```
Registro ICP()
inicio
    mientras Error > Umbral hacer
        1. Muestrear imágenes
        2. Selección de apareamiento
        3. Rechazo de apareamientos
        4. Cálculo de la transformada
    fmientras
fin
```

Algoritmo 3.1: Algoritmo ICP clásico.

- Selección de un conjunto de puntos en una o ambas imágenes.
- Correspondencia del conjunto de puntos entre imágenes.
- Asignación de pesos a parejas de puntos.
- Rechazo de ciertos pares de puntos basado en consideraciones de las parejas individuales o del conjunto completo.
- Asignación de una métrica de error basada en parejas de puntos.
- Minimización de la métrica de error.

Selección de puntos.

La variación de la cantidad de puntos tiene un efecto sobre la convergencia del método. La siguientes estrategias de selección de puntos se han propuesto:

- Utilizar todos los puntos disponibles [11].
- Muestreo uniforme sobre todos los puntos disponibles [106].
- Muestreo aleatorio con muestras de diferentes tamaño en cada iteración [74].
- Selección de puntos con altos gradientes y algunas variantes que trabajan sobre el color o la intensidad [110].

Correspondencia entre puntos.

La segunda etapa del ICP consiste en la correspondencia entre los puntos muestreados, para esto, diferentes algoritmos han propuesto que para cada punto seleccionado:

- Encontrar el punto más cercano en la otra imagen [11].
- Encontrar el punto que se intercepta en la otra imagen, trazando un rayo en dirección de la normal, este método es conocido como "Disparo de Normales" [25].
- Proyectarlo en la otra imagen, desde el punto de vista de la cámara de rango con la que se generó la segunda imagen [14]. Este método es también llamado Calibración Inversa.
- Proyectar el punto sobre la imagen destino y realizar una búsqueda basada en distancia punto a punto [110].
- Realizar alguna de las técnicas anteriores y restringir la correspondencia de acuerdo a algún tipo de métrica, como normales [86] o color [48].

Asignación de pesos a las parejas.

Una vez determinado el grupo de parejas, la tercera etapa corresponde a la asignación de pesos a cada una de ellas, en este aspecto se han propuesto cuatro procedimientos diferentes:

- Pesos constantes [91].
- Asignación de pesos bajos a parejas con alta distancia punto a punto [48].
- Asignación de pesos basado en la compatibilidad de las normales [48], esto es, $w = n_1 \cdot n_2$.
- Pesos basados en la métrica del error esperado del sensor, calculado a través de la distancia punto al plano [91].

Rechazo de parejas.

La asignación de pesos de la etapa anterior, permite tener un criterio para el rechazo de parejas. El objetivo es eliminar *outliers* o parejas que produzcan un gran efecto en el proceso de minimización por mínimos cuadrados. Las siguientes estrategias de rechazo han sido propuestas:

- Rechazar el $n\,\%$ de las peores parejas. Usualmente la distancia entre los puntos es la métrica de determinación de la calidad de la pareja [86].—
- Rechazar parejas que no sean consistentes con parejas vecinas [40]. Este esquema clasifica dos parejas (p_1, p_2) y (q_1, q_2) como inconsistente si: $\|(p_1, p_2) - (q_1, q_2)\|$ es mayor que un umbral.
- Rechazo de parejas que posean puntos en los límites de la mallas, este enfoque asume que la conectividad de los puntos de las imágenes es conocida [106].

Asignación y minimización de la métrica del error.

La fase final del proceso de ICP, es la determinación de la métrica del error. Las siguientes métricas para medir el error han sido utilizadas:

- La suma del cuadrado de las distancias entre las parejas de puntos [91].
- La métrica del cuadrado de las distancias entre las parejas de puntos. combinada con la diferencia entre los colores de cada punto [63].
- La suma del cuadrado de las distancias desde cada punto origen, hasta el plano que contiene el punto destino y que está orientado perpendicularmente a la normal del destino [26].

Existen diferentes formas para realizar la búsqueda del alineamiento. Entre los procedimientos propuestos para esta búsqueda tenemos:

- Generar repetidamente un conjunto de puntos correspondientes usando la transformación actual y minimizar la métrica del error [26].
- El procedimiento anterior combinado con extrapolación en el espacio de las transformadas para acelerar la convergencia [11].
- Realizar el procedimiento de reducción iterativa del error iniciando con varias perturbaciones de la condición inicial, posteriormente, el mejor resultado es seleccionado [101].
- Realizar la minimización iterativa a partir de varios conjuntos de puntos seleccionados aleatoriamente [74].

