagem A presente na base de dados utilizando os pontos de Landmark.

Realizadas as correspondências para estas duas imagens, foi necessário calcular o erro destas de forma a termos um ponto de comparação.

O erro obtido foi de 0.

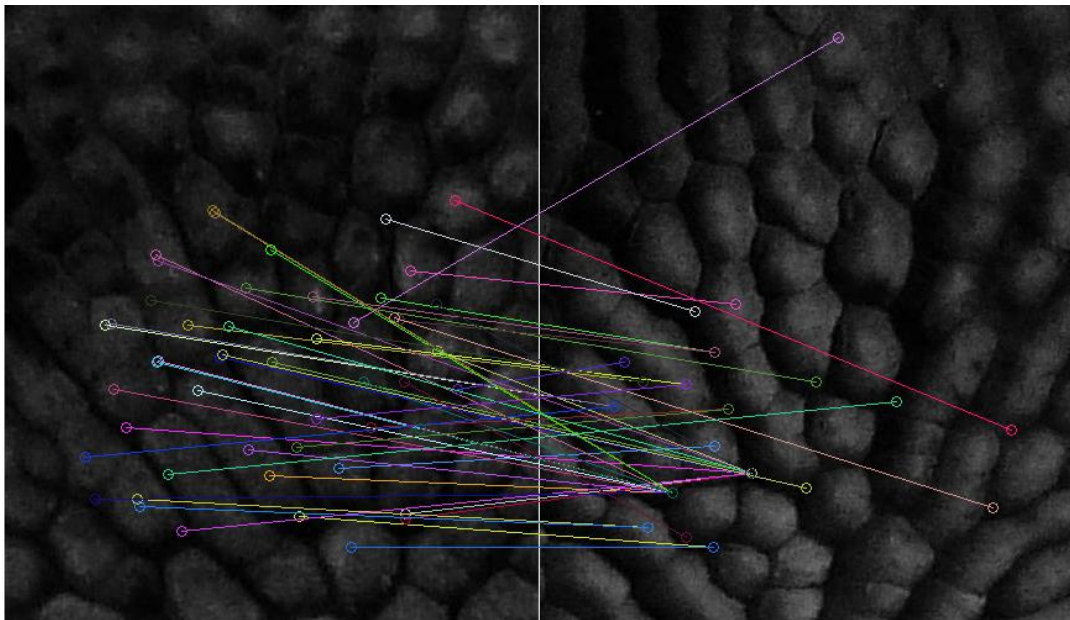


Figura 24 – Correspondência entre a imagem de teste e a imagem B presente na base de dados utilizando os pontos de Landmark.

Por fim calculou-se novamente o erro desta correspondência sendo este de 0.1629.

Uma vez que na correspondência entre a imagem de teste e a imagem A se obteve um erro de zero e na correspondência entre a imagem de teste e a imagem B, um erro bastante maior, conclui-se que a imagem de teste pertence ao mesmo animal que a imagem A.

Por fim, construiu-se uma tabela (ver Tabela 1) com todos os valores obtidos utilizando uma imagem para cada animal. Pela análise da tabela podemos observar que quando a imagem pertence ao mesmo animal o erro dá zero e quando as imagens pertencem a animais diferentes o erro dá um valor diferente de zero. Este aspecto é bastante importante, pois permite-nos concluir que este método é bastante bom tendo uma taxa de acerto de 100%. Embora em algumas correspondências exista uma proximidade de valores quando a imagem pertence ao mesmo animal e quando não pertence, como por exemplo, quando se compara a imagem do animal 12 com a do animal 13 o valor obtido é próximo de zero embora não pertençam ao mesmo animal, mesmo assim o valor é diferente continuando o método a identificar acertadamente todos os animais presentes na base de dados.

Para, além disso, este método é de fácil utilização apenas é necessário alterar as imagens a testar, não necessita de pré-processamento o que faz com seja um método rápido a nível computacional.

Tabela 1 – Resultados obtidos comparando todos os animais, para a metodologia “Identificação através de pontos de Landmark”.

	Animal 1	Animal 2	Animal 3	Animal 4	Animal 5	Animal 6	Animal 7	Animal 8	Animal 9	Animal 10	Animal 11	Animal 12	Animal 13	Animal 14
Animal 1	0	0,17	0,1593	0,1616	0,1731	0,1817	0,1848	0,1629	0,1562	0,2278	0,1693	0,1541	0,1585	0,172
Animal 2	0,17	0	0,1936	0,2012	0,2309	0,2421	0,2517	0,2326	0,2023	0,2509	0,2116	0,1923	0,1925	0,2109
Animal 3	0,1593	0,1936	0	0,1826	0,1938	0,199	0,2029	0,1982	0,1748	0,2249	0,1825	0,1669	0,1659	0,1826
Animal 4	0,1616	0,2012	0,1826	0	0,1949	0,2131	0,2319	0,2222	0,1882	0,2178	0,1826	0,1836	0,1697	0,1901
Animal 5	0,1731	0,2309	0,1938	0,1949	0	0,2105	0,213	0,1963	0,1854	0,2151	0,1801	0,1823	0,1738	0,1953
Animal 6	0,1817	0,2421	0,199	0,2131	0,2105	0	0,2712	0,2305	0,2077	0,2395	0,2031	0,1904	0,1866	0,2129
Animal 7	0,1848	0,2517	0,2029	0,2319	0,213	0,2712	0	0,1797	0,2225	0,3156	0,1841	0,1788	0,2094	0,1844
Animal 8	0,1629	0,2326	0,1982	0,2222	0,1963	0,2305	0,1797	0	0,182	0,2743	0,1835	0,1687	0,186	0,198
Animal 9	0,1562	0,2023	0,1748	0,1882	0,1854	0,2077	0,2225	0,182	0	0,2177	0,1746	0,1485	0,1488	0,1761
Animal 10	0,2278	0,2509	0,2249	0,2178	0,2151	0,2395	0,3156	0,2743	0,2177	0	0,1796	0,1722	0,1623	0,2024
Animal 11	0,1693	0,2116	0,1825	0,1826	0,1801	0,2031	0,1841	0,1835	0,1746	0,1796	0	0,1793	0,1789	0,1894
Animal 12	0,1541	0,1923	0,1669	0,1836	0,1823	0,1904	0,1788	0,1687	0,1485	0,1722	0,1793	0	0,1497	0,1708
Animal 13	0,1585	0,1925	0,1659	0,1697	0,1738	0,1866	0,2094	0,186	0,1488	0,1623	0,1789	0,1497	0	0,1613
Animal 14	0,172	0,2109	0,1826	0,1901	0,1953	0,2129	0,1844	0,198	0,1761	0,2024	0,1894	0,1708	0,1613	0

4.2 Correspondência espectral e Reweighted Random Walk Matching (RRWM)

Aplicou-se esta metodologia, inicialmente, utilizando a imagem de teste e a imagem A presente na base de dados. Os resultados apresentados referem-se apenas ao RRWM pois este permite obter melhores resultados que a Correspondência espectral. Após retiradas as características, procedeu-se à correspondência destas, obtendo-se o resultado presente na Figura 25.

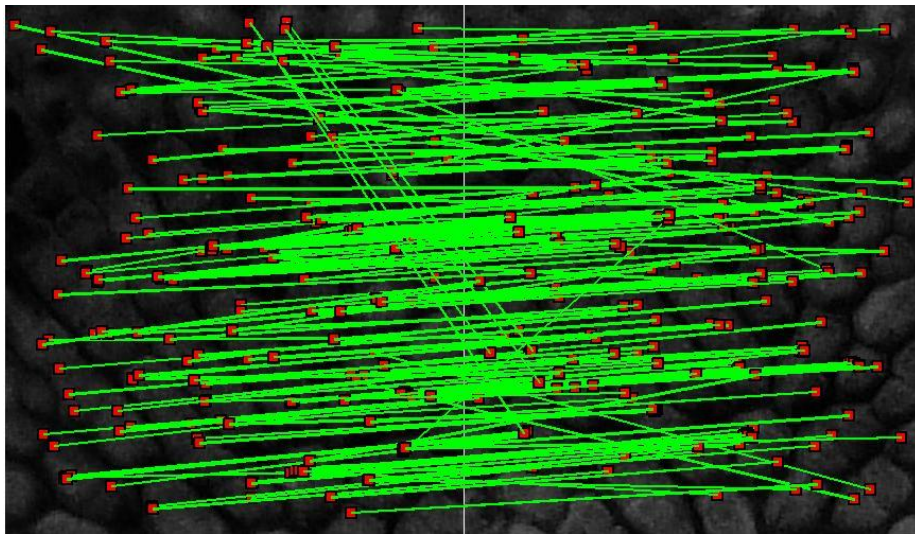


Figura 25 – Correspondência entre a imagem de teste e a imagem A presente na base de dados.

O *score* obtido foi de 2213224,9.

O *colormap* obtido está presente na Figura 26.

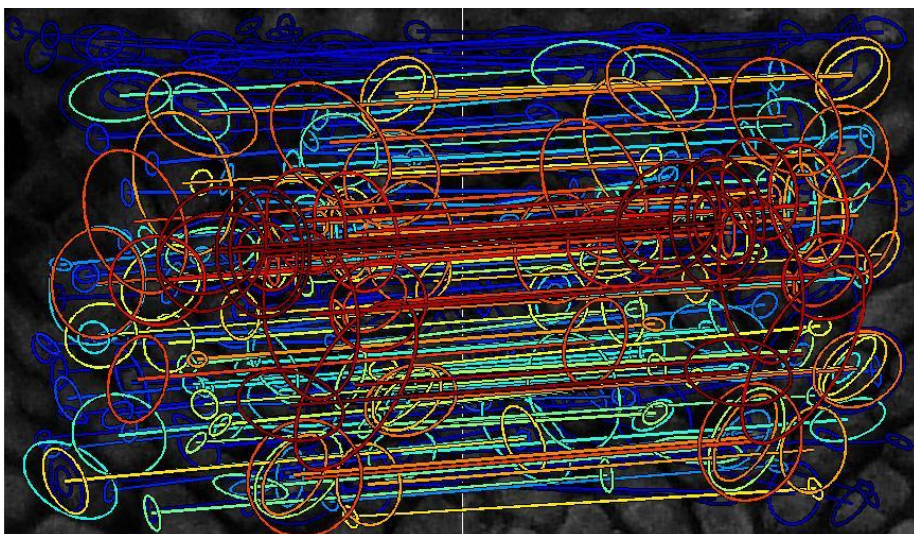


Figura 26 – *Colormap* da correspondência entre a imagem de teste e a imagem A da base de dados.

O *colormap* tem como função a representação visual da correspondência entre as características.

Representando as cores, o grau de correspondência entre as características, podemos ver que existe um grande número de linhas representadas a vermelho forte e laranja, demonstrando que existem várias características que correspondem, daí o *score* obtido ter um valor elevado. No entanto existem ainda algumas falsas correspondências representadas pelas cores frias, isto é tons de azul.

Aplicou-se agora esta metodologia para a imagem de teste e a imagem B da base de dados. Obtendo-se o resultado presente na Figura 27.

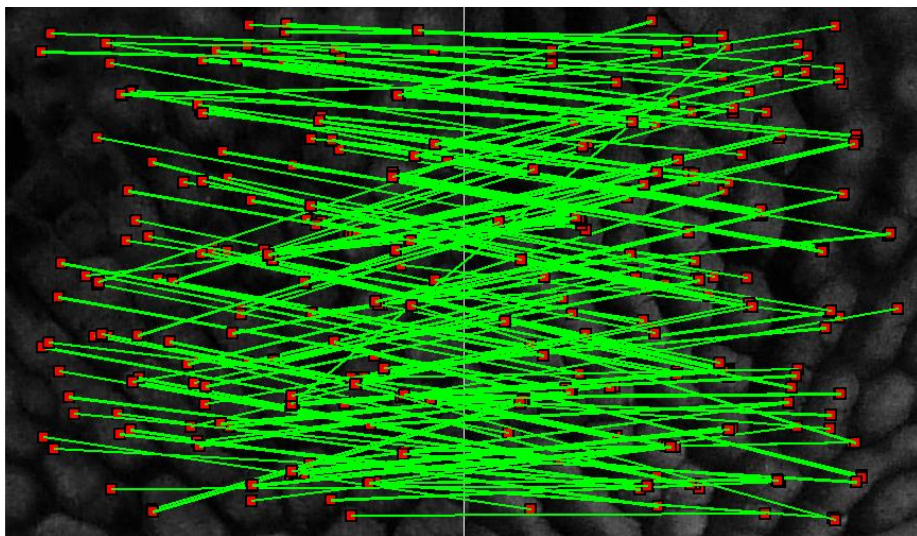


Figura 27 – Correspondência entre a imagem de teste e a imagem B da base de dados.

Observando a Figura 27 conclui-se que existem muitas correspondências realizadas que são falsas, devido às inclinações observáveis das linhas que unem os pontos das duas imagens.

O *score* foi de 50749,86.

Para perceber se as correspondências efetuadas são verdadeiras ou não construiu-se um *colormap* presente na Figura 28.

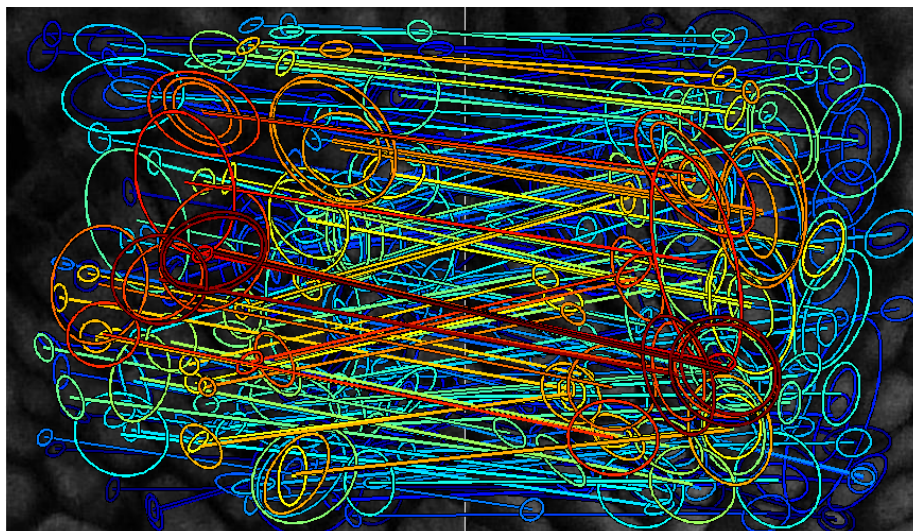


Figura 28 - *Colormap* da correspondência entre a imagem de teste e a imagem B da base de dados.

Através deste *colormap* é possível verificar-se e comparando com o anterior que existem poucas características que corresponde predominando a cor azul.

Observa-se ainda que todas as linhas que tinham uma inclinação grande estão todas a tons de azul provando assim que são falsas correspondências.

Através da análise dos *colormaps* e pelos *scores* obtidos, pode-se concluir que a imagem de teste pertence ao mesmo animal da imagem A presente na base de dados.

Por fim, construiu-se novamente uma tabela (ver Tabela 2) com todos os valores obtidos comparando todas as imagens da base de dados. Pela análise da tabela consegue-se perceber que os valores dos *scores* obtidos para imagens pertencentes ao mesmo animal são os valores muito altos obtidos comparando com os *scores* obtidos quando as imagens não pertencem ao mesmo animal. Apenas para o animal 14, quando comparado com o animal 13, e quando comparado com o próprio animal, ocorre uma aproximação dos *scores*, no entanto o *score* continua a ser maior quando as imagens pertencem ao mesmo animal. No entanto, para a presente base de dados, este método obteve uma taxa de acerto de 100%. Este método também é um método de fácil utilização e não necessita de pré-processamento mas é um método mais demorado comparando com o anterior.

