



UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ
CAMPUS QUIXADÁ
BACHARELADO EM CIÊNCIA DA COMPUTAÇÃO

PEDRO HENRIQUE LOPES TORRES

**UTILIZANDO ÁRVORES FILOGENÉTICAS PARA A IDENTIFICAÇÃO DE
SIMILARIDADES EM PINTURAS DIGITALIZADAS**

QUIXADÁ

2018

PEDRO HENRIQUE LOPES TORRES

UTILIZANDO ÁRVORES FILOGENÉTICAS PARA A IDENTIFICAÇÃO DE
SIMILARIDADES EM PINTURAS DIGITALIZADAS

Monografia apresentada no curso de Ciência da Computação da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial à obtenção do título de bacharel em Ciência da Computação. Área de concentração: Computação.

Orientador: Prof. Dr. Cristiano Bacelar de Oliveira

QUIXADÁ

2018

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
Universidade Federal do Ceará
Biblioteca Universitária
Gerada automaticamente pelo módulo Catalog, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

- T647u Torres, Pedro Henrique Lopes.
Utilizando árvores filogenéticas para a identificação de similaridades em pinturas digitalizadas / Pedro Henrique Lopes Torres. – 2018.
76 f. : il. color.
- Trabalho de Conclusão de Curso (graduação) – Universidade Federal do Ceará, Campus de Quixadá, Curso de Redes de Computadores, Quixadá, 2018.
Orientação: Prof. Dr. Cristiano Bacelar de Oliveira.
1. Inteligência artificial. 2. Processamento de imagens. 3. Análise por agrupamento. 4. Arte. I. Título.
CDD 004.6
-

PEDRO HENRIQUE LOPES TORRES

UTILIZANDO ÁRVORES FILOGENÉTICAS PARA A IDENTIFICAÇÃO DE
SIMILARIDADES EM PINTURAS DIGITALIZADAS

Monografia apresentada no curso de Ciência da
Computação da Universidade Federal do Ceará,
como requisito parcial à obtenção do título de
bacharel em Ciência da Computação. Área de
concentração: Computação.

Aprovada em: __/__/____

BANCA EXAMINADORA

Prof. Dr. Cristiano Bacelar de Oliveira (Orientador)
Campus Quixadá
Universidade Federal do Ceará – UFC

Prof. Dr. João Vilnei de Oliveira Filho
Campus Quixadá
Universidade Federal do Ceará - UFC

Prof. Dr. Paulo de Tarso Guerra Oliveira
Campus Quixadá
Universidade Federal do Ceará - UFC

À minha querida avó, Constância Rabelo.

AGRADECIMENTOS

Agradeço à minha mãe, Maria José, e ao meu pai, José Martins, por serem minha base e por todos sacrifícios que fizeram para que eu pudesse chegar até aqui. Sou imensamente grato a vocês.

Agradeço à minha avó, Constância Rabelo, por todo carinho, suporte e conselhos. Esta conquista é sua, avó.

Agradeço ao meu irmão, Alexandre Rabelo, por sempre ter me incentivado aos estudos, por sempre torcer e acreditar em mim.

Agradeço ao meu orientador, Prof. Cristiano Bacelar, por sua excelente orientação e por ter aceitado o desafio de me ajudar na realização deste trabalho.

Agradeço ao Prof. João Vilnei, por ter acompanhando a parte artística deste trabalho e por todas suas contribuições.

Agradeço ao Prof. Paulo de Tarso, pelo exemplo de professor que é, e por sempre acreditar no potencial de seus alunos. Mesmo indiretamente você foi um incentivo para mim.

Agradeço ao Prof. Wladimir Tavares, pelas excelentes aulas, orientação dada enquanto fui seu bolsista no GEMP, ensinamento repassado como *coach* para a minha equipe da maratona de programação, e, além disto, por estar sempre próximo, participando e sendo alvo dos momentos de descontração da nossa turma. Você é um exemplo de professor, Wladimir.

Agradeço a minha equipe da maratona de programação, Enoque e Olímpio, por todas as experiências trocadas e momentos de descontração durante as competições que participamos.

Agradeço aos Computeiros do Zódiaco: Alex, Décio, Enoque, Fransa, João Pedro, Leonardo, Olímpio, Segundo, Sávio, Vinicius e Yuri. Por todos os momentos de descontração e ajuda, sem vocês, talvez, ao invés de cientista, eu seria jogador profissional de futebol.

Agradeço ao meu amigo e irmão, Matheus Brito, que esteve ao meu lado em todos os momentos que precisei. Obrigado pelo apoio, e como diz nosso colega, Bartô Galeno, "somos máquinas humanas, estamos sempre correndo".

Agradeço ao Emmanuel e Ingrid, por suas amizades, incentivos e conselhos.

Por último, agradeço à minha namorada, Juliana Mateus, que desde o início da graduação esteve ao meu lado, sendo meu forte. Obrigado, *my lady*, por todo apoio, carinho, atenção e suporte fornecido.

“Um herói pode ser qualquer um, até mesmo um homem fazendo algo tão simples e reconfortante como colocar um casaco em torno dos ombros de um menino, para deixá-lo saber que o mundo não tinha terminado.”

(Batman)

RESUMO

Este trabalho propõe o uso de árvores filogenéticas obtidas por meio da ferramenta DAMICORE em conjunto com os descritores GIST, COLOR e LBP como uma abordagem para identificação de similaridades em pinturas digitalizadas pertencentes a três movimentos artísticos: Cubismo, Expressionismo e Romantismo. Para isto, foram realizados experimentos a partir da obtenção de conjuntos de imagens utilizando sete métodos diferentes, onde seis deles são baseados na realização de buscas em árvores filogenéticas. Os resultados mostraram que as árvores filogenéticas podem ressaltar características que não são claras à primeira vista, assim como similaridades pertencentes a um conjunto de pinturas. Além disto, as buscas realizadas nessas árvores ajudam a diversificar o conjunto de pinturas, fazendo com que um mesmo conjunto possa apresentar diferentes estilos e movimentos.

Palavras-chave: DAMICORE. Árvores filogenéticas. Pinturas digitalizadas. Movimentos artísticos. GIST. COLOR. LBP.

ABSTRACT

This work proposes the use of phylogenetic trees obtained through the DAMICORE tool in conjunction with the descriptors GIST, COLOR and LBP as an approach to identify similarities in digitalized paintings belonging to three arts movements: Cubism, Expressionism and Romanticism. For such purpose, experiments were realized by obtaining sets of images using seven different methods, where six of them are based on the search in phylogenetic trees. The results show that phylogenetic trees can contrast characteristics that are not clear at first sight, as well as similarities belonging to a set of paintings. In addition, the searches made in these trees help to diversify the set of paintings, making the same set can present different styles and movements.

Keywords: DAMICORE. Phylogenetic trees. Digitalized paintings, Art movements. GIST. COLOR. LBP

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 – <i>Les demoiselles d’Avignon</i> (1907) - Pablo Picasso	19
Figura 2 – O grito (1893) - Edvard Munch	20
Figura 3 – <i>James Abercromby of Tullibody, Esq</i> (1779) - David Allan	21
Figura 4 – Linha do tempo dos movimentos artísticos: Romantismo, Cubismo e Expressionismo	21
Figura 5 – Imagem de tamanho $N \times N$ representada por uma matriz	22
Figura 6 – Transformação da imagem de entrada para uma imagem de escala cinza	24
Figura 7 – Cálculo do valor LBP a partir da matriz de vizinhança	25
Figura 8 – Cálculo da máscara LBP feito a partir da Figura (6b) e extração do histograma LBP	25
Figura 9 – Grafo $G(V,E)$, onde $V = \{c,i,k,r\}$ e $E = \{(c,i), (i,k), (k,r)\}$	27
Figura 10 – Três primeiros passos da execução de uma busca em largura em uma árvore. Nós pintados em cinza indicam que este nó já foi alcançado pela a busca	28
Figura 11 – Quatro primeiros passos da execução de uma busca em profundidade em uma árvore. Nós pintados em cinza indicam que este nó já foi alcançado pela a busca	28
Figura 12 – Fluxo de execução da ferramenta DAMICORE	29
Figura 13 – Exemplo de compressão obtida utilizando o algoritmo LZ77. Sequências repetidas são representadas pelo par (m-bytes atrás, comprimento)	30
Figura 14 – Exemplo de árvore filogenética	32
Figura 15 – Procedimento metodológico realizado neste trabalho.	37
Figura 16 – Árvore representada pelo formato <i>Newick</i> (B,(A,C,E),D);	40
Figura 17 – Exemplo de conjunto obtido efetuando uma busca em profundidade na árvore filogenética construída a partir do descritor LBP	43
Figura 18 – Exemplo de conjunto obtido efetuando uma busca em profundidade na árvore filogenética construída a partir do descritor LBP	44
Figura 19 – Exemplo de conjunto obtido efetuando uma busca em largura na árvore filogenética construída a partir do descritor GIST	45
Figura 20 – Exemplo de conjunto obtido efetuando uma busca em profundidade na árvore filogenética construída a partir do descritor GIST	46
Figura 21 – Exemplo de conjunto obtido efetuando uma busca em largura na árvore filogenética construída a partir do descritor COLOR	47

Figura 22 – Exemplo de conjunto obtido efetuando uma busca em profundidade na árvore filogenética construída a partir do descritor COLOR	48
Figura 23 – Exemplo de conjunto obtido utilizando escolha aleatória de pinturas na base de dados	49
Figura 24 – Exemplo de conjunto obtido utilizando escolha aleatória de pinturas na base de dados	50
Figura 25 – Distância média dos conjuntos obtidos utilizando a árvore filogenética construída a partir do descritor COLOR	51
Figura 26 – Distância média dos conjuntos obtidos utilizando a árvore filogenética construída a partir do descritor GIST	52
Figura 27 – Exemplo de árvore filogenética	53
Figura 28 – Comparação da distância média dos conjuntos obtidos por cada tipo de busca efetuada nas árvores filogenéticas representantes dos descritores LBP, GIST e COLOR	54
Figura 29 – <i>Ceci n'est pas une pipe</i> - René Magritte (1929)	57
Figura 30 – Distância média dos conjuntos obtidos utilizando a árvore filogenética construída a partir do descritor LBP - (10 conjuntos e 12 pinturas por conjunto)	60
Figura 31 – Distância média dos conjuntos obtidos utilizando a árvore filogenética construída a partir do descritor GIST - (10 conjuntos e 12 pinturas por conjunto)	61
Figura 32 – Distância média dos conjuntos obtidos utilizando a árvore filogenética construída a partir do descritor COLOR - (10 conjuntos e 12 pinturas por conjunto)	61
Figura 33 – Comparação da distância média dos conjuntos obtidos por cada tipo de busca efetuada nas árvores filogenéticas construídas a partir dos descritores LBP, GIST e COLOR - (10 conjuntos e 12 pinturas por conjunto)	62
Figura 34 – Distância média dos conjuntos obtidos utilizando a árvore filogenética construída a partir do descritor LBP - (25 conjuntos e 36 pinturas por conjunto)	62
Figura 35 – Distância média dos conjuntos obtidos utilizando a árvore filogenética construída a partir do descritor GIST - (25 conjuntos e 36 pinturas por conjunto)	63

Figura 36 – Distância média dos conjuntos obtidos utilizando a árvore filogenética construída a partir do descritor COLOR - (25 conjuntos e 36 pinturas por conjunto)	63
Figura 37 – Comparação da distância média dos conjuntos obtidos por cada tipo de busca efetuada nas árvores filogenéticas construídas a partir dos descritores LBP, GIST e COLOR - (25 conjuntos e 36 pinturas por conjunto)	64
Figura 38 – Distância média dos conjuntos obtidos utilizando a árvore filogenética construída a partir do descritor LBP - (50 conjuntos e 24 pinturas por conjunto)	64
Figura 39 – Distância média dos conjuntos obtidos utilizando a árvore filogenética construída a partir do descritor COLOR - (50 conjuntos e 24 pinturas por conjunto)	65
Figura 40 – Comparação da distância média dos conjuntos obtidos por cada tipo de busca efetuada nas árvores filogenéticas construídas a partir dos descritores LBP, GIST e COLOR - (50 conjuntos e 24 pinturas por conjunto)	65
Figura 41 – Distância média dos conjuntos obtidos utilizando a árvore filogenética construída a partir do descritor LBP - (100 conjuntos e 48 pinturas por conjunto)	66
Figura 42 – Distância média dos conjuntos obtidos utilizando a árvore filogenética construída a partir do descritor GIST - (100 conjuntos e 48 pinturas por conjunto)	66
Figura 43 – Exemplo de conjunto obtido efetuando uma busca em largura na árvore filogenética construída a partir do descritor COLOR	67
Figura 44 – Exemplo de conjunto obtido efetuando uma busca em profundidade na árvore filogenética construída a partir do descritor GIST	68
Figura 45 – Exemplo de conjunto obtido efetuando uma busca em profundidade na árvore filogenética construída a partir do descritor COLOR	69
Figura 46 – Exemplo de conjunto obtido efetuando uma busca em profundidade na árvore filogenética construída a partir do descritor COLOR	70
Figura 47 – Exemplo de conjunto obtido efetuando uma busca em profundidade na árvore filogenética construída a partir do descritor GIST	71
Figura 48 – Exemplo de conjunto obtido efetuando uma busca em profundidade na árvore filogenética construída a partir do descritor GIST	72

Figura 49 – Exemplo de conjunto obtido efetuando uma busca em profundidade na árvore filogenética construída a partir do descritor COLOR	73
Figura 50 – Exemplo de conjunto obtido efetuando uma busca em profundidade na árvore filogenética construída a partir do descritor LBP	74

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Exemplo da transformada de Burrows-Wheeler na <i>string</i> "bananabandbandana"	31
Tabela 2 – Média da taxa de detecção para os classificadores utilizados	35

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

DAMICORE	<i>Data-Mining of Code Repositories</i>
DST	<i>Discriminant Spectral Template</i>
FN	<i>Fast Newman</i>
HOG	<i>Histogram of Oriented Gradients</i>
LBP	<i>Local Binary Patterns</i>
NCD	<i>Normalized Compression Distance</i>
NJ	<i>Neighbor Joining</i>
PHOG	<i>Pyramid Histogram of Oriented Gradients</i>
PLBP	<i>Pyramid Local Binary Patterns</i>
PLSA	<i>Probabilistic Latent Semantic Analysis</i>
WDST	<i>Windowed Discriminant Spectral Template</i>

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	16
2	FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA	18
2.1	Movimentos artísticos	18
2.1.1	<i>Cubismo</i>	18
2.1.2	<i>Expressionismo</i>	19
2.1.3	<i>Romantismo</i>	20
2.2	Processamento Digital de Imagens	21
2.2.1	<i>Descritores de imagens</i>	22
2.2.1.1	<i>GIST descriptor</i>	22
2.2.1.2	<i>Local Binary Patterns</i>	24
2.2.1.3	<i>COLOR</i>	25
2.3	Grafos	26
2.3.1	<i>Busca em largura</i>	27
2.3.2	<i>Busca em profundidade</i>	28
2.4	DAMICORE	28
2.4.1	<i>Normalized compression distance</i>	29
2.4.2	<i>Neighbor joining</i>	31
2.4.3	<i>Fast Newman</i>	32
3	TRABALHOS RELACIONADOS	33
3.1	DAMICORE	33
3.1.1	<i>Estudo e extensão da metodologia DAMICORE para tarefas de classificação</i>	33
3.1.2	<i>Detecção de ilhamento de geradores síncronos distribuídos por correlações da mineração complexa de dados</i>	33
3.2	Extração de características em pinturas digitalizadas	34
3.2.1	<i>Recognizing Surreal Compositions in Digitized Paintings</i>	34
3.2.2	<i>Classifying Paintings by Artistic Genre: An Analysis of Features And Classifiers</i>	35
4	PROCEDIMENTOS METODOLÓGICOS	37
4.1	Coleta da base de dados	37
4.2	Análise dos descritores e extração de características	38
4.3	Construção de árvores filogenéticas baseadas no conjunto de descritores	38

4.4	Obtenção de um conjunto de pinturas realizando buscas em árvores filogenéticas	39
5	EXPERIMENTOS E RESULTADOS	42
5.1	Conjuntos obtidos	42
5.2	Comparação de abordagens	51
5.3	Buscas na árvore filogenética	53
6	CONCLUSÃO	56
	REFERÊNCIAS	58
	APÊNDICE A – RESULTADOS	60

1 INTRODUÇÃO

Experiências artísticas e culturais dadas de formas virtuais vem sendo facilitadas graças ao avanço da internet e sua capacidade de compartilhamento. Isto permitiu que diferentes públicos, como artistas, compradores, entusiastas, ou até mesmo leigos, passem a ter a oportunidade de apreciar, estudar, analisar e compreender a influência da arte em nosso meio cultural. Grande parte disto, deve-se, em específico, a alguns ambientes virtuais e artísticos, como, por exemplo, *WikiArt*¹, *Virtual Gallery*² e *Google Arts*³ que possuem maior parte do conteúdo voltado para pinturas digitalizadas pertencentes a diferentes movimentos artísticos.

Entretanto, se por um lado essa nova forma de disponibilização das obras de arte contribui para a popularização do acesso, por outro, o grande volume de trabalhos artísticos pode acabar dificultando a forma de escolha e exibição das obras para o público, dado que o público nem sempre possui um mesmo interesse em comum. Se considerarmos também o fato que pode ser difícil para uma pessoa leiga reconhecer padrões de estilos em suas pinturas favoritas, a tarefa de montar um conjunto selecionado de imagens que é baseado em critérios individuais de uma única pessoa, torna-se inviável para as fontes que provêm tal experiência. Além disso, temas ou estilos artísticos são, em geral, alguns dos critérios utilizados por especialistas para a categorização e organização de obras.

Diante desta situação, este trabalho propõe o uso de árvores filogenéticas, que são utilizadas principalmente na Biologia para a representação de relações evolutivas entre espécies, como uma abordagem para identificação de similaridades em pinturas digitalizadas pertencentes a diferentes movimentos artísticos. Para efetuar tal tarefa nós fizemos o uso da DAMICORE (SANCHES; CARDOSO; DELBEM, 2011), uma ferramenta baseada em árvores filogenéticas, e características extraídas a partir de três descritores: GIST (OLIVA; TORRALBA, 2001; OLIVA; TORRALBA, 2002), *Local binary patterns* (LBP) (OJALA; PIETIKÄINEN; HARWOOD, 1996) e COLOR (WEIJER; SCHMID; VERBEEK, 2007). Esses descritores mostram-se eficientes para a extração de características em pinturas digitalizadas, como pode ser visto em (FLOREA; FLOREA; BADEA, 2016) e (ZUJOVIC et al., 2009).

Para validarmos a abordagem proposta, realizamos experimentos com conjuntos de imagens geradas utilizando sete métodos diferentes, onde seis deles são baseados em árvores

¹ <www.wikiart.org>

² <www.virtualgallery.com>

³ <artsandculture.google.com>

filogenéticas. A base de dados utilizada neste trabalho conta com 1114 pinturas⁴ digitalizadas pertencentes a três movimentos artísticos: Cubismo, Expressionismo e Romantismo, coletadas do *WikiArt*.

Os resultados mostraram que o uso de árvores filogenéticas podem ressaltar similaridades entre um conjunto de imagens de acordo com o foco de extração de características individual dos descritores. Isto pode ocorrer independente dos movimentos artísticos, o que pode ser levado em consideração para uma futura discussão dos critérios de classificação de pinturas.

As técnicas aplicadas neste trabalho são oriundas de diferentes áreas da Ciência, dentre as quais destacam-se a Biologia, a Teoria da Informação, a Inteligência Artificial e Processamento Digital de Imagens. Além disto, o método desenvolvido neste trabalho não é dependente do domínio das imagens utilizadas, podendo, portanto, se aplicado a outros domínios relacionados a imagens.

Em termos de aplicações artísticas, a abordagem proposta pode permitir que galerias de artes e museus possam facilmente realizar uma sistematização do conteúdo que é oferecido para seu público, oferecendo melhores experiências artísticas. Em um cenário mais geral de Processamento Digital de Imagens, esta abordagem pode ser usada a fim de identificar correlações em um conjunto de imagens, exemplo de tarefa comumente necessária em aplicações médicas para a análise de imagens patológicas.