- Búsqueda estocástica de la mejor transformación usando enfriamiento simulado [14].

Una de las variantes más importantes del ICP, es ICP+N, el cual consiste en modificar la etapa de selección de los puntos de tal forma que la varianza de la distribución de las normales de los puntos seleccionados sea la menor posible, esta idea surge a partir del hecho de que pequeños detalles, representados por puntos con alta variación de sus normales, son muy importantes para la correcta correspondencia de las imágenes, en contraste a esto, los métodos basados en selección aleatoria no podrían garantizar la selección de estos puntos [11].

3.3 Método de Correspondencia de Imágenes de Rango Empleando un Algoritmo Genético (ICP+AG).

La revisión de la literatura sobre la problemática del registro revela los numerosos intentos por resolver dicho problema. Entre ellos el algoritmo ICP tiene un lugar destacado, a pesar de sus serias limitantes. Otra aproximación para registrar dos imágenes de rango, es encontrar la transformación geométrica a través de un espacio de búsqueda, más que la búsqueda basada en correspondencias de los métodos basados en ICP. En este caso, la meta es encontrar, en un espacio de búsqueda de transformaciones geométricas, una solución que se pueda emplear para alinear precisamente dos vistas. Una manera razonable para realizar esta búsqueda es a través del empleo de técnicas de optimización estocástica, tales como los algoritmos genéticos. Esta aproximación, generalmente se considera para proveer registro grueso. Sin embargo, se pueden combinar diferentes operadores, tales como búsquedas heurísticas locales, para obtener alineaciones precisas durante el proceso de convergencia.

La búsqueda de correspondencias precisas es un problema que puede ser abordado desde el punto de vista de la optimización. Los algoritmos genéticos constituyen una de las herramientas recientes que permite encontrar soluciones mediante la búsqueda en grandes espacios. El principio general de un algoritmo genético es someter a un proceso de evolución una población de individuos codificados como cromosomas, los cuales representan posibles soluciones de un problema de búsqueda. Durante la evolución a cada individuo se le asigna un valor de aptitud obtenido de una función definida específicamente para el problema a solucionar. Esta función, llamada función de aptitud, debe ser diseñada de tal forma que favorezca a los individuos más aptos o adecuados como solución del problema. La aptitud asignada a cada individuo es tenida en cuenta para seleccionar los progenitores a participar en el proceso de la reproducción, el cual consiste en intercambiar el material genético o contenido de un par de individuos seleccionados para generar dos nuevos individuos o dos nuevas posibles soluciones del problema, que de acuerdo a un mecanismo de reemplazo son incorporadas en la

población. Los nuevos individuos descendientes se someten además a un proceso de mutación que consiste en una perturbación aleatoria de su material genético, con el objetivo de dar variabilidad y enriquecer la exploración de las posibles soluciones del problema, representadas como cromosomas. Finalmente, después de llevarse a cabo un determinado número de ciclos de asignación de aptitud, reproducción, mutación y reemplazo, llamados generaciones, se escoge la mejor solución para el problema, es decir, el individuo con mayor aptitud.

Brunnstrom y Stoddart [20] propusieron un método en el que se integra el método clásico ICP con un algoritmo genético para acoplar superficies de forma libre. En esta propuesta, inicialmente se obtiene un alineamiento con un algoritmo genético, que luego es refinado con el ICP. El problema central hacia el cual Brunnstrom y Stoddart dirigen su propuesta, es el encontrar un conjunto de puntos correspondientes entre las dos vistas. Para ello se toman muestras densas en ambas vistas y se procede a hacer la búsqueda con un algoritmo genético que va asociando puntos entre las vistas, guiado por una función de aptitud que va contando el número de buenas correspondencias utilizando las invariantes de traslación y rotación, tales como, la orientación relativa de las superficies normales y la distancia relativa entre puntos. En esta propuesta, un cromosoma representa una asignación de puntos de ambas vistas.