Tabela 2 – Resultados obtidos comparando todos os animais, para a metodologia “Correspondência espectral e Reweighted Random Walk Matching (RRWM)”.

	Animal 1	Animal 2	Animal 3	Animal 4	Animal 5	Animal 6	Animal 7	Animal 8	Animal 9	Animal 10	Animal 11	Animal 12	Animal 13	Animal 14
Animal 1	2213224,9	76264,14	96266,25	86548,61	64900,8	88257,42	81575,76	50749,86	90517,65	67289,87	91001,19	41046,48	40199,94	37828,9
Animal 2	76264,14	2481556,47	223962,24	152826,55	133881,4	197747,59	138484,98	112554,93	213396,72	122911,68	77617,27	104207,8	99893,87	80121,33
Animal 3	96266,25	223962,24	2237100,34	224034,36	158122,77	235341,47	207366,89	94272,65	220300,9	130424,09	186284,8	152638	228249,6	175700,3
Animal 4	86548,61	152826,55	224034,36	1919433,8	128006,06	198141,12	180503,51	73312,49	222186,89	123279,26	223223,4	153639,9	213012,2	258969,6
Animal 5	64900,8	133881,4	158122,77	128006,06	738278,48	132006,9	130758,21	67641,48	147435,54	91051,22	120555,5	102194,4	150326,7	138512,4
Animal 6	88257,42	197747,59	235341,5	198141,1	132006,9	1772206,59	205442,61	104992,1	229528,54	122170,66	154032,4	147240,9	149818,8	122735,5
Animal 7	81575,76	138484,98	207366,89	180503,51	130758,21	205442,61	1655174,73	93041,18	171173,3	110963,47	174048,8	197399	200020,2	163150,1
Animal 8	54374,32	112554,93	94272,65	73312,49	67641,48	104992,1	93041,18	447735,72	117014,57	77741,89	94472,4	118764,9	98991,41	95448,79
Animal 9	90517,65	213396,72	220300,9	222186,89	147435,54	229528,54	171173,3	117014,57	4473071,87	202267,48	136628,5	105565,8	134094,4	124651,9
Animal 10	67289,87	122911,68	130424,09	123279,26	91051,22	122170,66	110963,47	77741,89	202267,48	216303,43	67964,53	72478,79	71274,2	72692,97
Animal 11	91001,19	77617,27	186284,82	223223,38	120555,51	154032,38	174048,77	94472,4	136628,45	67964,53	955013,7	579160	882561,3	610733,1
Animal 12	41046,48	104207,76	152637,98	153639,87	102194,42	147240,85	197398,95	118764,93	105565,83	72478,79	579160	617664,7	601585,6	576166,2
Animal 13	40199,94	99893,87	228249,59	213012,21	150326,74	149818,79	200020,2	98991,41	134094,43	71274,2	882561,3	601585,6	919334,9	604800,2
Animal 14	37828,9	80121,33	175700,25	258969,61	138512,42	122735,47	163150,06	95448,79	124651,91	604800,21	610733,1	576166,2	604800,2	642238,1

4.3 Identificação através de pontos SURF

Como descrito anteriormente, primeiro são retiradas as características de cada imagem através do método SURF, designados por pontos SURF. Obtendo-se os resultados presentes na Figura 29.

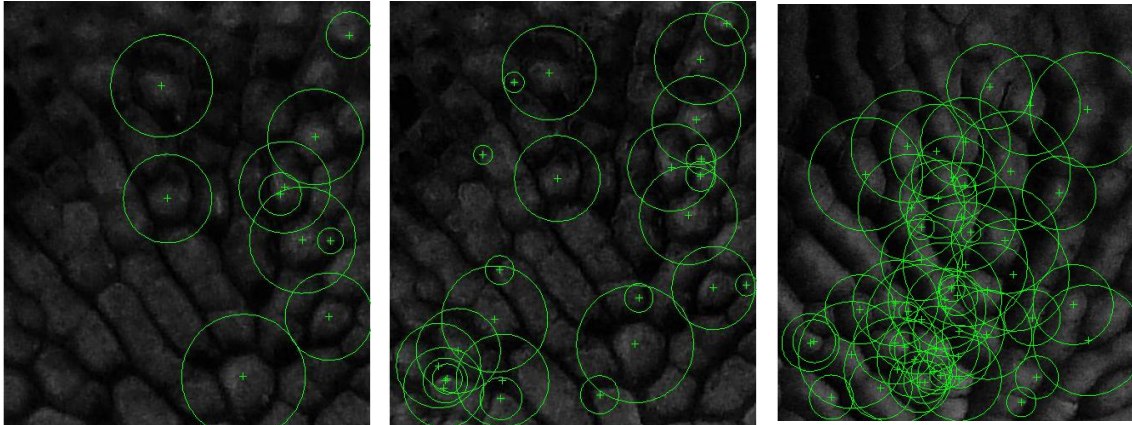


Figura 29 – Na imagem mais à esquerda os pontos SURF pertencentes à imagem teste, na imagem de seguida os pontos SURF pertencentes à imagem A da base de dados e na imagem mais à direita os pontos SURF da imagem B da base de dados.

Depois de obtidas as características retiraram-se os descritores destas, sendo estes utilizados para realizar a correspondência entre as imagens. Primeiramente realizou-se a correspondência entre a imagem de teste e a imagem A da base de dados, representada na Figura 30.

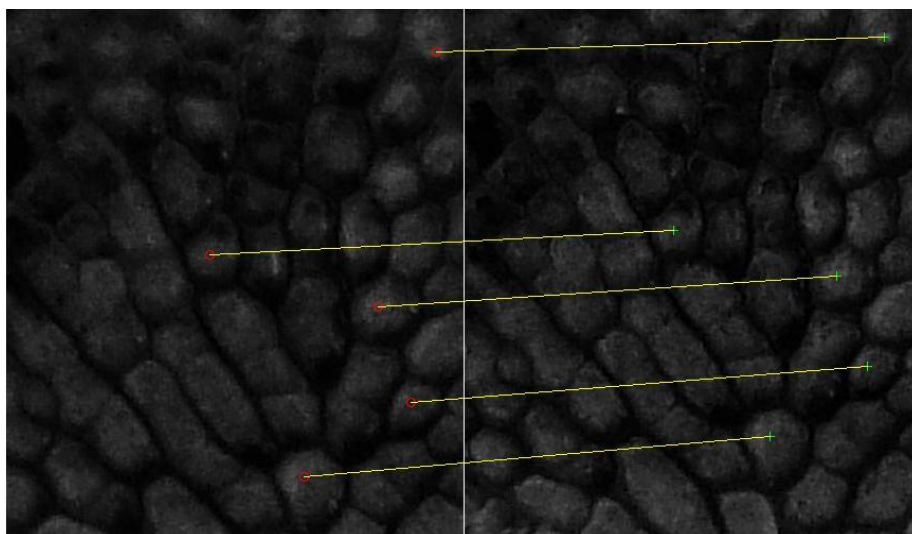


Figura 30 – Correspondência obtida entre a imagem de teste e a imagem A da base de dados.

Assim, aplicou-se o método de aperfeiçoamento com o objetivo de eliminar as falsas correspondências obtendo-se o resultado presente na Figura 31.

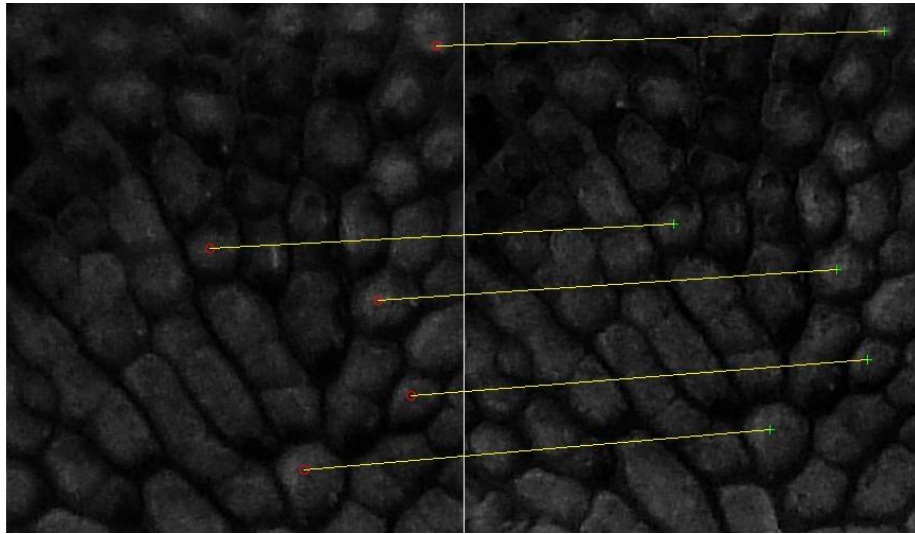


Figura 31 – Correspondência obtida sem as falsas correspondências entre a imagem de teste e a imagem A da base de dados.

Conclui-se que nenhuma correspondência foi eliminada, ou seja, todas as correspondências estabelecidas estão corretas. E foram encontradas 5 correspondências.

De seguida realizou-se a correspondência entre a imagem de teste e a imagem B da base de dados obtendo-se o resultado presente na Figura 32.

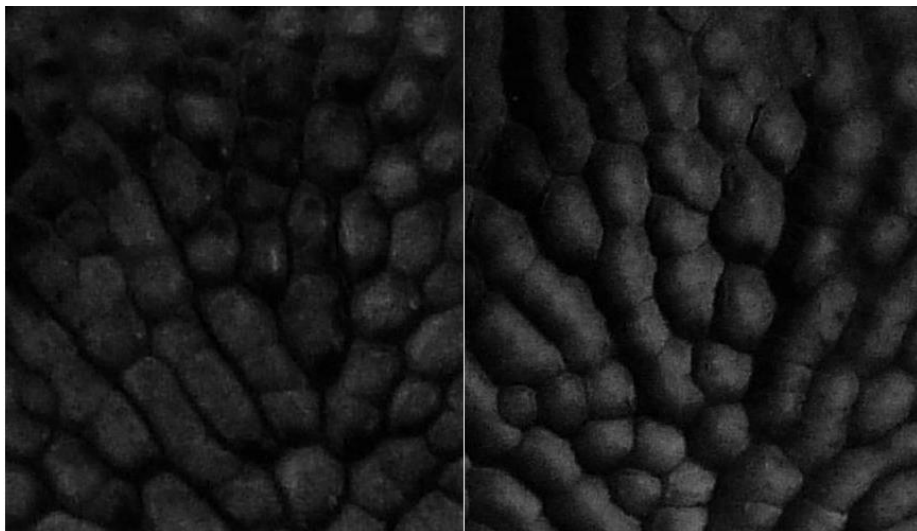


Figura 32 – Correspondência obtida entre a imagem de teste e a imagem B da base de dados.

Observando a Figura 32 é possível observar que não foram encontradas correspondências entre as imagens.

Pela análise das correspondências obtidas é possível concluir que a imagem de teste pertence ao mesmo animal que a imagem A da base de dados.

Todos os resultados obtidos por esta metodologia estão presentes na Tabela 3.

Pela análise dessa tabela podemos concluir que apenas são encontradas correspondências quando as imagens pertencem ao mesmo animal. No entanto quando comparado a imagem do animal 14 com outra imagem do animal 14 apenas é encontrada uma correspondência que pode ser devido à má qualidade das imagens não sendo encontrados os pontos SURF corretamente.

Mesmo assim esta metodologia consegue identificar as imagens dos bovinos presentes na base de dados obtendo uma taxa de acerto de 100%. Este método não necessita de pré-processamento, é bastante rápido e de fácil utilização, sendo necessário apenas inserir as imagens a comparar. Os restantes resultados obtidos, comparando todas as imagens de todos os animais, estão presentes no Anexo A.

Tabela 3 - Resultados obtidos comparando todos os animais, para a metodologia “Identificação através de pontos SURF”.

	Animal 1	Animal 2	Animal 3	Animal 4	Animal 5	Animal 6	Animal 7	Animal 8	Animal 9	Animal 10	Animal 11	Animal 12	Animal 13	Animal 14
Animal 1	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Animal 2	0	53	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Animal 3	0	0	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Animal 4	0	0	0	26	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Animal 5	0	0	0	0	9	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Animal 6	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0
Animal 7	0	0	0	0	0	0	12	0	0	0	0	0	0	0
Animal 8	0	0	0	0	0	0	0	14	0	0	0	0	0	0
Animal 9	0	0	0	0	0	0	0	0	10	0	0	0	0	0
Animal 10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0
Animal 11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0
Animal 12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8	0	0
Animal 13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	26	0
Animal 14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1

4.4 Identificação utilizando o diagrama de Voronoi e a triangulação de Delaunay

Para iniciar esta metodologia e com o objetivo de obter os melhores resultados possíveis aplicou-se inicialmente um pré-processamento e operações de segmentação. E posteriormente identificadas as glândulas através dos seus centróides. Os resultados obtidos estão presentes nas Figuras 33, 34, 35, 36 e 37.

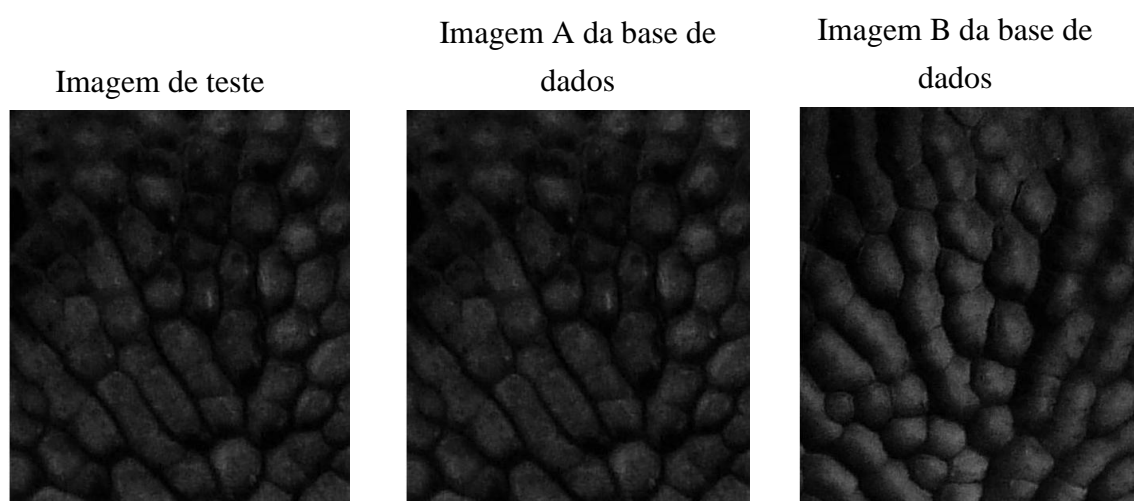


Figura 33 – As várias imagens a comparar.