O restante deste documento está organizado da seguinte forma: O Capítulo 2 apresenta embasamento teórico para os principais conceitos utilizados neste trabalho. O Capítulo 3 mostra os trabalhos presentes na literatura que estão relacionados ao uso da ferramenta DAMICORE e também a extração de características de pinturas digitalizadas para propósitos de classificação. O Capítulo 4 apresenta as etapas utilizadas para a realização deste trabalho. O Capítulo 5 apresenta os resultados e suas respectivas discussões. Por fim, no Capítulo 6 apresentamos as conclusões deste trabalho.

⁴ Todas as imagens utilizadas neste trabalho são de domínio público.

2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

Neste capítulo são apresentados os principais conceitos utilizados neste trabalho. Na Seção 2.1 é dado um resumo sobre as características associadas aos movimentos artísticos Cubismo, Expressionismo e Romantismo. Na Seção 2.2 é apresentado o conceito básico de Processamento Digital de Imagens e sua etapa de descrição. Na Seção 2.3 damos uma breve introdução sobre grafos e explicamos buscas que podem ser realizadas em grafos. Por último, na Seção 2.4 mostramos o fluxo de execução da ferramenta DAMICORE assim como os métodos utilizados em cada uma das etapas do processo.

2.1 Movimentos artísticos

Os movimentos artísticos abordados neste trabalho possuem algumas características que são únicas para aquele movimento. Abordamos alguns destaques individuais de cada movimento artístico nas subseções: 2.1.1, 2.1.2 e 2.1.3.

2.1.1 *Cubismo*

O Cubismo possui algumas características marcantes. Gompertz (2013) fala que a essência do Cubismo é "tomar um objeto e desconstruí-lo mediante intensa observação analítica". Quando o Cubismo foi introduzido houve uma desconstrução dos parâmetros de artes que se destacavam até o século XX. Muitos artistas julgavam-o como algo primitivo, pois as características das pinturas eram de fato diferentes do que se tinha até então. O Cubismo, porém, não buscava abolir as formas de representações, apenas reformá-la.

Pinturas cubistas mostram pouco senso de profundidade espacial, os planos de fundo são conduzidos para a frente da imagem, isto faz com que os objetos pareçam saltar da tela. Além disto, não há tentativa de imitar a realidade e toda paisagem é reduzida a formas geométricas (GOMBRICH, 2000; GOMPertz, 2013).

A Figura 1 mostra uma das pinturas de autoria de Pablo Picasso, obra que baseou-se nas ideias de Cézanne e conduziu ao surgimento do movimento cubista. Movimento que junto ao Expressionismo passou a definir as artes visuais do século XX, ocasionando em afastamentos radicais da tradição artística ocidental.

Figura 1 – *Les demoiselles d'Avignon* (1907) - Pablo Picasso



Fonte – WikiArt

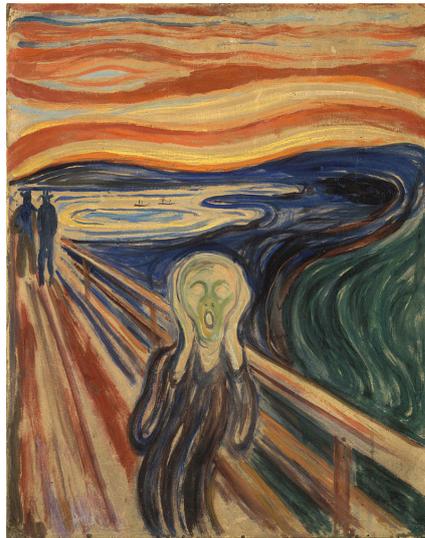
2.1.2 *Expressionismo*

Se existe algo que marcou a arte no século XX foi justamente a liberdade de experimentação e quebra de padrões nascidas com as ideias e meios apresentadas por movimentos como o Cubismo e Expressionismo. Esses movimentos não seguiram nitidamente uma sequência temporal, mas constituíram tentativas sistemáticas e consistentes dos artistas de escaparem de um beco sem saída.

Para garantir admiração, artistas como, Van Gogh, Cézanne e Edvard Munch tiveram que buscar conceitos de originalidade para suas obras, fugindo de temas como, "fidelidade à natureza" e "beleza ideal", que dominavam a arte europeia. Entre os artistas que exploraram tais conceitos, estava Munch, um dos precursores do movimento expressionista. A Figura 2 mostra uma de suas pinturas, que teve grande contribuição para o surgimento do Expressionismo no século XX.

Segundo Gombrich (2000), os experimentos do Expressionismo são, talvez, os mais fáceis de explicar em palavras, devido a singularidade de características apresentadas. A natureza do Expressionismo procura traduzir emoções e sentimentos por meio de linhas e cores. Os artistas buscam ressaltar o sentimento, refletindo uma predominância dos valores emocionais. Desta forma, o mundo passa a não ser retratado de maneira realista e fiel, mas sim, retratado a partir do pessimismo em relação ao mundo visto pelo artista, que por sua vez, intencionalmente realizava uma distorção da realidade em suas pinturas através das formas de objetos e implantação de cores fortes. Além disso, os artistas expressionistas buscavam evitar qualquer detalhe que sugerisse beleza ou polimento (GOMBRICH, 2000; ARGAN, 2006).

Figura 2 – O grito (1893) - Edvard Munch



Fonte – WikiArt

2.1.3 *Romantismo*

O Romantismo tornou-se uma tendência cultural no mundo ocidental entre o final do século XVIII e o início do século XIX. Esse movimento ocasionou uma reavaliação da natureza artística e de seu papel na sociedade. Os românticos procuraram se libertar das convenções acadêmicas, em favor da livre expressão de personalidade. Desta forma, o Romantismo passou a trazer como principal característica a valorização dos sentimentos e da imaginação (PROENÇA, 2014).

Características que podem ser notadas de uma maneira mais geral em obras romancistas são os valores estéticos, compostos por sentimentos, nacionalismo e valorização da natureza. A cor passa a ser novamente valorizada, os contrastes de claro-escuro apresentam-se com mais frequência, que acaba produzindo efeitos de dramaticidade ao observador. Também, é comum a presença da natureza, tornando-se um tema constantemente apresentado nas pinturas. Esses aspectos ressaltam em conteúdos mais paisagistas, mostrando as formas da natureza, expressões fortes em todos os rostos e animais representados por traços sublimes. Em pinturas pertencentes ao Romantismo os artistas expressaram todo sentimento e paixão que podem ser carregados na tela (BROWN, 2001). Alguns artistas que tiveram obras influentes para o Romantismo foram: Goya, Eugène Delacroix e Joseph Turner

A Figura 3 mostra um exemplo de pintura pertencente ao Romantismo. É possível notar algumas das características citadas anteriormente nessa pintura.

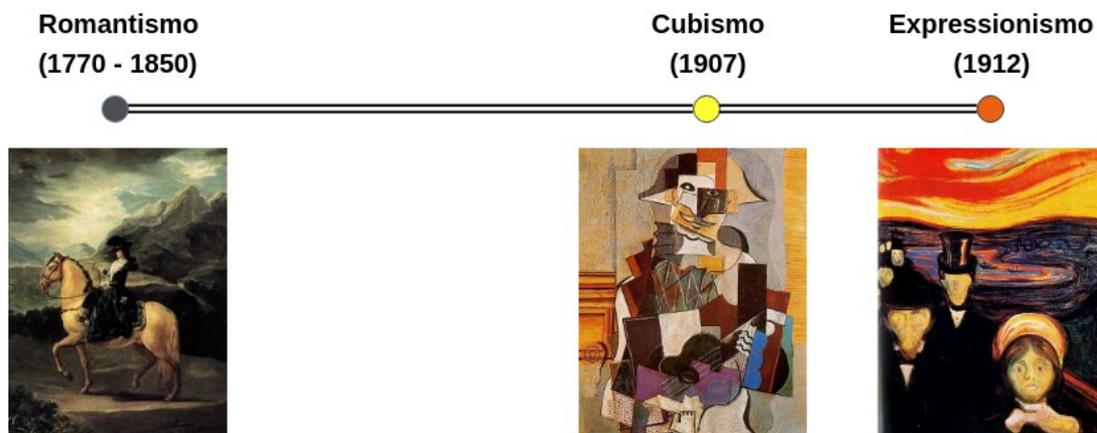
Figura 3 – *James Abercromby of Tullibody, Esq (1779)* - David Allan



Fonte – WikiArt

A Figura 4 mostra uma linha do tempo dos movimentos artísticos adotados para este trabalho, com exemplos de pinturas pertencentes a cada movimento.

Figura 4 – Linha do tempo dos movimentos artísticos: Romantismo, Cubismo e Expressionismo



Fonte – Elaborada pelo próprio autor

2.2 Processamento Digital de Imagens

O campo de Processamento Digital de Imagens faz o uso de um computador para o processamento de imagens digitais. Uma imagem digital é composta por um número finito de *pixels*, cada um destes com uma localização e valor específico. Em termos gerais, uma imagem pode ser definida como uma função bidimensional $f(x,y)$, cujo valor corresponde à intensidade do ponto de coordenada (x,y) (GONZALEZ; WOODS, 2006). Assim, uma imagem de tamanho

$N \times N$, pode ser representada como um matriz, conforme mostrado na Figura 5.

Figura 5 – Imagem de tamanho $N \times N$ representada por uma matriz

$$\begin{bmatrix} f(1,1) & f(1,2) & \dots & f(1,N) \\ f(2,1) & f(2,2) & \dots & f(2,N) \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ f(N,1) & f(N,2) & \dots & f(N,N) \end{bmatrix}$$

Fonte – Elaborada pelo próprio autor baseada de (PETROU; PETROU, 2010)

Uma das etapas fundamentais na área de Processamento Digital de Imagens é a etapa de descrição. Para a realização desta etapa é necessário o uso de um descritor de imagem.

2.2.1 *Descritores de imagens*

Um descritor pode ser entendido como uma característica representativa de um objeto que está sendo analisado. A descrição pode ser feita a partir da forma do objeto, ou por meio de sua área (PEDRINI; SCHWARTZ, 2008). Descritores de imagens atuam como base de recuperação da informação visual por meio da extração de características de uma imagem. A descrição é um passo preliminar em sistemas de análise automática de imagens. As descrições de objetos ou regiões constituem em uma entrada para métodos de reconhecimento. A escolha de um método de descrição é diretamente dependente do problema a ser tratado. Deve-se priorizar a escolha de descritores que possam capturar a diferença da classe de objetos ou de um objeto singular, essencialmente mantendo a imparcialidade, independente da orientação, tamanho e localização da imagem.

Para este trabalho, foram adotados o uso de três descritores de imagens, sendo estes: GIST, LBP e COLOR.

2.2.1.1 *GIST descriptor*

O descritor GIST foi proposto em (OLIVA; TORRALBA, 2001; OLIVA; TORRALBA, 2002), nomeado como *Spatial envelope*. A ideia é desenvolver um modelo baseado em uma representação de baixo nível da imagem para um reconhecimento global das cenas, diferente do que acontece quando se usa segmentação, onde cada objeto da imagem passar a ser analisado de forma individual. Para isto, um conjunto de dimensões perceptivas são

definidas a fim de realizar uma representação da estrutura espacial das cenas. Isto é feito a partir da extração de cinco características: grau naturalidade, grau abertura, grau rugosidade, grau expansão e grau asperidade. Tais características são extraídas por meio de uma série de equações definidas no trabalho de Oliva e Torralba (2001). Estes autores mostraram que a estrutura espacial da cena é fortemente co-relacionada com estatísticas de segundo grau (DST) e com o arranjo espacial das estruturas na cena (WDST), permitindo a realização da extração de características por meio destas equações. Cada uma das características citadas são definidas da seguinte forma:

- **Grau de naturalidade:** A estrutura da cena é fortemente diferenciada entre um ambiente natural e um ambiente mais artificial, este seria um ambiente que tem uma maior intervenção do homem. Linhas verticais e horizontais dominam a estrutura de uma cena artificial. Enquanto, em uma cena de ambiente natural, existe maior predominância de zonas de texturas e contornos ondulados. Desta forma, cenas que possuem uma maior distribuição de bordas teriam um maior grau de naturalidade, tais cenas são comumente encontradas em paisagens naturais. Cenas que contêm uma maior quantidade de linhas inclinadas para uma orientação vertical e horizontal teriam um menor grau de naturalidade.
- **Grau de abertura:** Essa característica traz o senso de *enclosure* (ATICK; REDLICH, 1992) de uma cena espacial. Uma cena pode ter um envelope espacial fechado, ou seja, a cena possui um grande referencial de visualização, como, por exemplo, o centro de uma cidade, uma floresta, etc. Uma cena também pode ser vasta e aberta, como, por exemplo, uma rodovia, uma costa, etc. O grau de abertura é determinado pela existência de linhas horizontais e a carência de referências visuais, ou seja, o grau de abertura de uma cena é inversamente proporcional ao número de elementos de fronteira.
- **Grau de rugosidade:** A rugosidade de uma cena está ligada diretamente com o tamanho de seus principais componentes. Desta forma, o grau de rugosidade depende do tamanho dos elementos, em uma escala espacial, e também da complexidade dos objetos contidos na cena.
- **Grau de expansão:** O grau de expansão está relacionado a percepção do gradiente de profundidade do espaço de uma estrutura. Por exemplo, a vista plana de um edifício teria um baixo grau de expansão. Enquanto, uma rua com diversos pontos de vistas teria um baixo grau de expansão.

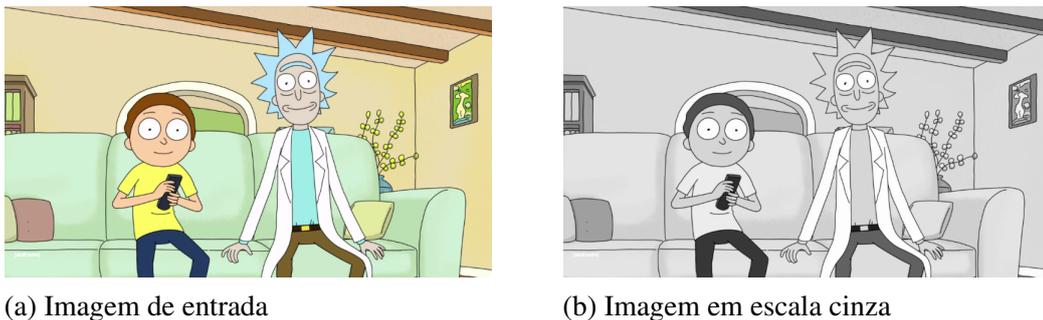
- **Grau de asperidade:** A asperidade se refere a desviação do solo em relação ao horizonte. Um ambiente áspero produz contornos oblíquos em uma pintura e oculta a linha do horizonte. Cenas artificiais geralmente apresentam um maior nível de asperidade.

2.2.1.2 *Local Binary Patterns*

Ojala, Pietikäinen e Harwood (1996) propuseram o descritor *Local Binary Patterns* (LBP) para a análise de texturas. A textura de imagem pode ser caracterizada pela extração do seu espectro, que trata-se da ocorrência de unidades computadas por meio de uma máscara que percorre as regiões de uma imagem.

Para iniciar o processo, o primeiro passo é transformar a imagem de entrada para uma imagem em escala cinza, pois o LBP opera em imagens de escala cinza. Um exemplo pode ser visto na Figura 6.

Figura 6 – Transformação da imagem de entrada para uma imagem de escala cinza

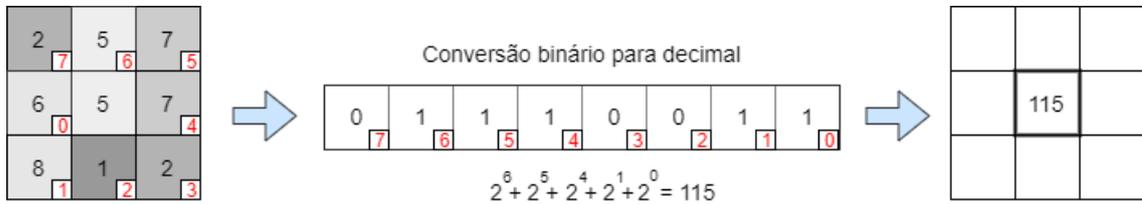


Fonte – Captura de tela da série de televisão Rick and Morty, produzida por AdultSwim

Em seguida, devemos calcular a máscara LBP da imagem, fazemos isto da seguinte forma: para cada pixel da imagem em escala cinza, selecionamos a vizinhança (pixels adjacentes) deste pixel e calculamos o valor LBP do pixel central. Note que a vizinhança e o pixel central pode ser representada como uma matriz 3×3 . Depois de realizar o cálculo do valor LBP, atualizamos o valor do pixel central para o valor LBP calculado. Para fazer o cálculo do LBP comparamos o valor do pixel central com cada pixel de sua vizinhança. Podemos fazer isto iniciando o processo a partir de qualquer pixel da vizinhança, em sentido horário ou anti-horário, desde que usemos a mesma ordem para todos pixels. A vizinhança, neste caso, é composta por 8 pixels, logo, temos 8 comparações. Cada comparação é realizada da seguinte forma: se o valor do pixel central é menor ou igual ao pixel da vizinhança, guardamos 1 em um *array* binário, caso contrário, guardamos 0 no *array*. No final disto, temos um *array* binário com 8 bits, agora

basta transformar esse *array* em um número decimal, que corresponde ao valor do LBP. Um exemplo deste processo pode ser visto na Figura 7.

Figura 7 – Cálculo do valor LBP a partir da matriz de vizinhança

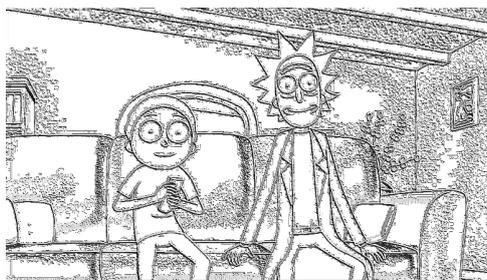


Fonte – Elaborada pelo próprio autor adaptada de (OLIVA; TORRALBA, 2001)

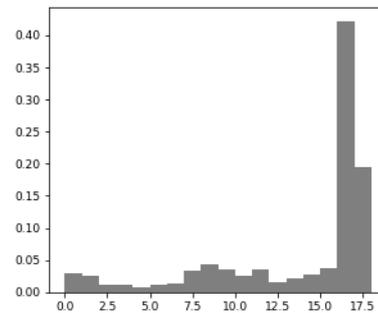
Uma vez que calculamos a máscara LBP da imagem, devemos calcular e normalizar o seu histograma. O histograma de uma imagem digital com níveis de intensidades sob um intervalo fechado é uma função discreta $h(r_k) = n_k$, onde r_k é o k -ésimo valor da intensidade e n_k é o número de pixels pertencente a imagem que possuem intensidade igual a r_k (GONZALEZ; WOODS, 2006).

A Figura 8 mostra o processo partindo da imagem em escala cinza (Figura 6b) até o cálculo do histograma e normalização da máscara LBP (Figura 8).

Figura 8 – Cálculo da máscara LBP feito a partir da Figura (6b) e extração do histograma LBP



(a) Cálculo da máscara LBP



(b) Histograma LBP

Fonte – Elaborada pelo próprio autor

2.2.1.3 COLOR

Baseado no modelo *Probabilistic Latent Semantic Analysis* (PLSA) (HOFMANN, 1999), Weijer, Schmid e Verbeek (2007) propuseram um descritor para o aprendizado de cores em um conjunto de imagens digitalizadas, o PLSA-bg. Dada uma coleção de imagens digitalizadas como entrada, o PLSA-bg busca encontrar um conjunto de rotulações para as cores pertencentes a essa coleção.

Para entendermos o modelo PLSA-bg, primeiro explicaremos como funciona o modelo PLSA. Dado um conjunto de documentos $D = \{d_1, \dots, d_n\}$ onde cada elemento desse conjunto é descrito por um vocabulário $W = \{w_1, \dots, w_n\}$, e onde cada palavra desse vocabulário é tomada a fim de gerar possíveis tópicos latentes descritos por um conjunto $Z = \{z_1, \dots, z_n\}$. Em um modelo PLSA, a probabilidade condicional de uma palavra w estar em um documento d é dada pela Equação 2.1:

$$P(w|d) = \sum_{z \in Z} P(w|z) P(z|d) \quad (2.1)$$

onde as distribuições $P(z|d)$ e $P(w|z)$ são ambas discretas, e podem ser estimadas usando um algoritmo EM (HOFMANN, 2017).