Robertson y Fisher [90] propusieron un algoritmo genético paralelo, con el cual se logra reducir el tiempo computacional empleado, pero las soluciones no son más precisas que las obtenidas con el primer método. En esta propuesta los individuos de la población son vectores conformados por seis parámetros, que representan una transformada. La función de aptitud empleada es una medida del error cuadrático medio de las dos vistas registradas, luego de aplicar la transformada representada por cada cromosoma de la población.

Silva *et al.* [99] proponen un método para el registro de imágenes de rango, haciendo dos contribuciones claves: la hibridación de un algoritmo genético con el método de optimización heurístico de ascenso por la colina y una medida de desempeño de interpenetración de la superficie, diferente a la métrica clásica basada en el cálculo del error cuadrático medio entre los correspondientes puntos de dos imágenes, luego del registro. La medida de desempeño propuesta en este trabajo, consiste en calcular la fracción de puntos que quedan solapados en la vista A y en la vista B después del registro. Este método se especializa en buscar los parámetros de una transformada constituida por seis valores, tres parámetros de rotación y tres de traslación.

Yamany *et al.* [113] usaron un algoritmo genético para registro de superficies parcialmente solapadas, a partir de datos 2-D y 3-D, minimizando la función de costo del error cuadrático medio. El método es adecuado para registro de conjuntos de datos que se superponen parcialmente, sólo considerando los puntos tales que $p_i \in S_1 \cup S_2$, donde S_1 y S_2 son los conjuntos de fronteras en el espacio para los dos conjuntos de datos.

Un estudio reciente sobre uso de algoritmos genéticos para registro de datos de rango fue presentado por Lee *et al.* [28]. Para manejar datos parcialmente solapados, la media de los residuos es usada como una métrica de error. Esto mejora la robustez pero lleva a que el método sea inaplicable para datos cuyo solapamiento está por debajo del 50 %. Un operador avanzado de mutación dinámica es introducido, lo cual mejora el error de registro y ayuda a evitar convergencia prematura. Después de que el algoritmo genético ha convergido, el espacio de búsqueda se reduce y se aplica el algoritmo genético nuevamente.

La evaluación de la precisión del proceso de registro es un ítem que requiere atención; el camino más fácil es la comparación del modelo obtenido con otro de referencia, ya sea sintético o real. Existe una gran dificultad para comparar las diferentes propuestas reportadas en la literatura, debido a que en cada trabajo se utiliza una base de datos de imágenes diferente, lo que impide una comparación de los resultados de las métricas que cada uno implementa.

Los algoritmos genéticos han sido aplicados en el problema de registro; sin embargo, la complejidad del espacio de búsqueda, ha sido una de las principales dificultades para las propuestas realizadas. Por esta razón, se proponen estrategias de submuestreo para reducir el número de puntos correspondientes para guiar el registro, el muestreo uniforme aleatorio y el muestreo uniforme en el espacio de las normales [91].

En el Algoritmo 3.2, se plantea y describe una propuesta novedosa para la correspondencia de imágenes de rango parcialmente solapadas empleando algoritmos genéticos. El algoritmo consiste inicialmente en obtener un par de imágenes pre-alineadas y realizar un proceso de búsqueda de la mejor correspondencia para un conjunto de puntos muestreados aleatoriamente sobre una de las imágenes que es tomada como la imagen a registrar.

El proceso de búsqueda de las correspondencias se realiza mediante un algoritmo genético modificado para disminuir el tiempo de convergencia y mejorar la eficiencia.

```
Registro ICP+AG()
inicio
    1. Pre-alineamiento y obtención del área de solapamiento
    2. Muestreo de puntos
    3. Determinación de subdominios
    4. Optimización de la correspondencia mediante AG
fin
```

Algoritmo 3.2: Método propuesto para el registro de imágenes de rango parcialmente solapadas empleando algoritmos genéticos.

En los párrafos siguientes se explicará en detalle cada una de las etapas que componen el

método propuesto.

3.3.1 Pre-alineamiento y obtención del área de solapamiento.

Generalmente, como etapa inicial del proceso de registro se requiere un proceso previo que permita encontrar una solución global al registro de imágenes de rango. Esto se debe a que diferentes tipos de dispositivos de adquisición generan imágenes parciales de los objetos en diferentes sistemas de coordenadas. Los sistemas de coordenadas se cambian debido a problemas de oclusión en regiones difíciles de sensar o en objetos de gran tamaño en los cuales es necesario mover el dispositivo de adquisición o el objeto mismo. Los sistemas de coordenadas referentes en cada imagen pueden cambiar en sus parámetros de translación y/o rotación. El parámetro de escalado generalmente no cambia, por lo tanto, no se considera dentro del problema de registro.