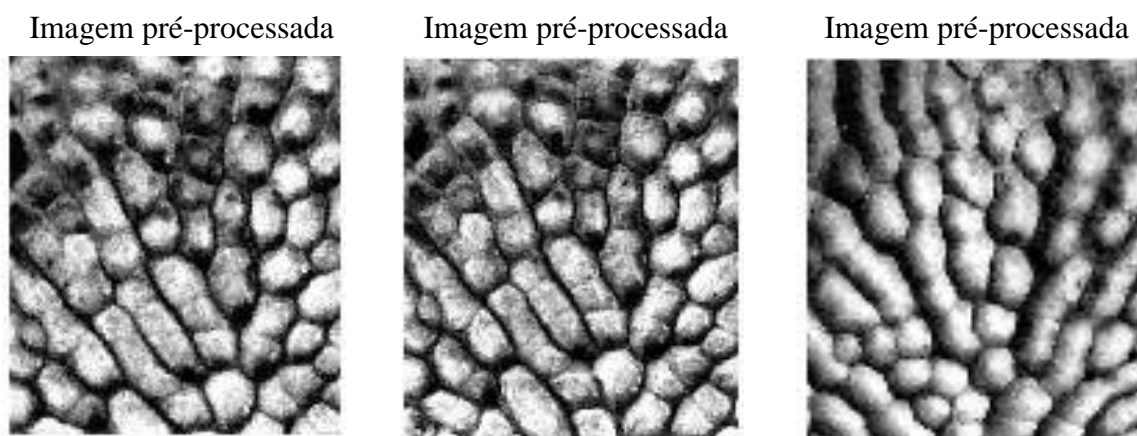


Figura 34 – Resultado do pré-processamento sendo a imagem mais à esquerda pertencente à imagem de teste, a imagem ao centro corresponde à imagem pré-processada da imagem A da base de dados e mais à direita a imagem pré-processada referente à imagem B da base de dados.

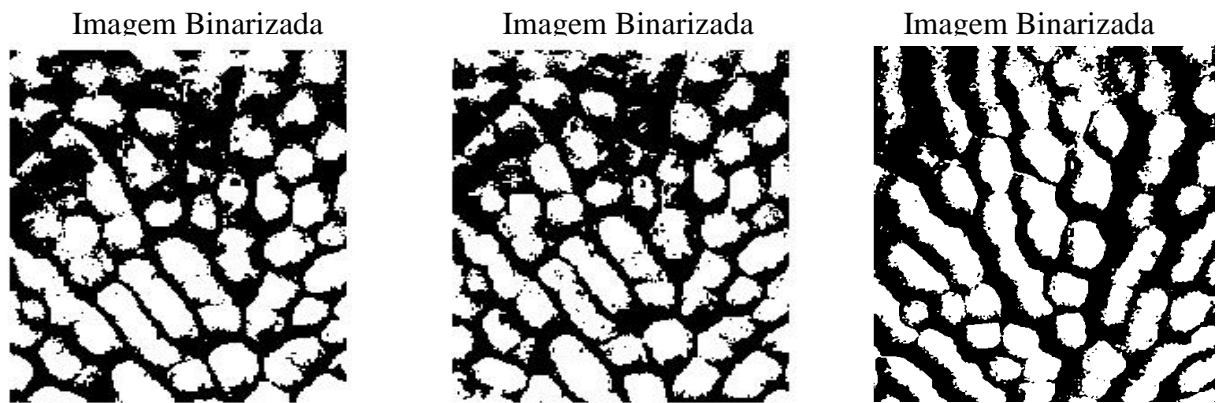


Figura 35 - Resultado da binarização sendo a imagem mais à esquerda pertencente à imagem de teste, a imagem ao centro corresponde à imagem binarizada da imagem A da base de dados e mais à direita a imagem binarizada referente à imagem B da base de dados.

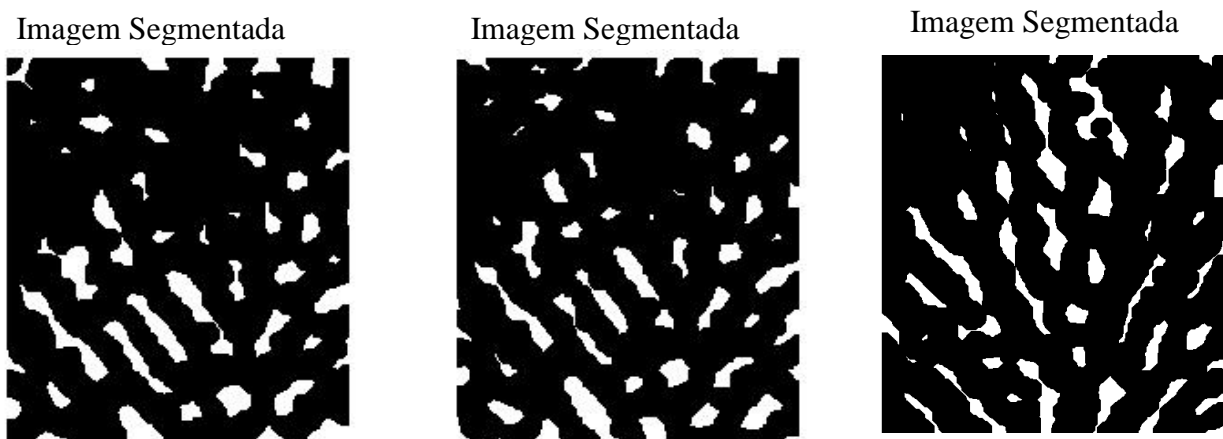


Figura 36 - Resultado da segmentação sendo a imagem mais à esquerda pertencente à imagem de teste, a imagem ao centro corresponde à imagem segmentada da imagem A da base de dados e mais à direita a imagem segmentada referente à imagem B da base de dados.

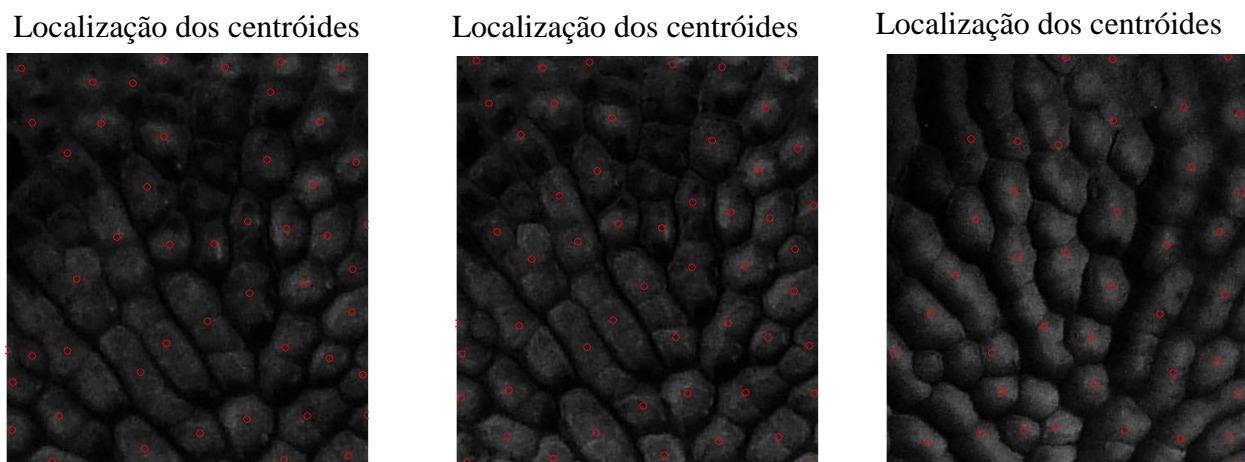


Figura 37 – Na imagem mais à esquerda estão representados os centróides da imagem de teste. Ao centro estão representados os centróides da imagem A da base de dados. E mais à esquerda estão os centróides da imagem B da base de dados.

Através da análise da Figura 37 pode-se verificar que embora a maioria das glândulas estejam identificadas, ainda existem algumas por identificar. Isto acontece porque como é perceptível pelas imagens a luminosidade destas não é constante, o que influencia no pré-processamento. Assim as glândulas que estão mais escuras, não são identificadas.

De seguida construiu-se o diagrama de Voronoi através dos centróides de cada imagem. Assim, através da triangulação de Delaunay obtiveram-se os vértices pertencentes a cada região de Voronoi e ainda marcou-se a célula central de Voronoi.

Estes resultados estão presentes na Figura 38.

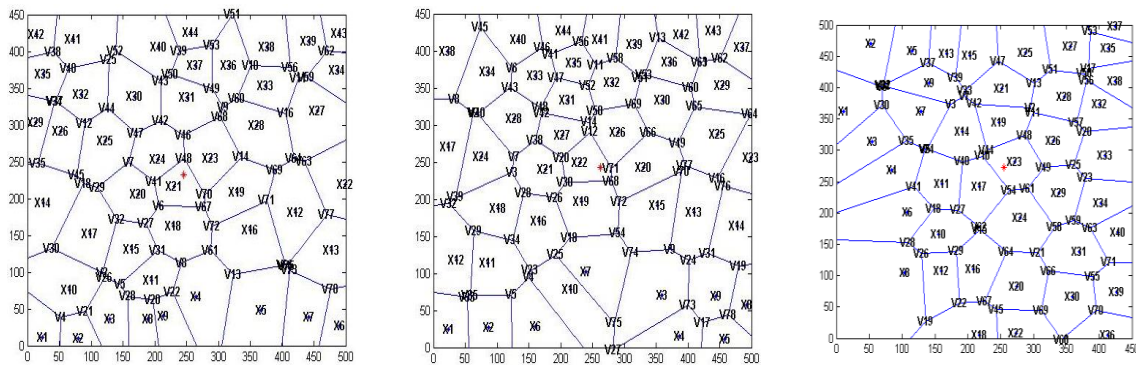


Figura 38 - Na imagem mais á esquerda está presente o diagrama de Voronoi da imagem de teste, o diagrama seguinte é referente á imagem A da base de dados e o último diagrama pertence à imagem B da base de dados.

Através do *array* criado pela função de *Voronoi* consegue-se saber quais os vértices pertencentes a cada região central. Sendo estes, para a célula central de Voronoi pertencente ao diagrama da imagem de teste, 6, 67, 70, 48 e 41. Para a célula central de Voronoi pertencente ao diagrama da imagem A da base de dados os vértices que a constitui são 12, 20, 30, 68 e 71 e por último os vértices pertencentes à célula central de Voronoi da imagem B da base de dados são 44, 48, 49, 61, 54 e 10.

O passo seguinte é calcular o tamanho de cada lado que delimitam as células centrais, utilizando a fórmula da distância euclidiana, para posteriormente ordená-los de forma ascendente. Os vários comprimentos obtidos e já colocados de forma ascendente para a célula central da imagem de teste, são: 16.8888, 33.7616, 56.2291, 59.3219 e 71.5958.

Para a imagem A da base de dados, são: 16.3396, 34.1585, 56.7532, 60.1721 e 71.9278.

Para a imagem B da base de dados, são: 11.2415, 28.4646, 41.7190, 59.1700, 62.1726 e 68.2766.

De seguida é atribuído a cada comprimento, uma letra, segundo a ordem:

$L1 < L2 < L3 < L4 < L5$.

Depois para cada conjunto de comprimentos fez-se a seguinte atribuição:

- Para a imagem de teste – $L5=B=71.5958$.
- Para a imagem A da base de dados – $B=71.9278$.
- Para a imagem B da base de dados – $B=68.2766$.

Primeiramente fez-se a comparação entre a imagem de teste e a imagem A presente na base de dados. Assim, posteriormente calculou-se os valores de R para cada imagem e verificou-se se estes correspondem, obtendo-se a Tabela 4. Onde Ri correspondem aos R's obtidos para a imagem de teste e o Rt para os R's obtidos para a imagem A da base de dados.

Tabela 4 – Comparação entre os valores dos R's obtidos entre a imagem de teste e a imagem A da base de dados, pela alternativa 1 do algoritmo.

R	Imagem de teste	Imagem A da base de dados	Ri/Rt	$0.9 < Ri/Rt < 1.1$
R1	0.2359	0.2272	1.0383	Dentro
R2	0.4716	0.4749	0.9930	Dentro
R3	0.7854	0.7890	0.9954	Dentro
R4	0.8286	0.8366	0.9904	Dentro
R5	1.0000	1.0000	1.0000	Dentro

Como se pode verificar, pelos valores obtidos, todos os valores de R seguem a condição, $0 < R \leq 1$.

Visto que os R's correspondem para concluir totalmente que as duas imagens pertencem ao mesmo animal é necessário realizar mais um passo, sendo este, encontrar entre as duas imagens dois triângulos correspondentes.

Os triângulos a comparar estão representados na Figura 39.

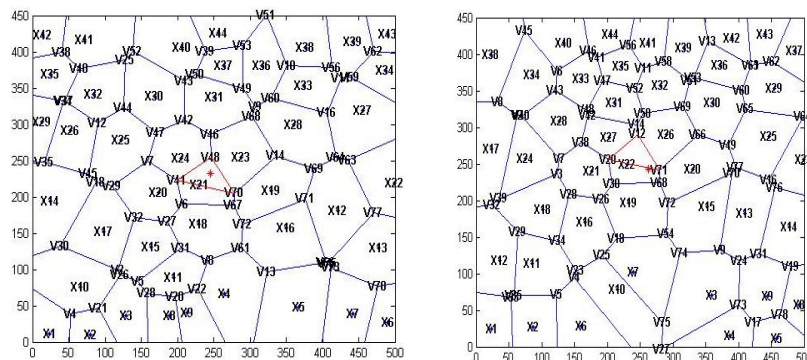


Figura 39 – Representação dos triângulos na região de Voronoi central.

Depois de obtidos os dois triângulos procurou-se verificar se estes são correspondentes. Para isso foi necessário comparar o comprimento de cada lado dos triângulos, recorrendo-se novamente ao cálculo da distância euclidiana entre pontos. Os resultados obtidos estão presentes na Tabela 5. Onde L_i refere-se ao comprimento dos lados do triângulo da imagem de teste e L_t ao comprimento dos lados do triângulo da imagem A da base de dados.

Tabela 5 – Comparação entre os comprimentos dos lados dos dois triângulos das imagens a testar.

L_i	L_t	L_i-L_t	$ L_i-L_t < T1, T1=2$
56.2291	56.7532	-0.5241	0.5241<2
59.3219	60.1721	-0.8502	0.8502<2
81.5339	80.3011	1.2328	1.2328<2

É necessário denotar que todos os valores deram dentro do intervalo pretendido.

De seguida realizou-se a comparação entre os ângulos dos dois triângulos. Para isso, recorreu-se às fórmulas da lei dos cossenos. Os resultados obtidos estão presentes na Tabela 6. Onde α_i refere-se aos ângulos presentes no triângulo da imagem de teste e α_t representa todos os ângulos internos do triângulo pertencente à célula central de Voronoi da imagem A da base de dados.

Tabela 6 – Comparação entre os ângulos dos dois triângulos das imagens a testar.

α_i	α_t	$\alpha_i-\alpha_t$	$ \alpha_i-\alpha_t < T2, T2=4^\circ$
w= 89.7163°	w= 86.6985°	3.0178°	3.0178°<4°
v= 46.6826°	v= 48.4250°	1.7424°	1.7424°<4°
e= 43.6011°	e= 44.8766°	1.2755°	1.2755°<4°

Uma vez que todos os resultados obtidos cumprem as condições, podemos concluir que as duas imagens, a imagem de teste e a imagem A da base de dados, pertencem ao mesmo animal.

Aplicou-se esta metodologia utilizando agora a imagem de teste e a imagem B da base de dados. Os valores de R obtidos e a correspondência entre estes estão presentes na Tabela 7.

Tabela 7 – Comparação entre os R's da imagem de teste e da imagem B da base de dados pela alternativa 1 do algoritmo.

R	Imagem de teste	Imagem B da base de dados	Ri/Rt	0.9<Ri/Rt<1.1
R1	0.2028	0.0124	16.3548	Fora
R2	0.2246	0.1184	1.8970	Fora
R3	0.5558	0.4123	1.3480	Fora
R4	0.9632	0.7119	1.3530	Fora
R5	1.0000	0.8182	1.2222	Fora
R6	-	1.0000	0	Fora

Obtendo os R's não correspondentes, deduz-se que as imagens não pertencem ao mesmo animal mas para verificar se realmente a imagem de teste não pertence ao mesmo animal da imagem B da base de dados, é necessário recorrer à alternativa 2 do algoritmo, onde a ordem ascendente dos comprimentos dos lados da célula central quer numa imagem quer noutra mantem-se.

