

Transients In Transmission Lines: A Finite-Difference Time-Domain Analysis

J. E. Oliveira, V. R. Leonardi and L. R. d. Souza

Abstract— This report has the objective of explaining and detailing the finite-difference time-domain(FDTD) algorithm and its use in the computational analysis of transient behavior of voltage and current waves in a lossless transmission line, particularly, with the use of the MATLAB language.

Keywords— Lossless transmission lines; FDTD algorithm; transients; MATLAB; voltage and current waves visualization; simulation.

I. INTRODUÇÃO

LINHAS de transmissão são circuitos utilizados para a transmissão de sinais eletromagnéticos. Elas se tornam necessárias quando o comprimento das ondas transmitidas é curto o suficiente para que o comprimento da linha seja uma parcela relevante desse valor [1].

Transientes são eventos de curta duração causados por mudanças abruptas no estado do circuito. No caso das linhas de transmissão, transientes podem ocorrer quando uma nova carga é conectada ao circuito, quando um sinal aperiódico é injetado na ou se propaga através da linha, ou quando o gerador é ligado [2].

A análise feita nesse projeto se baseia no transiente gerado por sinais aperiódicos do tipo degrau. Para que seja computacionalmente possível tal análise, é necessário realizar uma discretização do sistema. O método FDTD permite transformar as equações do telegrafista (1) em diferenças finitas, criando uma malha de pontos discretos no espaço e no tempo que serão utilizados para os cálculos de $v(z,t)$ e $i(z,t)$.

$$\begin{aligned} \frac{-\partial v(z,t)}{\partial z} &= Ri(z,t) + L \frac{\partial i(z,t)}{\partial t} \\ \frac{-\partial i(z,t)}{\partial z} &= Gv(z,t) + C \frac{\partial v(z,t)}{\partial t} \end{aligned} \quad (1)$$

Foi escolhida a linguagem MATLAB para realizar a simulação, devido à facilidade da representação gráfica da tensão e corrente, além da útil ferramenta de criação de vídeos para ilustrar o comportamento em relação ao tempo.

II. DADOS DA LINHA DE TRANSMISSÃO

Para a correta realização da simulação é preciso especificar as características da linha utilizada. Primeiramente, o sistema simulado é baseado no modelo de linha de transmissão na Fig. 1.

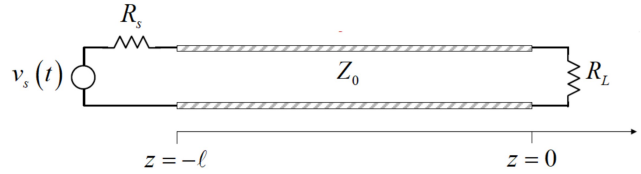


Figura 1. Modelo genérico de linha de transmissão[2].

Das especificações do projeto tem-se os seguintes valores:

$$Z_0 = 50 \Omega \quad R_s = 75 \Omega$$

Como é o caso de uma linha sem perdas, os parâmetros R e G podem ser considerados $R = G = 0$. Os parâmetros L, C e l da linha foram considerados os mesmos de um cabo coaxial comercial [3] de impedância igual à especificada no projeto. Dessa forma, $C = 101 \text{ pF/m}$ e $L = 252 \text{ nH/m}$.

Pré-processamento

As fotografias de ambientes reais comumente apresentam milhares de cores, texturas, *backgrounds*, problemas de cor, contraste, iluminação, ruído e diversos aspectos que tornam as imagens quase impossíveis de serem processadas com toda a riqueza de detalhes. O pré-processamento tem por objetivo diminuir essa riqueza e tornar a imagem mais fácil de ser segmentada. Para realização dessa etapa foram implementados algoritmos para correção de luminosidade e contraste da imagem, filtro mediano, que atribui a cor média de uma região para cada pixel dentro de um raio específico, mudança para escala cinza, modificação do espaço de cores (RGB e HSL), misturador de canais, removedor de ruído, filtro passa baixa, passa alta, máximo, mínimo, ressaltador de bordas, ofuscador, entre outros. Os filtros possuem intensidades e parâmetros que podem ser livremente escolhidos pelo usuário, com intuito de tornar a solução o mais flexível e sensível para imagens fora de padrão. Todos os códigos implementados tiveram por objetivo destacar o objeto de interesse do restante da imagem. Enquanto algumas imagens utilizarão poucos filtros, outras, de difícil visualização, utilizarão vários filtros para conseguir destacar uma área.