Usualmente, los trabajos realizados en el campo del registro de imágenes de rango no consideran explícitamente una fase de pre-alineamiento, es decir, se asume que las imágenes están suficientemente cercanas o que la posición inicial de las vistas no afecta el proceso de registro. El pre-alineamiento de las imágenes mejora el tiempo de convergencia del método y permite encontrar una solución adecuada para el registro de las imágenes. Sin un proceso de pre-alineamiento los métodos de registro podrían tomar tiempo excesivo para encontrar la solución o no encontrarla. Por ejemplo, el método de registro ICP, requiere que las imágenes estén suficientemente cercanas para garantizar la convergencia. El problema del pre-alineamiento automático hace parte de un tópico de investigación dentro del registro, denominado registro burdo o grueso, que busca acercar las imágenes lo suficiente para que un método de registro fino funcione correctamente.

Una vez se han pre-alineado el conjunto de imágenes, es posible calcular un área común entre las dos imágenes (A y B). Esta área entre las imágenes se denomina área de solapamiento AB, y consiste en el conjunto de pares de puntos que poseen una distancia menor a un umbral λ:

$$AB = \{(a_i, b_j) \ / \ i \in I_A \wedge j \in I_B \wedge \mathrm{Dist}(a_i, b_j) < \lambda \ \} \tag{3.2}$$

donde I_A, I_B son el conjunto de índices de puntos en cada una de las imágenes A y B respectivamente, a_i es el punto más cercano a b_j, esto es, $Dist(a_i, b_j) = Min(Dist(a_r, b_j))/r \in I_A$.

Las áreas de solapamiento son necesarias en el proceso de registro debido a que estas son

tomadas como referencia para realizar un correcto alineamiento. Es decir, cualquier método de registro busca hacer coincidir correctamente las áreas de solapamiento entre las imágenes. Las áreas de solapamiento constituyen el parámetro referente más importante para el proceso de registro y sobre las cuales se buscan las correspondencias adecuadas, por lo tanto. en pares de vistas en los cuales no exista área de solapamiento, no es posible realizar un correcto registro de las imágenes.

En la Figura 3.1 se muestran resultados obtenidos del proceso de pre-alineamiento. Éstas pruebas fueron realizadas manualmente, generando pares de puntos de referencia entre las áreas de solapamiento de las imágenes. Las parejas obtenidas son enviadas a un procedimiento propuesto por Horn [59], con el cual se estima la mejor transformada. Aún cuando no se tenga un buen pre-alineamiento, el método propuesto genera registros adecuados.

3.3.2 Muestreo de puntos.

Dadas dos imágenes de rango A y B, donde A es la imagen de referencia y B es la imagen a registrar, se selecciona aleatoriamente un conjunto de N puntos pertenecientes al área de solapamiento en B y se determina, para cada uno de estos, el punto más cercano en A, de acuerdo a una estimación de la distancia entre los puntos de A y B (ver Figura 3.2).

3.3.3 Determinación de subdominios.

Los subdominios se forman con M puntos cercanos al punto más cercano en A para cada punto en B. Formalmente, un subdominio se define como el conjunto de puntos P_i, tal que para cada muestra $i \in B$, $P_i = \{a_i, a_j, \ldots, a_k\} / i, j, \ldots, k \in I_A$ y constituyen un conjunto de puntos cercanos circularmente simétrico al punto más cercano en A de cada muestra i, esto es, $Dist(\{a_i, a_j, \ldots, a_k\}, b_i) \leq \beta$, donde β es el radio del vecindario, e I_A es el índice de puntos de la imagen A (ver Figura 3.3).

La determinación de los subdominios posee un paso crítico computacionalmente, este es, la búsqueda del punto más cercano en A a cada uno de los puntos de la muestra seleccionada en B, debido a que esto implica calcular y comparar las distancias a todos los puntos que forman el área solapada en A. Esta búsqueda es mejorada con la implementación de una estructura de árbol k-d.

