



Centro de Investigación en Matemáticas, A.C.

**Estimación de los parámetros de un modelo  
haciendo uso de correspondencias con  
incertidumbre**

**Tesis**

que para obtener el grado de

**Maestro en Ciencias con Especialidad en  
Computación y Matemáticas Industriales**

presenta

**Iván Maldonado Zambrano**

Director de Tesis

**Dr. Javier Flavio Viguera Gómez**

**Dr. Arturo Hernández Aguirre**

*Guanajuato, Gto.*

*Julio de 2011*

*A Dios, a mis padres y hermano*

# Agradecimiento

Agradezco a Dios por permitirme estar vivo y ser libre. A mi familia por que siempre me brindan su apoyo y comprensión. Gracias mamá y papá por sus consejos y por dejarme seguir adelante a pesar de la distancia y no estar a su lado, por enseñarme que para alcanzar nuestros objetivos es necesario esforzarse y ser perseverante, gracias por ser los mejores padres. A mi hermano, por ser mi amigo, preocuparse por mí e independientemente de no vernos, siempre lo llevo en mi corazón.

A mi asesores Dr. Javier Flavio Viguera Gómez y Dr. Arturo Hernández Aguirre, gracias por su ayuda y comprensión durante la elaboración de la tesis, gracias a todos mis profesores por sus enseñanzas, a mis compañeros, a mis amigos y a toda la comunidad del CIMAT.

Finalmente agradezco a CONACyT y CONCyTEG por haberme apoyado económicamente para que pudiera llevar a cabo mis estudios de maestría.

# Índice general

Índice general	II
Índice de figuras	III
Índice de cuadros	1
<b>1. Introducción</b>	<b>2</b>
1.1. Motivación . . . . .	2
1.2. Problema de Correspondencias y Parametrización . . . . .	3
1.3. Objetivos y Alcance . . . . .	4
1.4. Estructura de la Tesis y Aportaciones . . . . .	5
<b>2. Parametrización de Modelos Proyectivos</b>	<b>7</b>
2.1. Geometría Proyectiva . . . . .	7
2.1.1. Dualidad . . . . .	9
2.1.2. Colinealidad y Concurrencia . . . . .	9
2.1.3. Transformaciones Lineales y Bilineales . . . . .	12
2.1.4. Interpretación de una transformación rígida . . . . .	13
2.2. Métodos de Estimación . . . . .	14
2.2.1. Mínimos Cuadrados . . . . .	14
2.2.2. Mínimos Cuadrados Iterativos Ponderados . . . . .	16
2.2.2.1. Estimadores Robustos . . . . .	16
2.2.2.2. Desarrollo de Mínimos Cuadrados Iterativos Ponderados	17
2.2.3. Levenberg-Marquardt . . . . .	18
2.2.4. RANSAC . . . . .	19
2.3. Transformaciones 2D-2D . . . . .	22
2.3.1. Homografía . . . . .	22
2.3.2. Matriz Fundamental . . . . .	24
2.3.2.1. Geometría Epipolar . . . . .	24
2.3.2.2. Estimación de la Matriz Fundamental . . . . .	26
2.3.3. Cálculo de la Homografía y la Matriz Fundamental . . . . .	27
2.4. Resultados Experimentales . . . . .	30
2.4.1. Solución Algebraica Directa de Mínimos Cuadrados . . . . .	30
2.4.2. Análisis Estadístico de Mín. Cuadrados y Solución Insegada .	31
2.4.3. Estimación de Transformaciones 2D-2D con RANSAC . . . . .	34

## ÍNDICE GENERAL

---

2.4.4. Conclusiones del capítulo . . . . .	37
<b>3. Método Estadístico Insesgado: una alternativa para <math>EPnP</math></b>	<b>39</b>
3.1. Introducción al problema $PnP$ . . . . .	39
3.2. Solución Eficiente al problema $PnP$ . . . . .	41
3.2.1. Parametrización de $EPnP$ . . . . .	42
3.2.2. Desarrollo del método $EPnP$ original [7] . . . . .	42
3.2.3. Matriz insesgada de momentos . . . . .	43
3.3. Aplicación del Método Estadístico Insesgado en el problema $EPnP$ . . . . .	45
3.4. Resultados Experimentales . . . . .	48
3.4.1. Tiempo de procesamiento . . . . .	48
3.4.2. Errores de reproyección, rotación y translación . . . . .	49
3.4.3. Conclusiones del capítulo . . . . .	50
<b>4. Estudio y modificación del método de estadísticas “A Contrario”</b>	<b>52</b>
4.1. Introducción al Método “A Contrario” . . . . .	53
4.1.1. Método “A Contrario” para el cálculo de Mat. fundamental . . . . .	53
4.1.2. Criterio de Probabilidad . . . . .	55
4.1.3. Implementación . . . . .	55
4.2. Modificación de “A Contrario” para el cálculo de Mat. fundamental . . . . .	57
4.3. Resultados Experimentales . . . . .	59
4.3.1. Conclusiones del capítulo . . . . .	62
4.3.2. Trabajo Futuro . . . . .	64
<b>5. Evolución Diferencial en el cálculo de transformaciones 2D-2D</b>	<b>65</b>
5.1. Heurística de Evolución Diferencial . . . . .	66
5.1.1. Algoritmo de Evolución Diferencial . . . . .	66
5.1.2. Aspectos Importantes de Evolución Diferencial . . . . .	68
5.2. Parametrización de transformaciones aplicando Evolución Diferencial . . . . .	70
5.3. Resultados Experimentales . . . . .	72
<b>6. Resumen y conclusiones generales</b>	<b>81</b>
<b>A. Transformación Lineal Directa (DLT)</b>	<b>83</b>
<b>B. Análisis Estadístico para problemas de incidencia lineal</b>	<b>85</b>
<b>C. Detector de Harris</b>	<b>88</b>
<b>D. Correspondencia por Normalización</b>	<b>89</b>
<b>Bibliografía</b>	<b>90</b>