No modelo PLSA-bg um documento D passa a ser representado por uma imagem digitalizada, onde cada $d_i \in D$ representa uma região dessa imagem. Um vocabulário W passa a ser representado como um conjunto que possui todas ocorrências de *pixels* w de valores distintos. E, por último, os possíveis tópicos latentes de um conjunto Z passam a ser representados pelas rotulações das cores.

Com isto, para realizar a predição de cores em uma imagem utilizando o modelo PLSA-bg, basta calcular para cada região $d_i \in D$ a probabilidade de uma cor $z \in Z$ estar na região d_i , formada por cada *pixel* $w \in W$ dessa imagem digital. Isto é feito a partir da seguinte Equação 2.2.

$$P(z|w, d) \propto P(w|z) P(z|d) \quad (2.2)$$

Para a implementação do descritor COLOR utilizada neste trabalho, os elementos do conjunto Z representam as seguintes cores: branco, preto, cinza, amarelo, vermelho, azul, verde, marrom, rosa, laranja e roxo.

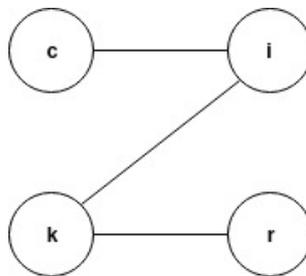
2.3 Grafos

Um grafo G é um par ordenado $G = (V, E)$, onde V é um conjunto finito de elementos comumente chamados de vértices ou nós. E sendo E um conjunto finito de pares (não-ordenados) de vértices chamados de arestas. Algumas definições de grafos necessárias para este trabalho:

- **Grafo simples:** não possui laços ou arestas múltiplas. Desta forma, não existe uma aresta e , tal que $e = (v_i, v_i)$. Também não existe duas arestas que possuem o mesmo par de vértices.
- **Grafo conexo:** para qualquer par de vértices u e v em G , partindo de u é possível chegar em v , e vice-versa.
- **Árvore:** um grafo G é uma árvore se este é conexo e não possui ciclos (caminho em que $v_0 = v_n$).
- **Antecessor:** em uma árvore, um vértice v é antecessor de um vértice u , se u está em um nível abaixo do nível de v .
- **Sucessor:** em uma árvore, um vértice v é sucessor de um vértice u , se u está em um nível acima do nível de v .
- **Expansão:** em uma árvore, expandir um vértice v significa incluir na estrutura que dá ordem a busca todos os vértices sucessores de v .

Os grafos utilizados neste trabalho serão grafos simples e árvores. Exemplo de um destes grafos pode ser visto na Figura 9.

Figura 9 – Grafo $G(V, E)$, onde $V = \{c, i, k, r\}$ e $E = \{(c, i), (i, k), (k, r)\}$



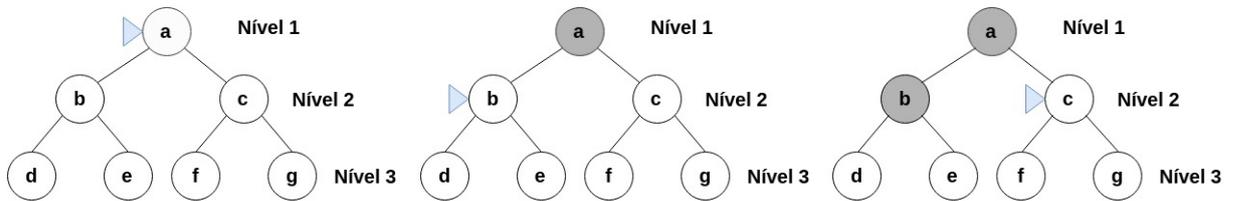
Fonte – Elaborada pelo próprio autor

Neste trabalho usaremos dois tipos de buscas em grafos: busca em largura e busca em profundidade. Explicaremos nas sub-seções 2.3.1 e 2.3.2 como essas buscas atuam.

2.3.1 Busca em largura

A busca em largura parte de um nó raiz do grafo, expandindo-o, em seguida todos os nós sucessores são expandidos, depois os sucessores desses nós, e assim por diante até que todos os nós do grafo sejam alcançados. Com essa estratégia, todos os nós que estão em um nível n da árvore são expandidos antes que um nó que se encontra em um nível $n + 1$ seja alcançado. A Figura 10 mostra um exemplo de execução da busca em largura em uma árvore.

Figura 10 – Três primeiros passos da execução de uma busca em largura em uma árvore. Nós pintados em cinza indicam que este nó já foi alcançado pela a busca

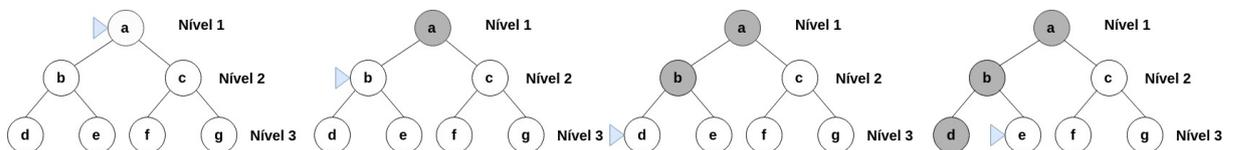


Fonte – Elaborado pelo próprio autor adaptado de (RUSSELL; NORVIG, 1995)

2.3.2 Busca em profundidade

A busca em profundidade parte de um vértice raiz do grafo, expandindo-o, em seguida expande um de seus sucessores, depois expande um dos sucessores desse nó, e assim por diante até que a busca encontre o nó mais profundo da árvore, quando isto acontece, a busca volta ao nó antecessor que possui nós sucessores que ainda não foram explorados e continua o processo. A Figura 11 mostra um exemplo de execução da busca em profundidade em uma árvore.

Figura 11 – Quatro primeiros passos da execução de uma busca em profundidade em uma árvore. Nós pintados em cinza indicam que este nó já foi alcançado pela a busca



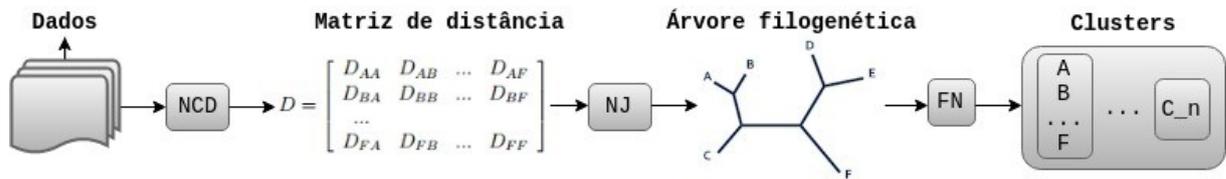
Fonte – Elaborado pelo próprio autor adaptado de (RUSSELL; NORVIG, 1995)

2.4 DAMICORE

A DAMICORE (SANCHES; CARDOSO; DELBEM, 2011) é uma ferramenta de clusterização e classificação, que não requer nenhum tipo de extração prévia de características. A DAMICORE faz uso de um conjunto de soluções *ad hoc*, aplicadas em diferentes campos, como, por exemplo, Teoria da Informação, Filogenia e Redes Complexas. Um fator relevante para a escolha destas soluções é a compatibilidade de entrada e saída entre elas. O fluxo de execução da DAMICORE pode ser visto na Figura 12.

Inicialmente, é criada uma matriz de distância a partir do dados de entrada, esta matriz é calculada a partir da técnica *Normalized compression distance* (CILIBRASI; VITÁNYI,

Figura 12 – Fluxo de execução da ferramenta DAMICORE



Fonte – Elaborada pelo próprio autor adaptada de (ANDRADE, 2016)

2005). Em seguida, é gerada uma árvore filogenética que ressalta a relação entre as distâncias de entrada. Esta árvore é gerada por meio do algoritmo *Neighbor joining* (SAITOU; NEI, 1987). A última etapa consiste em aplicar o algoritmo *Fast Newman* (NEWMAN, 2010) que é comumente utilizado para mineração de grande volumes de dados. No contexto da DAMICORE, o *Fast Newman* passa a atuar sobre a árvore filogenética a fim de destacar porções mais representativas de dados.

Os tópicos a seguir mostram o embasamento teórico de cada um destes métodos.

2.4.1 *Normalized compression distance*

A técnica de *Normalized compression distance* (NCD) pode ser aplicada a diferentes tipos de dados. Seu uso consiste na utilização de uma métrica para encontrar relações entre um conjunto de dados. A NCD mostra diferencial por fazer uso apenas da codificação binária de objetos, assim, não se faz necessário o uso de estrutura de dados para representação de objetos. Além disto, esta técnica mostra-se adequada para diferentes aplicações, pois, pode ser aplicada mesmo quando não se conhece bem os objetos que estão sendo analisados.

Para compreendermos a essência do NCD precisamos conhecer o conceito de similaridade de objetos, dizemos que dois objetos x e y são similares se x pode ser comprimido utilizando a informação expressiva extraída a partir de y , e vice-versa (CILIBRASI; VITÁNYI, 2005). Esta ideia de informação está diretamente relacionada ao conceito de entropia oriundo da Teoria da Informação, a entropia representa a quantidade de informação necessária para predizer uma resposta, neste caso, se a entropia de x for expressiva em relação a y , então, torna-se mais fácil descrever y apenas referenciando x . A fonte de entropia utilizada para descrever essas relações será dada a partir de um compressor.

A propriedade utilizada para o cálculo de distância de compressão de objetos tem como base a teoria da complexidade de Kolmogorov (MING; VITÁNYI, 1997). A complexidade Kolmogorov $K(x)$ de um objeto x , é o menor comprimento de uma *string* que descreve o objeto

x em uma linguagem Σ . Infelizmente, seu cálculo é computacionalmente intratável, por este motivo, Cilibrasi e Vitányi (2005) propuseram a métrica NCD, que faz uma aproximação da complexidade de Kolmogorov em um tempo de computação viável. A NCD de dois objetos x e y , pode ser calculada de acordo com a Equação 2.3.

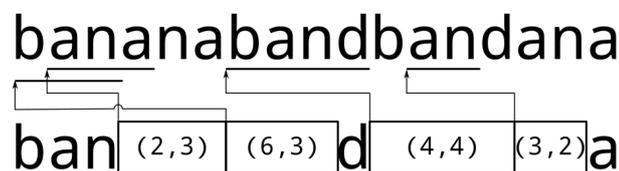
$$NCD(x,y) = \frac{C(xy) - \min\{C(x), C(y)\}}{\max\{C(x), C(y)\}} \quad (2.3)$$

Onde $C(x)$ é dado como a distância de compressão do objeto x , e xy é um objeto criado a partir da concatenação de x com y .

A eficiência da aproximação dada pelo método NCD é fortemente dependente da taxa de compressão do compressor usado. Assim, a escolha do compressor torna-se um passo fundamental para uma boa performance do NCD, uma vez que a tarefa de detecção de padrões descritíveis e de forma compacta é dada por ele. Exemplos de descritores práticos e eficientes que podem ser utilizados com o NCD são: gzip e bunzip2, descritos a seguir.

- O gzip é tem sua implementação baseada no algoritmo LZ77 (ZIV; LEMPEL, 1977) e funciona da seguinte maneira, uma janela deslizante de K -bytes percorre uma *string* de bytes, o algoritmo busca por ocorrências prévias de bytes que deverão ser escritos em um dado momento. Ao encontrar um padrão que se repete, é emitida uma instrução do tipo "copie os n bytes que se encontram m bytes atrás", caso um padrão não seja encontrado, os bytes são escritos sem nenhuma compressão. A Figura 13 mostra o resultado de uma compressão realizada na palavra "bananabandbandana".

Figura 13 – Exemplo de compressão obtida utilizando o algoritmo LZ77. Sequências repetidas são representadas pelo par (m-bytes atrás, comprimento)



Fonte – Cesar (2016)

O compressor gzip é bastante utilizado no protocolo HTTP, além de ser comumente utilizado para compressão de arquivos.

- O bzip2 é um compressor de ordenação de contexto, baseado na transformada de Burrows-Wheeler (BURROWS; WHEELER, 1994). Dada uma *string* de bytes, a transformada de Burrows-Wheeler realiza todas as rotações possíveis da *string* e depois as ordena

lexicograficamente. Por último, o último byte de cada rotação é emitido como saída da transformada. Um exemplo da aplicação da transformada na compressão da palavra "bananabandbandana" é mostrado na Tabela 1.

Tabela 1 – Exemplo da transformada de Burrows-Wheeler na *string* "bananabandbandana"

Rotações		Ordenação		
0	bananabandbandana	16	abananabandbanda	n
1	ananabandbandanab	5	abandbandanabana	n
2	nanabandbandanaba	14	anabananabandban	d
3	anabandbandanaban	3	anabandbandanaba	n
4	nabandbandanabana	1	ananabandbandana	b
5	abandbandanabanana	11	andanabanaband	b
6	bandbandanabanana	7	andbandanabanana	b
7	andbandanabanana	0	bananabandbandan	a
8	ndbandanabanana	10	bandanabanabanab	d
9	dbandnabanabanab	6	bandbandanabanana	a
10	bandnabanabanaband	13	danabanabandba	n
11	andanabanabandb	9	dbandnabanabanaba	n
12	ndanabanabandba	15	nabanabandband	a
13	danabanabandban	4	nabandbandanaban	a
14	anabanabandband	2	nanabandbandanab	a
15	nabanabandbanda	12	ndanabanabandb	a
16	abananabandbandan	8	ndbandnabanabanab	a
Transformada: nndnbbbadaannaaaa				

Fonte – Elaborada pelo próprio autor, adaptada de Cesar (2016)

O compressor bzip2 é amplamente utilizado na compressão de textos de linguagem natural e demonstra um bom desempenho na descompressão de grandes arquivos.

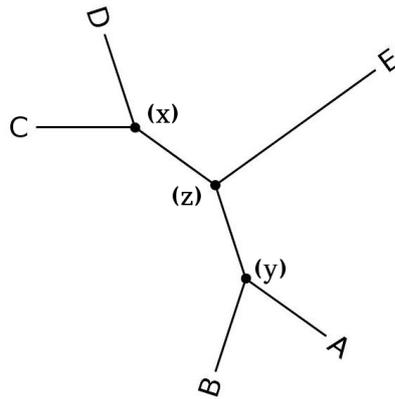
2.4.2 *Neighbor joining*

O método *Neighbor joining* (NJ) foi consolidado na Biologia como um método eficiente para a identificação de filogenias entre espécies. Um grafo é utilizado para realizar a representação das relações dadas pelos objetos do domínio. Devido o NJ ser um método simples e computacionalmente eficiente, este método se expandiu para outras áreas, uma vez que este não se torna dependente dos modelos evolutivos concebidos na Biologia, podendo assim, ser aplicado a outros campos. A sua entrada consiste em uma matriz de distância dos objetos (neste caso obtida por meio do NCD), em seguida, é realizado um passo de simplificação sobre os dados desta matriz, no final do processo as informações passam a ser representadas como um grafo que descreve as relações entre os objetos, especificamente, no caso da DAMICORE este grafo é dado como uma árvore filogenética.

A estrutura de uma árvore filogenética representa como as espécies evoluíram a

partir de uma série de ancestrais comuns. Com essa representação é possível dizer se duas ou mais espécies estão correlacionadas, de acordo com o ancestral comum mais próximo destas. A Figura 14 mostra um exemplo de uma árvore filogenética com cinco espécies de interesse (A, B, C, D, E). Os pontos x, y são os ancestrais comuns dos grupos de espécies C, D e A, B , respectivamente, enquanto z é o ancestral comum de todas as espécies.

Figura 14 – Exemplo de árvore filogenética



Fonte – Elaborada pelo próprio autor

2.4.3 *Fast Newman*

Uma vez que o método *Neighbor joining* foi executado, é obtido como saída uma árvore filogenética. O método *Fast Newman* (FN) tem como objetivo encontrar sub-árvores desta árvore que apresentam alto grau de independência, ou seja, o FN irá identificar as comunidades mais representativas desta árvore, e em seguida efetuar a criação de grupos de dados que apresentam co-relações nestas comunidades.

3 TRABALHOS RELACIONADOS

Neste capítulo, a Seção 3.1 apresenta os trabalhos de Cesar (2016) e Gomes (2016), esses trabalhos utilizaram a ferramenta DAMICORE para tarefas de classificação e/ou clusterização aplicadas a diferentes domínios. Enquanto na Seção 3.2 são apresentados os trabalhos de Florea, Florea e Badea (2016) e Zujovic et al. (2009), que fazem uso de alguns dos descritores utilizados neste trabalho para o propósito de classificação de pinturas digitalizadas.

3.1 DAMICORE

3.1.1 Estudo e extensão da metodologia DAMICORE para tarefas de classificação

Cesar (2016) explorou maneiras alternativas de configuração para o fluxo de trabalho da DAMICORE. Avaliando a influência de alterações nos passos fundamentais do processo, como, por exemplo, as etapas de simplificação e detecção de *cluster*. Além disto, Cesar (2016) realizou uma extensão da metodologia da DAMICORE para tarefas de classificação, para um número qualquer de classes. Tornando a ferramenta aplicável a outros domínios de problemas, e que vão além das tarefas de clusterização que eram previamente realizadas.

Para isto, foi necessária uma nova implementação da arquitetura da DAMICORE, uma vez que a implementação existente era dependente de ferramentas utilizadas por via de comando que eram de difícil compatibilização, não permitindo que o uso de outros componentes fossem incorporados na ferramenta.

3.1.2 Detecção de ilhamento de geradores síncronos distribuídos por correlações da mineração complexa de dados

Gomes (2016) propôs uma nova técnica que atua de forma passiva e inteligente para a proteção anti-ilhamento de geradores síncronos distribuídos. O método proposto para isso, faz uso da ferramenta DAMICORE. Nesse trabalho, o método NCD foi substituído pela métrica de distância euclidiana, uma vez que o problema tratado é exclusivamente de domínio numérico, tornando a etapa de simplificação da DAMICORE mais rápida.

Um ilhamento ocorre quando um ou mais geradores distribuídos alimentam uma porção de um sistema que se encontra eletricamente isolada do restante do sistema elétrico. Para a detecção de ilhamentos, o método de Gomes (2016) utiliza dez características que são

consideradas importantes em sinais de tensão e corrente trifásicas no ponto de um acoplamento comum, como entrada para a DAMICORE. Parte dos resultados obtidos nesse trabalho se deram a partir da análise por inspeção visual das árvores filogenéticas criadas pelo processo da DAMICORE. Além disto, o autor propôs uma comparação de desempenho de funções obtidas por meio da DAMICORE e funções obtidas por meio de um dispositivo chamado relé de frequência, que é destinado à proteção de máquinas ou equipamentos contra variações de frequência de uma rede elétrica. Nestes testes, as funções que utilizam a DAMICORE apresentaram tempos de detecção geralmente menores que 500 ms, vencendo em desempenho o relé de frequência para a maioria dos casos.

3.2 Extração de características em pinturas digitalizadas

3.2.1 Recognizing Surreal Compositions in Digitized Paintings

Florea, Florea e Badea (2016) tratam o problema de reconhecimento de objetos ilógicos contidos em pinturas digitalizadas pertencentes a dois movimentos artísticos (Realismo e Surrealismo). Para isto, é proposto um sistema baseado na extração de características e aprendizado de máquina que é capaz de fazer uma análise da global da cena de pinturas digitalizadas.

A extração de características das pinturas digitalizadas é feita com a seguinte abordagem: primeiro são buscadas as características mais relevantes para o domínio e então, é usado um classificador para fazer uma discriminação entre as categorias das características. Como os movimentos artísticos escolhidos são similares (Realismo e Surrealismo) em termos de paleta de cores e textura, é usado um conjunto de características que buscam uma análise global da cena, ao invés de características que visam os objetos contidos na imagem digital, como iluminação, cor, linhas e orientação.