La división del espacio de búsqueda en subdominios, reduce el costo computacional para encontrar el punto de correspondencia correcto de un punto seleccionado de la imagen de referencia. Sin embargo, no es posible garantizar que dentro del espacio de búsqueda de

(a) Imágenes sin pre-alineamiento.

(b) Puntos de referencia.

(c) Imágenes pre-alineadas.

(d) Imágenes sin pre-alineamiento.

(e) Puntos de referencia.

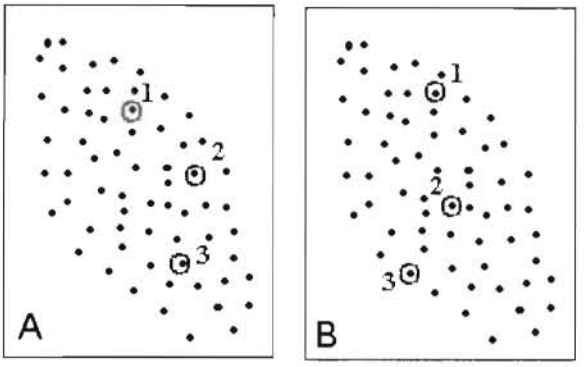
(f) Imágenes pre-alineadas.

(g) Imágenes sin pre-alineamiento.

(h) Puntos de referencia.

(i) Imágenes pre-alineadas.

Figura 3.1: Pre-alineamiento de imágenes de rango.



(a) Imagen de referencia. (b) Imagen a registrar.

Figura 3.2: Muestreo y selección de puntos cercanos.

todos los subdominios exista dicho punto. La probabilidad de existencia de una solución dentro de cada subdominio aumenta en relación al tamaño de éste. Así, si cada subdominio tiene el tamaño total de la nube de puntos disponible, la probabilidad de encontrar la solución es del 100 %.

Se realizaron pruebas con el fin de analizar el comportamiento del AG, al variar el tamaño de los subdominios, para determinar un valor adecuado para este parámetro. Las pruebas consisten en establecer el tamaño de los subdominios como una relación porcentual del área de solapamiento. Cada subdominio es construido como un conjunto de puntos cercanos al punto seleccionado en la imagen de referencia; el tamaño es variado en intervalos crecientes de 10 % . El conjunto de 10 imágenes a registrar son una transformación controlada de la imagen de referencia. La transformación consiste en la aplicación de una transformada con valores de rotación y traslación determinados manualmente.

El tiempo empleado para encontrar la solución y los errores de registro son reportados en las Tablas 3.1 y 3.2 como un promedio de cinco ejecuciones del AG para cada configuración. Las pruebas muestran que los mejores resultados se obtienen con tamaños de subdominios entre 30 % y 50 %, junto con incrementos significativos en el tiempo usado en el proceso de registro. Esto permite concluir que no es necesario usar un tamaño superior al 50 % del área solapada para cada subdominio, porque el error no mejora y se incrementa el costo computacional. Sin embargo, el tamaño apropiado de los subdominios dependerá de la calidad del pre-alineamiento de las vistas; es decir, a mejor prealineación, más pequeño el tamaño de los subdominios.

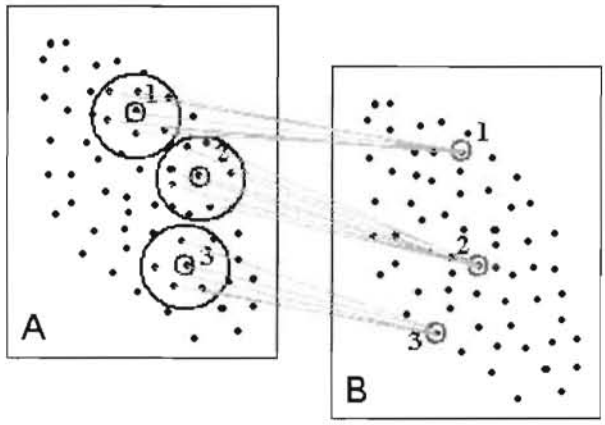


Figura 3.3: Determinación de subdominios en A(Imagen de referencia) para cada muestra en B (Imagen a registrar).