Segmentação

A segmentação de imagens é dependente do pré-processamento. É necessário diminuir a riqueza de detalhes

¹J. E. Oliveira, Universidade de São Paulo, São Carlos, São Paulo, Brasil, jeosvici@usp.br

V. R. Leonardi, Universidade de São Paulo, São Carlos, São Paulo, Brasil, vitorleonardi@usp.br

L. R. de Souza, Universidade de São Paulo, São Carlos, São Paulo, Brasil, leo_souza@usp.br

Corresponding author: Julio Eiji Oliveira

das imagens para permitir que o computador interprete de forma fácil a parte de interesse e consiga separá-la nessa etapa. Para segmentar a imagem foram implementados algoritmos de binarização que reduzem as fotografias para representações de duas cores - preto e branco, além de técnicas de dilatação e procedimentos para detecção de bordas, como a técnica Canny Edge Detection [20] - um algoritmo de múltiplas etapas capaz de identificar e ressaltar bordas em uma variedade de imagens. Adicionalmente foram desenvolvidas ferramentas para segmentar a imagem por histograma de cores e seleção por verossimilhança de pixel. A segmentação torna-se fácil ou difícil de acordo o nível de pré-processamento realizado na etapa de pré-processamento.

Identificação de objetos

Para identificar os objetos destacados durante a segmentação foram implementadas as técnicas da Transformada de Hough [2], que realiza a detecção de formas geométricas em imagens digitais, a técnica de Template Matching [7], que procura por padrões dentro da imagem alvo e tenta “casar” com um padrão preestabelecido, além de técnica de extração de características, que procura círculos dentro da imagem. As técnicas foram desenvolvidas com nível sensibilidade controladas pelo usuário, sendo capazes de identificar colônias com diferentes tamanhos, considerar agrupamentos de colônias, reconhecer colônias que se formam na borda da placa de Petri ou ignorá-las. Após ressaltar o objeto de interesse, o mesmo é destacado e enumerado visualmente para o usuário. É possível utilizar imagens processadas completamente em outros programas e utilizar o software desenvolvido apenas para contar os objetos destacados.

III. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Análise pré-desenvolvimento

Antes do desenvolvimento e codificação da aplicação foi realizado um levantamento por programas criados com intuito de identificar colônias bacterianas, além de uma pesquisa sobre as técnicas, filtros, possibilidades e limitações dos principais editores de imagens, como Adobe™ Photoshop® e Gimp®, bibliotecas de visão computacional, como OpenCV (Open Source Computer Vision Library) e programas de propósito geral, como o MATLAB. A escolha dos programas e bibliotecas baseou-se nos critérios de popularidade – todos os eleitos são líderes de mercado em seu segmento, sendo reconhecidos por sua qualidade e estabilidade.

Mesmo com um significativo número de trabalhos sobre contagem de células [3], nenhuma solução apresentou um método que tornasse obsoleto o método anterior. Nos trabalhos identificados, as técnicas foram utilizadas, na maioria das vezes, de forma exclusiva, quando poderia ser utilizadas em conjunto e contribuir de forma significativa para os resultados. Além disso, todas as soluções propostas são completamente dependentes da forma de aquisição da fotografia. Para o desenvolvimento desse trabalho, as técnicas encontradas na literatura e utilizadas por outras

soluções foram incorporadas ao programa com o objetivo de permitir o processamento de um amplo número de imagens e disponibilizar resultados com elevada precisão.

Apresentação do programa

Após a realização do levantamento e da análise das soluções existentes atualmente, o programa foi concebido com a interface apresentada na Fig. 3. Filtros para processamento, técnicas de segmentação, identificação e contagem foram implementados sem parâmetros automáticos, para tornar o programa menos dependente do processo de aquisição, do tipo de bactéria e do experimento realizado.