Após a extração dos diferentes conjuntos de características, são aplicados algoritmos de Aprendizado de Máquina para cada um dos conjuntos. Os algoritmos usados são *Random forest* e *Nearest neighbours* com 1,3 e 7 vizinhos. Os resultados obtidos neste trabalho podem ser visualizados na Tabela 2.

Tabela 2 – Média da taxa de detecção para os classificadores utilizados

Algoritmo	HOG	PHOG	GIST	LBP	PLBP
<i>1-NN</i>	58.11%	59.95%	68.91%	59.73%	67.82%
<i>3-NN</i>	59.01%	60.65%	70.61%	59.92%	67.58%
<i>7-NN</i>	57.21%	62.29%	72.21%	59.89%	67.86%
<i>RF</i>	58.28%	64.85%	73.73%	62.46%	71.28%

Fonte – Florea, Florea e Badea (2016)

3.2.2 *Classifying Paintings by Artistic Genre: An Analysis of Features And Classifiers*

Zujovic et al. (2009) trabalham em uma abordagem de classificação automática de pinturas digitalizadas por movimento artístico. No trabalho existem cinco movimentos para a classificação: Expressionismo Abstrato, Cubismo, Impressionismo, Pop Art e Realismo.

O trabalho de classificação realizado é composto por dois estágios: extração das características e classificação. O método utilizado por estes autores, priorizam a utilização de informações de textura e coloração das pinturas digitalizadas. Isto permite que haja uma separação das características de processamento por escala de cinza e processamento colorido.

Para a classificação, são utilizados diferentes classificadores, sendo estes: *Naive Bayes*, *Nearest Neighbours* com 1 e 10 vizinhos, *Support Vector Machine*, Rede Neural Artificial com 4 camadas ocultas (HAYKIN, 2007) e a árvore de decisão J48 (WITTEN et al., 1999). O melhor resultado obtido foi de 68.3% usando uma Árvore de Decisão J48 como classificador, usando o conjunto de características formado pela a composição dos conjuntos extraídos a partir da decomposição de pirâmide, linhas características e o sistema de cores HSV (*Hue, Saturation, Value*).

Os trabalhos apresentados na Seção 3.1 mostram a versatilidade da ferramenta DAMICORE, que devido aos métodos utilizados em seu fluxo de tarefas permite a atuação desta ferramenta em diferentes cenários de aplicação, obtendo bons resultados. Por este motivo, faremos uso desta ferramenta para realizarmos uma análise da atuação da árvore filogenética gerada em seu processo quando aplicada ao domínio de pinturas digitalizadas, com o propósito de identificação de similaridades nestas pinturas.

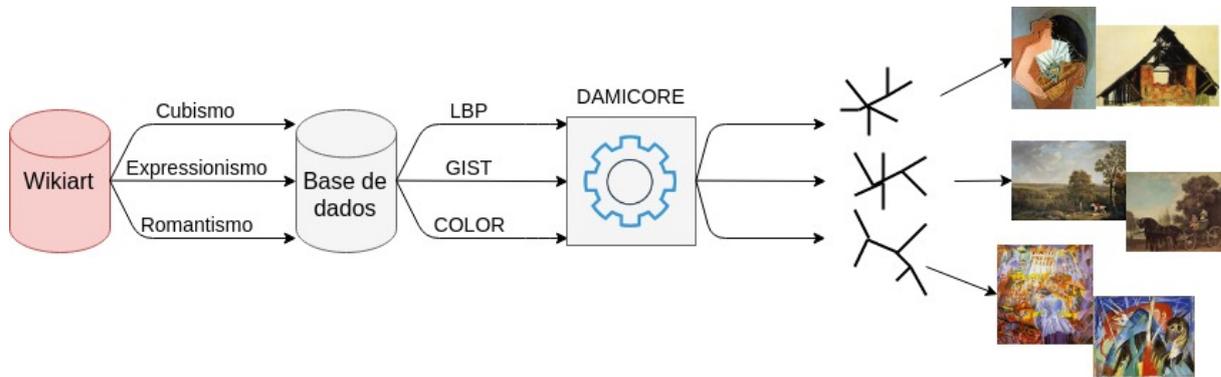
Os trabalhos apresentados na Seção 3.2 mostram alguns descritores que obtiveram bons resultados quando aplicados ao domínio de classificação de pinturas digitalizadas pertencentes a diferentes movimentos artísticos. Apesar da ferramenta DAMICORE não requerer nenhuma extração prévia de atributos, faremos uso dos descritores LBP, GIST e

COLOR para a extração de características das pinturas, e, então, forneceremos como entrada para a DAMICORE os vetores de características obtidos por cada um destes descritores, a fim de obter-se diferentes árvores filogenéticas que ressaltam correlações a partir da análise individual feita pelos descritores LBP, GIST e COLOR.

4 PROCEDIMENTOS METODOLÓGICOS

O procedimento metodológico realizado neste trabalho é ilustrado na Figura 15. A primeira etapa do procedimento consiste na coleta da base de dados a partir do *WikiArt* (Seção 4.1). Em seguida, foi realizada uma análise e extração dos conjuntos de características utilizando os descritores LBP, GIST e COLOR nesta base de dados (Seção 4.2). Para obtermos as árvores filogenéticas baseadas no conjunto de descritores, fornecemos como entrada para a DAMICORE o conjunto de características extraídos por cada descritor (Seção 4.3). Por último, foram realizadas buscas nessas árvores filogenéticas a fim de obter-se grupos de pinturas correlacionadas de acordo com a abordagem proposta pelos descritores (Seção 4.4).

Figura 15 – Procedimento metodológico realizado neste trabalho.



Fonte – Elaborada pelo próprio autor

4.1 Coleta da base de dados

A base de dados utilizada neste trabalho conta com 1114 pinturas digitalizadas coletadas do de três diferentes movimentos artísticos, sendo estes: Cubismo, Expressionismo e Romantismo. O número de pinturas digitalizadas para cada um destes movimentos na base de dados é de 389, 362 e 363, respectivamente. A aquisição da base foi feita por meio de um *script* que navegava nas páginas do *WikiArt* coletando as imagens de acordo com o movimento artístico atribuído como parâmetro. Após a execução do *script*, foi feito um trabalho manual para excluir algumas imagens que não apresentavam o conteúdo desejado, como por exemplo, fotografias de objetos 3D. Outras possíveis fontes de imagens digitalizadas, mas que não foram utilizadas para este trabalho, são *Google Arts*, *VirtualGallery*, sites de museus com acervos disponíveis online, etc.

Durante a coleta da base de dados não foi seguido nenhum critério de seleção, além do movimento artístico. Desta forma, as pinturas obtidas não seguem nenhum padrão de tamanho ou qualidade de resolução.

4.2 Análise dos descritores e extração de características

Os trabalhos de Florea, Florea e Badea (2016) e Zujovic et al. (2009) mostraram que os descritores GIST, LBP e COLOR obtiveram bons resultados para a extração de características representativas em pinturas digitalizadas, mesmo quando considerados diferentes movimentos artísticos. O mesmo aconteceu para a base utilizada neste trabalho, esta evidência foi possível de ser notada a partir dos experimentos realizados com os descritores na fase de projeto deste trabalho.

Fazendo uma análise individual dos descritores, por meio do GIST, podemos fazer um estudo global da cena em uma imagem digitalizada. O descritor LBP faz sua descrição a partir da análise de texturas das pinturas. Por fim, o descritor COLOR busca a descrição das pinturas a partir do conjunto de cores associadas a elas. Com isto, temos três descritores que trazem abordagens diferentes para a etapa de descrição das imagens, o que nos permite a obtenção de grupos de imagens que apresentam similaridades a partir de um conjunto de características em comum, extraídas por cada descritor.

Para a extração de características em nossa base de dados utilizamos o MATLAB¹. O próprio MATLAB já disponibiliza um módulo nativo para a extração de características utilizando o descritor LBP, possibilitando até algumas variações, como por exemplo, o número de vizinhos na matriz de adjacência, raio de seleção dos vizinho, etc. Para o descritor GIST, foi utilizada a implementação² disponibilizada pelo seu próprio autor. Por fim, para a extração de características a partir do descritor COLOR, foi utilizado o *framework: Computer vision feature extraction toolbox for image classification*³.

4.3 Construção de árvores filogenéticas baseadas no conjunto de descritores

Uma vez que foi realizada a extração de características a partir de cada descritor, serão construídas as árvores filogenéticas correspondentes a estes. Para isto, foi utilizada a ferramenta

¹ <<https://www.mathworks.com/products/matlab.html>>

² <people.csail.mit.edu/torralba/code/spatialenvelope/>

³ <github.com/adikhosla/feature-extraction>

DAMICORE. Vale ressaltar que a etapa de extração de características poderia não ser realizada, uma vez que a DAMICORE consegue atuar sobre qualquer tipo de dados sem a extração prévia de atributos. Desta forma, poderia ser fornecido como entrada apenas as pinturas digitalizadas. Entretanto, utilizando os vetores de características ao invés das próprias pinturas, aceleramos a etapa de construção das árvores filogenéticas, tornando o processo computacionalmente mais rápido. Além disto, utilizando o conjunto de características extraídas por cada descritor temos uma árvore filogenética representante de cada conjunto, permitindo uma análise individual de cada árvore.

A DAMICORE recebe como entrada um conjunto de objetos e um compressor de arquivos para a realização dos processos de clusterização. O compressor utilizado neste trabalho foi o `gzip`⁴. Para a obtenção das árvores filogenéticas executamos a DAMICORE dando como entrada um conjunto de arquivos $A = \{img_1.txt, img_2.txt, \dots, img_{1114}.txt\}$ obtido por um dos descritores. Cada elemento do conjunto A representa o vetor de características de uma pintura digitalizada i pertencente a base de dados. No fim da execução, a DAMICORE dá como saída três arquivos, sendo estes:

- `.phylip`: contém informações sobre as matrizes de distância dos objetos utilizados na compreensão.
- `.newick`: contém a formatação no padrão *Newick*⁵ representante da árvore filogenética obtida durante o processo.
- `.clusters`: contém todos grupos de dados que apresentam correlações identificados durante o processo.

Como o arquivo `.newick` traz a representação da árvore filogenética, é ele que iremos processar para realizar as buscas na árvore.

4.4 Obtenção de um conjunto de pinturas realizando buscas em árvores filogenéticas

Com o objetivo de realizar agrupamentos a partir das similaridades apresentadas nas pinturas, propomos a execução de buscas nestas árvores partindo de uma pintura que se encontra em algum nó da árvore. Quando a busca for terminada, teremos um conjunto com n pinturas que foram encontradas a partir da pintura inicial em uma ordem definida, sendo esta: em largura ou profundidade. Essas buscas serão realizadas a partir do arquivo `.newick` obtido com a realização

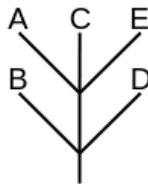
⁴ <www.gnu.org/software/gzip/>

⁵ <evolution.genetics.washington.edu/phylip/newicktree.html>

do procedimento descrito na Seção 4.3.

O arquivo `.newick` apresenta o padrão *Newick*, um padrão para a representação de árvores por meio da precedência de parênteses, proposto pelo matemático Arthur Cayley⁶ em 1857. A Figura 16 mostra uma árvore com raiz que pode ser representada pela seguinte sequência de caracteres: "(B,(A,C,E),D);".

Figura 16 – Árvore representada pelo formato *Newick* (B,(A,C,E),D);



Fonte – Elaborada pelo próprio autor

No formato *Newick* a árvore termina com um ponto e vírgula. Os nós encontrados nos níveis mais baixos desta árvore são nós internos. Nós internos são representados por um par de parênteses, entre eles estão os nós que são descendentes imediatos, separados por vírgulas. Além disso, o tamanho dos ramos pode ser acrescentado à árvore, colocando um número real, depois de um nó e antes de uma vírgula. Isto traz a representação da distância para os nós que se encontram em um nível imediatamente abaixo. Com isto, podemos representar a árvore anterior inserindo distância entre os nós a partir dos ramos. Como, por exemplo, "(B:3.0,(A:2.0,C:2.0,E:3.0):2.0,D:7.0);".

Para realizar o processamento do arquivo, utilizamos o BioPython⁷. O BioPython é um conjunto de ferramentas disponíveis gratuitamente para computação biológica, codificado na linguagem de programação Python.

Uma vez que o arquivo foi processado, utilizamos a função `find_clades` que pode ser encontrada no módulo `newick` da *framework*. Esta função recebe como parâmetro uma ordem de busca na árvore, essa ordem pode ser tanto uma busca em largura, como uma busca em profundidade, e atribui como retorno a ordem em que os nós foram encontrados. Para obtermos conjuntos de imagens realizamos uma adaptação na função `find_clades`, a fim de possibilitar o início da busca a partir de qualquer nó da árvore, ao contrário do que acontecia, onde a busca era iniciada a partir do nó mais próximo da raiz. Além disto, fizemos uma mudança que parava a busca quando n nós da árvore fossem encontrados.

⁶ <www-history.mcs.st-andrews.ac.uk/history/Biographies/Cayley.html>

⁷ <biopython.org>

Com isto, para se obter um conjunto de pinturas a partir da árvore filogenética, basta fornecer uma sequência com os seguintes parâmetros para o algoritmo:

- Nó (pintura) da árvore filogenética a ser usado como ponto de partida.
- Número de pinturas digitalizadas necessárias para o conjunto.
- Ordem que a busca deve ser realizada (largura ou profundidade).

A implementação desta adaptação pode ser encontrada em <https://github.com/torres07/tcc-digitalized-paintings/>.

5 EXPERIMENTOS E RESULTADOS

Este capítulo apresenta os experimentos realizados e os resultados obtidos segundo o processo metodológico definido no Capítulo 4, assim como as respectivas discussões sobre estes resultados. Os experimentos foram realizados a partir das 1114 pinturas digitalizadas contidas na base de dados, sendo 389 destas pinturas pertencentes ao Cubismo, 362 pertencentes ao Expressionismo e outras 363 pertencentes ao Romantismo.

Os experimentos consistiram na geração de conjuntos de pinturas com sete abordagens diferentes, sendo estas:

1. Busca em largura na árvore filogenética obtida pelo descritor LBP.
2. Busca em profundidade na árvore filogenética obtida pelo descritor LBP.
3. Busca em largura na árvore filogenética obtida pelo descritor GIST.
4. Busca em profundidade na árvore filogenética obtida pelo descritor GIST.
5. Busca em largura na árvore filogenética obtida pelo descritor COLOR.
6. Busca em profundidade na árvore filogenética obtida pelo descritor COLOR.
7. Escolha aleatória de pinturas.

Para cada abordagem proposta foram gerados conjuntos de tamanhos diferentes e também quantidades de elementos por conjunto variáveis. Na Seção 5.1 mostramos exemplos de alguns conjuntos compostos por doze pinturas, obtidos seguindo as abordagens propostas, e realizamos uma breve comparação a partir de uma inspeção visual destes conjuntos.

5.1 Conjuntos obtidos

O conjunto de imagens mostrado na Figura 17 conta com três pinturas pertencentes ao Cubismo, três pinturas pertencentes ao Expressionismo e outras seis pinturas pertencentes ao Romantismo. Esse conjunto foi gerado utilizando uma busca em largura na árvore filogenética construída a partir do descritor LBP.

Ao observarmos individualmente as pinturas mostradas na Figura 17, nota-se que algumas pinturas apresentam similaridades com outras (por exemplo, os subconjuntos {2,3,12} e {4,7,8}). Por outro lado, se considerarmos todas as pinturas deste conjunto, similaridades passam a não ser tão claras, mas, ainda assim, é possível perceber que todas, exceto a pintura 11, apresentam um certo contraste entre o primeiro e segundo plano, com áreas cujas as texturas são bem definidas.

Figura 17 – Exemplo de conjunto obtido efetuando uma busca em profundidade na árvore filogenética construída a partir do descritor LBP



Fonte – Colagem elaborada pelo próprio autor

O motivo disso, possivelmente, deve-se a análise de textura realizada pelo LBP, já que a partir da textura é possível realizar esta separação de planos.

O conjunto de imagens mostrado na Figura 18 conta com quatro pinturas pertencentes ao Cubismo, quatro pinturas pertencentes ao Expressionismo e outras quatro pinturas pertencentes ao Romantismo. Esse conjunto foi gerado utilizando uma busca em profundidade na árvore filogenética construída a partir do descritor LBP.

Para esse conjunto, observando as pinturas {4, 5, 8, 11, 12} existe uma espécie de "deterioração" apresentada na textura das pinturas, isso aconteceu em pelo menos uma pintura de cada movimento artístico. Novamente, uma particularidade relacionada a textura foi ressaltada pela a árvore filogenética construída pelo descritor LBP. Neste conjunto também houve um maior equilíbrio do número de pinturas por movimento artístico, diferente do que aconteceu no conjunto mostrado na Figura 17.

O conjunto de imagens mostrado na Figura 19 conta com cinco pinturas pertencentes ao Cubismo, cinco pinturas pertencentes ao Expressionismo e outras duas pinturas pertencentes

Figura 18 – Exemplo de conjunto obtido efetuando uma busca em profundidade na árvore filogenética construída a partir do descritor LBP



Fonte – Colagem elaborada pelo próprio autor

ao Romantismo. Esse conjunto foi gerado utilizando uma busca em largura na árvore filogenética construída a partir do descritor GIST.

Sabendo que o descritor GIST busca uma análise global da cena das imagens, é possível notar que diferentes aspectos são apresentados nas imagens, mas que ainda assim, apresentam semelhanças entre si.

Um exemplo interessante desse conjunto foi o subconjunto de pinturas {8, 10, 12}. As pinturas 8 e 12 pertencem ao Expressionismo, enquanto a pintura 10 pertence ao Romantismo. Se fizermos uma análise geral dessas pinturas podemos perceber que todas elas apresentam um conteúdo global semelhante, apesar da diferença de traços e cores utilizadas, que não é foco do GIST. Também é possível perceber que algumas pinturas desse conjunto parecem não apresentar similaridades entre si, como, por exemplo, as pinturas 1 e 2. Mas se passarmos a observar as pintura 1 e 11, é possível notar que elas manifestam conteúdos semelhantes, mesmo pertencendo

Figura 19 – Exemplo de conjunto obtido efetuando uma busca em largura na árvore filogenética construída a partir do descritor GIST



Fonte – Colagem elaborada pelo próprio autor

a movimentos artísticos diferentes (Romantismo e Expressionismo, respectivamente).

O conjunto de imagens mostrado na Figura 20 conta com quatro pinturas pertencentes ao Cubismo, duas pinturas pertencentes ao Expressionismo e outras seis pinturas pertencentes ao Romantismo. Esse conjunto foi gerado utilizando uma busca em profundidade na árvore filogenética construída a partir do descritor GIST.

Nesse conjunto, um exemplo interessante foi a presença de construções ou monumentos em algumas pinturas, precisamente, no conjunto de pinturas {1, 2, 4, 6, 8}. Também é possível perceber que a pintura 8 traz um estilo diferente quando comparado as demais pinturas desse subconjunto.

O conjunto de imagens mostrado na Figura 21 conta com seis pinturas pertencentes ao Cubismo, cinco pinturas pertencentes ao Expressionismo e uma pintura pertencente ao Romantismo. Esse conjunto foi gerado utilizando uma busca em largura na árvore filogenética construída a partir do descritor COLOR.

Figura 20 – Exemplo de conjunto obtido efetuando uma busca em profundidade na árvore filogenética construída a partir do descritor GIST



Fonte – Colagem elaborada pelo próprio autor

Sabendo que esse conjunto foi gerado utilizando a árvore filogenética construída a partir do descritor COLOR, é possível notar alguns subconjuntos de pinturas que apresentam uma maior harmonia de cores. Exemplos destes são: {2, 3, 4, 5, 10}, essas pinturas apresentam tons de azul e rosa com frequência, {6, 9} apresentam tons de branco, vermelho, amarelo e verde, {7,11} predominância da cor verde, mesmo com diferentes tons, e, por último, o subconjunto de pinturas {8, 12} apresenta um tom terroso, além de uma escala de branco nas pinturas.

O conjunto de imagens mostrado na Figura 22 conta com seis pinturas pertencentes ao Cubismo e outras seis pinturas pertencentes ao Expressionismo. Esse conjunto foi gerado utilizando uma busca em profundidade na árvore filogenética construída a partir do descritor COLOR.