	Tamaño de los subdominios									
	10 %	20 %	30 %	40 %	50 %	60 %	70 %	80 %	90 %	100 %
	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
I	0.09019	0.08901	0.08458	0.07690	0.08134	0.07958	0.08219	0.07948	0.08335	0.07215
m	0.03574	0.04590	0.06021	0.03013	0.06606	0.08946	0.05488	0.07255	0.04588	0.06325
á	0.12593	0.13491	0.11479	0.10703	0.14739	0.16904	0.13708	0.15203	0.12922	0.11549
g	0.06953	0.06708	0.06685	0.06413	0.06653	0.07046	0.06626	0.06633	0.06150	0.06081
e	0.07099	0.06167	0.05774	0.05488	0.05263	0.05131	0.05074	0.04985	0.06321	0.05148
n	0.16118	0.15068	0.14232	0.13178	0.13397	0.13090	0.13293	0.12934	0.14656	0.12363
c	0.12544	0.10478	0.08211	0.10166	0.06791	0.04144	0.07805	0.05679	0.10068	0.06037
s	0.07098	0.06167	0.07113	0.08823	0.05263	0.05131	0.05074	0.04985	0.06321	0.05148
	0.12593	0.13491	0.14479	0.10703	0.14739	0.16904	0.13708	0.15203	0.12922	0.13540

Tabla 3.1: Comportamiento del error (en mm) para diferentes tamaños de los subdominios.

	Tamaño de los subdominios									
	10 %	20 %	30 %	40 %	50 %	60 %	70 %	80 %	90 %	100 %
l	130.998	138.319	134.200	145.120	148.890	162.180	170.477	177.250	181.431	182.435
m	126.230	126.453	134.170	148.041	157.181	166.678	168.837	178.061	187.157	183.508
á	130.998	138.319	134.200	145.120	148.890	162.180	170.477	177.250	181.431	182.435
g	129.928	136.948	136.059	138.398	146.639	159.103	171.244	175.505	179.253	179.082
c	145.250	144.125	150.235	154.325	172.325	186.025	175.368	205.326	210.325	222.384
n	131.410	136.094	138.217	143.175	159.689	169.030	176.478	173.811	174.390	187.527
c	129.928	136.948	136.059	138.398	146.639	159.103	171.244	175.505	179.253	179.082
s	140.482	132.259	150.204	157.246	180.615	190.522	173.727	206.137	216.051	223.156
	127.300	127.825	132.312	154.763	159.433	169.756	168.071	179.806	189.335	186.862

Tabla 3.2: Comportamiento del tiempo (en seg) para diferentes tamaños de los subdominios (en segundos).

3.3.4 Optimización de la correspondencia mediante AG.

Los algoritmos genéticos constituyen una herramienta adecuada para resolver el problema de optimización debido a su paralelismo implícito en la búsqueda, su habilidad para encontrar y mantener múltiples óptimos en cada generación de la evolución y su habilidad para optimizar criterios no derivables. En general, los AG codifican cada posible solución en individuos mediante un esquema de representación, a cada individuo se le estima una función de aptitud que sugiere el nivel de la calidad de la solución implícita en el individuo. Para cada generación, cada individuo es evolucionado mediante la aplicación de operadores genéticos como el cruce y la mutación. Como se definió anteriormente, dadas dos imágenes de rango A y B, donde A es la imagen de referencia y B es la imagen a registrar, la búsqueda de los mejores puntos en A que se acoplan con una muestra de puntos seleccionada en B, es realizada por un algoritmo genético, el cual está compuesto por tres elementos: el esquema de representación, la función de aptitud y la configuración de los operadores genéticos.

Esquema de representación.

Consiste en un cromosoma de tamaño N, esto es, a cada uno de los puntos de la muestra seleccionada en la imagen B, le corresponde un gen del cromosoma. Cada gen contiene un índice que identifica un punto dentro del vecindario correspondiente a dicho punto, definido en la imagen A. La Figura 3.4 ilustra esta representación.

El gen 1 corresponde al primer punto de la muestra, el gen 2 al segundo punto de la muestra y así sucesivamente hasta el N-ésimo punto de la muestra tomada en la imagen B. Por ejemplo, en la Figura 3.4 el gen 1 contiene el valor 12, lo cual significa que el punto 12 está dentro del

Image A ⟶	12	25	78	.....	1
Image B ⟶	1	2	3		N

Figura 3.4: Esquema de representación de un cromosoma.

subdominio del primer punto muestreado en B. El índice 25 representa un punto de la imagen A, perteneciente a un vecindario de puntos cercanos al punto 2 de la muestra en la imagen B. y así sucesivamente. Cada punto de la muestra tomada en la imagen B tiene definido un vecindario de puntos cercanos en la imagen A, del cual el respectivo gen tomará valores.