# Índice de figuras

1.1. Método Clásico de Correspondencias . . . . .	3
1.2. Casos de Correspondencia . . . . .	3
1.3. Correspondencias Correctas . . . . .	4
1.4. Método Propuesto para Correspondencias Múltiples . . . . .	5
2.1. Perspectiva de proyección de una escena. . . . .	8
2.2. Vector-N $\mathbf{m}$ de un punto $\mathbf{P}$ en el plano $\mathbf{I}$ . . . . .	9
2.3. Intersección de líneas y unión de puntos . . . . .	10
2.4. Incidencia, colinealidad y concurrencia . . . . .	10
2.5. Principio de cámara con proyección perspectiva. . . . .	25
2.6. Geometría Epipolar. . . . .	25
2.7. Solución Analítica con Métodos de Estimación . . . . .	32
2.8. Cruce de Lambdas . . . . .	33
2.9. Solución con Análisis Estadístico . . . . .	33
2.10. Resultados de Homografía con RANSAC. . . . .	35
2.11. Resultados de Matriz Fundamental con RANSAC. . . . .	36
3.1. Posición y orientación de una cámara . . . . .	40
3.2. Matriz $M^T M$ Inesgada . . . . .	45
3.3. Tiempos de procesamiento . . . . .	47
3.4. Casos de N . . . . .	49
3.5. Error Medio de Reproyección para el caso N=1. . . . .	49
3.6. Gráfica de error medio de reproyección . . . . .	50
3.7. Gráfica de error medio de rotación y translación . . . . .	51
4.1. Gráfica de Log(Significancia) . . . . .	59
4.2. Resultados imagen cubo . . . . .	61
4.3. Resultados imagen universidad . . . . .	63
4.4. Casos críticos de “A Contrario” . . . . .	63
5.1. Gráfica de Estimadores Robustos . . . . .	72
5.2. Imágenes implementadas con ED . . . . .	73
5.3. Análisis de Aptitudes con Homografía (1) . . . . .	76
5.4. Análisis de Aptitudes con Homografía (2) . . . . .	77
5.5. Análisis de Aptitudes de Imagen Cubo . . . . .	78
5.6. Análisis de Estimadores Robustos (1) . . . . .	79

## ÍNDICE DE FIGURAS

---

5.7. Análisis de Estimadores Robustos (2) . . . . .	80
---	----

# Índice de cuadros

2.1. M-estimadores . . . . .	17
2.2. Algoritmo Levenberg Marquardt . . . . .	19
2.3. Algoritmo RANSAC . . . . .	21
2.4. Cálculo de Homografía con RANSAC . . . . .	28
2.5. Cálculo de Matriz Fundamental con RANSAC . . . . .	29
2.6. Resultados aplicando RANSAC en imágenes reales 2D-2D. . . . .	34
3.1. Pseudocódigo para la estimación de la solución final de EPnP . . . . .	44
3.2. Pseudocódigo algoritmo WUEPnP . . . . .	47
4.1. Pseudocódigo del método “A Contrario” original . . . . .	58
4.2. Pseudocódigo del método “A Contrario” modificado . . . . .	60
5.1. Pseudocódigo de Evolución Diferencial . . . . .	69
5.2. M-estimadores aplicados en ED . . . . .	72
5.3. Resultados de Homografía Aplicando ED . . . . .	74
5.4. Resultados de Matriz Fundamental Aplicando ED . . . . .	74

# Capítulo 1

## Introducción

### 1.1. Motivación

La necesidad de extraer información para la toma de decisiones con base a imágenes adquiridas de manera digital dio inicio al estudio de la visión por computadora. El proceso de madurez en la teoría y en la práctica de ésta área ha brindado excelentes resultados en problemas que hace algunas décadas no podían ser resueltos y que muchas veces se pensó imposibles de resolver. Dichos resultados han generado el desarrollo de una gran cantidad de aplicaciones, haciendo posible: la reconstrucción de obras de arte u objetos, navegación automática, generación de mapas, seguimiento de objetos y segmentación de imágenes, por mencionar algunas.

El hecho de extraer información únicamente de imágenes, ha producido un desarrollo en la comprensión y modelación de la geometría existente entre las misma. La geometría entre múltiples vistas de una escena, como normalmente es llamada a la implementación de diversas imágenes, emplea puntos correspondientes para la estimación de modelos paramétricos que describen un desplazamiento. El determinar una mayor cantidad de correspondencias correctas entre imágenes: incrementa la precisión de los modelos paramétricos estimados; proporciona una localización de la cámara más precisa y; sustenta la toma de decisiones, en tiempo real, con una mayor cantidad y calidad de información.

Por todo lo anterior, es motivante e importante estimar correspondencias correctas entre múltiples imágenes en tiempos reducidos y con la mayor cantidad de información disponible. La gran mayoría de los trabajos presentes en el estado del arte, se enfocan en obtener correspondencias correctas y reducir el número de operaciones para obtener una solución final en tiempo real, sin poner especial interés en implementar la mayor cantidad de correspondencias existentes, es decir, simplemente hacen uso de aquellas correspondencias consideradas correctas, desechando bastante información que puede incrementar la calidad y precisión de los modelos paramétricos a estimar.