Aplicando agora a alternativa 2 para as duas imagens, obtiveram-se os seguintes resultados.

Inicialmente fez-se uma nova atribuição,

Para a imagem de teste:

L1=B=16.3396.

Para a imagem B da base de dados:

L1=B=11.2415.

Os valores obtidos para os vários R's e a respetiva correspondência estão presentes na Tabela 8.

Tabela 8 – Comparação entre os R's obtidos da imagem de teste e da imagem B da base de dados pela alternativa 2 do algoritmo.

R	Imagem de teste	Imagem B da base de dados	Ri/Rt	0.9<Ri/Rt<1.1
R1	1.0000	1.0000	1.0000	Dentro
R2	0.9029	0.1045	8.6402	Fora
R3	0.3648	0.0300	12.1600	Fora
R4	0.2105	0.0174	12.0977	Fora
R5	0.2028	0.0151	13.4305	Fora
R6	-	0.0124	0	Fora

Visto que, apenas um R corresponde, podemos concluir assim que a imagem de teste não pertence ao mesmo animal que a imagem B da base de dados.

Os resultados obtidos para esta metodologia estão apresentados na Tabela 9. Onde NC significa que não correspondem e C que correspondem.

Como podemos observar pela tabela, o método consegue identificar se as imagens pertencem ou não ao mesmo animal, obtendo uma taxa de acerto de 100%.

Esta metodologia comparando com todas as metodologias apresentadas anteriormente é a metodologia mais complexa, envolvendo vários cálculos tanto de ângulos como comprimentos. Este método torna-se mais trabalhoso para o utilizador pois não necessita apenas de inserir as imagens a testar, também necessita de visualmente, caso os R's sejam correspondentes, encontrar dois triângulos na região de Voronoi central das duas imagens, que sejam semelhantes. Posto isto, ainda precisa inserir manualmente os vértices que fazem parte do triângulo para se realizar o cálculo do comprimento dos três lados. Para, além disso, este método necessita de pré-processamento o que faz com que seja o método mais lento comparando com as metodologias utilizadas.

Tabela 9 – Resultados obtidos para todos os animais, para a metodologia “Identificação utilizando o diagrama de Voronoi e a triangulação de Delaunay”.

	Animal 1	Animal 2	Animal 3	Animal 4	Animal 5	Animal 6	Animal 7	Animal 8	Animal 9	Animal 10	Animal 11	Animal 12	Animal 13	Animal 14
Animal 1	C	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC
Animal 2	NC	C	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC
Animal 3	NC	NC	C	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC
Animal 4	NC	NC	NC	C	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC
Animal 5	NC	NC	NC	NC	C	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC
Animal 6	NC	NC	NC	NC	NC	C	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC
Animal 7	NC	NC	NC	NC	NC	NC	C	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC
Animal 8	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	C	NC	NC	NC	NC	NC	NC
Animal 9	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	C	NC	NC	NC	NC	NC
Animal 10	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	C	NC	NC	NC	NC
Animal 11	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	C	NC	NC	NC
Animal 12	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	C	NC	NC
Animal 13	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	C	NC
Animal 14	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	NC	C

4.5 Comparação entre as várias metodologias utilizadas

Para que se conclua qual o melhor método construiu-se a Tabela 10. Onde estão presentes os critérios de avaliação que se teve em conta para realizar esta seleção.

Tabela 10 – Comparação entre as várias metodologias utilizadas.

Métodos Utilizados	Critérios de Avaliação			
	Velocidade de execução	Taxa de acerto	Necessidade de pré-processamento	Facilidade de utilização
Identificação através de pontos de Landmark	15s80ms	100%	Não necessita	Fácil
Correspondência espectral e RRWM	1min36s60ms	100%	Não necessita	Fácil
Identificação através de pontos SURF	9s07ms	100%	Não necessita	Fácil
Identificação utilizando o diagrama de Voronoi e a triangulação de Delaunay	5min	100%	Necessita de pré-processamento	Médio

Pela análise da tabela anterior retiraram-se várias conclusões tais como:

- De uma forma geral todos as metodologias são bastante rápidas, exceto a metodologia intitulada por “Identificação utilizando o diagrama de Voronoi e a triangulação de Delaunay”.
- Todos os programas funcionam bem tendo uma taxa de acerto de 100%.
- A metodologia “Identificação utilizando o diagrama de Voronoi e a triangulação de Delaunay” é a única que necessita de pré-processamento às imagens, pois necessita de primeiramente, de encontrar os centróides, sendo uma desvantagem, pois a identificação não é imediata e sobrecarrega o programa.

- A maioria das metodologias são de fácil utilização sendo apenas necessário inserir as imagens a testar, apenas a metodologia “Identificação utilizando o diagrama de Voronoi e a triangulação de Delaunay” é que necessita da inserção de mais parâmetros.
- Todas as metodologias são baratas, não são invasivas e bastante eficazes tornando-se numa alternativa válida de identificação.

Portanto pode-se concluir que a metodologia melhor é a metodologia intitulada por “Identificação através de pontos SURF”. Pois é a mais rápida, têm uma taxa de acerto de 100%, as imagens não necessitam de pré-processamento e é de fácil utilização.

Capítulo 5

Conclusão e trabalhos futuros

Devido à luminosidade não constante nas imagens do focinho dos bovinos, a binarização produziu alguns erros, isto é, não identificando todas as glândulas, por vezes.

De seguida com a aplicação da segmentação perdeu-se os contornos das glândulas e alguma informação, ou seja, a metodologia “Identificação utilizando o diagrama de Voronoi e a triangulação de Delaunay”, apresentou alguns erros, pois não ocorreu a identificação de todas as glândulas, em algumas imagens.

Embora tivessem ocorrido estes problemas, a escolha da área nasal para a seleção e extração de características foi assertiva, pois através do processamento das imagens verificou-se que diferentes animais possuem diferentes padrões visuais, validando a hipótese de existência de características únicas, pertencentes ao animal.

Conclui-se que as metodologias adotadas foram bem-sucedidas para os objetivos propostos neste trabalho, sendo que a metodologia “Identificação através de pontos SURF” revelou cumprir e ser a melhor nos critérios comparativos utilizados.

Pela análise das várias tabelas obtidas pode-se concluir que onde é mais perceptível a identificação dos bovinos é na tabela 1,3 e 9 pois é fácil a verificação da correspondência. No entanto na tabela 2 já não é tão perceptível a identificação pois existe a necessidade da verificação se o *score* obtido para as imagens que pertencem ao mesmo animal se é o valor mais alto.

Este trabalho de projeto permitiu a aplicação de conceitos importantes como a binarização, operações morfológicas, centróides, métodos de correspondência assim

como a sua implementação em MATLAB® que se revela uma ferramenta útil nas mais diversas áreas.

Em relação a trabalhos futuros, estes podem passar por um aperfeiçoamento do algoritmo apresentado para deteção de gado bovino através de imagens do focinho, tentar captar estas com melhor qualidade, aumentar o número de imagens presente na base de dados e seria interessante tentar implementar um método de identificação tendo como base os grafos.

Este trabalho deu origem a duas publicações em conferência, tais como:

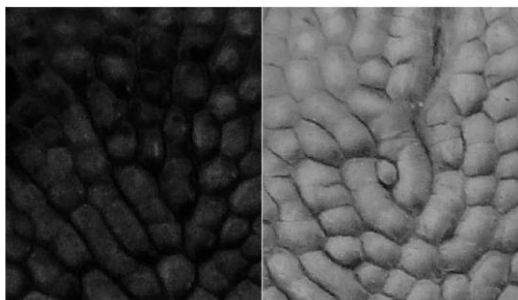
- 21th Edition of the Portuguese Conference on Pattern Recognition (RECPAD); [23]
- Encontro de Jovens Investigadores (EJI). [24]

Referências Bibliográficas

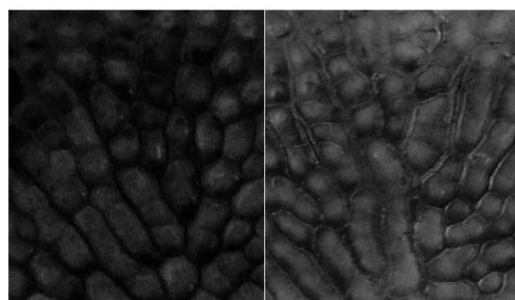
- [1] C. Shanahan, B. Kernan, G. Ayalew, K. McDonnell, F. Butler e S. Ward., “A framework for beef traceability from farm to slaughter using global standards: An irish perspective,” *Computers and electronics in agriculture*, pp. 62-69, 2009.
- [2] H. Minagawa, T. Fujimura, M. Ichiyanagi e K. Tanaka, “Identification of beef cattle by analyzing images of their muzzle patterns lifted on paper,” *Publications of the Japanese Society of Agricultural Informatics*, p. 596–600, 2002.
- [3] A. Schmidek, H. Durán e M. J. P. d. Costa, Boas Práticas de Manejo - Identificação, Brasil: Jaboticabal - SP Funep, 2009.
- [4] A. K. Jain, A. Ross e S. Prabhakar, “An Introduction to Biometric Recognition,” 2004.
- [5] “Biometrics,” [Online]. Available: <http://biometrics.mainguet.org/types/animals.htm>. [Acedido em 3 Março 2015].
- [6] A. I. Awad, H. . M. Zawbaa, H. . A. Mahmoud, E. . H. Nabi, R. . H. Fayed e A. . E. Hassanien, “A Robust Cattle Identification Scheme Using Muzzle Print Images,” *Proceedings of the 2013 Federated Conference on Computer Science and Information Systems*, p. 529–534, 2013.
- [7] H. Bay, A. Ess, T. Tuytelaars e L. V. Gool, “Speed-Up Robust Features,” Bélgica, 2008.
- [8] A. Noviyanto e A. M. Arymurthy, “Automatic Cattle Identification based on Muzzle Photo Using Speed-Up Robust Features Approach,” Indonesia.
- [9] H. Rady, “Face Recognition using Principle Component Analysis with Different Distance Classifiers,” *International Journal of Computer Science and Network Security*, Outubro 2011.
- [10] L. C. Paul e A. A. Sumam, “Face Recognition Using Principal Component Analysis Method,” *International Journal of Advanced Research in Computer Engineering & Technology*, vol. 1, 2012.
- [11] R. M. Cori e A. J. P. Dal, “Identificação Biométrica através da impressão digital usando Redes Neurais Artificiais,” Instituto Tecnológico da Aeronautica, 2009.
- [12] B. Barry, U. A. Gonzales-Barron, K. McDonnell, F. Butler e S. Ward, “Using Muzzle Pattern Recognition as a Biometric Approach for Cattle Identification,” *American Society of Agricultural and Biological Engineers*, pp. 50(3):1073-1080, 2007.

- [13] A. Tharwat, T. Gaber, A. E. Hassanien, H. A. Hassanien e M. F. Tolba, “Cattle identification using muzzle print images based on texture features approach,” *Proc. Int. Conference on Innovations in Bio-Inspired Computing and Applications*, pp. 217-227, 2014.
- [14] J. K. Anil e F. Jianjiang, “Latent Fingerprint matching,” *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 33, 2011.
- [15] L. Jiang, T. Sergey e G. Venu, “Verifying Fingerprint Match by local correlation methods,” p. 978;1;4244;1597, 2007.
- [16] L. Feng e D. Zhang, “3D Fingerprint Reconstruction System Using Feature Correspondence and Prior Estimated Finger Model,” *Neurocomputing*, 2014.
- [17] P. R. M. Júnior, A. C. d. N. Júnior e D. Menotti, “A complete system for fingerprint authentication using Delaunay triangulation,” Federal University of Ouro Preto, 2010.
- [18] M. d. Berg, O. Cheong, M. v. Kreveld e M. Overmars, “Chapter 9: Delaunay Triangulations,” em *Computational Geometry: Algorithms and Applications*, Springer-Verlag, 2008.
- [19] B. G., D. T. e G. M., “Fingerprint identification using Delaunay triangulation,” *Proc.Int.Conf. Information Intelligence and Systems*, p. 452;459, 1999.
- [20] M. Cho, J. Lee e K. M. Lee, “Reweighted Random Walks for Graph Matching,” Springer-Verlag Berlin Heidelberg, Coreia, 2010.
- [21] H. Khazaei e A. Mohades, “Fingerprint Matching Algorithm Based On Voronoi Diagram,” Irão, 2008.
- [22] “Toda Matéria,” [Online]. Available: <http://www.todamateria.com.br/lei-dos-cossenos/>. [Acedido em 10 Maio 2015].
- [23] M. Monteiro, V. Cadavez e F. Monteiro, “Cattle identification based in biometric features of the muzzle,” em *21th Edition of the Portuguese Conference on Pattern Recognition*, Faro, 2015.
- [24] M. Monteiro, V. Cadavez e F. Monteiro, “Identificação de gado bovino através das imagens biométricas do focinho,” em *Encontro de Jovens Investigadores*, Bragança, 2015.

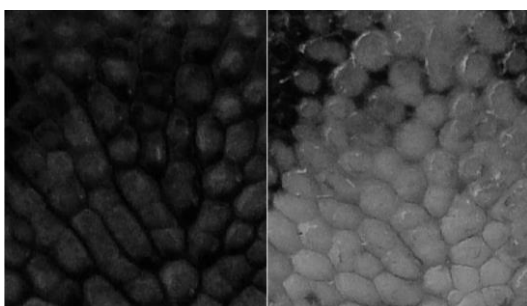
Anexo A



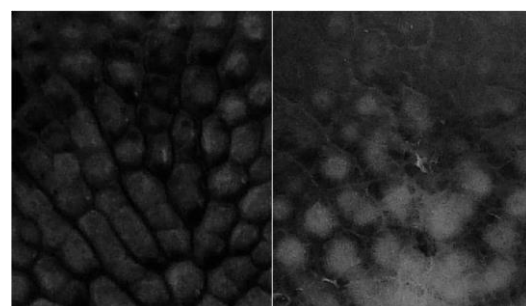
Comparação entre o animal 1 e o animal 2



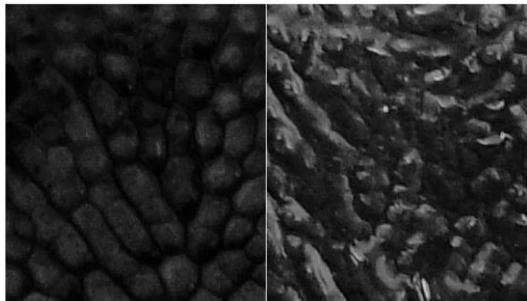
Comparação entre o animal 1 e o animal 3



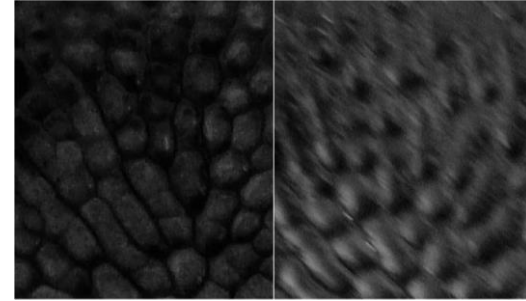
Comparação entre o animal 1 e o animal 4



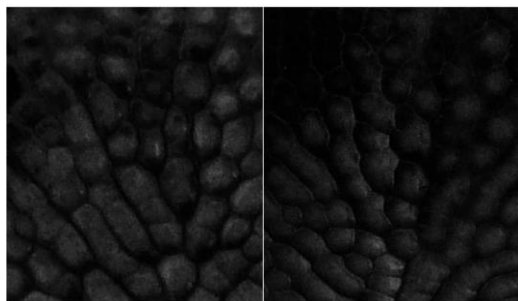
Comparação entre o animal 1 e o animal 5