Esse conjunto trouxe uma representação clara do que o descritor COLOR propõe, torna-se perceptível como as cores apresentadas nessas pinturas comunicam-se entre si, mesmo

Figura 21 – Exemplo de conjunto obtido efetuando uma busca em largura na árvore filogenética construída a partir do descritor COLOR



Fonte – Colagem elaborada pelo próprio autor

com a diversidade dos movimentos artísticos apresentados. Há um destaque principal para alguns tons de cores nas pinturas, como, por exemplo, o destaque de azul e vermelho.

A última abordagem, trata-se da escolha aleatória de pinturas para a obtenção dos conjuntos. Esta abordagem foge totalmente do procedimento metodológico adotado neste trabalho. A Figura 23 mostra um conjunto obtido a partir da escolha aleatória de pinturas. As pinturas desse conjunto não apresentam conteúdos similares e as cores, em geral, não manifestam harmonia. Algo que ocorre com frequência quando essa abordagem é utilizada. Mas, que ainda assim pode ser uma abordagem válida, uma vez que coincidências podem acontecer.

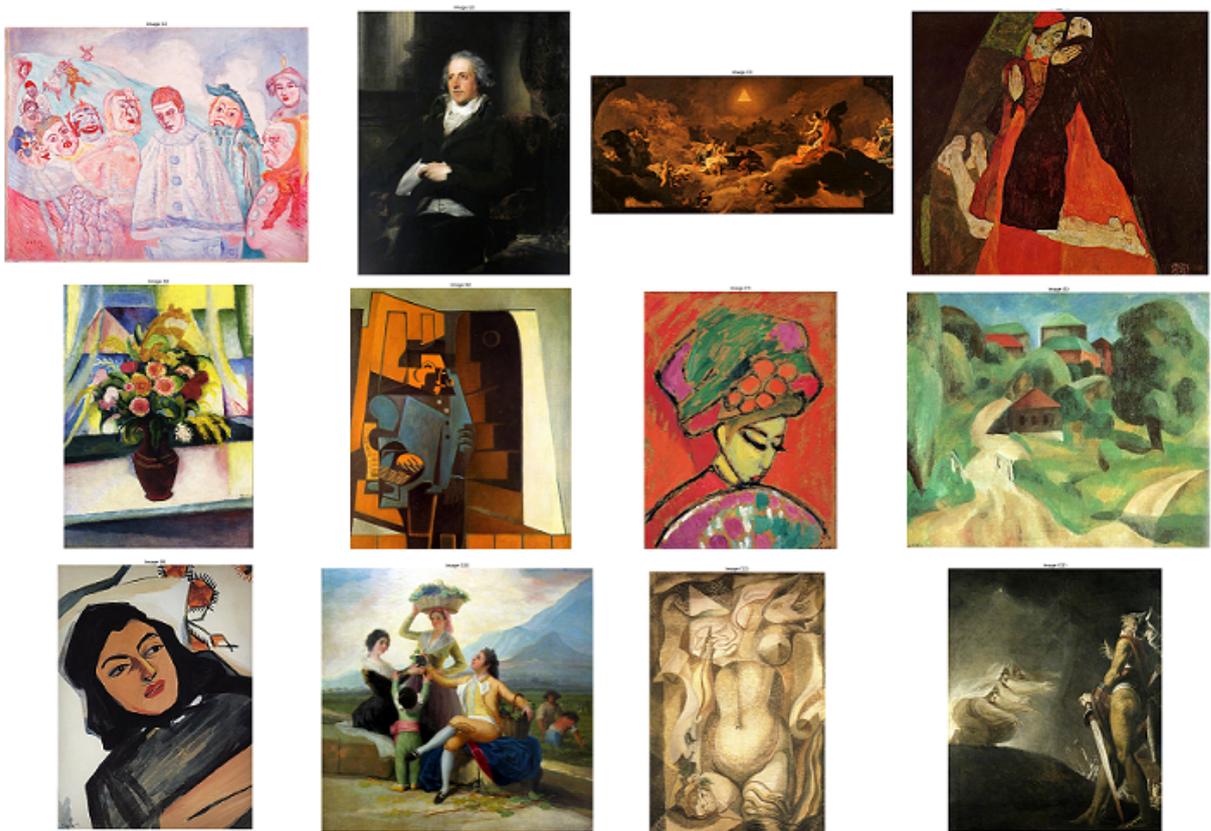
Um exemplo de um conjunto obtido utilizando essa mesma abordagem, e que acabou trazendo um subconjunto de pinturas semelhantes é mostrado na Figura 24. Nota-se que o subconjunto de pinturas {2,4,5,7,9,11,12} apresenta um conteúdo similar, dando essa ideia de *portrait* que é comumente vista no Romantismo.

Figura 22 – Exemplo de conjunto obtido efetuando uma busca em profundidade na árvore filogenética construída a partir do descritor COLOR



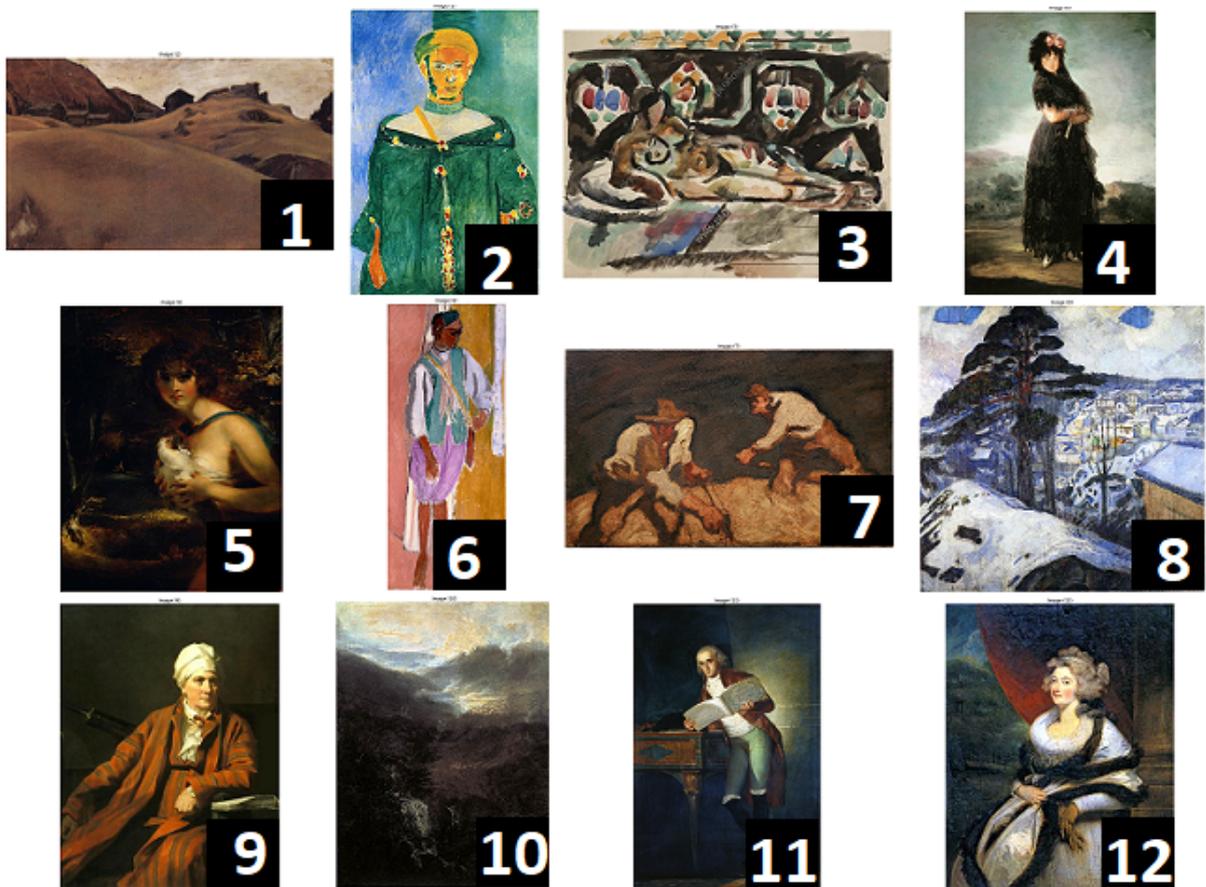
Fonte – Colagem elaborada pelo próprio autor

Figura 23 – Exemplo de conjunto obtido utilizando escolha aleatória de pinturas na base de dados



Fonte – Colagem elaborada pelo próprio autor

Figura 24 – Exemplo de conjunto obtido utilizando escolha aleatória de pinturas na base de dados



Fonte – Colagem elaborada pelo próprio autor

5.2 Comparação de abordagens

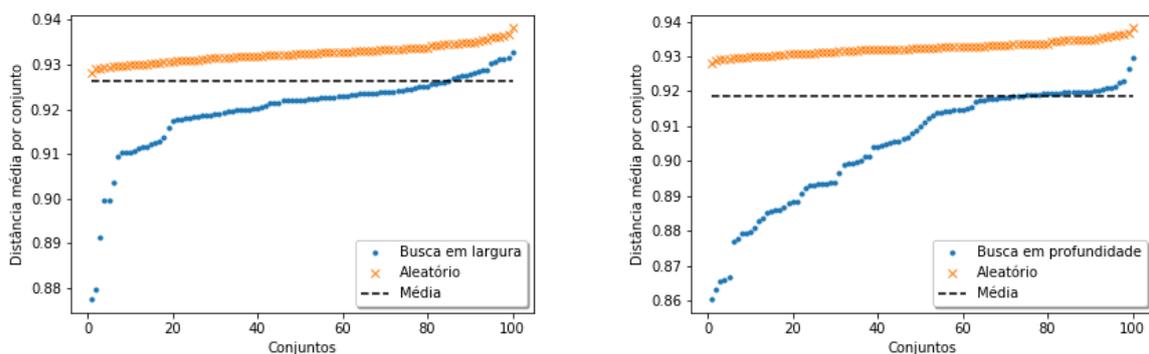
Em alguns casos as semelhanças entre as imagens de um conjunto podem não ser claras. Um exemplo disto deu-se a partir da inspeção visual dos conjuntos de pinturas, realizado na Seção 5.1. Desta forma, a fim aferimos o método de utilizar árvores filogenéticas, propomos uma comparação entre as abordagens feitas utilizando árvores, com a abordagem de escolha aleatória de pinturas.

Para realizar tal comparação, utilizaremos a distância média entre nós da árvore filogenética, onde esses nós representam as pinturas que compõem um dado conjunto. Desta forma, quanto menor for a distância de um conjunto, maior é a correlação entre as pinturas, de acordo com as informações ressaltadas pelas árvores filogenéticas.

A Figura 25 mostra a comparação entre a distância média dos conjuntos obtidos utilizando buscas em árvore e conjuntos obtidos com escolhas aleatórias de pinturas. A métrica usada para tal comparação foi a de distância entre nós da árvore filogenética obtida a partir do descritor COLOR. Cada conjunto de pinturas gerado para este experimentos possui 48 pinturas. Para este experimento foram gerados 300 conjuntos. Sendo 100 conjuntos para cada tipo de busca e mais 100 para os conjuntos gerados com escolha aleatória de pinturas.

Cada ponto do gráfico denota um conjunto. Os pontos estão ordenados pela a distância média a fim de facilitar a visualização do leitor.

Figura 25 – Distância média dos conjuntos obtidos utilizando a árvore filogenética construída a partir do descritor COLOR



(a) Comparação entre busca em largura e escolha aleatória (b) Comparação entre busca em profundidade e escolha aleatória

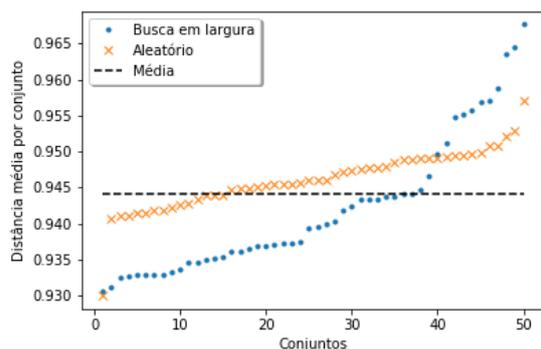
Fonte – Elaborada pelo próprio autor

Como pode ser visto na Figura 25, o número de conjuntos que ficaram abaixo da

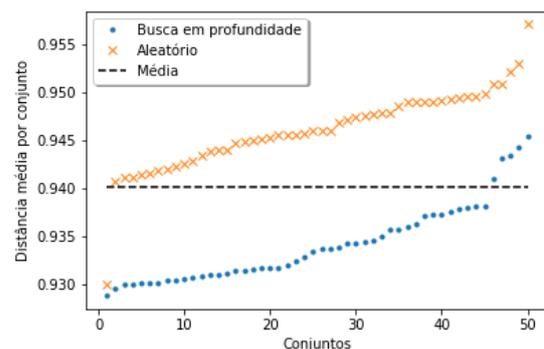
linha média de distância calculada para os conjuntos é majoritário, além disso, todos os conjuntos que ficaram abaixo da linha média foram gerados com abordagens que realizam buscas nas árvores filogenéticas.

Outra observação que pode ser feita, é que a distância média de um conjunto que foi obtido com escolha aleatória de pinturas nunca é menor do que a distância média obtida por qualquer uma das buscas. Porém, como era esperado, pode acontecer de um conjunto que foi gerado com escolha aleatória de pinturas acabar tendo distância média menor do que um conjunto gerado por uma das buscas, uma vez que foi visto anteriormente (Figura 24) que um conjunto composto pela escolha de pinturas aleatórias acaba apresentando similaridades. Esses casos tendem a acontecer quando poucas pinturas são necessárias para a obtenção de um conjunto. Pois, a probabilidade de que um conjunto A formado por n pinturas escolhidas de forma aleatória apresente similaridades é maior do que a probabilidade deste mesmo evento em um conjunto B composto por m pinturas, se $m > n$. Exemplo de um experimento que demonstra isto pode ser visto na Figura 26a. Esse experimento possui 150 conjuntos no total, onde cada conjunto é composto por 24 pinturas, um número de pinturas inferior ao do experimento passado. A métrica utilizada para a realização deste experimento foi a de distância média entre nós da árvore filogenética obtida a partir do descritor GIST.

Figura 26 – Distância média dos conjuntos obtidos utilizando a árvore filogenética construída a partir do descritor GIST



(a) Comparação entre busca em largura e escolha aleatória



(b) Comparação entre busca em profundidade e escolha aleatória

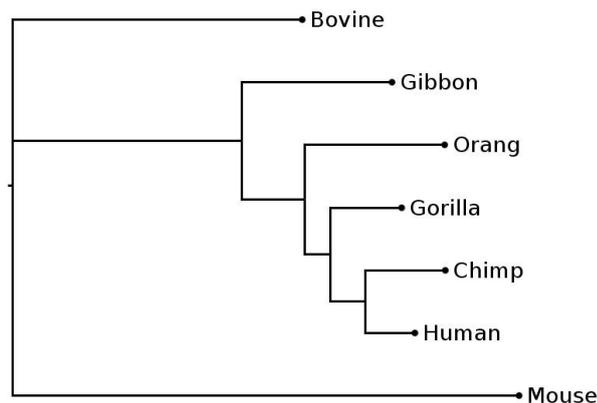
Fonte – Elaborada pelo próprio autor

5.3 Buscas na árvore filogenética

Quando comparamos as buscas realizadas nas árvores filogenéticas obtidas por meio dos descritores (um exemplo pode ser visto na Figura 28), é possível observar que em geral, os conjuntos gerados a partir da busca em largura resultam em uma maior distância média do que a dos conjuntos gerados por meio da busca em profundidade. Este comportamento é apresentado independente da árvore filogenética utilizada. Isto acontece pela seguinte causa, se olharmos para a estrutura de uma árvore filogenética qualquer, quando efetuamos uma busca em largura, os nós que estão em um mesmo nível da árvore nem sempre são próximos. Por exemplo, na Figura 27, o nó "*Bovine*" está no mesmo nível do nó "*Mouse*", mas ainda assim, a distância entre esses dois nós é maior do que a do nó "*Bovine*" para o nó "*Gibbon*", que está um nível abaixo e seria o próximo nó alcançado na busca em profundidade.

Em contrapartida, a busca em profundidade também apresenta alguns problemas, como, por exemplo, na busca em profundidade realizada na árvore filogenética vista na Figura 27, o penúltimo e último nó encontrados pela busca, são os nós "*Human*" e "*Mouse*", respectivamente. Esses nós apresentam um alto aumento de distância, se compararmos o nó "*Human*" com seu antecessor na busca (nó "*Chimp*"). Porém, esses problemas acontecem com menos frequência. Desta forma, de acordo com os experimentos realizados, em geral, a busca em profundidade acaba atuando melhor do que a busca em largura.

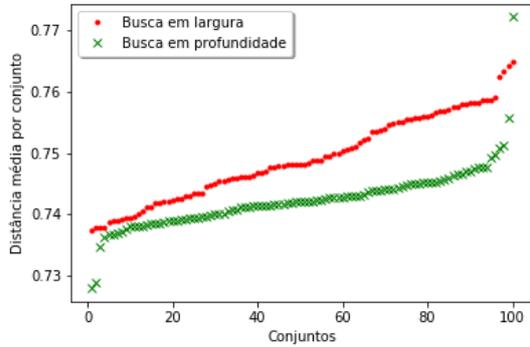
Figura 27 – Exemplo de árvore filogenética



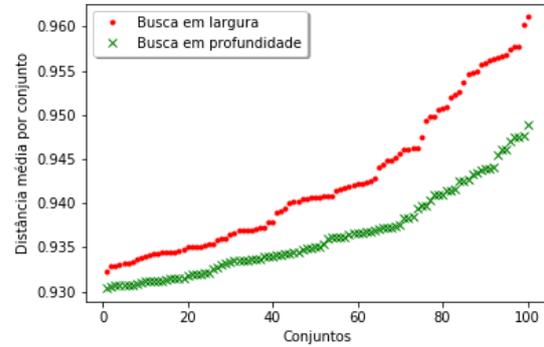
Fonte – Elaborada pelo próprio autor

A Figura 28 mostra a comparação entre as buscas realizadas nas árvores filogenéticas obtidas por cada descritor. O experimento em questão, dispõe de 200 conjuntos de pinturas (100 para cada busca), onde cada conjunto possui um total de 48 pinturas digitalizadas.

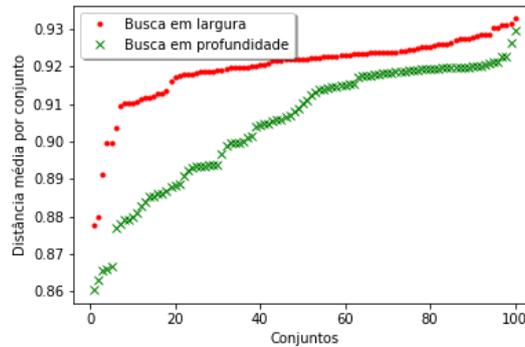
Figura 28 – Comparação da distância média dos conjuntos obtidos por cada tipo de busca efetuada nas árvores filogenéticas representantes dos descritores LBP, GIST e COLOR



(a) Comparação entre as buscas realizadas na árvore filogenética obtida por meio do descritor LBP



(b) Comparação entre as buscas realizadas na árvore filogenética obtida por meio do descritor GIST



(c) Comparação entre as buscas realizadas na árvore filogenética obtida por meio do descritor COLOR

Fonte – Elaborada pelo próprio autor

A partir dos experimentos realizados é possível perceber que a abordagem de fazer buscas na árvore filogenética mostrou-se eficiente, sendo capaz de trazer conjuntos que ressaltam características que não são facilmente notadas a princípio. Além disso, a ideia de haver uma árvore filogenética construída a partir de cada um dos descritores possibilita a obtenção de conjuntos relacionados a uma dada característica de interesse com facilidade, uma vez que o procedimento utilizado não requer grande custo computacional, sendo capaz de gerar um conjunto de até cem pinturas em um tempo inferior a um minuto (uma vez que a árvore filogenética foi construída), mesmo em computadores de uso pessoal.