## 1. Introducción



Figura 1.1: Método Clásico de Correspondencias

## 1.2. Problema de Correspondencias y Parametrización de Modelos

La estimación y emparejamiento de puntos (correspondencias) entre múltiples imágenes, es un problema difícil de resolver de manera óptima por diversas circunstancias: efectos de movimiento, cambios de iluminación, refinamientos a nivel de píxel (en algunas ocasiones sub píxel) muy costosos computacionalmente y oclusiones en las imágenes.

Por lo anterior, el obtener correspondencias para la estimación de modelos paramétricos y su implementación en aplicaciones de tiempo real, ha impulsado el desarrollo de algoritmos para la estimación de medidas de similitud, centrando su atención en la obtención y descripción de características robustas a patrones repetidos (Lowe, *et. al.* [18]; SIFT [18]); al mismo tiempo, se han implementado algoritmos de estimación robusta, tales como RANSAC [1], donde la estimación de los modelos paramétricos no es afectada por datos atípicos en un monto reducido.

Le metodología clásica (Fig. 1.1), como llamaremos al procedimiento de estimar los modelos paramétricos de los trabajos presentes en el estado del arte, aplica métodos de estimación robusta que consideran, únicamente, casos de correspondencias biyectivamente <sup>1</sup> correctas. El hecho de que la metodología clásica solamente

<sup>1</sup>Llámesse biyectiva cuando un objeto  $a \in A$  es comparado contra todos los objetos contenidos en un conjunto diferente  $B$  y viceversa.

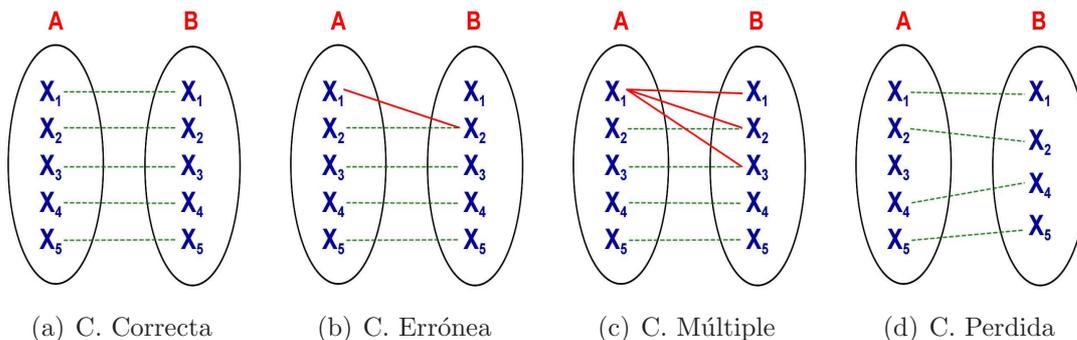


Figura 1.2: Casos de Correspondencia

## 1. Introducción

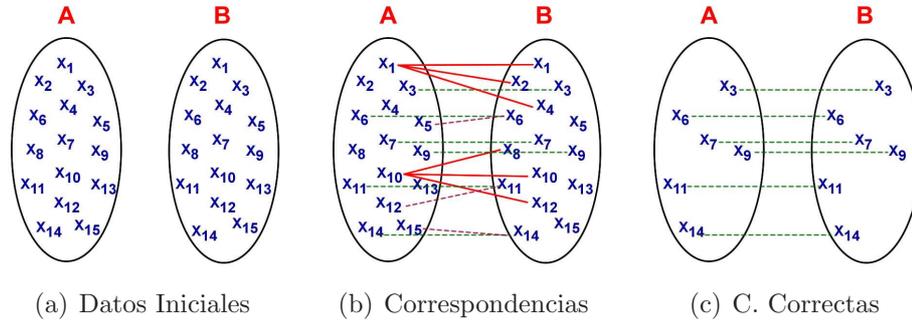


Figura 1.3: Correspondencias Correctas

considera casos de correspondencias biyectivamente correctas, de cuatro casos diferentes que se pueden dar (Fig. 1.2), nos demuestra claramente que los parámetros de los modelos estimados no son de gran precisión y confianza, porque la cantidad de correspondencias utilizadas es mínima en comparación con el total de ellas (Fig. 1.3).

Es importante aclarar que los casos donde existen correspondencias erróneas Fig. 1.2 (b), múltiples Fig. 1.2 (c) y pérdidas Fig. 1.2 (d) se denominan de alta incertidumbre (principalmente el caso de múltiples), es decir, la medida de similitud utilizada es muy parecida entre ambos elementos de los conjuntos o, al contrario, no es asociada a ningún elemento de la otra imagen y no queda claro cual es la correspondencia correcta. Los métodos de estimación robusta empleados, solamente pueden lidiar con correspondencias de baja incertidumbre ignorando información de correspondencias múltiples y emplean medidas de confianza consideradas no globales para la evaluación de los modelos, es decir, una medida no global es obtenida de la suma de mediciones enteras unitarias, las cuales no pueden ser comparadas cuantitativamente.

### 1.3. Objetivos y Alcance

Los objetivos de esta tesis se pueden resumir como siguen:

- Proponer un método para obtener correspondencias biyectivamente correctas considerando, de igual manera, las correspondencias con mayor incertidumbre, especialmente las correspondencias múltiples, Fig. 1.4;
- Obtener los parámetros del modelo, implementando una mayor cantidad de puntos correspondientes, y;
- Proporcionar una medida de confianza global dado un modelo paramétrico determinado.

## 1. Introducción

---



Figura 1.4: Método Propuesto para Correspondencias Múltiples

### 1.4. Estructura de la Tesis y Aportaciones

En este apartado se detalla la estructura de la presente tesis, indicando el contenido de cada capítulo y las aportaciones más importantes realizadas.