O *software* desenvolvido foi intitulado MicroCount e o objetivo principal foi completar as lacunas hoje existentes nas soluções disponíveis, cujas técnicas são aplicadas de forma automática e sem controle amplo dos parâmetros de processamento. Ao abrir o software é apresentado um breve tutorial de como utilizar as técnicas e ferramentas. Através do menu principal o usuário pode abrir as imagens, redimensionar, escolher filtros, técnicas de segmentação e contagem de colônias. Na coluna esquerda do programa são exibidas as imagens importadas e um memorial das técnicas utilizadas, para replicação em um conjunto de imagens provenientes de um mesmo experimento.

Ao fim do processamento é apresentado ao usuário a opção de exportar os dados da contagem. Nenhuma restrição sobre a origem das imagens é feito pelo software. A imagem pode ser processada em qualquer outro programa e importada para o software apenas realizar a contagem ou pode ser processada em diversos níveis dentro do programa e exportada a qualquer momento para outro programa realizar a contagem.

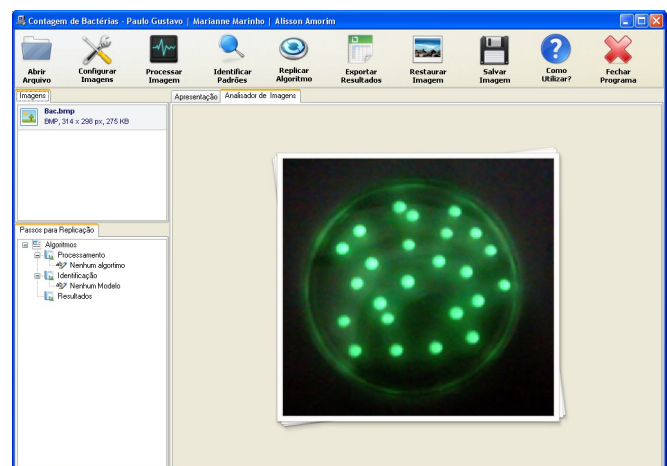


Figura 3. Interface principal do programa MicroCount, desenvolvido nesse trabalho, com uma imagem de experimento aberta.

(i) *Menu Abrir Arquivo*: O primeiro menu, apresentado na Fig. 4, permite a inclusão de imagens, individuais ou em grupo, que são exibidas na lateral esquerda do programa e permite a seleção com um único clique.

(ii) *Menu Configurar imagens*: Permite redimensionar as imagens, para acelerar a identificação. O tamanho da imagem tem menos influência na identificação do que a

forma como as fotografias foram obtidas, como iluminação correta, coloração, ângulo e eliminação de reflexos.

(ii) *Menu Processar imagens:* A opção para processar imagens dispõe de diversos filtros capazes de melhorar o contraste do background com os objetos de interesse, eliminar faixas do histograma da imagem, remover canais, trabalhar com espaços de cores em RGB ou HSL ou compor imagens. Esse bloco tem por objetivo facilitar o trabalho da etapa seguinte (Fig. 4). Os filtros e os parâmetros de intensidade podem ser controlados pelo usuário, com realimentação das ações.

(iv) *Menu identificar Padrões:* Após processar a imagem é possível identificar os objetos contidos na mesma, através das técnicas de detecção de borda, Hough Circle ou Template Matching. As colônias identificadas são plotadas sobre a imagem, para contra prova e no final do processamento é exibido o total identificado (Fig. 5).

(v) *Menu Replicar algoritmo:* Após processar uma imagem é possível reutilizar todos os passos aplicados para outras imagens, partindo do princípio de que para imagens de um mesmo experimento as técnicas utilizadas serão as mesmas, pois as condições de coloração, iluminação e outros fatores serão aproximadamente constantes.

Após o processamento, a imagem deverá estar pronta para a aplicação das técnicas de segmentação e identificação. Essas técnicas também possuem parâmetros controlados, para permitir ao usuário o melhor ajuste a diversos tipos de imagens. As colônias identificadas são ressaltadas na tela para acompanhamento do processo de identificação. É possível estimar a área das colônias, com a respectiva faixa de erro.