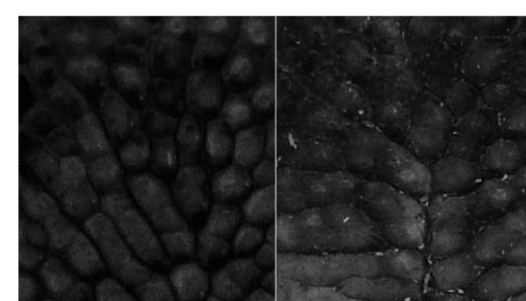
Comparação entre o animal 1 e o animal 6



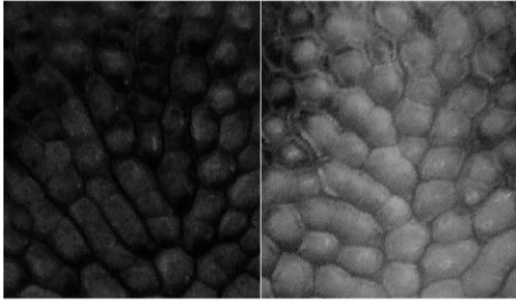
Comparação entre o animal 1 e o animal 7



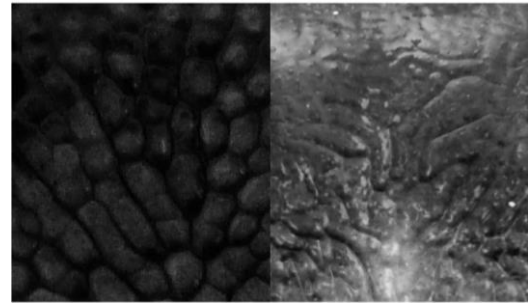
Comparação entre o animal 1 e o animal 8



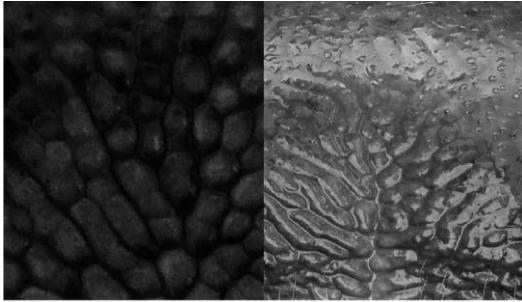
Comparação entre o animal 1 e o animal 9



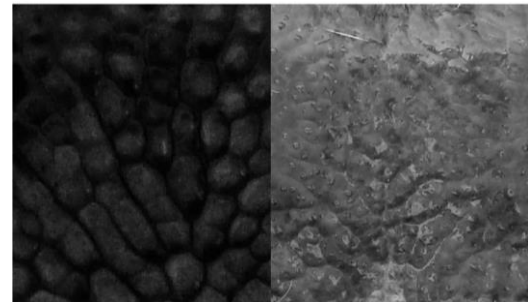
Comparação entre o animal 1 e o animal 10



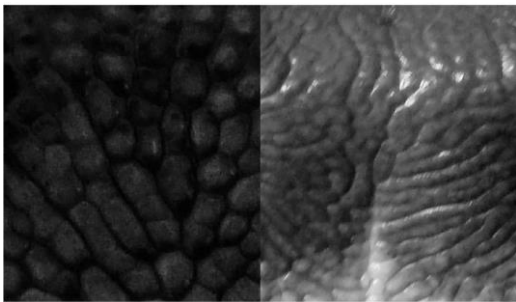
Comparação entre o animal 1 e o animal 11



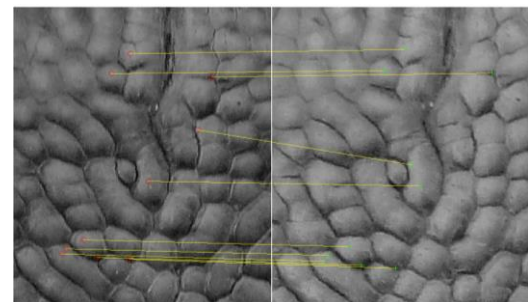
Comparação entre o animal 1 e o animal 12



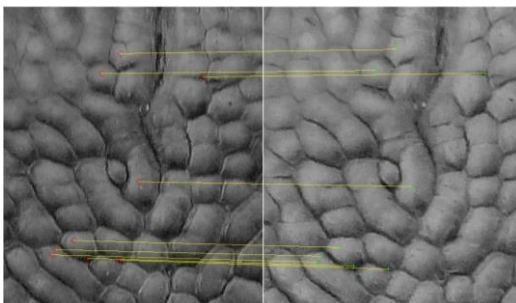
Comparação entre o animal 1 e o animal 13



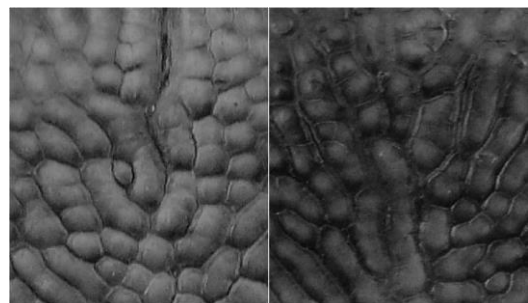
Comparação entre o animal 1 e o animal 14



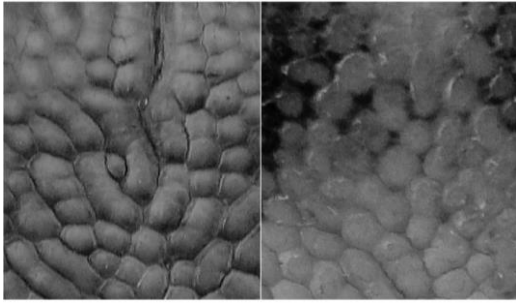
Comparação entre o animal 2 e o animal 2 sem refinamento



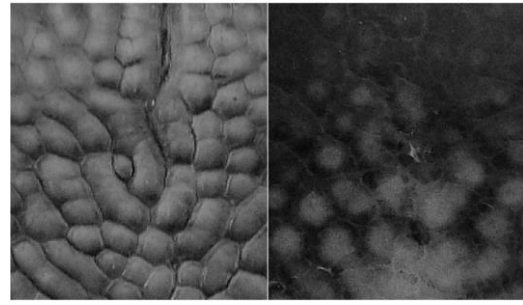
Comparação entre o animal 2 e o animal 2 sem refinamento



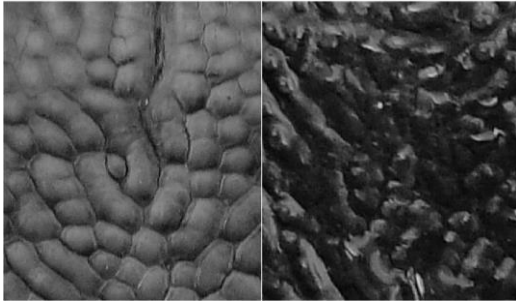
Comparação entre o animal 2 e o animal 3



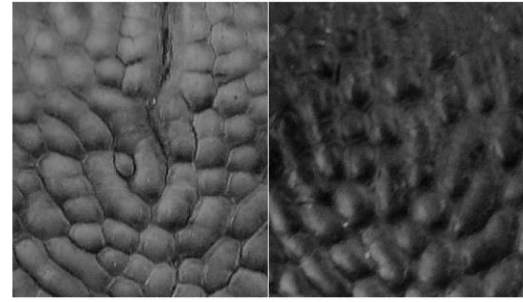
Comparação entre o animal 2 e o animal 4



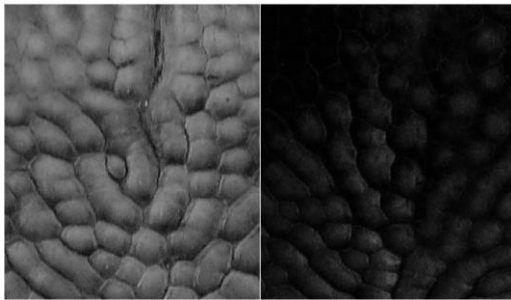
Comparação entre o animal 2 e o animal 5



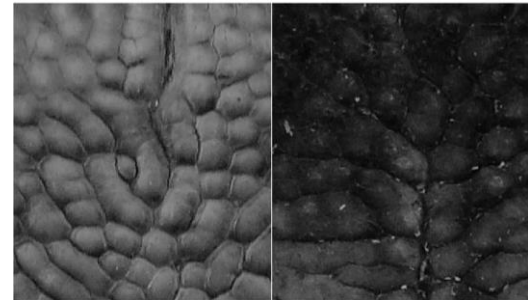
Comparação entre o animal 2 e o animal 6



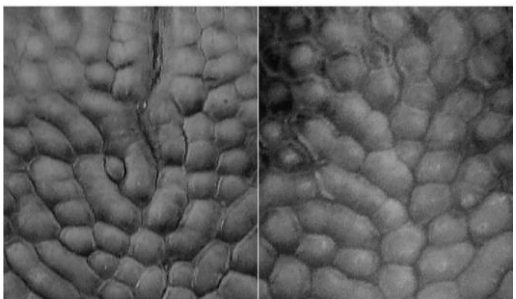
Comparação entre o animal 2 e o animal 7



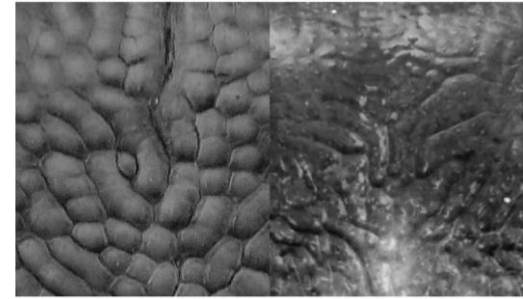
Comparação entre o animal 2 e o animal 8



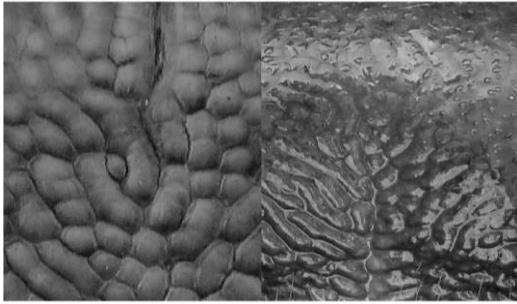
Comparação entre o animal 2 e o animal 9



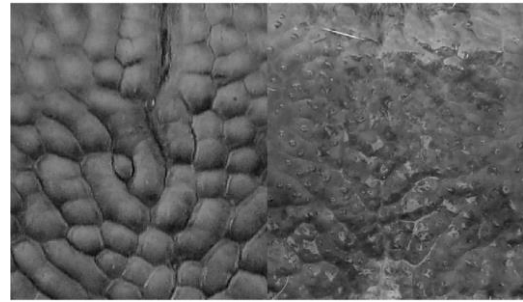
Comparação entre o animal 2 e o animal 10



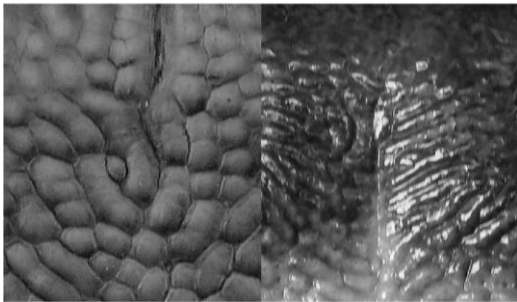
Comparação entre o animal 2 e o animal 11



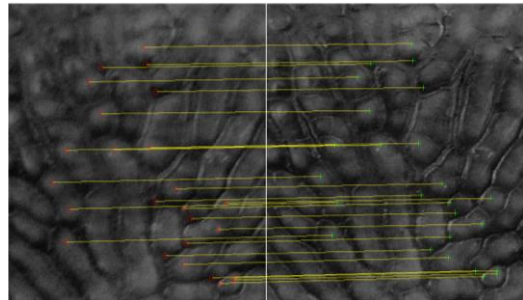
Comparação entre o animal 2 e o animal 12



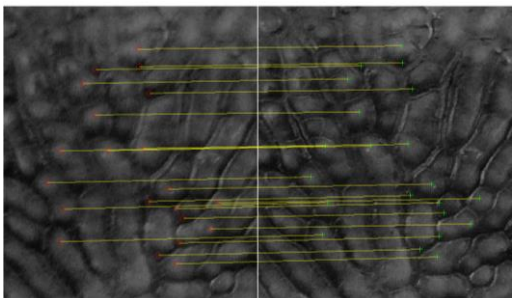
Comparação entre o animal 2 e o animal 13



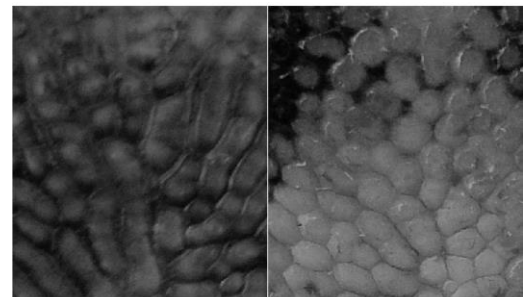
Comparação entre o animal 2 e o animal 14



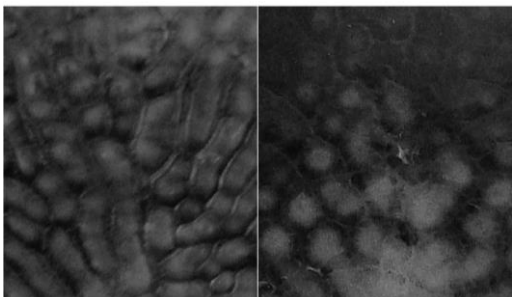
Comparação entre o animal 3 e o animal 3 sem refinamento



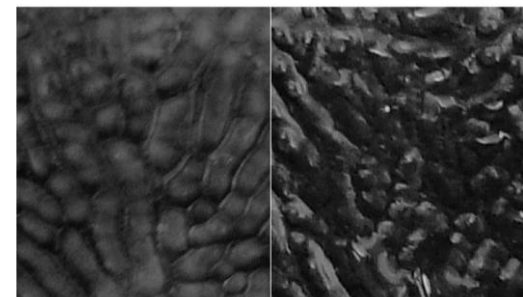
Comparação entre o animal 3 e o animal 3 com refinamento



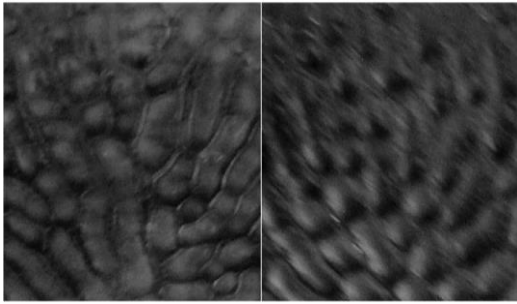
Comparação entre o animal 3 e o animal 4



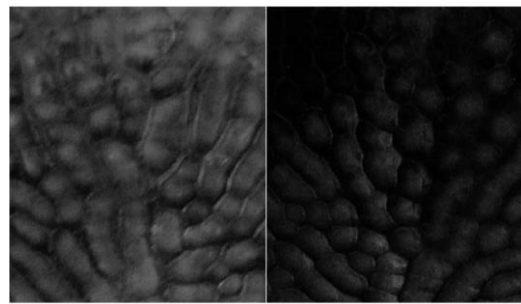
Comparação entre o animal 3 e o animal 5