- Capítulo 2. Parametrización de Modelos Proyectivos

Se introduce la estructura de Geometría Proyectiva y se explican conceptos fundamentales, necesarios para la comprensión de las transformaciones lineales y bilineales 2D-2D. Se desarrollan y analizan algunos de los métodos de estimación robusta más aplicados en el estado del arte, como son: Mínimos Cuadrados, Mínimos Cuadrados Iterativos Ponderados, Levenber-Marquardt y RANSAC [16]. Los modelos de transformaciones 2D-2D implementados a lo largo del trabajo son estudiados y descritos: Homografía y Matriz Fundamental. Se muestran algunos resultados obtenidos con los métodos de estimación robusta y ejemplos de transformaciones lineales y bilineales aplicando RANSAC. En los resultados con métodos de mínimos cuadrados se introduce el Método Estadístico Insesgado propuesto por Kanatani [2] para la obtención de resultados insesgados.

- Capítulo 3. Método Estadístico Insesgado: una alternativa en la implementación del  $EP_nP$

Se describe e implementa el algoritmo denominado  $EP_nP$  que resuelve de manera eficiente el problema Perspectiva- $n$ -Puntos ( $P_nP$ ), Noguer *et. al.* [7]. Este algoritmo, mediante una transformación 3D-2D, obtiene los parámetros de rotación y translación de la cámara. En el algoritmo  $EP_nP$  se observa, al igual que en los métodos de mínimos cuadrados, existe una matriz de momentos sesgada y se propone la implementación del método estadístico insesgado de Kenichi Kanatani, como una alternativa a la estimación del espacio nulo propuesto en el algoritmo original. Se realiza una serie de experimentos y se demuestra que la solución generada con el método estadístico es insesgada, se obtiene directamente, es robusta y estable. Al mismo tiempo, se demuestra que el orden de convergencia del algoritmo original se reduce para determinados niveles de ruido y la cantidad de datos utilizados.

## 1. Introducción

---

- Capítulo 4. Estudio y modificación del método de estadísticas “*A Contrario*” para la estimación de transformaciones paramétricas

Se describe el método de estadísticas “*A Contrario*” Noury *et. al.* [20] Stival *et. al.* [19], el cual implementa un criterio probabilístico en la estimación de los parámetros de la matriz fundamental y es capaz de encontrar correspondencias en imágenes que contienen un gran número de patrones repetidos, sin la necesidad de estimar puntos correspondientes previamente. Se propone un método “*A Contrario*” modificado para la estimación de correspondencias correctas implementando el mismo criterio probabilístico. Se realiza un serie de experimentos para comparar ambos métodos.

- Capítulo 5. Cálculo de transformaciones paramétricas 2D-2D implementando Evolución Diferencial

Se implementa el algoritmo de Evolución Diferencial, un método de optimización evolutiva, en la estimación de transformaciones 2D-2D, demostrándose que proporcionan una medida de confianza global tanto para obtener correspondencias correctas (independientemente de su incertidumbre), como estimar los parámetros de un modelo en tiempo finito. Se implementan estimadores robustos para observar su comportamiento y se determinan algunas características que benefician tiempos de convergencia y cantidad de correspondencias. Se realiza una comparación con el estimador RANSAC y se implementan ambas transformaciones, Homografía y Matriz Fundamental.

- Capítulo 6. Resumen y conclusiones generales

De manera resumida se dan a conocer diversas conclusiones obtenidas en este trabajo de tesis.

## Capítulo 2

# Parametrización de Modelos Proyectivos

La geometría proyectiva, quien estudia las incidencias de puntos y rectas sin tener en cuenta una medida, modela y nos ayuda a comprender procesos en la adquisición de imágenes, brindandonos una apropiada representación matemática para el cálculo de los parámetros de una transformaciones proyectivas del plano. Definase a una transformación proyectiva a aquella que transforma un plano en otro plano equivalente, 2D-2D, conservandose todas las propiedades invariantes a las proyectividades, o mejor dicho, a los diferentes ángulos con que es captado un objeto en el espacio (imagen). Así mismo, existe transformaciones que van de un espacio a un plano, 3D-2D.

El encontrar los parámetros de dichas transformaciones ha originado que se implementen diversos métodos de estimación paramétricos, los cuales en ocasiones no son lo suficientemente eficientes o rápidos para aplicaciones, que muchas ocasiones son en tiempo real e implementan, en el cálculo de los parámetros, un gran cantidad de datos. En este capítulo introducimos conceptos importantes y fundamentales para el problema de correspondencias, al mismo tiempo damos a conocer algunos métodos de estimación que se implementan en un gran número de metodologías presentes en el estado del arte, y describimos las transformaciones, a manera detallada, empleadas a lo largo de este trabajo de tesis, de las cuales deseamos estimar sus parámetros.

### 2.1. Geometría Proyectiva

Consideremos a  $\mathbf{I}$  un espacio proyectivo 2-D (plano proyectivo). Un punto en  $\mathbf{I}$  está representado por la terna  $(m_1, m_2, m_3)$  de números reales, donde no todos ellos son cero. Estos números son las coordenadas proyectivas. Los puntos  $(x, y)$  en el plano  $\mathbf{I}$  están representados por,

$$x = \frac{m_1}{m_3}, \quad y = \frac{m_2}{m_3} \quad (2.1)$$

## 2. Parametrización de Modelos Projectivos

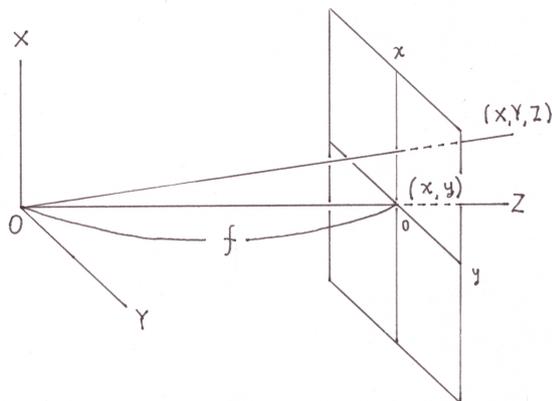


Figura 2.1: Perspectiva de proyección de una escena.