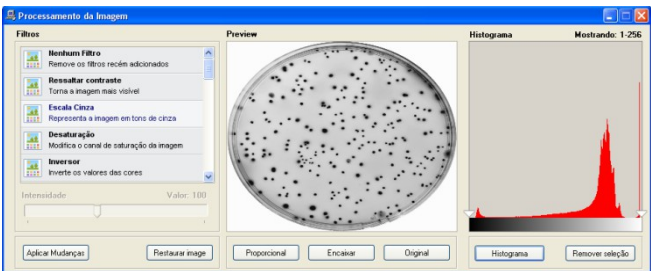


Figura 4. Opções para pré-processamento das imagens.

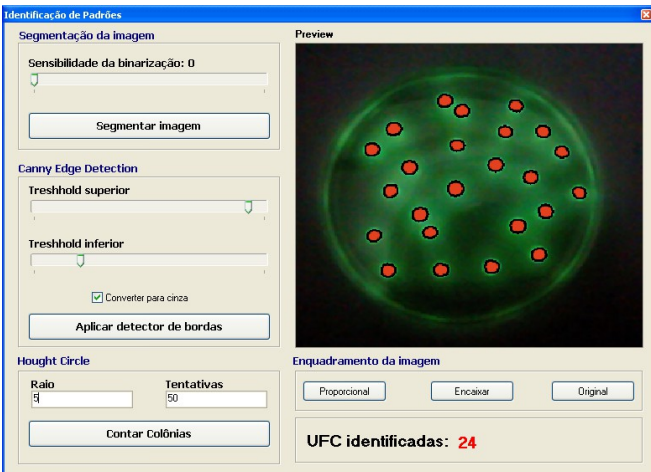


Figura 5. Opções para identificação de contagem das bactérias.

Não foi encontrado na literatura citada nesse documento, softwares que unissem distintas técnicas de edição, processamento, segmentação, detecção de bordas e visão computacional em um mesmo projeto, de forma controlada pelo usuário. Os programas disponíveis em geral exigem que a imagem já venha com a área de interesse para contagem de colônias delimitada por um editor de imagens, por exemplo, não sendo possível recortá-la pelas ferramentas do software e nem corrigir outros problemas comuns à aquisição das fotografias. O MicroCount inclui ferramentas para edição, mudança de dimensões, corte de áreas, anti-aliasing, entre outras.

Validação e comparação do MicroCount

Para validar o software foram utilizadas as diferenças de resultados entre contagens humanas, cujos valores são tidos como exato, e as contagens do MicroCount. Por impossibilidade de afirmar qual o valor aceitável para essa diferença, calculou-se o índice de desempenho C [8]. Esse índice é definido matematicamente como o produto do índice de concordância d [18], e pelo coeficiente de correlação de Pearson r. O valor de C é classificado na Tabela I.

TABELA I
CLASSIFICAÇÃO DO ÍNDICE DE CONCORDÂNCIA

Classificação	Mínimo	Máximo
Ótimo	86,0%	100,0%
Muito bom	76,0%	85,0%
Bom	66,0%	75,0%
Mediano	61,0%	65,0%
Sofrível	51,0%	60,0%
Mal	41,0%	50,0%
Péssimo	0,0%	40,0%

Para o cálculo do índice “C” foram utilizadas imagens de um mesmo experimento, com quantidade crescente de colônias. Após a contagem humana, as imagens foram processadas no MicroCount, no MATLAB 7.1 e no OpenCFU 3.8 e seus valores registrados para os cálculos de ajuste e concordância.

Os programas utilizados na comparação foram escolhidos pela sua popularidade e pela precisão dos resultados frente aos concorrentes. O MATLAB é um software comercial para criação de soluções matemáticas voltadas a problemas de engenharia e ciências em geral. Utilizado mundialmente por pesquisadores e técnicos das mais variadas especialidade, desponta como líder de mercado no seu segmento. Para usar o programa é preciso digitar comandos de programação dentro da sua interface [12]. O OpenCFU é um programa gratuito, de código aberto, com interface simples, fácil de utilizar e instalar, rápido e robusto, que se destaca pela contagem correta e direta em uma ampla gama de imagens, além da disponibilidade e iniciativa de torná-lo aberto. Outros programas comumente utilizados para contagem de colônias, como o ImageJ, que possui uma proposta parecida com a do MicroCount, e NIST's Integrated colony enumerator (NICE), já foram comparados com o OpenCFU por [9] e por isso não foram citados aqui.