Outro fator importante é que as buscas realizadas nas árvores filogenéticas ajudam a diversificar o conjunto de pinturas, no que diz respeito a apresentação de diferentes movimentos artísticos para um mesmo conjunto, isso promove uma ideia de união entre os movimentos, não

delimitando fronteiras entre as obras. Além disto, independente da ordem da busca realizada, as pinturas de um conjunto sempre estarão correlacionadas, uma vez que existe uma série de ancestrais comuns ressaltando as relações entre estas pinturas.

Outros conjuntos de imagens obtidos, assim como os demais experimentos realizados, que envolvem diferentes parâmetros, como, número de conjuntos por abordagem e número de pinturas por conjunto, podem ser encontrados no Apêndice A.

6 CONCLUSÃO

Neste trabalho foi apresentada uma abordagem utilizando árvores filogenéticas para a obtenção de conjuntos que ressaltam as similaridades de pinturas digitalizadas pertencentes a diferentes movimentos artísticos. Para isto, foram utilizadas informações extraídas por um conjunto de descritores adotados na área de Processamento Digital de Imagens, e então, estas informações foram usadas como entrada para a DAMICORE, uma ferramenta comumente utilizada para tarefas de clusterização e classificação em uma série de domínios.

A análise dos conjuntos obtidos neste trabalho foi diretamente ligada as abordagens propostas que utilizavam buscas nas árvores filogenéticas construídas a partir dos descritores LBP, GIST e COLOR. Como trabalhos futuros, sugere-se utilizar a representação tensorial extraída por arquiteturas que utilizam *deep learning*, como entrada para a DAMICORE. Além disso, estender parte do processo metodológico utilizado neste trabalho para outros domínios, como, por exemplo, a análise de imagens histopatológicas.

Como esperado, cada descritor ressaltou a característica para o qual foi projetado, nos fornecendo conjuntos de imagens que apresentavam pinturas similares a partir de diferentes características, como, textura, cor e cena global.

Os resultados obtidos com a comparação do método de obtenção de conjuntos a partir das buscas realizadas na árvores filogenéticas e o método de escolha aleatória de pinturas, mostraram que em geral, para a métrica adotada, o método que utiliza buscas na árvore filogenética apresenta melhores resultados, além de uma melhor correlação de similaridades entre as pinturas para um dado conjunto.

No contexto de aplicações artísticas, a abordagem proposta neste trabalho pode ser utilizada como uma nova forma de disponibilização de conteúdo para ambientes virtuais. Além disto, o processo pode ser estendido para a criação de exposições únicas para um usuário, onde este selecionaria uma pintura inicial de interesse e então uma busca é executada em uma árvore filogenética, a fim de trazer n -pinturas correlacionadas a esta.

A abordagem proposta neste trabalho também pode abrir discussões quanto aos critérios utilizados para a atribuição de um movimento artístico a uma pintura, uma vez que algumas pinturas podem não apresentar um conteúdo representativo e podem acabar necessitando de uma maior abstração para o seu entendimento. Tan et al. (2016) abriram uma discussão quanto a atribuição da pintura *Ceci n'est pas une pipe* (Figura 29) do artista René Magritte como uma pintura do movimento artístico Surrealismo.

Figura 29 – *Ceci n'est pas une pipe* - René Magritte (1929)



Fonte – WikiArt

Apesar da pintura mostrar como objeto principal um cachimbo, seguido da frase: *Ceci n'est pas une pipe*, e este cachimbo de fato ter uma representação clara de um objeto realista, por que então a atribuição ao surrealismo? Somente pelo motivo de que René Magritte disse que aquela pintura não se tratava de um cachimbo, mas sim, da imagem de um cachimbo? Esse tipo de abstração dificulta os processos de aprendizado de uma máquina, e isto nos leva a questão: uma máquina pode capturar as abstrações dessas pinturas?

Quanto ao processo adotado, outras considerações que podem ser levadas em conta são: introdução de novos movimentos artísticos, troca do método NCD utilizado na etapa de simplificação e identificação de filogenias por outras métricas que se adéquem melhor ao domínio de pinturas digitalizadas, uso da DAMICORE recebendo como entrada a imagem digitalizada pura, ao invés do vetor de características extraído por um descritor, e também a obtenção de um conjunto de pinturas a partir das k -pinturas mais próximas de uma pintura p , considerando a distância dos ramos da árvore filogenética.

REFERÊNCIAS

- ANDRADE, S. **Data-Mining of Code Repositories (DAMICORE)**. 2016. Acessado em 02 de maio de 2018. Disponível em: <<https://github.com/sidgleyandrade/damicore-python/>>.
- ARGAN, G. C. **Arte moderna: do iluminismo aos movimentos contemporâneos**. [S.l.]: Editora Companhia das Letras, 2006.
- ATICK, J. J.; REDLICH, A. N. What does the retina know about natural scenes? **Neural computation**, MIT Press, v. 4, n. 2, p. 196–210, 1992.
- BROWN, D. B. **Romanticism**. [S.l.]: Phaidon, 2001.
- BURROWS, M.; WHEELER, D. J. **A block-sorting lossless data compression algorithm**. Citeseer, 1994.
- CESAR, B. K. M. **Estudo e extensão da metodologia DAMICORE para tarefas de classificação**. Dissertação (Mestrado) — Instituto de Ciências Matemáticas e de Computação, Universidade de São Paulo, São Carlos, 2016.
- CILIBRASI, R.; VITÁNYI, P. M. Clustering by compression. **IEEE Transactions on Information theory**, IEEE, v. 51, n. 4, p. 1523–1545, 2005.
- FLOREA, L.; FLOREA, C.; BADEA, M. Recognizing surreal compositions in digitized paintings. In: IEEE. **Communications (COMM), 2016 International Conference on**. [S.l.], 2016. p. 73–76.
- GOMBRICH, E. H. **A História da arte**. [S.l.]: LTC Editora, 2000.
- GOMES, E. A. P. **Detecção de ilhamento de geradores síncronos distribuídos por correlações da mineração complexa de dados**. Dissertação (Mestrado) — Escola de Engenharia de São Carlos, Universidade de São Paulo, São Carlos, 2016.
- GOMPERTZ, W. **Isso é arte**. Rio de Janeiro: Zahar, 2013.
- GONZALEZ, R. C.; WOODS, R. E. **Digital Image Processing (3rd Edition)**. Upper Saddle River, NJ, USA: Prentice-Hall, Inc., 2006. ISBN 013168728X.
- HAYKIN, S. **Redes neurais: princípios e prática**. [S.l.]: Bookman Editora, 2007.
- HOFMANN, T. Probabilistic latent semantic indexing. In: **Proceedings of the 22Nd Annual International ACM SIGIR Conference on Research and Development in Information Retrieval**. [S.l.]: ACM, 1999. (SIGIR '99), p. 50–57.
- HOFMANN, T. Probabilistic latent semantic indexing. In: ACM. **ACM SIGIR Forum**. [S.l.], 2017. v. 51, n. 2, p. 211–218.
- MING, L.; VITÁNYI, P. **An introduction to Kolmogorov complexity and its applications**. [S.l.]: Springer Heidelberg, 1997.
- NEWMAN, M. **Networks: an introduction**. [S.l.]: Oxford university press, 2010.
- OJALA, T.; PIETIKÄINEN, M.; HARWOOD, D. A comparative study of texture measures with classification based on featured distributions. **Pattern recognition**, Elsevier, v. 29, n. 1, p. 51–59, 1996.

OLIVA, A.; TORRALBA, A. Modeling the shape of the scene: A holistic representation of the spatial envelope. **International journal of computer vision**, Springer, v. 42, n. 3, p. 145–175, 2001.

OLIVA, A.; TORRALBA, A. Scene-centered description from spatial envelope properties. In: SPRINGER. **Biologically motivated computer vision**. [S.l.], 2002. p. 263–272.

PEDRINI, H.; SCHWARTZ, W. R. **Análise de imagens digitais: princípios, algoritmos e aplicações**. [S.l.]: Thomson Learning, 2008.

PETROU, M.; PETROU, C. **Image processing: the fundamentals**. [S.l.]: John Wiley & Sons, 2010.

PROENÇA, G. **História da arte**. [S.l.]: Ática, 2014. v. 1.

RUSSELL, S.; NORVIG, P. Artificial intelligence, a modern approach. **Artificial Intelligence. Prentice-Hall, Egnlewood Cliffs**, v. 25, p. 27, 1995.

SAITOU, N.; NEI, M. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. **Molecular biology and evolution**, v. 4, n. 4, p. 406–425, 1987.

SANCHES, A.; CARDOSO, J. M.; DELBEM, A. C. Identifying merge-beneficial software kernels for hardware implementation. In: IEEE. **Reconfigurable Computing and FPGAs (ReConFig), 2011 International Conference on**. [S.l.], 2011. p. 74–79.

TAN, W. R.; CHAN, C. S.; AGUIRRE, H. E.; TANAKA, K. Ceci n'est pas une pipe: A deep convolutional network for fine-art paintings classification. In: IEEE. **Image Processing (ICIP), 2016 IEEE International Conference on**. [S.l.], 2016. p. 3703–3707.

WEIJER, J. V. D.; SCHMID, C.; VERBEEK, J. Learning color names from real-world images. In: IEEE. **Computer Vision and Pattern Recognition, 2007. CVPR'07. IEEE Conference on**. [S.l.], 2007. p. 1–8.

WITTEN, I. H. et al. **Weka: practical machine learning tools and techniques with java implementations**. 1999.

ZIV, J.; LEMPEL, A. A universal algorithm for sequential data compression. **IEEE Transactions on information theory**, IEEE, v. 23, n. 3, p. 337–343, 1977.

ZUJOVIC, J.; GANDY, L.; FRIEDMAN, S.; PARDO, B.; PAPPAS, T. N. Classifying paintings by artistic genre: An analysis of features & classifiers. In: IEEE. **Multimedia Signal Processing, 2009. MMSP'09. IEEE International Workshop on**. [S.l.], 2009. p. 1–5.

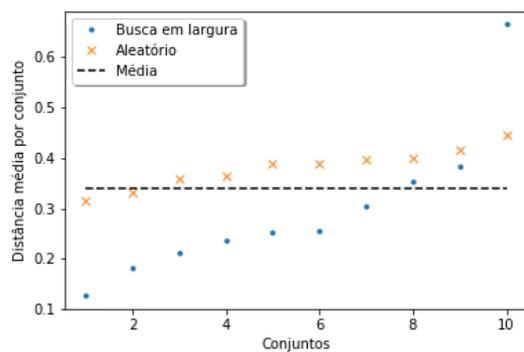
APÊNDICE A – RESULTADOS

Neste apêndice são apresentados os resultados de experimentos realizados para as abordagens propostas com os seguintes números de conjuntos e quantidades de pinturas por conjunto:

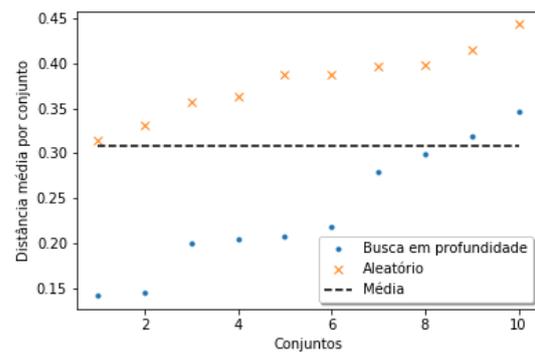
- 10 conjuntos com 12 pinturas por conjunto.
- 25 conjuntos com 36 pinturas por conjunto.
- 50 conjuntos com 24 pinturas por conjunto.
- 100 conjuntos com 48 pinturas por conjunto.

Além disso, são apresentados os resultados obtidos com a comparação de distância média das buscas em largura e profundidade para os mesmos parâmetros citados acima.

Figura 30 – Distância média dos conjuntos obtidos utilizando a árvore filogenética construída a partir do descritor LBP - (10 conjuntos e 12 pinturas por conjunto)



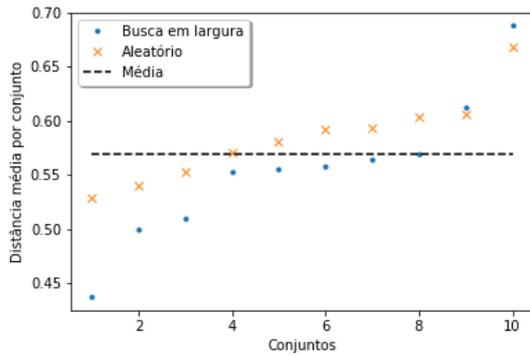
(a) Comparação entre busca em largura e escolha aleatória



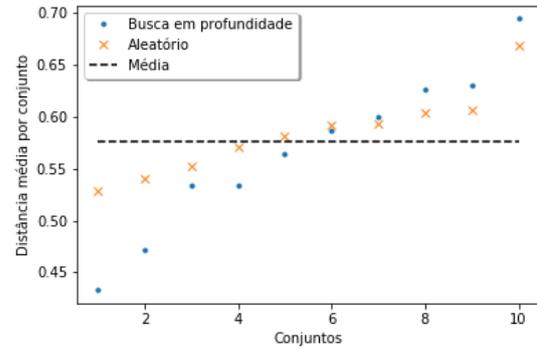
(b) Comparação entre busca em profundidade e escolha aleatória

Fonte – Elaborada pelo próprio autor

Figura 31 – Distância média dos conjuntos obtidos utilizando a árvore filogenética construída a partir do descritor GIST - (10 conjuntos e 12 pinturas por conjunto)



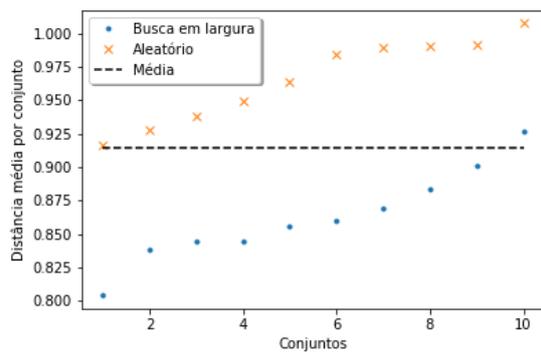
(a) Comparação entre busca em largura e escolha aleatória



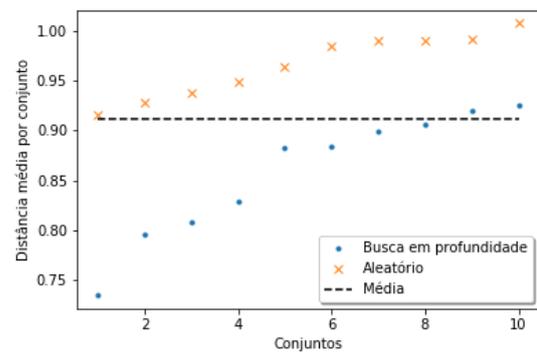
(b) Comparação entre busca em profundidade e escolha aleatória

Fonte – Elaborada pelo próprio autor

Figura 32 – Distância média dos conjuntos obtidos utilizando a árvore filogenética construída a partir do descritor COLOR - (10 conjuntos e 12 pinturas por conjunto)



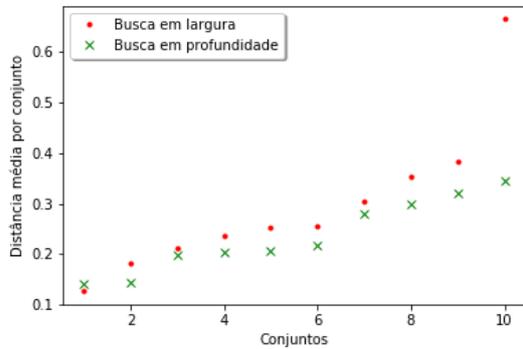
(a) Comparação entre busca em largura e escolha aleatória



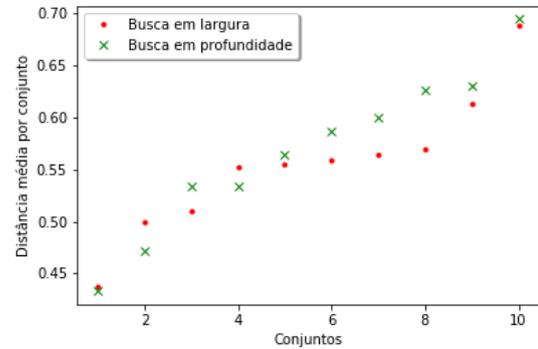
(b) Comparação entre busca em profundidade e escolha aleatória

Fonte – Elaborada pelo próprio autor

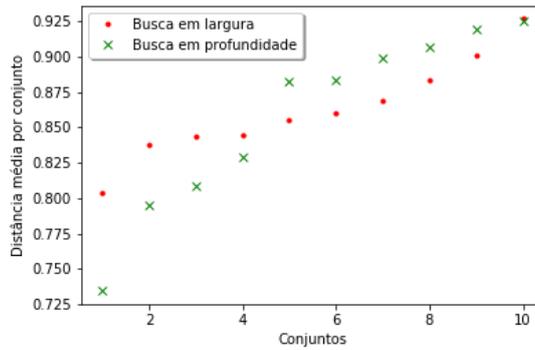
Figura 33 – Comparação da distância média dos conjuntos obtidos por cada tipo de busca efetuada nas árvores filogenéticas construídas a partir dos descritores LBP, GIST e COLOR - (10 conjuntos e 12 pinturas por conjunto)



(a) Comparação entre as buscas realizadas na árvore filogenética obtida por meio do descritor LBP



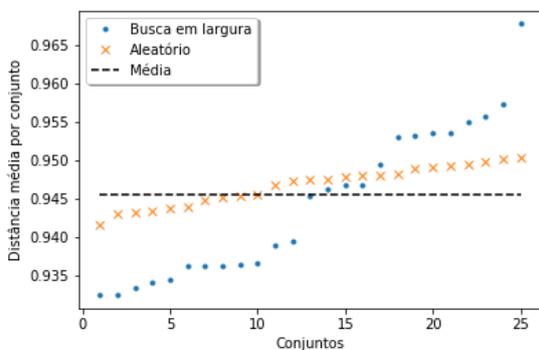
(b) Comparação entre as buscas realizadas na árvore filogenética obtida por meio do descritor GIST



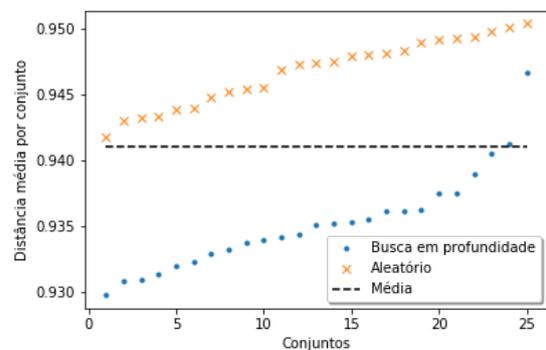
(c) Comparação entre as buscas realizadas na árvore filogenética obtida por meio do descritor COLOR

Fonte – Elaborada pelo próprio autor

Figura 34 – Distância média dos conjuntos obtidos utilizando a árvore filogenética construída a partir do descritor LBP - (25 conjuntos e 36 pinturas por conjunto)



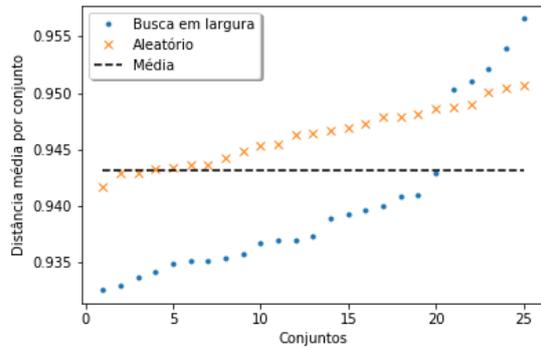
(a) Comparação entre busca em largura e escolha aleatória



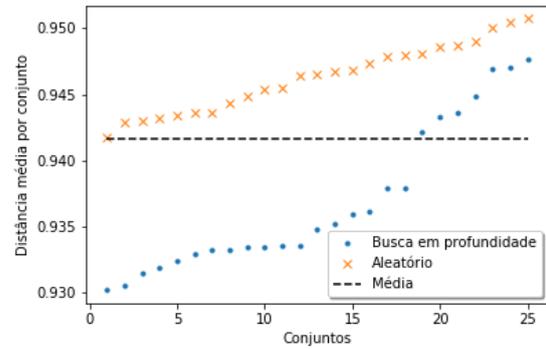
(b) Comparação entre busca em profundidade e escolha aleatória