Si la coordenada  $m_3 = 0$ , se considera que el punto  $(m_1, m_2, 0)$  está localizado en el infinito y se le llama *punto ideal*.

Por definición, las *coordenadas projectivas* pueden ser multiplicadas por un número arbitrario diferente de cero, y el punto que representan es el mismo.

La manera más conveniente de manejar el punto  $(m_1, m_2, m_3)$  es normalizándolo en un vector unitario, vector-N. El operador de normalización  $N[\cdot]$  está definido como,

$$N[u] = \frac{u}{\|u\|} \quad (2.2)$$

donde  $\|u\| = \sqrt{u_1^2 + u_2^2 + u_3^2}$ .

Acorde a dicha definición, el vector-N del punto  $(m_1, m_2, m_3)$  es,

$$m = \pm N \left[ \begin{pmatrix} m_1 \\ m_2 \\ m_3 \end{pmatrix} \right] \quad (2.3)$$

Fijando un sistema de coordenadas  $XYZ$  a nuestro plano projectivo  $\mathbf{I}$ , de tal manera que el origen  $\mathbf{O}$  (*foco u observador*) se encuentre a una distancia  $f$ , un punto  $(X, Y, Z)$ , el cual es proyectado en  $\mathbf{I} \{(x, y) \in I\}$  con un rayo iniciado desde  $\mathbf{O}$  y pasando a través de ese punto, puede ser representado por, Fig. 2.1,

$$x = f \frac{X}{Z}, \quad y = f \frac{Y}{Z} \quad (2.4)$$

y descrito por la siguiente proposición,

**Proposición 2.1.1.** *El vector-N  $\mathbf{m}$  de un punto  $\mathbf{P}$  en el plano  $\mathbf{I}$  puede ser interpretado como un vector unitario que tiene origen en el punto  $\mathbf{O}$  y apuntando hacia (o a través de)  $\mathbf{P}$ , Fig.2.2.*

## 2. Parametrización de Modelos Projectivos

---

### 2.1.1. Dualidad

Una intersección, en su definición más simple, es considerada como un punto común a dos líneas. Una unión, como una línea que pasa a través de dos puntos. Sabiendo esto, existen los siguientes teoremas:

**Teorema 2.1.2.** *El vector-N  $\mathbf{m}$  de la intersección  $\mathbf{P}$  de dos líneas en el plano  $\mathbf{I}$ ,  $\ell$  y  $\ell'$  cuyos vectores-N son  $n$  y  $n'$  respectivamente, está dado por, Fig. 2.3(a),*

$$m = \pm N [n \times n'] \quad (2.5)$$

**Teorema 2.1.3.** *El vector-N  $\mathbf{n}$  de la unión de dos puntos en el plano  $\mathbf{I}$ ,  $P$  y  $P'$  cuyos vectores-N  $m$  y  $m'$  respectivamente, está dado por, Fig. 2.3(b),*

$$n = \pm N [m \times m'] \quad (2.6)$$

La propiedad de intercambiar entre puntos y líneas del plano  $\mathbf{I}$  existente (Teoremas 2.1.2 y 2.1.3) es conocido como dualidad y es una de las características fundamentales de la geometría proyectiva.

### 2.1.2. Colinealidad y Concurrencia

Formalmente para un plano  $\mathbf{I}$ , un punto  $P$  con vector-N  $\mathbf{m}$  y una línea  $\ell$  con vector-N  $\mathbf{n}$  son incidentes si el producto punto,

$$(m, n) = 0 \quad (2.7)$$

donde  $(a, b) = a_1b_1 + a_2b_2 + a_3b_3$ . Dicha ecuación es llamada ecuación de incidencia. Si decimos que el punto  $P$  y la línea  $\ell$  son incidentes, estamos diciendo que el punto  $P$  está sobre la línea  $\ell$ , y que la línea  $\ell$  pasa a través del punto  $P$ , Fig. 2.4(a).

Los conceptos fundamentales de la geometría proyectiva son la colinealidad de puntos y la concurrencia de líneas. Dos o más puntos son colineales si existe una

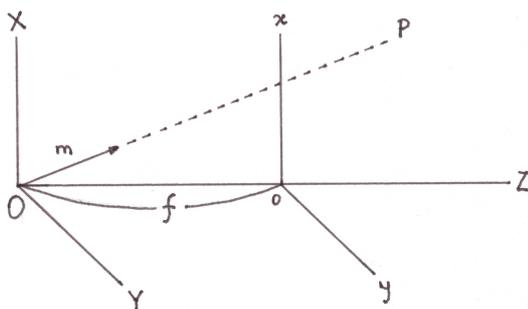


Figura 2.2: Vector-N  $\mathbf{m}$  de un punto  $\mathbf{P}$  en el plano  $\mathbf{I}$