A Fig. 6 representa amostras de colônias utilizadas nos testes de contagem. As imagens foram salvas com nomes sequenciais e reservadas em uma pasta, para ser processada por ambos os softwares tratados na comparação. Os resultados obtidos durante a contagem são apresentados na Tabela II. Todos os programas foram comparados com os valores da contagem humana, aceita como exata.

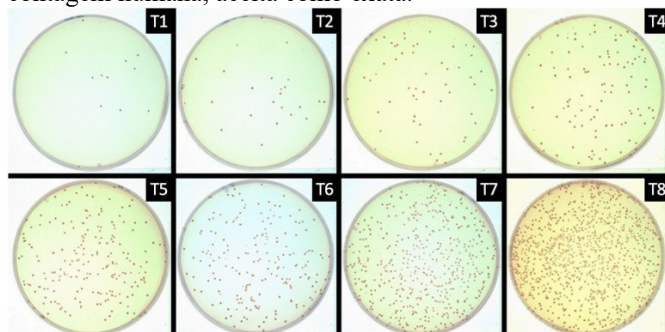


Figura 6. Colônias de *Staphylococcus aureus* de um experimento, com quantidade e a dificuldade de aferição crescentes no tempo [9].

TABELA II
COMPARAÇÃO DOS RESULTADOS OBTIDOS

Tempo	MicroCount	OpenCFU	MATLAB	Humano
T1	12	13	15	12
T2	24	25	30	25
T3	55	55	63	55
T4	101	105	113	100
T5	155	152	137	161
T6	219	225	205	222
T7	556	556	530	563
T8	1205	1196	1087	1217
Erro (%)	7,69	10,59	25,95	0,00
R ² (%)	99,92	99,30	92,67	100
D (%)	99,97	99,82	98,09	100
C = d . r	99,93	99,47	94,42	100
Resultado	Ótimo	Ótimo	Ótimo	Exato

A contagem humana foi realizada tradicionalmente. Destaca-se que, ao contrário das outras soluções, todas as imagens foram processadas de uma única vez, através da ferramenta de replicação de contagem.

O *MicroCount* apresentou taxa de erro de máxima de 7,69% em todos os tempos analisados, seguido pelo Open CFU 3,8, com 10,59% e o MATLAB 7.1 com 25,95%. Como esperado, quanto mais geral é a solução, menor a exatidão da mesma, motivo pelo qual o Matlab 7.1 apresentou os piores resultados.

Como os filtros podem ser livremente aplicados e as técnicas de segmentação têm sensibilidade definida pelo o usuário, o *MicroCount* obteve melhores resultados na maioria dos casos estudados. Os autores reconhecem que o MATLAB pode ser tão bom quanto qualquer outra ferramenta, desde que o mesmo código seja implementado dentro do referido software, entretanto, para esses testes, utilizou-se as rotinas padrões de detecção de borda e a rotina *Automated Counting of Bacterial Colonies*. Notou-se que as soluções analisadas apresentam uma diminuição da taxa de acerto com o aumento do número de colônias, principalmente quando há sobreposição de colônias.

Além dessa comparação, foram realizados testes com imagens contendo alta e baixa densidade de colônias, imagens com alto e baixo contraste e imagens com colônias contendo diferentes colorações. O *MicroCount* apresentou, assim como no resultado anterior, uma taxa de acerto maior do que as soluções analisadas, exceto com imagens em baixo contraste, onde o *OpenCFU*, apesar de não ter acertado o valor exato, conseguiu chegar mais próximo.

Pelos dados apresentados anteriormente, os autores acreditam que o *MicroCount* pode ser utilizado para contagem de microrganismos em diversos ambientes, tornando rápido e fácil uma atividade demorada, demasiadamente cansativa e entediante. As técnicas desenvolvidas podem ser utilizadas para outras aplicações, como contagem de objetos semelhantes a colônias, pré-processamento e segmentação de imagens.

Apesar do grande número de filtros, a qualidade e a falta de contraste do background da imagem com o objeto de interesse pode prejudicar a contagem do número de colônias de bactérias. Em situações assim, recomenda-se que os usuários utilizem ferramentas de contagem assistida, informando através de clique onde estão as colônias não identificadas ou retirando colônias identificadas incorretamente, uma impossibilidade gráfica do MATLAB.