Fonte – Elaborada pelo próprio autor

Figura 35 – Distância média dos conjuntos obtidos utilizando a árvore filogenética construída a partir do descritor GIST - (25 conjuntos e 36 pinturas por conjunto)



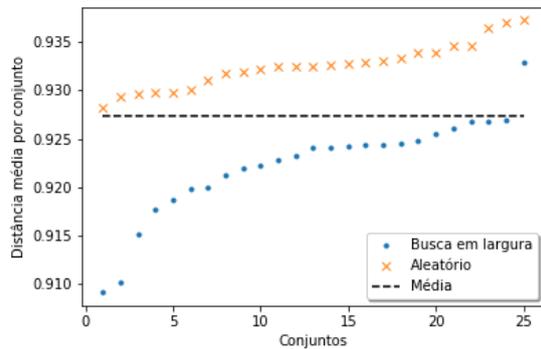
(a) Comparação entre busca em largura e escolha aleatória



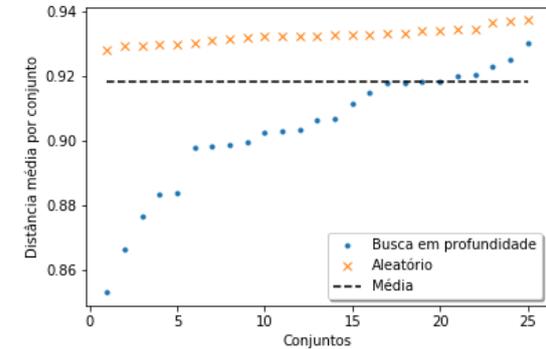
(b) Comparação entre busca em profundidade e escolha aleatória

Fonte – Elaborada pelo próprio autor

Figura 36 – Distância média dos conjuntos obtidos utilizando a árvore filogenética construída a partir do descritor COLOR - (25 conjuntos e 36 pinturas por conjunto)



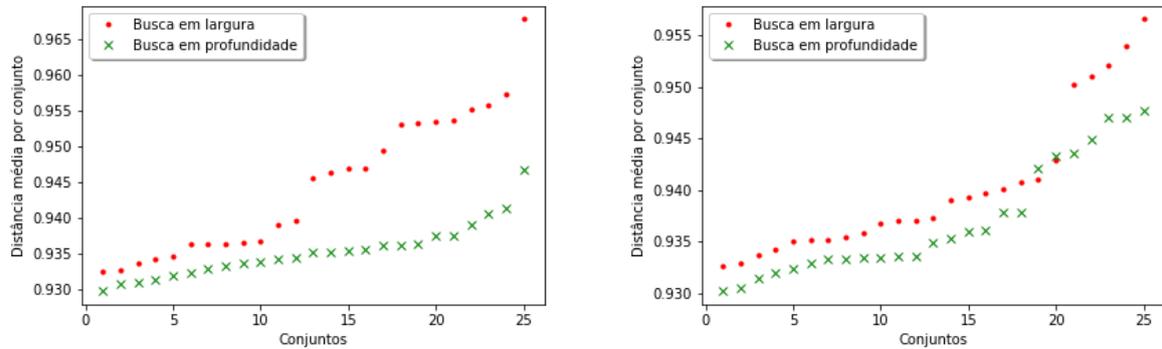
(a) Comparação entre busca em largura e escolha aleatória



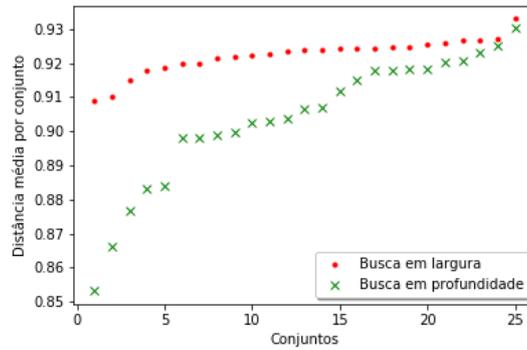
(b) Comparação entre busca em profundidade e escolha aleatória

Fonte – Elaborada pelo próprio autor

Figura 37 – Comparação da distância média dos conjuntos obtidos por cada tipo de busca efetuada nas árvores filogenéticas construídas a partir dos descritores LBP, GIST e COLOR - (25 conjuntos e 36 pinturas por conjunto)



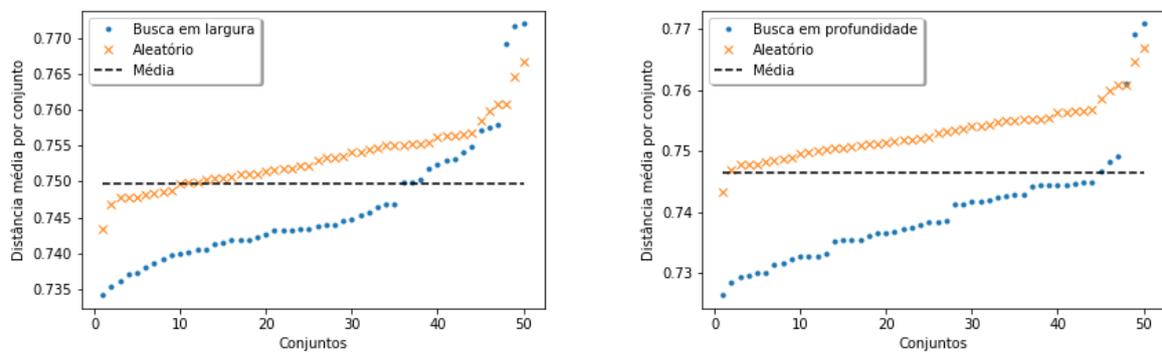
(a) Comparação entre as buscas realizadas na árvore filogenética obtida por meio do descritor LBP (b) Comparação entre as buscas realizadas na árvore filogenética obtida por meio do descritor GIST



(c) Comparação entre as buscas realizadas na árvore filogenética obtida por meio do descritor COLOR

Fonte – Elaborada pelo próprio autor

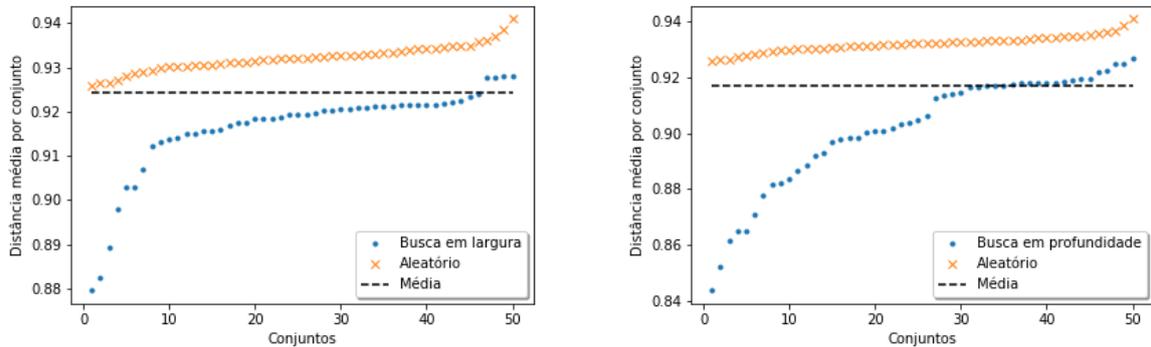
Figura 38 – Distância média dos conjuntos obtidos utilizando a árvore filogenética construída a partir do descritor LBP - (50 conjuntos e 24 pinturas por conjunto)



(a) Comparação entre busca em largura e escolha aleatória (b) Comparação entre busca em profundidade e escolha aleatória

Fonte – Elaborada pelo próprio autor

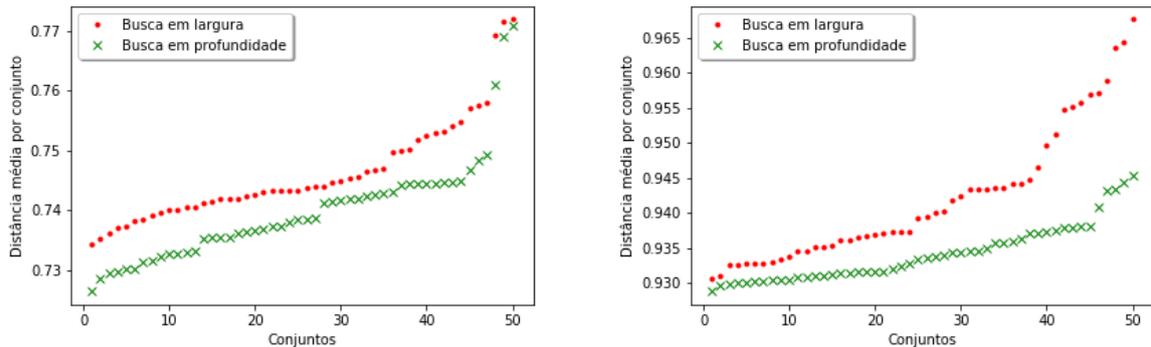
Figura 39 – Distância média dos conjuntos obtidos utilizando a árvore filogenética construída a partir do descritor COLOR - (50 conjuntos e 24 pinturas por conjunto)



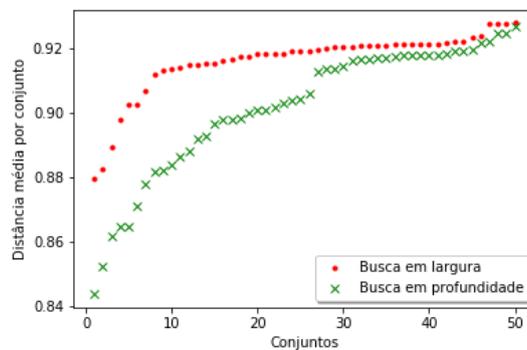
(a) Comparação entre busca em largura e escolha aleatória (b) Comparação entre busca em profundidade e escolha aleatória

Fonte – Elaborada pelo próprio autor

Figura 40 – Comparação da distância média dos conjuntos obtidos por cada tipo de busca efetuada nas árvores filogenéticas construídas a partir dos descritores LBP, GIST e COLOR - (50 conjuntos e 24 pinturas por conjunto)



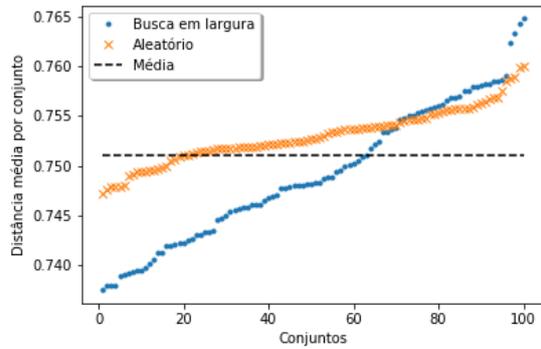
(a) Comparação entre as buscas realizadas na árvore filogenética obtida por meio do descritor LBP (b) Comparação entre as buscas realizadas na árvore filogenética obtida por meio do descritor GIST



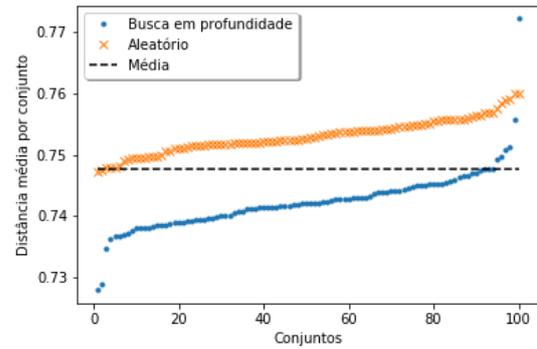
(c) Comparação entre as buscas realizadas na árvore filogenética obtida por meio do descritor COLOR

Fonte – Elaborada pelo próprio autor

Figura 41 – Distância média dos conjuntos obtidos utilizando a árvore filogenética construída a partir do descritor LBP - (100 conjuntos e 48 pinturas por conjunto)



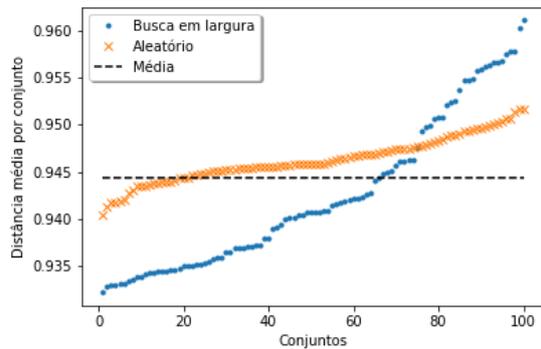
(a) Comparação entre busca em largura e escolha aleatória



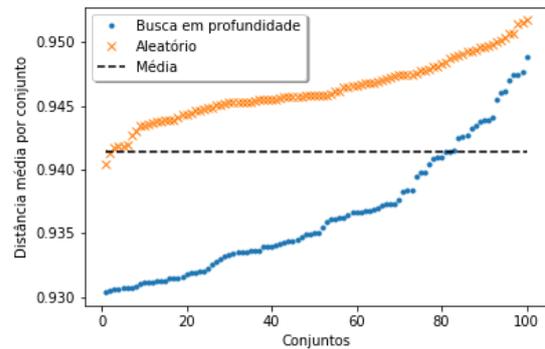
(b) Comparação entre busca em profundidade e escolha aleatória

Fonte – Elaborada pelo próprio autor

Figura 42 – Distância média dos conjuntos obtidos utilizando a árvore filogenética construída a partir do descritor GIST - (100 conjuntos e 48 pinturas por conjunto)



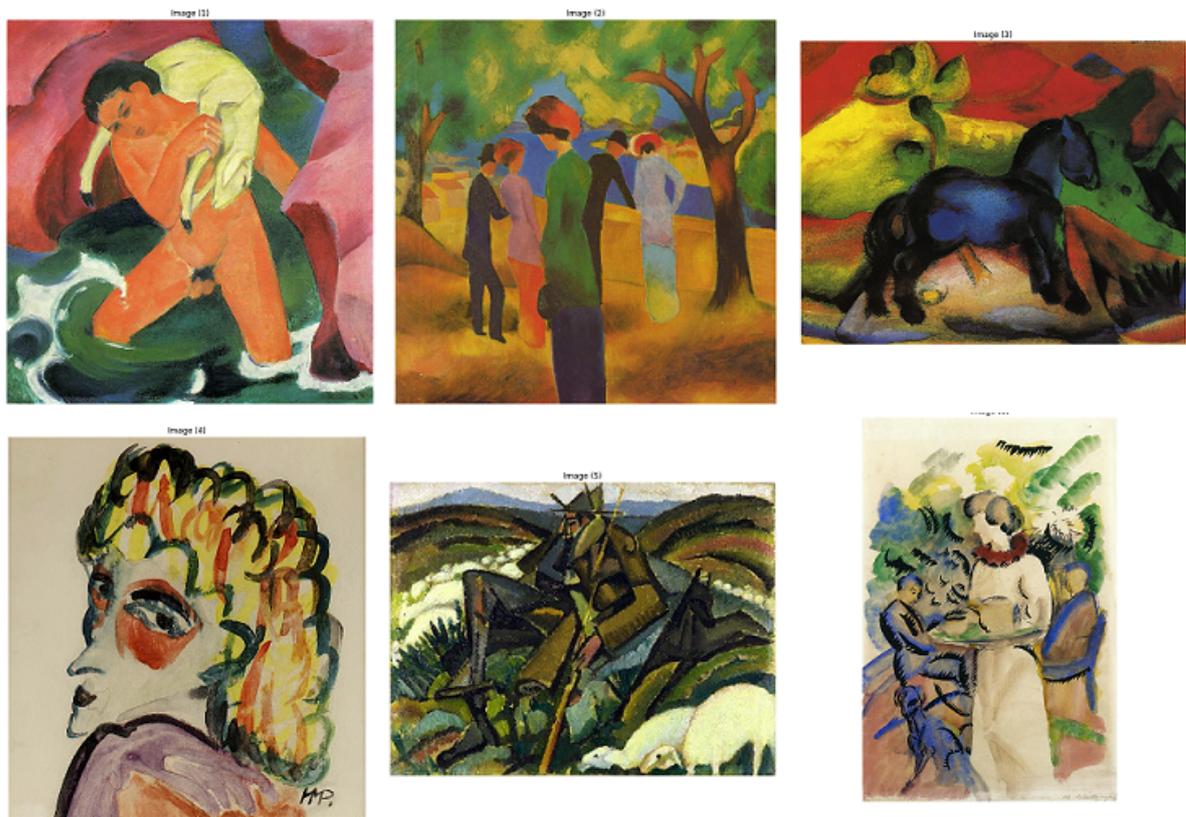
(a) Comparação entre busca em largura e escolha aleatória



(b) Comparação entre busca em profundidade e escolha aleatória

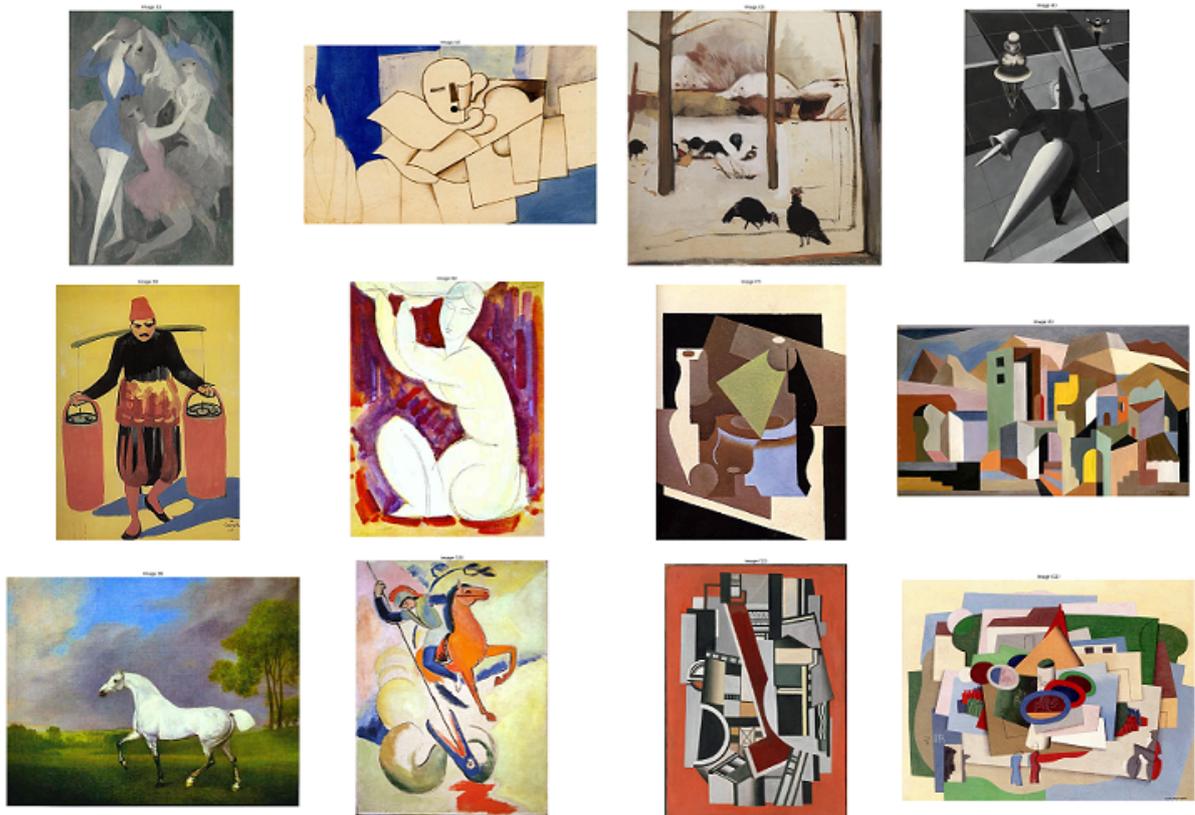
Fonte – Elaborada pelo próprio autor

Figura 43 – Exemplo de conjunto obtido efetuando uma busca em largura na árvore filogenética construída a partir do descritor COLOR