## 2. Parametrización de Modelos Proyectivos

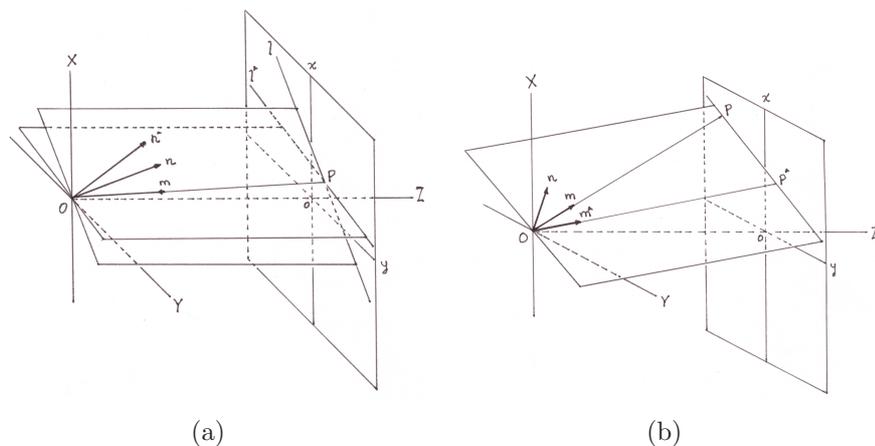


Figura 2.3: (a) El vector-N  $\mathbf{m}$  de la intersección  $\mathbf{P}$  de dos líneas,  $\ell$  y  $\ell'$ . (b) El vector-N  $\mathbf{n}$  de la unión de dos puntos en el plano,  $P$  y  $P'$ .

línea que pasa a través de ellos; dos o más líneas son concurrentes si existe un punto que pertenece a todas ellas, Fig. 2.4(b).

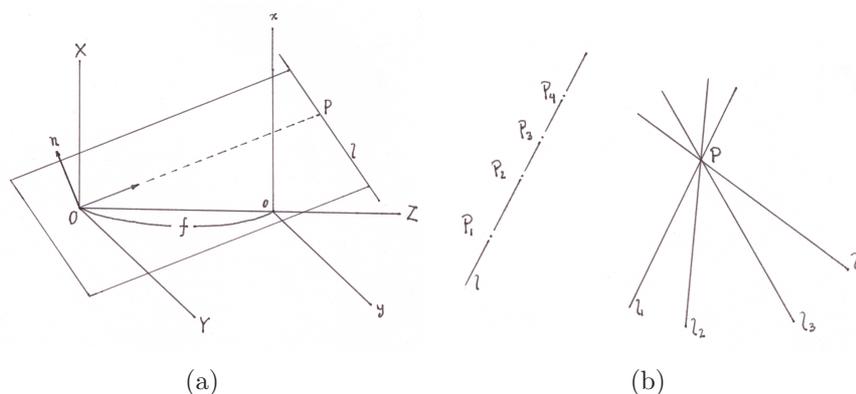


Figura 2.4: (a) Incidencia de un punto en el plano y una línea. (b) Colinealidad de puntos y concurrencia de líneas.

**Proposición 2.1.4.** *Varios puntos pertenecientes al plano  $I$  son colineales si y solo si el rango del conjunto de vectores-N es menor a tres <sup>2</sup>.*

*Demostración.* Del libro de Kanatani [2]. Por definición, puntos  $P_\alpha \in I$  de N-vectores  $m_\alpha, \alpha = 1, \dots, N$ , son colineales si y solo si existe un vector unitario  $\mathbf{n}$  tal que  $(m_\alpha, \mathbf{n}) = 0, \alpha = 1, \dots, N$ . Esto significa que los vectores  $m_\alpha$  son todos perpendiculares a  $\mathbf{n}$ , lo cual implica que sean linealmente dependientes. El rango es menor a tres. Por ello, significa que los vectores  $m_\alpha$  convergen en un solo plano.  $\square$

<sup>2</sup>Llámesese rango de un conjunto de vectores al número máximo de vectores linealmente independientes entre ellos

## 2. Parametrización de Modelos Projectivos

---

**Corolario 2.1.5.** *Tres puntos (vectores- $N$ )  $m_1, m_2$  y  $m_3$  son colineales si y solo si*

$$|m_1, m_2, m_3| = 0 \quad (2.8)$$

donde  $|a, b, c| = (a \times b, c) = (c \times b, a) = (c \times a, b)$ , representando  $\times$  el producto cruz.

**Teorema 2.1.6.** *Puntos  $P_\alpha \in I$ ,  $\alpha = 1, \dots, N$ , son colineales si y solo si el eigenvalor más pequeño de la matriz  $M$  es igual a cero, donde,*

$$M = \sum_{\alpha=1}^N W_\alpha m_\alpha m_\alpha^T \quad (2.9)$$

y  $W_\alpha$  es una constante positiva. El vector unitario asociado  $\mathbf{n}$  es el vector- $N$  del plano proyectivo  $I$  que pasa a través de  $P_\alpha$ .

*Demostración.* Del libro de Kanatani [2]. La condición  $(m_\alpha, n) = 0$ ,  $\alpha = 1, \dots, N$  es equivalente a escribir

$$\sum_{\alpha=1}^N W_\alpha (m_\alpha, n)^2 \quad (2.10)$$

para una constante positiva  $W_\alpha$ . Si la matriz está definida por la ecuación (2.9), ésta condición puede ser reescrita como

$$\sum_{\alpha=1}^N W_\alpha n^T m_\alpha m_\alpha^T n = \left( n, \left( \sum_{\alpha=1}^N W_\alpha m_\alpha m_\alpha^T \right) n \right) = (n, Mn) = 0 \quad (2.11)$$

La matriz  $M$  es simétrica y positiva semidefinida, esta condición se mantiene si y solo si el eigenvalor más pequeño de  $M$  es cero y  $\mathbf{n}$  es el eigenvector asociado.  $\square$

Con base en el teorema 2.1.6 se puede observar que el eigenvector unitario asociado es el vector- $N$  de la línea que corresponde a los puntos  $P_\alpha$  dado el siguiente criterio de mínimos cuadrados,

$$\sum_{\alpha=1}^N W_\alpha (m_\alpha, n)^2 \rightarrow \min. \quad (2.12)$$

Dada la expresion anterior 2.12, la concurrencia de líneas es automáticamente obtenida por la dualidad de la geometría proyectiva donde lo único que se necesita es intercambiar los roles de los puntos en el plano por líneas.