Contribuições, diferenciais e expectativas

As ferramentas disponíveis no software *MicroCount* não estão restritas a problemas envolvendo microrganismos. O formato desacoplado dos blocos funcionais permite que outros problemas relacionados ao processamento de imagens possam ser abordados pelo programa, como cálculo de áreas, segmentação de elementos e estudos relacionados a filtros de imagens. A Fig.7 representa as possibilidades de contagem de objetos a partir de uma imagem qualquer.

Diferentemente das soluções analisadas o programa aqui apresentado possui uma interface clara e fácil de utilizar, com funções para exportação de dados e replicação de operações, além de possibilitar o controle sobre a aplicação de filtro e técnicas de processamento de imagens.

O fato de cada bloco da Fig. 7 ser livremente controlado pelo usuário permite que novas técnicas sejam criadas a partir do uso integrado de técnicas já existentes, de forma ainda não abordada por outras soluções, resultando em um melhor percentual de acerto em todos os cenários e testes analisados.

Espera-se que a solução apresentada nesse trabalho possa contribuir com atividades de contagem de objetos circulares em diferentes áreas de conhecimento, tornando o trabalho mecânico uma atividade fácil e rápida, a um custo zero. Novos esforços estão sendo despendidos para melhorar os filtros, ferramentas de segmentação e contagem do programa, que está disponível gratuitamente em português e inglês no link www.univasf.edu.br/~cpgea/arquivos.

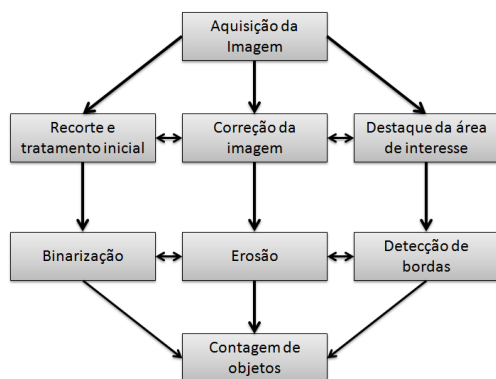


Figura 7. Fluxo de processamento de uma imagem.

IV. CONCLUSÃO

A identificação de microrganismos por processamento computacional de fotografias se mostrou viável, prático e com uma elevada taxa de acerto. A pequena diferença entre a contagem humana e a contagem efetuada pelo MicroCount, junto a possibilidade do usuário complementar e corrigir a contagem pela interface do programa, tornam o processo completamente preciso e confiável. Os autores acreditam que o programa desenvolvido possa ser utilizado em outras situações práticas envolvendo o processamento de imagens e que o tempo economizado pela facilidade e rapidez da contagem, unido ao fato do programa ser gratuito e possuir uma interface amigável, poderá ajudar nas atividades de profissionais da microbiologia, imunologia e biologia celular. Novos esforços estão sendo empregados para melhorar os blocos funcionais do software, sobretudo a segmentação e identificação de objetos, para torná-lo mais confiável e reconhecer outros tipos de colônias e padrões.

AGRADECIMENTOS

Agradecemos aos colegas Dr. Ricardo Kenji e Marianne Louise Marinho, da Universidade Estadual de Pernambuco, campus Petrolina, e a Dr^a Miriam Cleide, da Universidade Federal do Vale do São Francisco, pelos conhecimentos e competências que facilitaram a pesquisa e pelo suporte no laboratório. A Fapesb pela bolsa de estudos do primeiro autor.