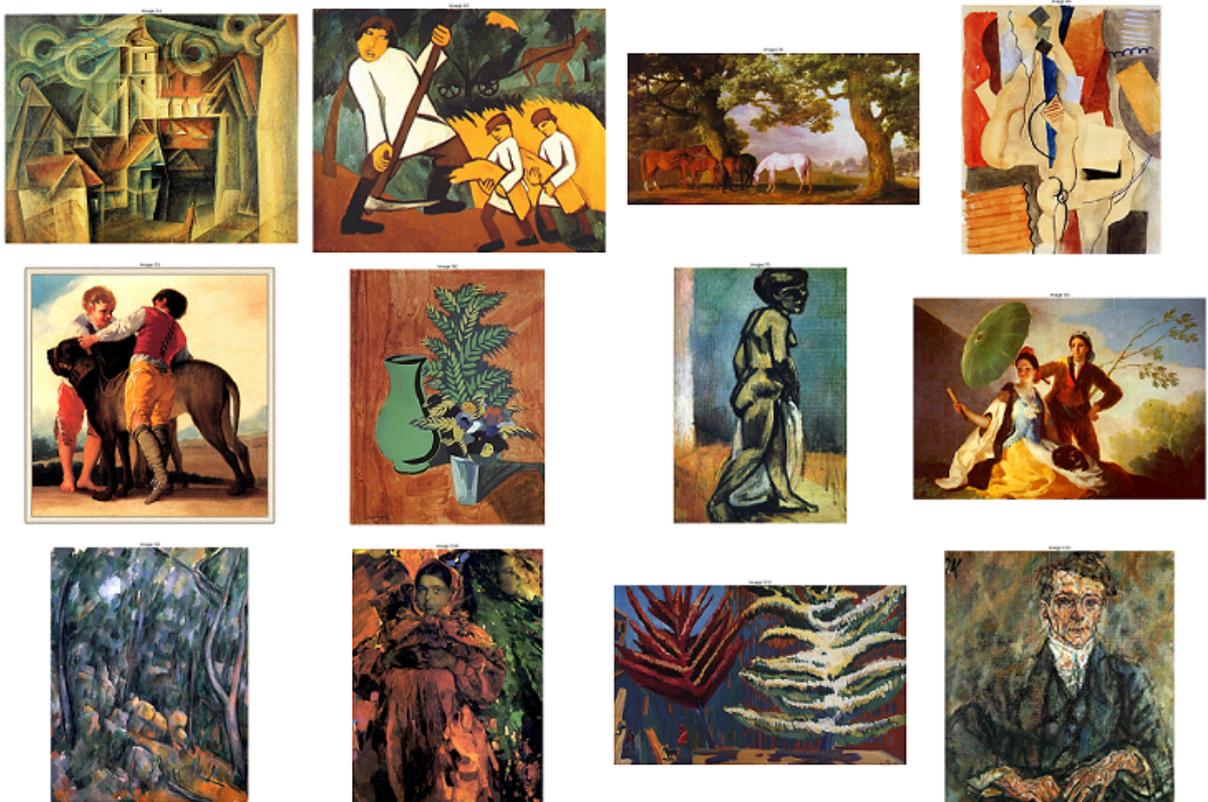
Fonte – Elaborada pelo próprio autor

Figura 44 – Exemplo de conjunto obtido efetuando uma busca em profundidade na árvore filogenética construída a partir do descritor GIST



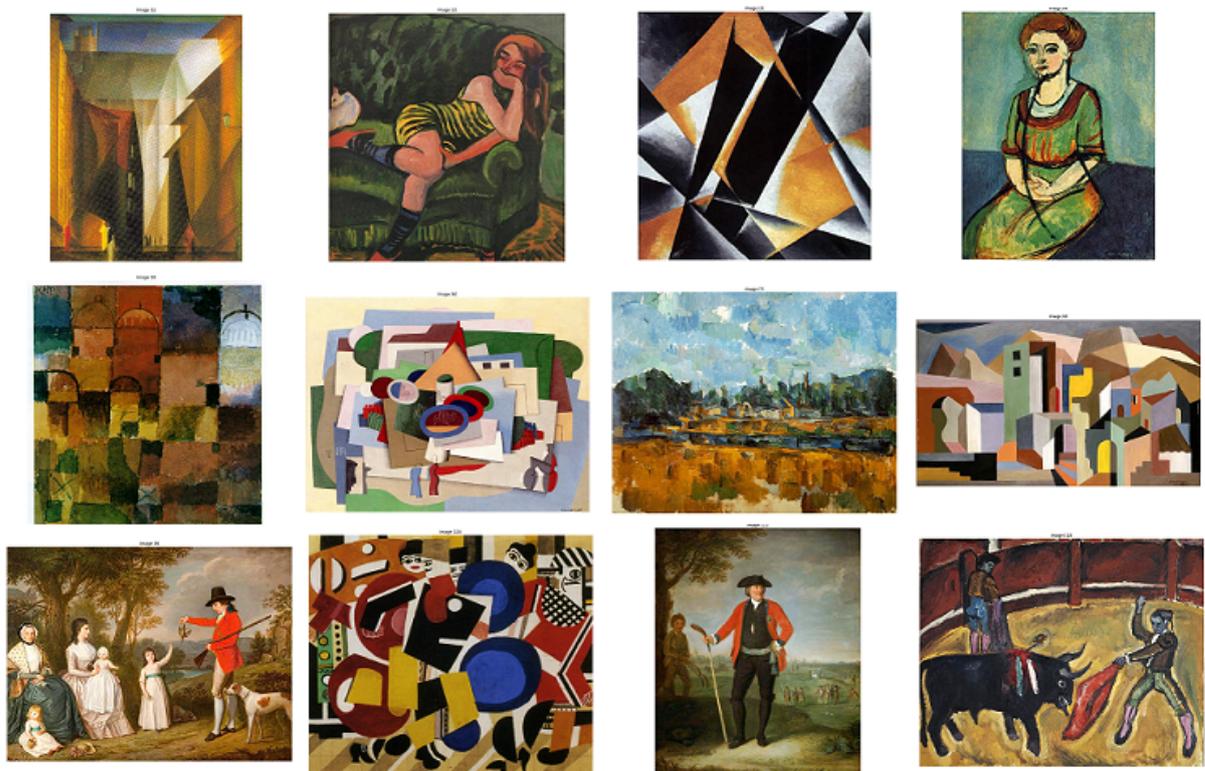
Fonte – Elaborada pelo próprio autor

Figura 45 – Exemplo de conjunto obtido efetuando uma busca em profundidade na árvore filogenética construída a partir do descritor COLOR



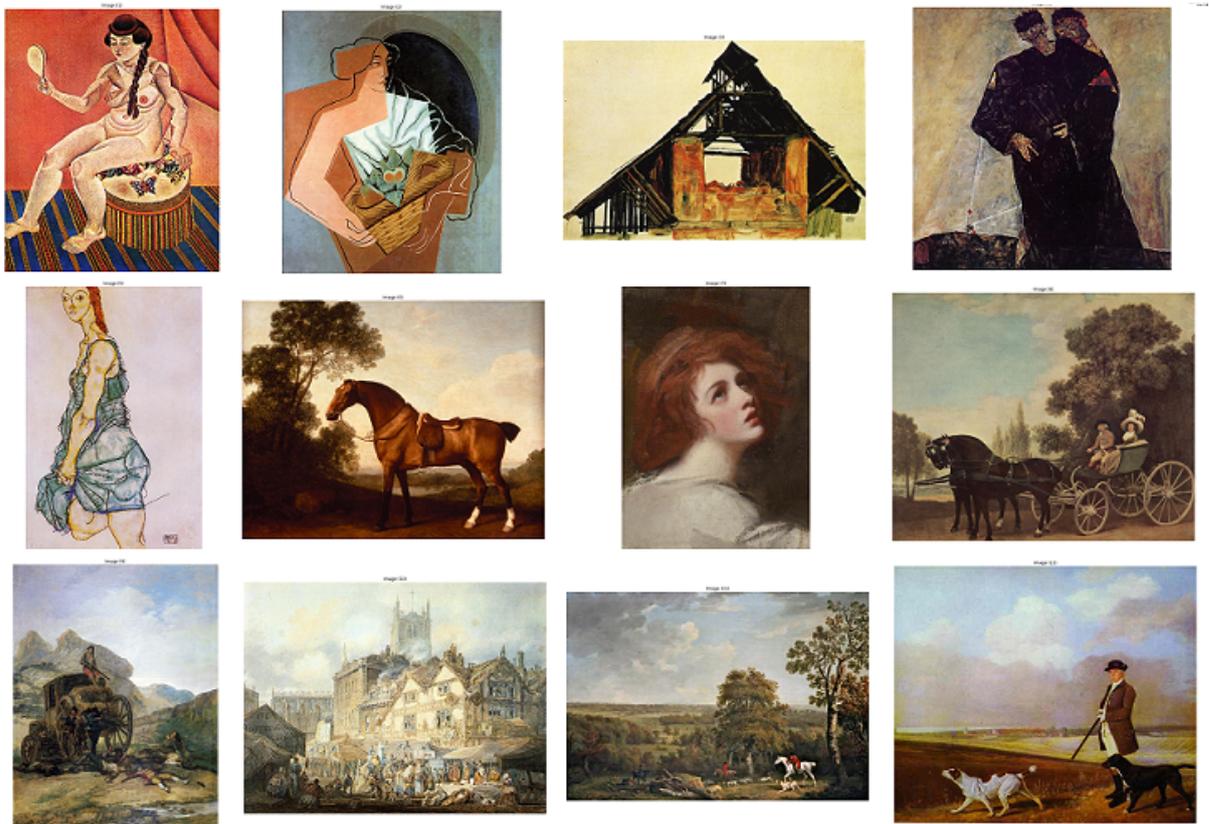
Fonte – Elaborada pelo próprio autor

Figura 46 – Exemplo de conjunto obtido efetuando uma busca em profundidade na árvore filogenética construída a partir do descritor COLOR



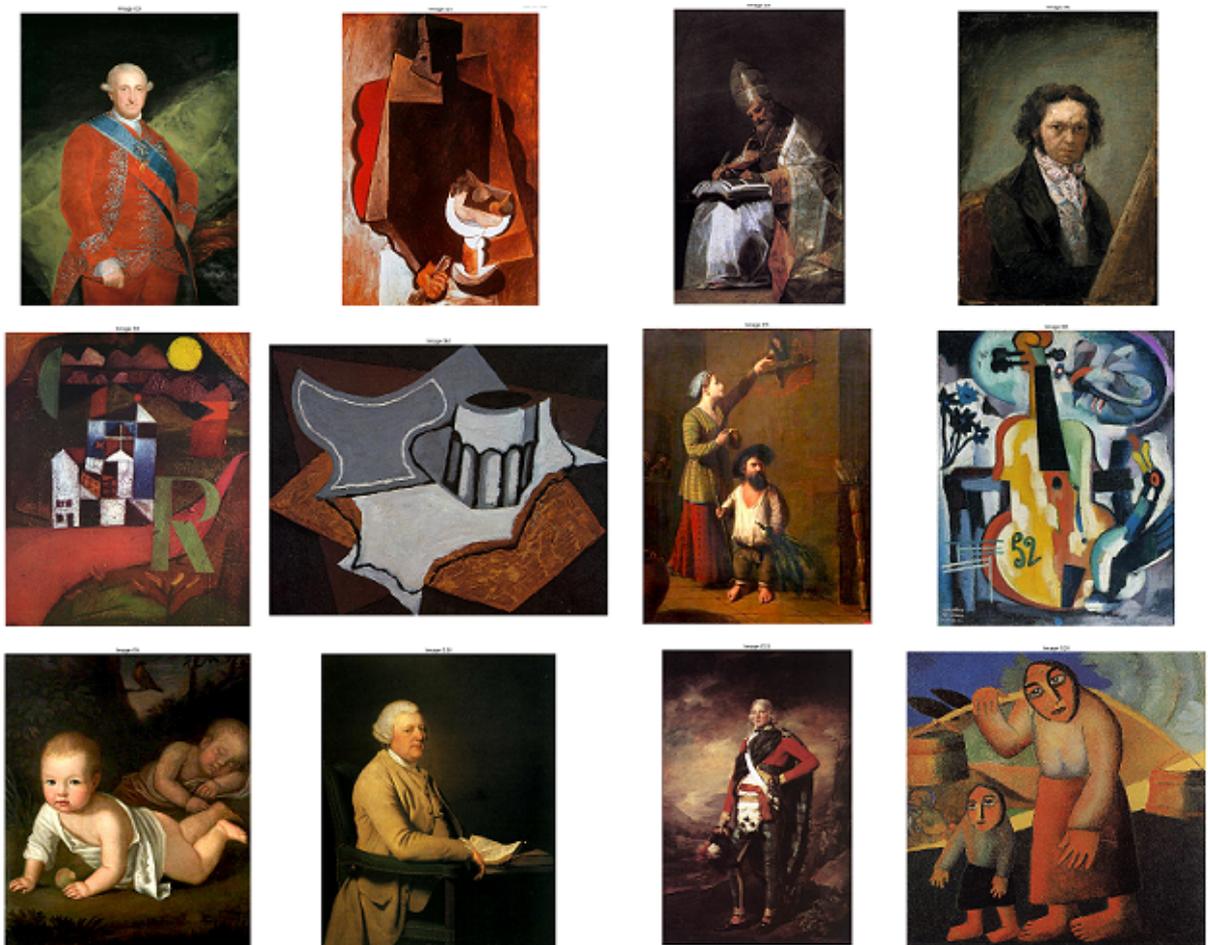
Fonte – Elaborada pelo próprio autor

Figura 47 – Exemplo de conjunto obtido efetuando uma busca em profundidade na árvore filogenética construída a partir do descritor GIST



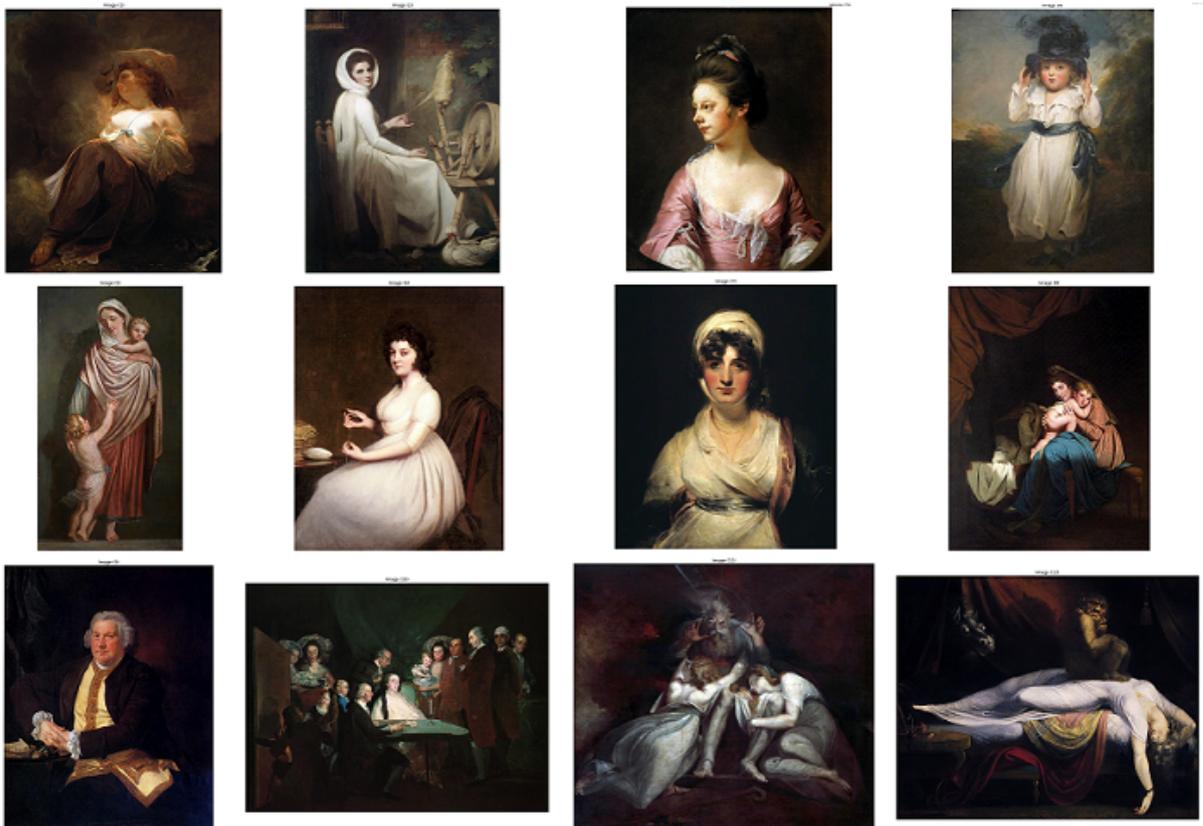
Fonte – Elaborada pelo próprio autor

Figura 48 – Exemplo de conjunto obtido efetuando uma busca em profundidade na árvore filogenética construída a partir do descritor GIST



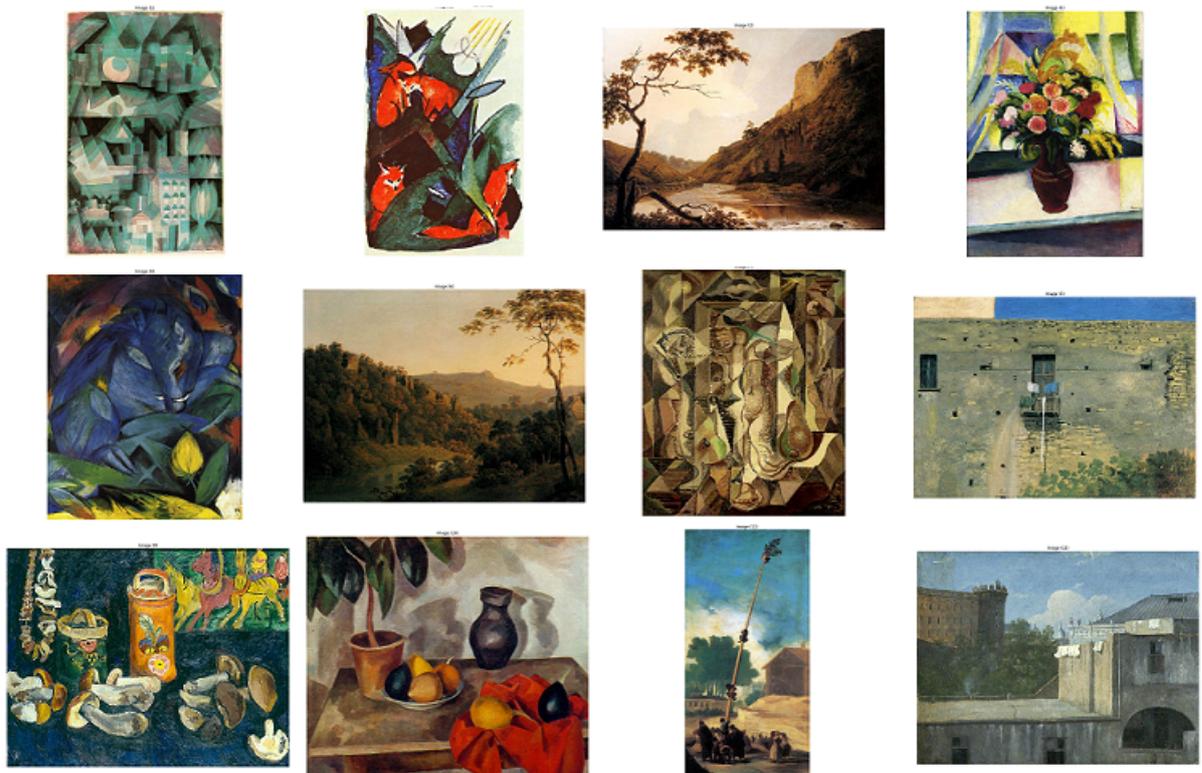
Fonte – Elaborada pelo próprio autor

Figura 49 – Exemplo de conjunto obtido efetuando uma busca em profundidade na árvore filogenética construída a partir do descritor COLOR



Fonte – Elaborada pelo próprio autor

Figura 50 – Exemplo de conjunto obtido efetuando uma busca em profundidade na árvore filogenética construída a partir do descritor LBP



Fonte – Elaborada pelo próprio autor