## 2. Parametrización de Modelos Projectivos

---

### 2.1.3. Transformaciones Lineales y Bilineales

Explícitamente, un espacio proyectivo  $\mathbb{P}^2$  está conformado por un conjunto de puntos y líneas designados por dos vectores-N, incluyendo puntos al infinito (punto ideal) y líneas al infinito (línea ideal): una línea es ideal cuando el primer y segundo componente del vector-N son ambos ceros.

El mapear un conjunto de elementos, puntos o líneas, de un espacio proyectivo  $\{e_\alpha \in I, \alpha = 1, \dots, N\}$  a otro espacio proyectivo  $I'$ , se define como una transformación donde existe colinealidad y se cumple que:

- Puntos colineales son mapeados a puntos colineales.
- Líneas concurrentes son mapeadas a líneas concurrentes.
- La incidencia y la concurrencia se conserva.

Se denomina transformación lineal y n-lineal, respectivamente, a toda aplicación que cumpla las siguientes definiciones,

**Definición 1.** Sea  $T$  una transformación lineal  $\{T : V \rightarrow V\}$ ,  $(x, y)$  un par de vectores  $(x, y) \in V$  y  $c \in \mathfrak{R}$  un escalar, se satisface que:

- $T(x + y) = T(x) + T(y)$
- $T(cx) = cT(x)$

Un ejemplo de transformación linealizable es la Matriz de Homografía ( $\mathbf{H}$ )<sup>3</sup>.

**Definición 2.** De manera general una transformación es n-lineal si para cada  $i$  con  $i = 1, \dots, N$  se tiene

$$T(v_1, \dots, \alpha v_i + v'_i, \dots, v_n) = \alpha T(v_1, \dots, v_i, \dots, v_n) + T(v_1, \dots, v'_i, \dots, v_n) \quad (2.13)$$

donde  $T : V \rightarrow V$ ,  $\{v_j \in V; j = 1, \dots, N\}$  y  $(\alpha \in \mathfrak{R})$ .

Un ejemplo de una transformación bilineal es la Matriz Fundamental ( $\mathbf{F}$ )<sup>3</sup>.

Uno de los teoremas fundamentales de geometría proyectiva dice que una colinealidad es escrita como un mapeo lineal de vectores-N de la forma

$$m' = \pm N [A^T m], \quad n' = \pm N [A^T n] \quad (2.14)$$

donde  $A$  es una matriz no singular,  $m$  y  $n$  son los vectores-N de los puntos en el plano proyectivo y las líneas en el plano proyectivo respectivamente, mientras que  $m'$  y  $n'$  son los vectores-N después del mapeo.

Una colinealidad también es llamada transformación proyectiva.

---

<sup>3</sup>En la Sección 2.3 se describen las transformaciones de Homografía y Matriz Fundamental.

## 2. Parametrización de Modelos Projectivos

---

### 2.1.4. Interpretación de una transformación rígida

Los movimientos en relación a un objeto  $W$ , también llamada transformación rígida, se definen por los parámetros de movimientos de rotación y translación  $R, t$ . Llámese  $X'Y'Z'$  a las coordenadas del objeto  $W$  obtenidas después de un movimiento desde las coordenadas originales  $XYZ$  y generadas por: i) una rotación alrededor del punto de origen  $\mathbf{O}$  por  $R$ ; y ii) una translación por  $t$ . Donde  $R, t$  son definidas con respecto a las coordenadas originales  $XYZ$ .

Ahora bien, dados dos conjuntos de puntos que pertenecen a un plano proyectivo  $\{P_\alpha, P'_\alpha \in I; \alpha = 1, \dots, N\}$ , consideremos el problema de calcular la colinealidad que mapea cada  $P_\alpha$  a  $P'_\alpha$ . Si  $m_\alpha$  y  $m'_\alpha$  son sus respectivos vectores normales, el problema es encontrar una matriz  $A$  con  $\det(A) = 1$ , tal que  $N[A^T m] = m', \alpha = 1, \dots, N$ , Eq. 2.14. En principio,  $A$  es determinada únicamente eligiendo arbitrariamente cuatro vectores de entre  $m_\alpha$ . Sin embargo, este procedimiento es sensible a la presencia de ruido. La matriz  $A$  expresada en parámetros de movimientos es  $(R, t)$  y tiene la propiedad de conservar distancias, por lo tanto, también ángulos, proporciones, colinealidad y concurrencia, Hartley *et. al.* [1].

## 2. Parametrización de Modelos Proyectivos

---

### 2.2. Métodos de Estimación

Se le llama estimación al proceso de usar resultados muestrales para obtener conclusiones respecto a las características de una población. Las estimaciones son utilizadas para la toma de decisiones, sin importar que no se tengan la información pertinente completa y con una gran incertidumbre acerca de lo que pueda deparar el futuro, pero con la intención de que las estimaciones constituyan una buena aproximación de los parámetros desconocidos de la población.

Los métodos para realizar una estimación usan modelos matemáticos predefinidos, en nuestro caso transformaciones lineales y bilineales que permiten determinar una translación y rotación, tomando en cuenta los errores y demás perturbaciones en las observaciones muestra o mediciones.

