Reconstrução de Objetos Fragmentados

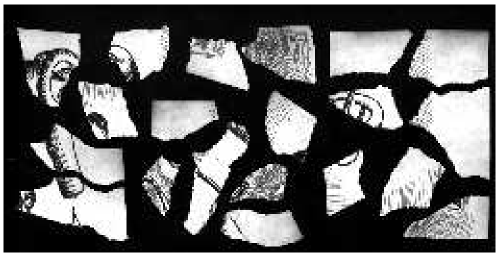
Helena Cristina da Gama Leitão[1]
Jorge Stolfi[2]

Instituto de Computação
Universidade Estadual de Campinas
Caixa Postal 6065 - 13081-970 Campinas, SP, Brasil
{hcgl|stolfi}@dcc.unicamp.br

Abstract. We consider the problem of automatic reconstruction of fragmented objects, such as ancient vessels and documents, mural paintings, fossils, etc.. Our approach combines an original filtering technique with multiscale curvature analysis and biosequence indexing algorithms.

1. Introdução e motivação

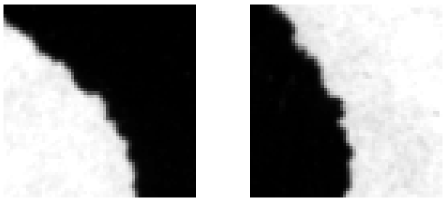
O tema deste projeto é a reconstrução de objetos desconhecidos que foram quebrados ou rasgados em grande número de fragmentos irregulares, como os da figura (1).



(1)

Este problema ocorre em muitos contextos, incluindo a reconstrução de manuscritos antigos, artigos de cerâmica, tabuinhas cuneiformes, pinturas murais, fósseis, etc. [1].

A etapa mais trabalhosa da reconstrução é a determinação dos pares de fragmentos que eram adjacentes nos objetos originais. Felizmente, em muitas das aplicações acima, tais pares podem ser identificados, com grande confiabilidade, pela congruência de seus contornos em escala sub-milimétrica. Veja a figura 2.



(2)

Este problema tem aspectos em comum com o reconhecimento de objetos a partir de contornos, um problema clássico da visão computacional [3]. Entretanto, a maioria dos trabalhos nesta área supõem que os contornos adquiridos devem ser comparados com um número pequeno de padrões fixos, e seu objetivo é diminuir o custo de de cada comparação [5].

[2]Bolsa de auxilio a pesquisa CNPq 301016/92-5.
[1]Bolsa Capes - PICD - UFF

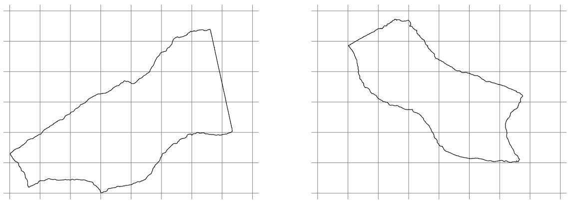
Nas aplicações que nos interessam, entretanto, os "padrões" são os próprios fragmentos. Uma vez que o número de fragmentos n pode ser muito grande — dezenas de milhares — não é viável comparar cada contorno com todos os outros. Portanto, nosso principal objetivo é diminuir o custo *assintótico* de encontrar os pares de fragmentos congruentes, para algo mais próximo de $O(n)$ do que de $\Omega(n^2)$.

2. Detalhes da nossa abordagem

Obtenção dos contornos dos fragmentos: No caso de fragmentos planos, como de papel ou pinturas murais, podemos obter os contornos digitalizando cada fragmento com um *scanner* de mesa, diretamente ou a partir de fotografias, e usando um algoritmo apropriado de deteção de arestas. No caso de fragmentos de cerâmica ou fósseis, onde as fraturas são curvas tridimensionais, seria necessário usar técnicas de visão estereoscópica.

Em todo caso, é importante que os contornos sejam determinados com precisão sub-milimétrica, pois a identificação confiável dos pares adjacentes depende de detalhes dessa magnitude. Em particular, o contorno deve seguir a linha de fratura numa única face do objeto, ignorando manchas, desenhos, rebarbas, etc..

A figura 3 mostra os contornos de dois dos fragmentos da figura 1. Cada quadrícula mede 50×50 pixels. Notam-se dois trechos de $\approx$200 pixels, um em cada contorno, que são congruentes com desvio de poucos pixels.



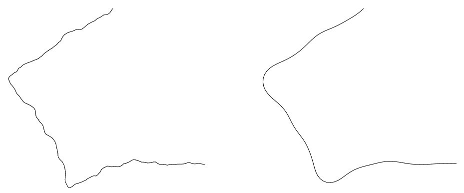
(3)

Filtragem dos contornos: Os contornos obtidos das imagens estão geralmente contaminados por "ruído" devido a desgaste do material e erros de digitização. Portanto, é necessário filtrar as componentes de mais alta frequência dos contornos, que são as mais afetadas pelo ruído, antes de compará-los.