Función de aptitud.

La función de aptitud consiste en medir el error promedio entre los puntos de las áreas de solapamiento originadas en el registro de las imágenes. Cada individuo, que puede ser visto como un conjunto de puntos con sus respectivas parejas, es traducido a una transformada por medio del método de Horn [59]. La transformada es aplicada a la imagen a registrar y el error cuadrático medio de este registro es asignado como la aptitud del individuo. Entre más pequeño sea este error, el individuo será mucho mejor:

$$\text{Aptitud} = \varepsilon = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^{N}(P_i - R_i)^2}{N}} \tag{3.3}$$

a_i, es cada punto en el área de solapamiento en la imagen A, y b_i es cada punto en el área de solapamiento en la imagen B, después de aplicada la transformada.

Operadores Genéticos.

Para el registro de dos vistas se aplica un operador de cruce simple con un solo punto de corte, en el que se intercambia el contenido genético de los progenitores a cada lado del punto de corte para generar dos nuevos individuos (ver Figura 3.5). Por su parte, el operador de mutación, simplemente varía la información de cada gen según la probabilidad de mutación, teniendo en cuenta los vecindarios definidos para cada punto representado. Es decir, si al gen

DEPTO. DE BIBLIOTECA

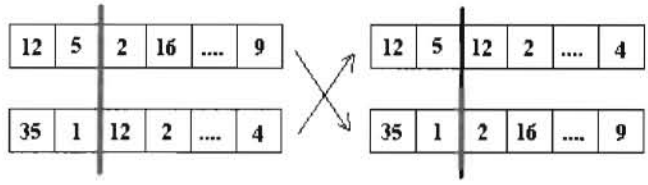


Figura 3.5: Cruce con un solo punto de corte.

i que representa el i-ésimo valor de la muestra tomada en la imagen B, le corresponde ser mutado, se selecciona al azar un respectivo punto en el vecindario definido para este punto en la imagen A y se cambia por el valor anterior.

El muestreo de N puntos en la imagen B, sólo se realiza una vez durante todo el proceso, lo que quiere decir que el algoritmo genético descrito, se especializa en la búsqueda de los puntos que mejor se acoplen con la muestra seleccionada. El pre-alineamiento de las imágenes permite reducir el espacio de búsqueda para este procedimiento.

Parametrización del algoritmo genético.

La ejecución de un algoritmo genético (AG) exige asignar valores adecuados a un conjunto de parámetros que garanticen su buen funcionamiento. Dentro de dicho conjunto de parámetros se encuentran, entre otros, el tamaño de la población, la longitud de los individuos y las probabilidades asignadas a cada uno de los operadores genéticos. No existen criterios claramente definidos en la literatura para asignar valores a dichos parámetros; sin embargo, se han realizado numerosas pruebas sobre una amplia variedad de problemas de búsqueda y optimización, con el fin de determinar adecuados rangos de valores para parametrizar un AG. No obstante, una parametrización dependerá del problema en particular; por consiguiente, una forma de encontrar estos valores es mediante la ejecución de pruebas experimentales sobre el dominio real del problema. Con el objetivo de determinar los valores adecuados de las probabilidades de los operadores genéticos para el problema de registro de imágenes de rango, el método propuesto en este capítulo, basado en AG, ha sido probado con un conjunto de 30 pares de imágenes de rango de objetos reales, permitiendo la variación de las probabilidades de los operadores de cruce y mutación, en intervalos de 10 % y promediando los resultados obtenidos para cada una de las posibles combinaciones de porcentaje de estos.