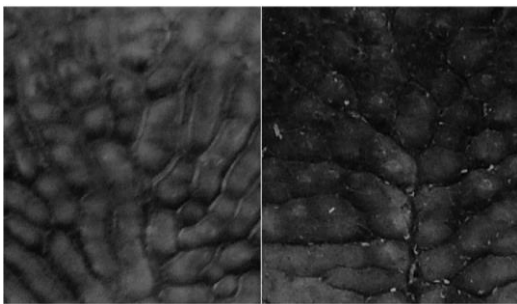
Comparação entre o animal 3 e o animal 6



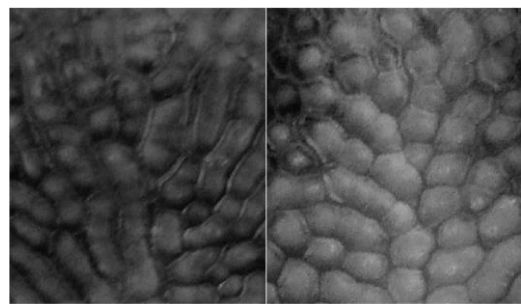
Comparação entre o animal 3 e o animal 7



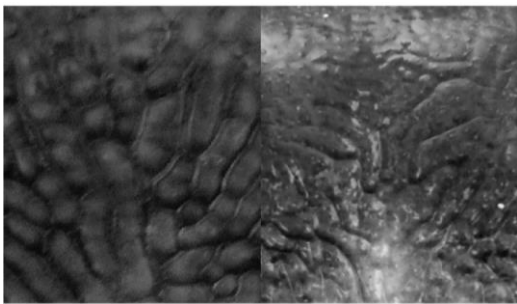
Comparação entre o animal 3 e o animal 8



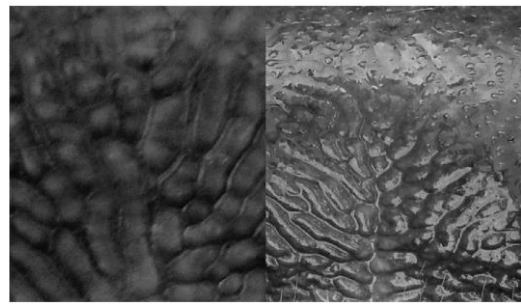
Comparação entre o animal 3 e o animal 9



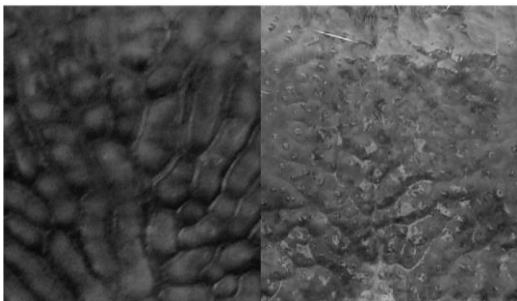
Comparação entre o animal 3 e o animal 10



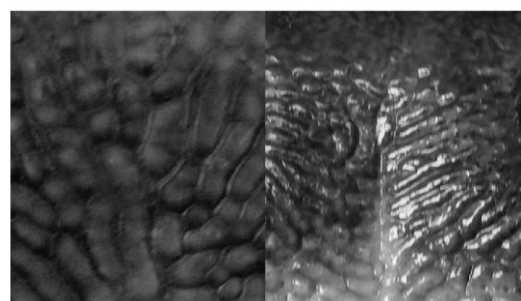
Comparação entre o animal 3 e o animal 11



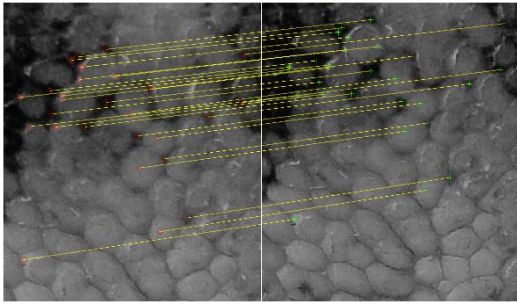
Comparação entre o animal 3 e o animal 12



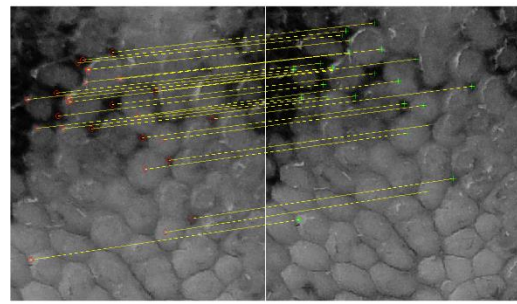
Comparação entre o animal 3 e o animal 13



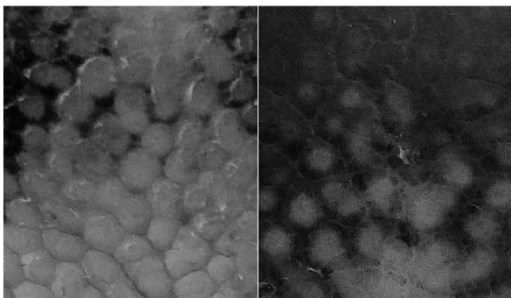
Comparação entre o animal 3 e o animal 14



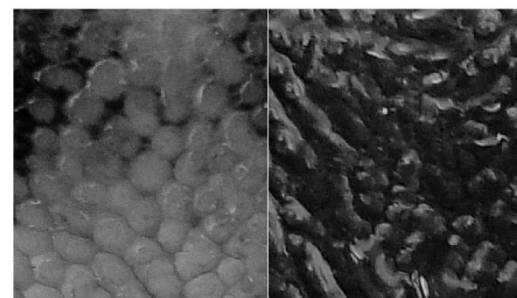
Comparação entre o animal 4 e o animal 4 sem refinamento



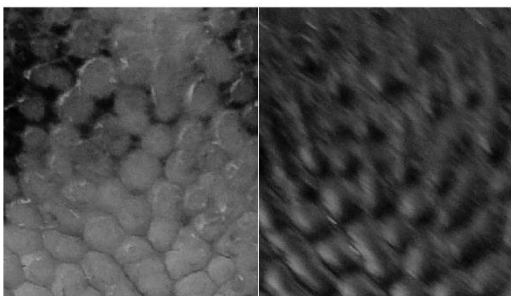
Comparação entre o animal 4 e o animal 4 com refinamento



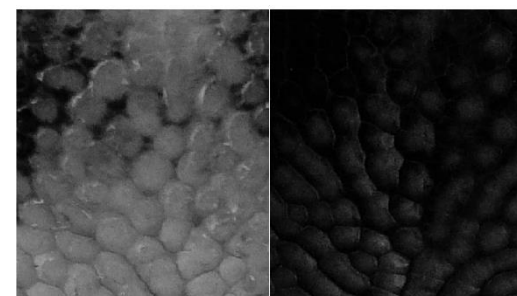
Comparação entre o animal 4 e o animal 5



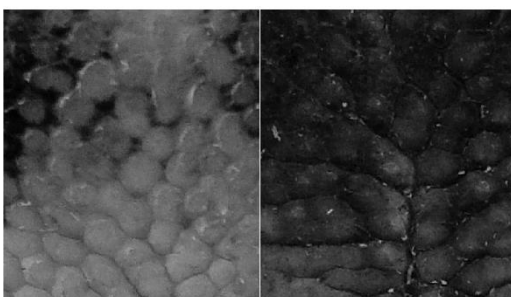
Comparação entre o animal 4 e o animal 6



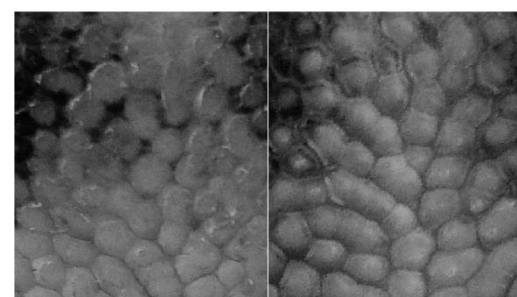
Comparação entre o animal 4 e o animal 7



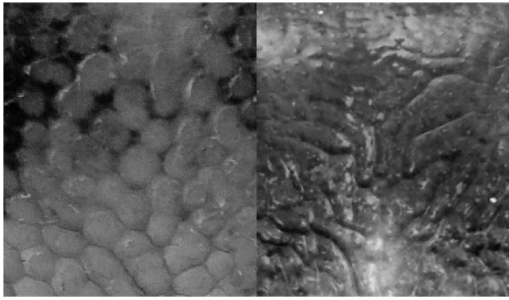
Comparação entre o animal 4 e o animal 8



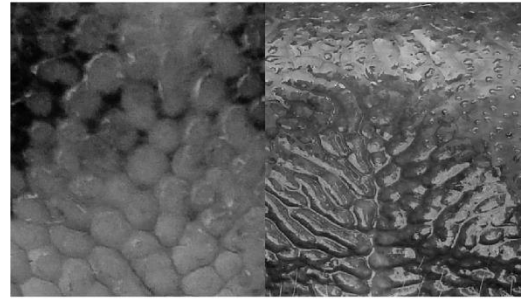
Comparação entre o animal 4 e o animal 9



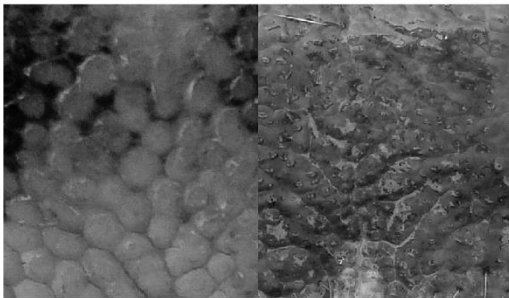
Comparação entre o animal 4 e o animal 10



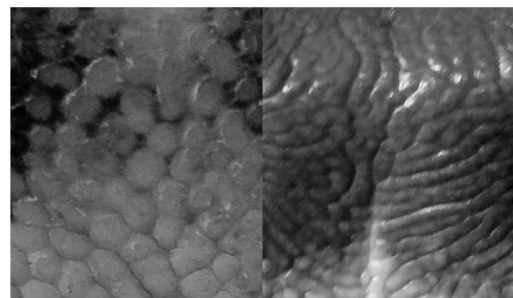
Comparação entre o animal 4 e o animal 11



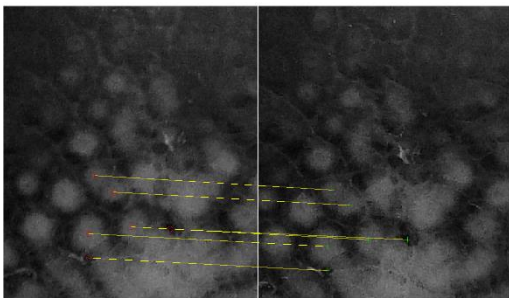
Comparação entre o animal 4 e o animal 12



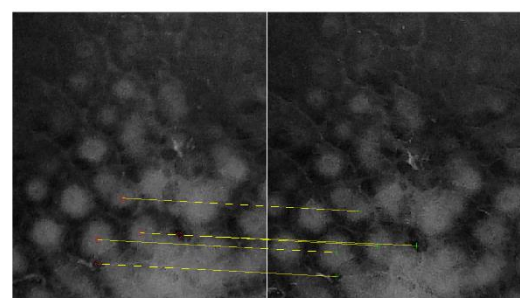
Comparação entre o animal 4 e o animal 13



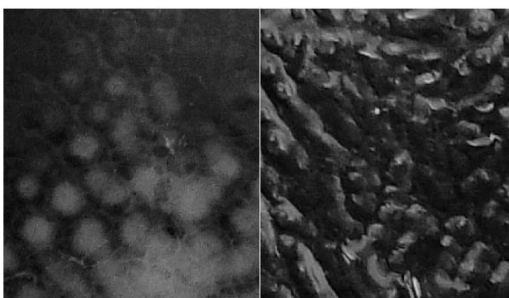
Comparação entre o animal 4 e o animal 14



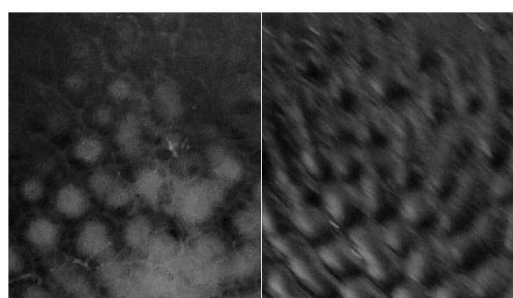
Comparação entre o animal 5 e o animal 5 sem refinamento



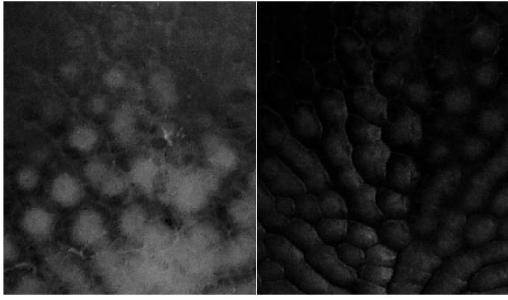
Comparação entre o animal 5 e o animal 5 com refinamento



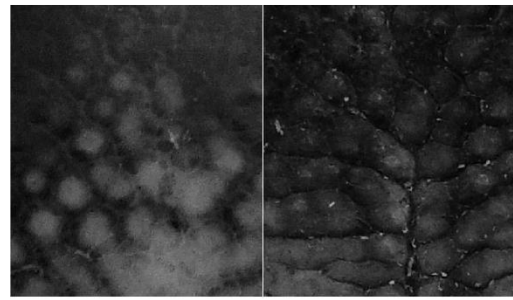
Comparação entre o animal 5 e o animal 6



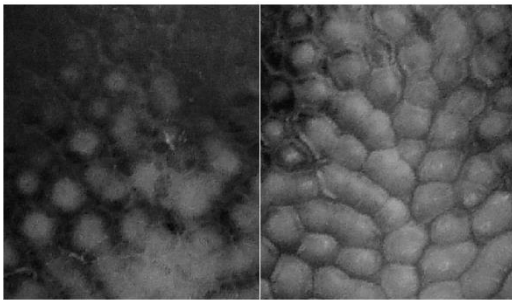
Comparação entre o animal 5 e o animal 7



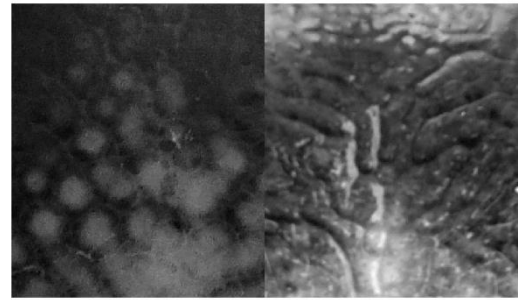
Comparação entre o animal 5 e o animal 8



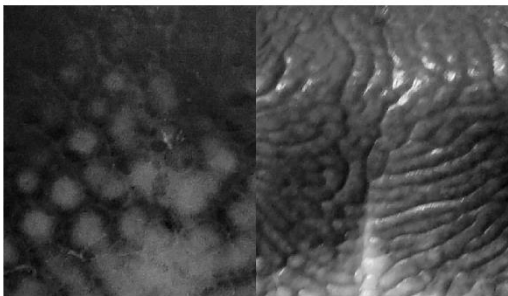
Comparação entre o animal 5 e o animal 9



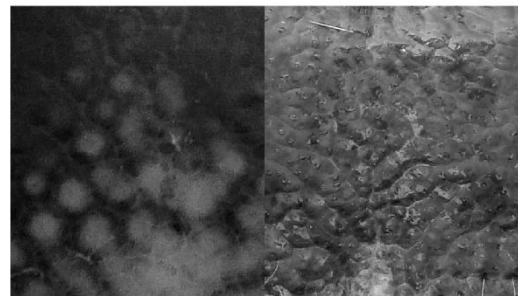
Comparação entre o animal 5 e o animal 10