A filtragem de contornos é mais difícil que a de sinais temporais, pois o parâmetro natural para descrição de uma curva — seu comprimento — pode encolher muito, e de maneira não uniforme, durante a filtragem. Isso diminui o comprimento de onda das componentes da curva, invalidando a filtragem. Idealmente, a curva deveria ser parametrizada pelo seu comprimento *após* a filtragem, que deveria se basear nessa mesma parametrização.

Para quebrar este círculo vicioso, utilizamos o seguinte processo iterativo. Seja p o contorno extraído da imagem, na forma de uma poligonal fechada com vértices $p_0, \ldots, p_{n-1}$. Inicialmente, atribuímos a cada ponto p_i um argumento t_i, igual ao comprimento da poligonal p entre p_0 e p_i. Em seguida, a cada iteração, determinamos uma curva contínua $u(t)$, que aproxima os pontos p_i nos instantes t_i. Esta curva é submetida a um filtro passa-baixas, resultando numa curva $v(t)$. Cada t_i é então substituído pelo comprimento da curva $v(t)$ entre $t = t_0$ e $t = t_i$. Na iteração seguinte, a curva $u(t)$ é recalculada, usando os pontos originais p_i com os novos argumentos t_i; e assim por diante.

Este processo geralmente converge após poucas iterações. A figura (4) mostra um detalhe do primeiro contorno da figura (3), antes e depois da filtragem.



(4)

Identificação de trechos congruentes: A etapa seguinte é identificar os pares de contornos (C, C') que possuem trechos longos aproximadamente congruentes.

Para tornar esta tarefa independente de rotação e translação dos fragmentos, usamos a técnica clássica de representar cada contorno pelo gráfico da sua curvatura local (e a torção, no caso de curvas tridimensionais) [5].

Se discretizarmos o gráfico usando um conjunto finito de "símbolos" (valores da curvatura), duas curvas com formas semelhantes darão origem a cadeias semelhantes de símbolos. Isto reduz o problema ao de encontrar todos os pares de sub-cadeias semelhantes (após inversão e negação) num dado conjunto de cadeias. Este é um problema clássico de biologia computacional, para o qual existem vários algoritmos eficientes [2].

A imagem (5), inspirada no método FAST de comparação de biosseqüências, ilustra a comparação dos gráficos de curvatura dos contornos da figura (3). Cada coluna i desta imagem corresponde a um valor extremo (máximo ou mínimo) a_i do primeiro gráfico, e cada linha j corresponde a um extremo b_j do segundo. A cor do pixel (i, j) é proporcional à diferença $|a_i - (-b_j)|$.

(5)

Note-se a linha diagonal escura, na parte inferior esquerda da imagem. Ela indica uma longa seqüência de máximos e mínimos de curvatura, em um dos contornos, que aparece, invertida e negada, no outro contorno. Esta coincidência é um forte indício de que os fragmentos eram originalmente adjacentes.

Técnicas de escalas multiplas: A figura (5) evidencia a dificuldade de distinguir algoritmicamente as congruências reais das semelhanças acidentais.

Parte da dificuldade vem do fato que duas curvas de formas bem diferentes podem ter gráficos de curvatura muito parecidos. Para contornar este problema, pretendemos efetuar a identificação em *múltiplas escalas* de resolução [4]. Em vez de comparar apenas os gráficos de curvatura dos contornos originais, filtrados com freqüência de corte w, comparamos também os contornos filtrados com com freqüência de corte $w/2$, $w/4$, ... A justificativa é que, quando dois contornos têm formas muito diferentes, eles têm gráficos de curvatura diferentes em pelo menos uma dessas escalas de resolução.

Referências

[1] A. D. Kalvin et al., *Using visualization in the archaeological excavations of a pre-Inca temple in Peru.* IBM Res. Rep. RC 20518 (1996).

[2] J. Meidanis e J. Setubal, *Uma Introdução à Biologia Computacional.* IX Esc. de Computação, Recife (1994).

[3] A. R. Pope, *Model-based object recognition: A survey of recent research.* Tech. Rep. 94-04, CS Dept., Univ. of British Columbia (1994).

[4] F. Mokhtarian and A. K. Mackworth, *A theory of multiscale, curvature-based shape representation for planar curves.* IEEE Trans. on Pattern Analysis and Mach. Intell. **14** (8), 789–805 (1992).

[5] H. J. Wolfson, *On curve matching.* IEEE Trans. on Pattern Analysis and Mach. Intell. **12** (5), 483–489 (1990).

[6] W. R. Pearson and D. J. Lipman, *Improved tools for biological sequence comparation.* Biochemistry - Proc. Natl. Acad. Sci. **85**, 2444–2448 (1988).