		Cruce									
		0.1	0.2	0.3	0.4	0.5	0.6	0.7	0.8	0.9	1.0
	0.1	0.1742	0.1968	0.1984	0.1899	0.1947	0.1980	0.1882	0.1859	0.1971	0.1859
M	0.2	0.1925	0.1892	0.1949	0.1653	0.1858	0.1752	0.1842	0.1771	0.1819	0.1900
u	0.3	0.2014	0.1991	0.1873	0.1841	0.1879	0.1915	0.1842	0.1895	0.1997	0.1765
t	0.4	0.1845	0.1766	0.1876	0.1977	0.1961	0.1915	0.1770	0.1699	0.1891	0.1737
a	0.5	0.1899	0.1885	0.1929	0.1902	0.1799	0.1863	0.1890	0.1938	0.1792	0.1752
c	0.6	0.1967	0.1897	0.1855	0.1650	0.1990	0.1889	0.1930	0.1927	0.1722	0.1806
i	0.7	0.1950	0.1846	0.1906	**0.1608**	0.1855	0.1937	0.1968	0.1863	0.1611	0.1750
ó	0.8	0.2017	0.1890	0.1968	0.1969	0.1894	0.1921	0.1750	0.1942	0.1834	0.1823
n	0.9	0.1825	0.1912	0.2035	0.1870	0.1860	0.1886	0.1877	0.1858	0.1794	0.1951
	1.0	0.1934	0.1880	0.1987	0.1802	0.1876	0.1909	0.179	0.1912	0.183	0.2054

Tabla 3.3: Promedio de los resultados (mm) obtenidos para cada combinación de porcentajes asignados a los operadores genéticos.

PARÁMETROS	VALOR
Número de Generaciones	100
Tamaño de la Población	100
Tamaño del Individuo	10 Parejas
Probabilidad de Cruce	40 %
Probabilidad de Mutación	70 %

Tabla 3.4: Valores de configuración del AG.

En la Tabla 3.3, se muestran los promedios de los resultados para cada combinación, tras 100 generaciones de evolución del AG. Los resultados con menor promedio se consiguieron con una probabilidad del 40 % para el operador de cruce y del 70 % para el operador de mutación. El tamaño de la población fue establecido en 100 individuos, como generalmente es reportado en la literatura. Cada individuo está compuesto por 10 parejas de puntos. La Tabla 3.4, muestra los valores de los parámetros de configuración para el AG.

El procedimiento de optimización de la correspondencia mediante AG, se valida con un conjunto de pruebas, para demostrar la efectividad del método propuesto (ICP+AG). Se realiza un análisis de la convergencia del error y el tiempo, frente a los métodos de registro como ICP e ICP+N. Adicionalmente, se valida la robustez del método propuesto, con respecto a la alineación inicial de una par de imágenes de rango, frente al ICP e ICP+N, mediante una prueba experimental intensiva.

Comparación de la convergencia del error y el tiempo.

Este experimento consiste en medir la convergencia del error y el tiempo para el registro de pares de imágenes de rango pre-alineadas de un objeto real, para el método propuesto ICP+AG frente a ICP e ICP+N. En la Figura 3.8 se muestran las imágenes y el resultado del mejor registro obtenido de un conjunto de 30 pruebas realizadas para cada par de imágenes con el mismo pre-alineamiento.

La prueba de convergencia del error fue ejecutada fijando el umbral de error en 1×10^{-3} mmy 1×10^{-6} mmy corriendo el método iterativamente hasta que convergiera. Las pruebas fueron realizadas manteniendo el mismo pre-alineamiento de las imágenes para cada caso. Los resultados muestran que el ICP+AG converge en menos iteraciones como puede observarse en las Figuras 3.6 y 3.7.

Los tiempos de convergencia (en segundos) para las pruebas con valores de 1×10^{-3} mmy 1×10^{-6} mmson mostrados en las Tablas 3.5 y 3.6 respectivamente.

Pruebas	Iteraciones			Tiempo (segundos)		
	ICP	ICP+N	ICP+AG	ICP	ICP+N	ICP+AG
Prueba 1	13	12	9	3.125	7.327	180.325
Prueba 2	17	15	11	6.325	15.327	235.235
Prueba 3	17	15	11	5.325	13.254	210.254

Tabla 3.5: Tiempo de convergencia para 1×10^{-3} mm.

Pruebas	Iteraciones			Tiempo (segundos)		
	ICP	ICP+N	ICP+AG	ICP	ICP+N	ICP+AG
Prueba 1	15	14	13	5.125	7.327	235.658
Prueba 2	21	15	13	8.251	19.325	220.325
Prueba 3	18	16	13	6.016	18.327	345.658

Tabla 3.6: Tiempo de convergencia para 1×10^{-6} mm.