REFERÊNCIAS //TODO organizar corretamente

- [1] https://en.wikipedia.org/wiki/Transmission_line
- [2] PDF do projeto. 2020
- [3] <https://secureservercdn.net/198.71.233.64/0f2.b28.myftpupload.com/wp-content/uploads/2018/08/RG58.pdf>
- [4] Bhat, R. and Gomez-Lopez, V.M. *Practical Food Safety: Contemporary Issues and Future Directions*. Wiley Blackwell. 1 ed. 632 p. chapter 25. ISBN 978-1-118-47460-0. 2014.
- [5] Boxstael, S.V. et al. Food safety issues in fresh produce: Bacterial pathogens, viruses and pesticide residues indicated as major concerns by stakeholders in the fresh produce chain. *Food Control*. v. 32 (1). 190–197 pp. 2013

- [6] Brugger, S.D. et al. Automated Counting of Bacterial Colony Forming Units on Agar Plates. *PLoS ONE*. 7 (3): e33695. doi:10.1371/journal.pone.0033695. 2012
- [7] Brunelli, R. *Template Matching Techniques in Computer Vision: Theory and Practice*. Wiley, ISBN 978-0-470-51706-2.
- [8] Camargo, A.P; Sentelhas, P. C. Avaliação do desempenho de diferentes métodos de estimativas da evapotranspiração potencial no Estado de São Paulo, Brasil. *Revista Brasileira de Agrometeorologia*, Santa Maria, v.5, n.1, p.89-97, 1997.
- [9] Geissmann, Q. OpenCFU, a New Free and Open-Source Software to Count Cell Colonies and Other Circular Objects. *PLoS ONE* 8(2): e54072. doi:10.1371/journal.pone.0054072. Available in: <http://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0054072>. 2013.
- [10] Gonzalez, R.C. and Woods, R.E. *Digital Image Processing*. 3ed. New Jersey: Pearson Prentice Hall. 2008
- [11] Hol, F.J.H.; Galajda, P.; Nagy K.; Woolthuis R.G.; Dekker, C. Spatial Structure Facilitates Cooperation in a Social Dilemma: Empirical Evidence from a Bacterial Community. *PLoS ONE* 10(10): e77042. 2013
- [12] Math Works, Inc. MATLAB. Available in: <http://www.mathworks.com/> Access Date: 01/05/2015. 2015
- [13] Parker, J.R. *Algorithms for Image Processing and Computer Vision*. Wiley; 2 ed. 204 p. ISBN: 0470643854. 2011.
- [14] Pikuta, E.V.; Hoover, R.B.; Tang, J. Microbial extremophiles at the limits of life. *Crit. Rev. Microbiol.* 33, 183–209. 2007
- [15] Prosser, J.I. et al. The role of ecological theory in microbial ecology. *Nature. Reviews Microbiology* 5 ed, 384–392 pp. doi:10.1038/nrmicro1643. 2007
- [16] Ray, R.C. and Didier M. *Microorganisms and Fermentation of Traditional Foods*. CRC Press. 390 p. ISBN 9781482223088. 2014
- [17] Sieuwerts, S. et al. A simple and fast method for determining colony forming units. *Society for Applied Microbiology, Letters in Applied Microbiology*. 47 ed. 275–278 pp.. ISSN 0266-8254. 2007
- [18] Willmott, C.J. et al. Statistics for the evaluation and comparison of models. *Journal of Geophysical Research*, Ottawa, v.90, n.C5, p.8995-9005. 1985.
- [19] Zinger, L.; Gobet, A.; Pommier, T. Two decades of describing the unseen majority of aquatic microbial diversity. *Mol Ecol*. Apr;21(8):1878-96. doi: 10.1111/j.1365-294X.2011.05362.x. 2012.
- [20] Zhou, P. et al. An Improved Canny Algorithm for Edge Detection. *Journal of Computational Information Systems*. 7:5. 1516-1523. 2011



Alisson Amorim Siqueira Possui graduação em Engenharia da Computação (2011) e Mestrado em Engenharia Agrícola (2015) pela Fundação Universidade Federal do Vale do São Francisco. Possui experiência em desenvolvimento de software, banco de dados, aplicações web e desktop, visão computacional e tem interesse nos temas de bioinformática, modelos matemáticos e visão computacional.



Paulo Gustavo Serafim de Carvalho possui graduação em Física Bacharelado pela Universidade Federal da Paraíba (2001), mestrado em Física pela Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho (2003) e doutorado em Física - IFT pela Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho (2007). Atualmente é professor da Universidade Federal do Vale do São Francisco e efetivo. Tem experiência na área de Física, com ênfase em Dinâmica de Sistemas Biológicos, atuando principalmente nos seguintes temas: pragas-epidemias, população, reação-difusão e não-lineares.