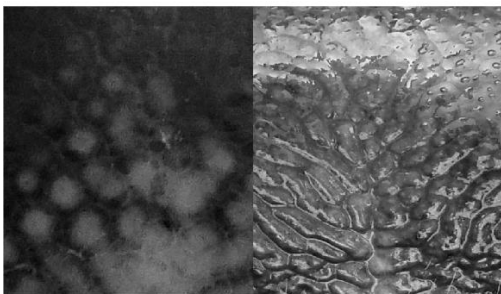
Comparação entre o animal 5 e o animal 11



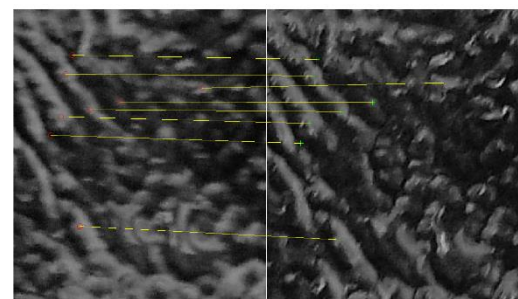
Comparação entre o animal 5 e o animal 12



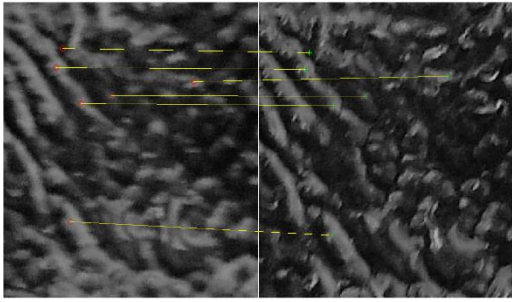
Comparação entre o animal 5 e o animal 13



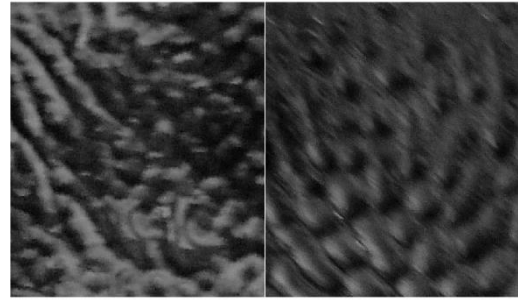
Comparação entre o animal 5 e o animal 14



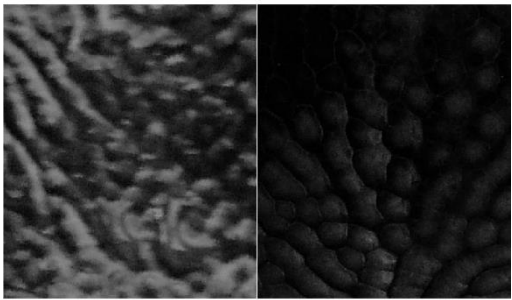
Comparação entre o animal 6 e o animal 6
sem refinamento



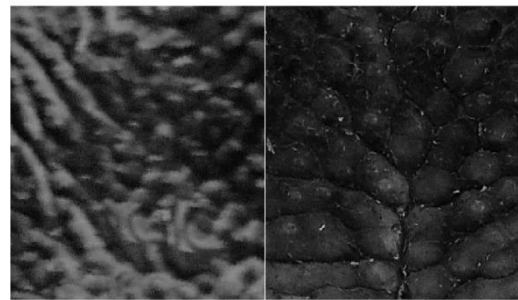
Comparação entre o animal 6 e o animal 6 com refinamento



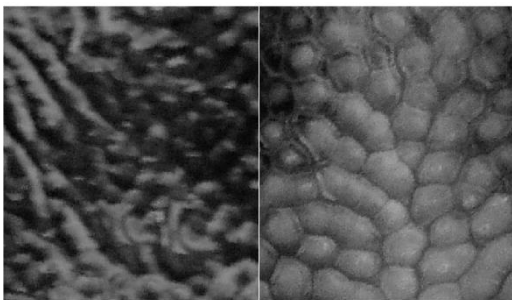
Comparação entre o animal 6 e o animal 7



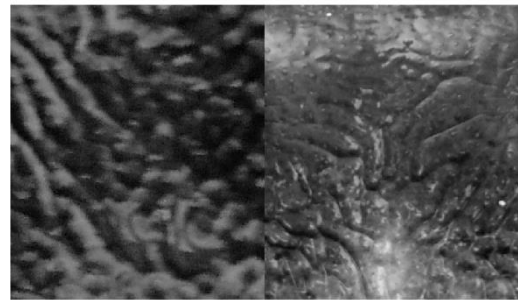
Comparação entre o animal 6 e o animal 8



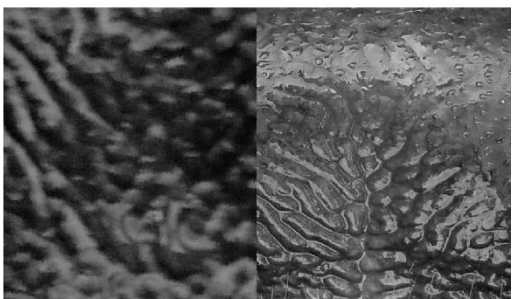
Comparação entre o animal 6 e o animal 9



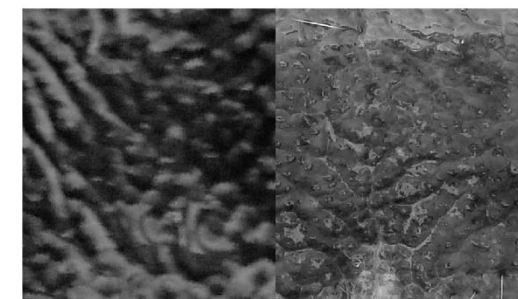
Comparação entre o animal 6 e o animal 10



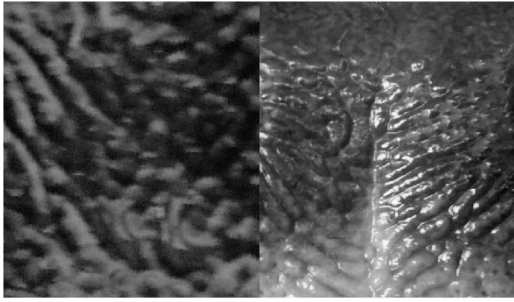
Comparação entre o animal 6 e o animal 11



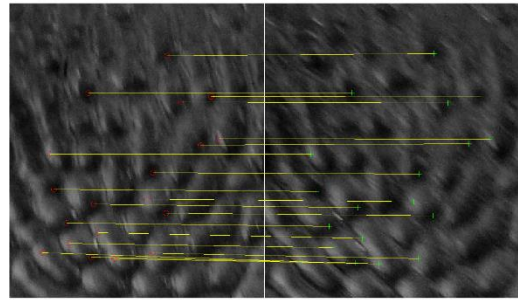
Comparação entre o animal 6 e o animal 12



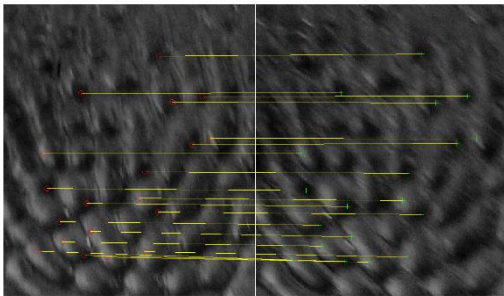
Comparação entre o animal 6 e o animal 13



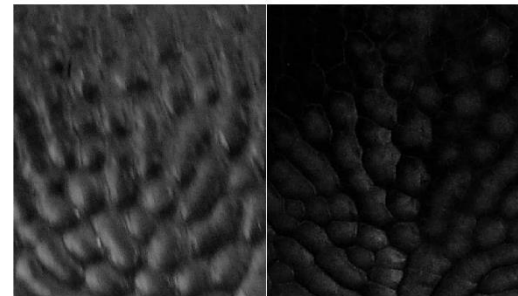
Comparação entre o animal 6 e o animal 14



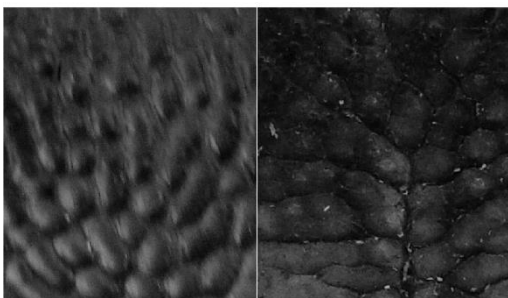
Comparação entre o animal 7 e o animal 7 sem refinamento



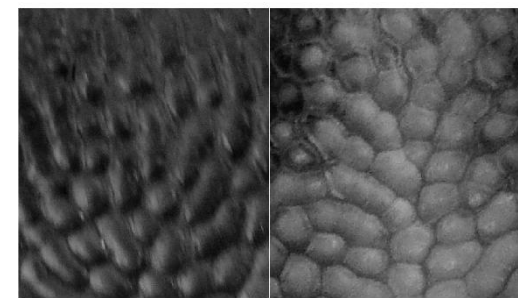
Comparação entre o animal 7 e o animal 7 com refinamento



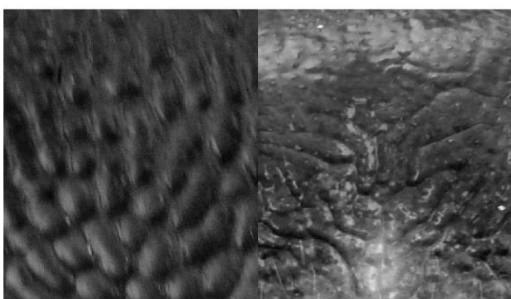
Comparação entre o animal 7 e o animal 8



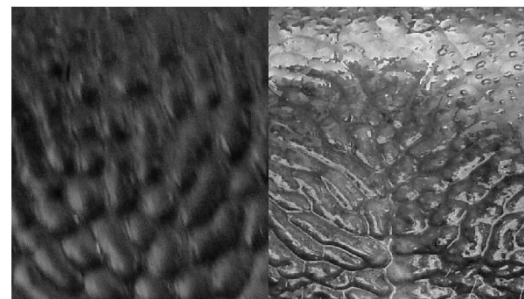
Comparação entre o animal 7 e o animal 9



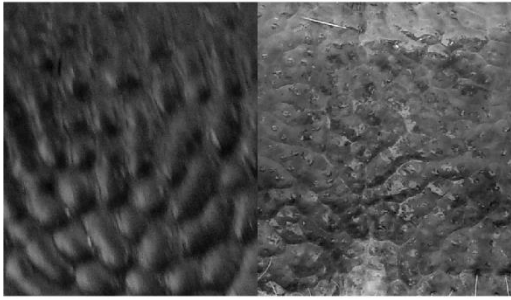
Comparação entre o animal 7 e o animal 10



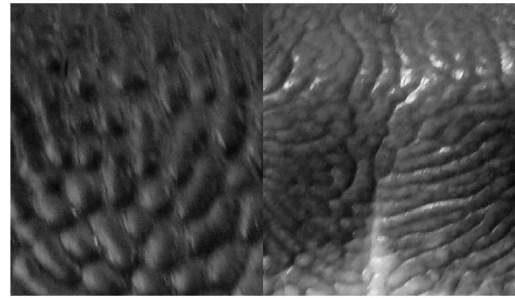
Comparação entre o animal 7 e o animal 11



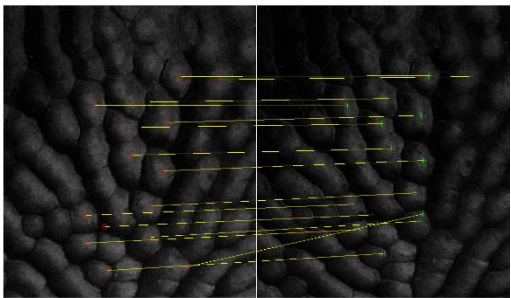
Comparação entre o animal 7 e o animal 12



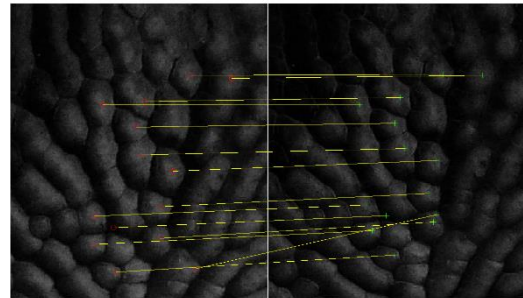
Comparação entre o animal 7 e o animal 13



Comparação entre o animal 7 e o animal 14

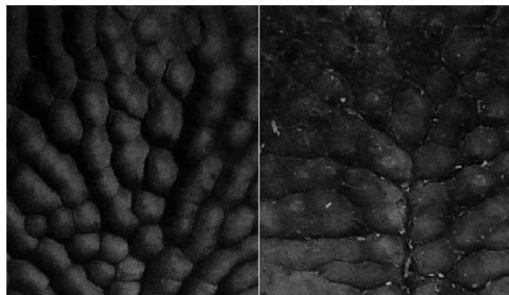


Comparação entre o animal 8 e o animal 8 sem refinamento

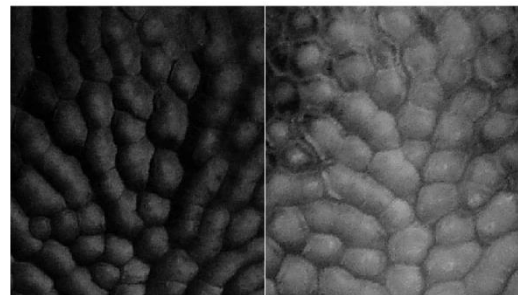


Comparação entre o animal 8 e o animal 8

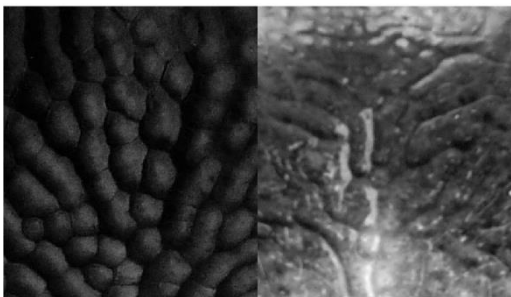
--



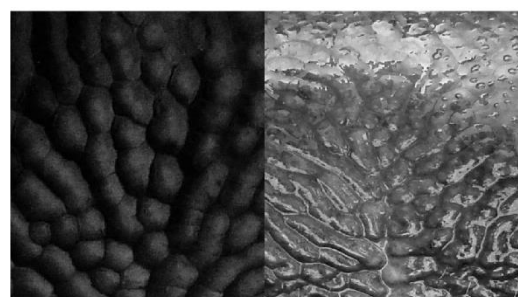
Comparação entre o animal 8 e o animal 9



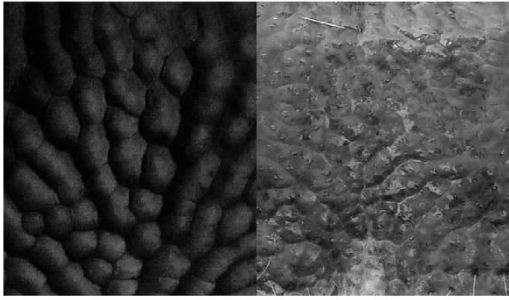
Comparação entre o animal 8 e o animal 10



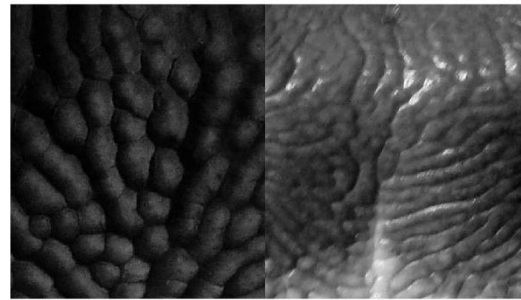
Comparação entre o animal 8 e o animal 11



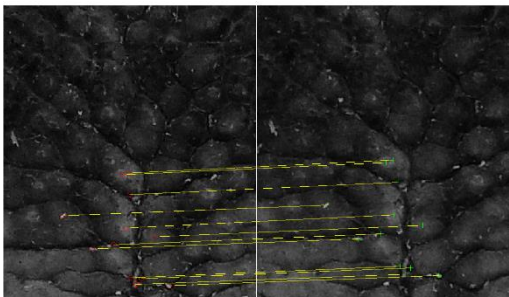
Comparação entre o animal 8 e o animal 12



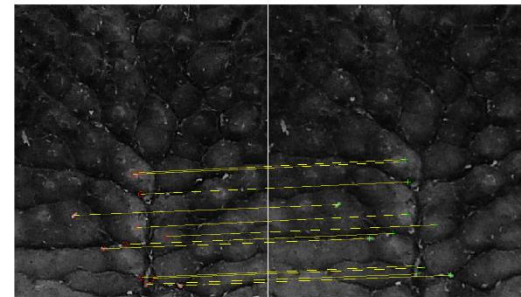
Comparação entre o animal 8 e o animal 13



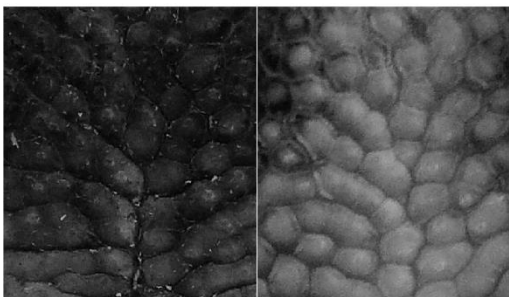
Comparação entre o animal 8 e o animal 14



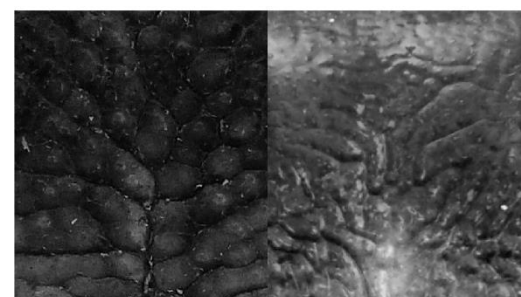
Comparação entre o animal 9 e o animal 9 sem refinamento



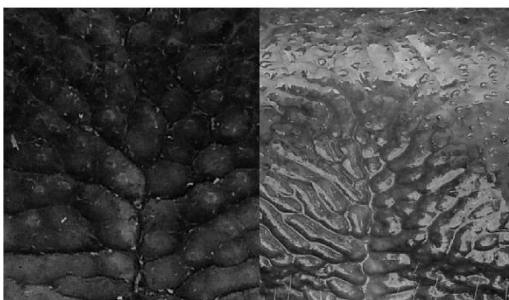
Comparação entre o animal 9 e o animal 9 com refinamento



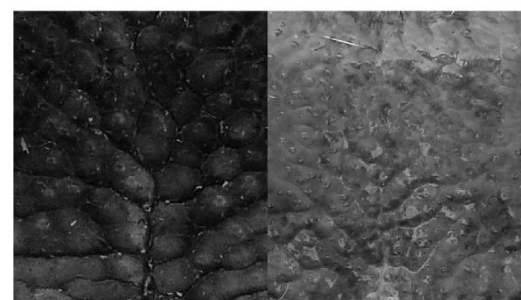
Comparação entre o animal 9 e o animal 10



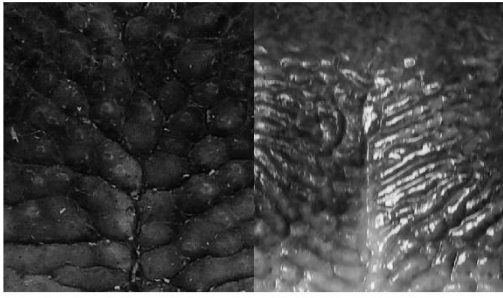
Comparação entre o animal 9 e o animal 11



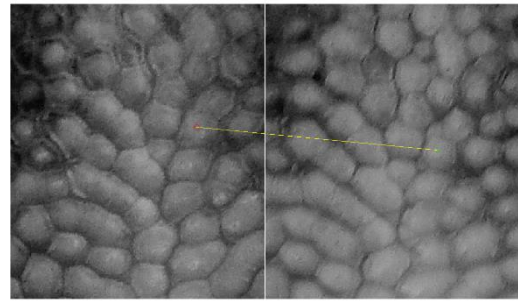
Comparação entre o animal 9 e o animal 12



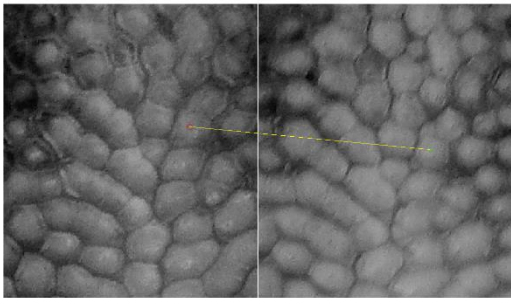
Comparação entre o animal 9 e o animal 13



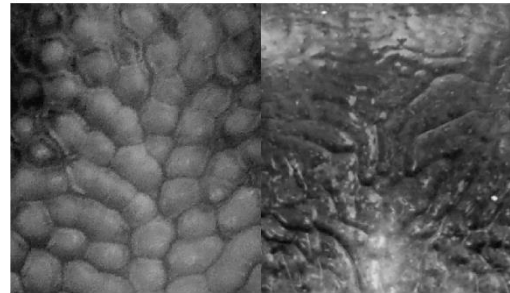
Comparação entre o animal 9 e o animal 14



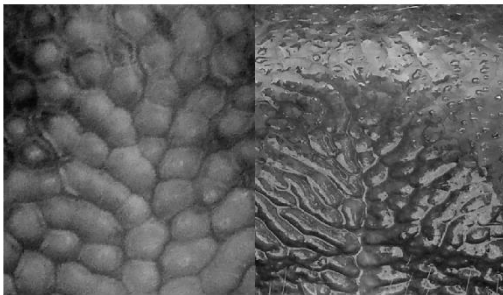
Comparação entre o animal 10 e o animal 10 sem refinamento



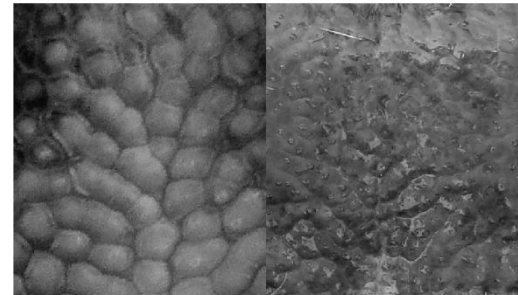
Comparação entre o animal 10 e o animal 10 com refinamento



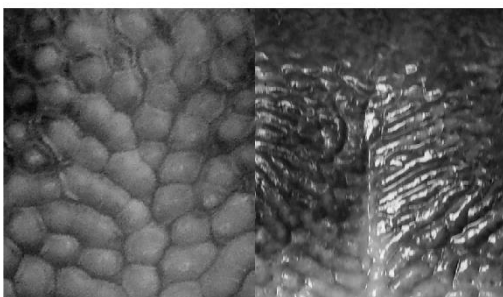
Comparação entre o animal 10 e o animal 11



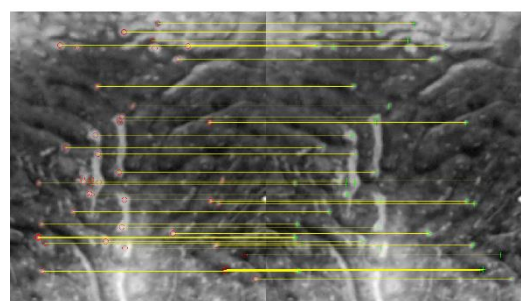
Comparação entre o animal 10 e o animal 12



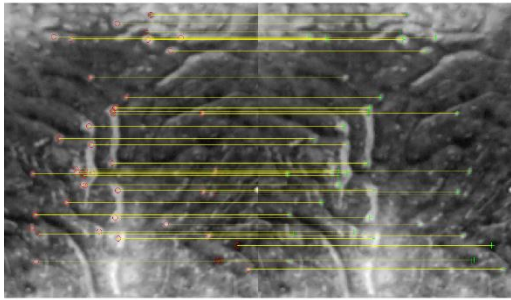
Comparação entre o animal 10 e o animal 13



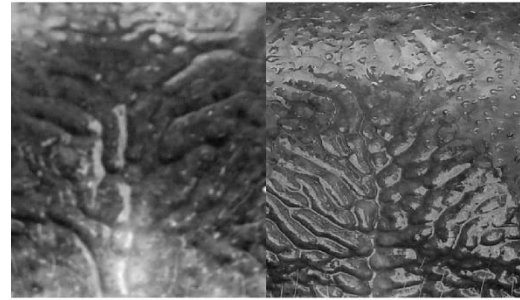
Comparação entre o animal 10 e o animal 14



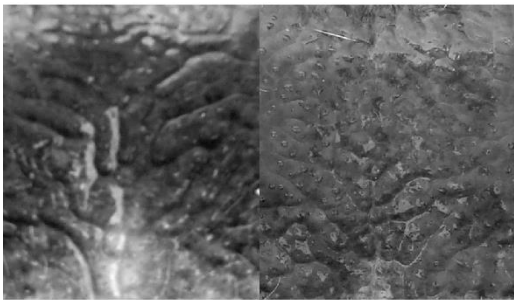
Comparação entre o animal 11 e o animal 11 sem refinamento



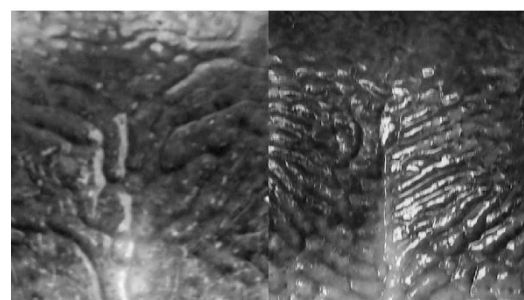
Comparação entre o animal 11 e o animal 11 com refinamento



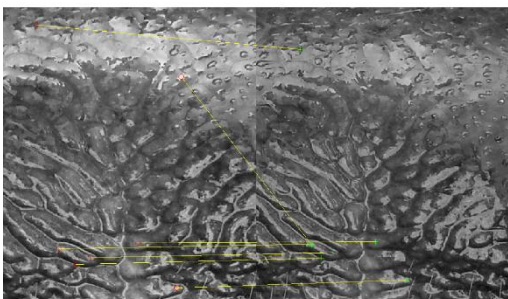
Comparação entre o animal 11 e o animal 12



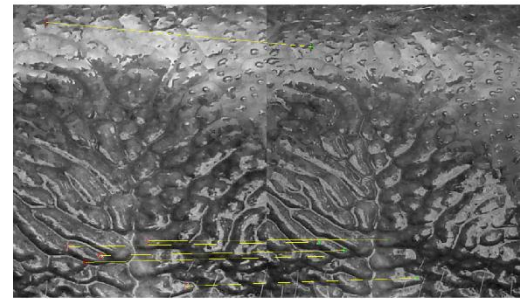
Comparação entre o animal 11 e o animal 13



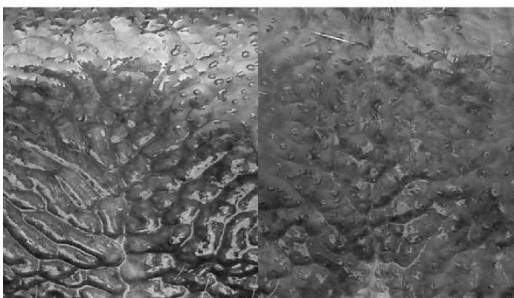
Comparação entre o animal 11 e o animal 14



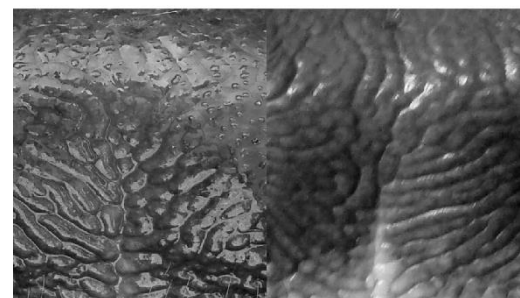
Comparação entre o animal 12 e o animal 12 sem refinamento



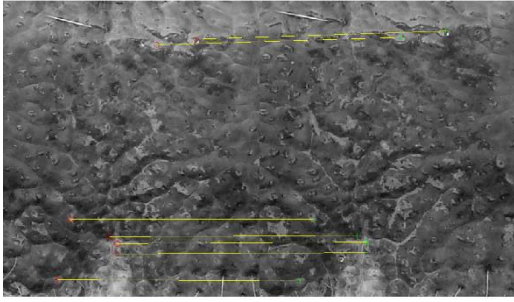
Comparação entre o animal 12 e o animal 12 com refinamento



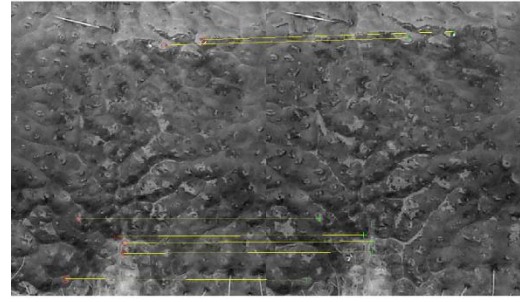
Comparação entre o animal 12 e o animal 13



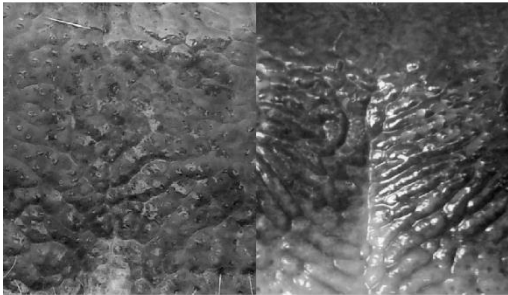
Comparação entre o animal 12 e o animal 13



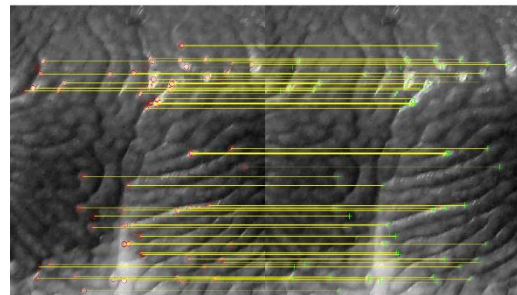
Comparação entre o animal 13 e o animal 13 sem refinamento



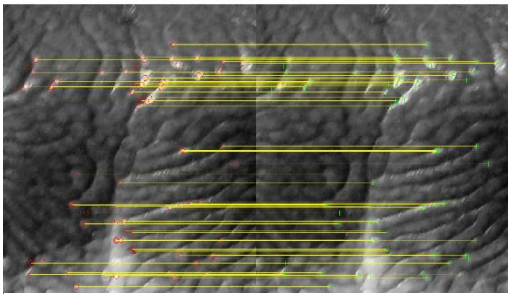
Comparação entre o animal 13 e o animal 13 com refinamento



Comparação entre o animal 13 e o animal 14



Comparação entre o animal 14 e o animal 14 sem refinamento



Comparação entre o animal 14 e o animal 14 com refinamento