#### 2.2.1. Mínimos Cuadrados

Mínimos cuadrados es una técnica de optimización matemática que, dada una serie de mediciones, estima los parámetros de un modelo de función que mejor ajuste a las mediciones de acuerdo al siguiente criterio: minimizar la suma de cuadrados de los residuos entre los puntos generados por la función y los datos observados.

Un conjunto de datos que consta de  $n$  puntos,  $(x_i, y_i)$  siendo  $i = 1, 2, \dots, n$ , donde  $x_i$  es una variable independiente y  $y_i$  es una variable dependiente (observación). Cabe aclarar que para el caso de transformaciones lineales y bilineales no hay propiamente variables independientes. El modelo de la función tiene la forma  $f(x_i, \beta)$ , donde  $m$  parámetros ajustables están contenidos en  $\beta$ . Se quiere encontrar los parámetros para los que el modelo se ajusta “mejor” a los datos. Mínimos Cuadrados define el “mejor” resultado cuando la suma de los residuos al cuadrado:

$$S = \sum_{i=1}^n (r_i)^2. \quad (2.15)$$

es mínima. Un residual se define como la diferencia entre los valores de la variable dependiente y el modelo,

$$r_i = y_i - f(x_i, \beta) \quad (2.16)$$

Por ejemplo, en el de modelo de la línea recta. La intersección con el eje  $y$  se puede denotar como  $\alpha$  y la pendiente como  $\theta$ , el modelo de la función está dado por,

$$f(x_i, \beta) = \alpha + \theta x_i \quad (2.17)$$

El problema de mínimos cuadrados puede ser dividido en dos categorías, lineal y no lineal. El problema de mínimos cuadrados lineal tiene una solución de forma cerrada, mientras que el problema no lineal tiene que ser resuelto por refinamiento iterativo donde cada iteración es aproximada, la mayoría de las veces como una linealización del modelo original, de modo que la manera de calcular los parámetros

## 2. Parametrización de Modelos Proyectivos

---

de cierto modelo en ambas categorías es similar, en la Sección 2.2.3 se muestra un algoritmo para el caso no lineal.

### Principio de Mínimos Cuadrados

Sea  $B$  el conjunto de todos los posibles vectores de  $\beta$ . Tenemos que  $B = \mathbb{R}^K$ . El objetivo es encontrar un vector  $b' = (b_1, \dots, b_K)$  de  $B$  que minimice el cuadrado de los residuos

$$S(\beta) = \sum_{t=1}^T e_t^2 = e'e = (y - X\beta)'(y - X\beta) \quad (2.18)$$

dados  $y$  y  $X$ . Siempre va existir un mínimo, ya que la función  $S(\beta)$  posee valores reales, es convexa y diferenciable. Si reescribimos a  $S(\beta)$  como

$$S(\beta) = yy' + \beta'X'X\beta - 2\beta'X'y \quad (2.19)$$

y derivamos con respecto a  $\beta$ , obtenemos

$$\frac{\partial S(\beta)}{\partial \beta} = 2X'X\beta - 2X'y, \quad (2.20)$$

$$\frac{\partial^2 S(\beta)}{\partial \beta^2} = 2X'X \text{ (no negativa de finida)}. \quad (2.21)$$

donde el sistema de ecuaciones a resolver es la primera derivada igualada a cero

$$X'Xb = X'y. \quad (2.22)$$

Por ejemplo, si la ecuación (2.17) tiene la forma

$$f(x_i, \beta) = b_1x_i + b_2y_i + b_3 = 0, \quad (i = 1, \dots, N) \quad (2.23)$$

$b' = (b_1, b_2, b_3)$  minimiza el cuadrado de los residuos

$$S(\beta) = \sum_{i=1}^N e_i^2 = \sum_{i=1}^N (b_1x_i + b_2y_i + b_3)^2 = 0 \quad (2.24)$$

y  $e_i^2$  representa la distancia existente entre el  $i$ -ésimo punto  $p_i = (x_i, y_i, 1)$  y el modelo de la recta representado por  $b'$ . Derivando con respecto a  $\beta$

$$\frac{\partial S(\beta)}{\partial \beta} = \sum_{i=1}^N \left( 2e_i \frac{\partial e_i}{\partial \beta} \right) = \sum_{i=1}^N e_i p_{ik} \quad (2.25)$$

sustituyendo,

$$\sum_{i=1}^N (b_1x_i + b_2y_i + b_3) p_{ik} = M^T M b = 0. \quad (2.26)$$

## 2. Parametrización de Modelos Proyectivos

---

Se obtiene un sistemas de ecuaciones homogéneo, que puede ser resuelto fácilmente por factorización Descomposición en Valores Singulares (SVD por sus siglas en Inglés).

### 2.2.2. Mínimos Cuadrados Iterativos Ponderados

Hay situaciones en las que no todos los datos tienen la misma “importancia” en el cálculo de la solución. Un ejemplo es cuando hay mayor incertidumbre asociada a una medición (*outliers*) que a las demás. En ese caso uno puede desear que dicha medición tenga menos influencia al momento de estimar los parámetros. Al procedimiento de asociar un peso  $w_i$  a cada uno de los datos se le llama ponderación, y es posible introducirlo en el método de mínimos cuadrados convencionales, permitiéndonos obtener un método de mínimos cuadrados ponderados.

Mínimos cuadrados ponderados nos permite incorporar y detectar aquellos datos con cierto grado de incertidumbre, mediante la implementación de estimadores y modelos matemáticos predefinidos, como son la ecuación de la recta.

#### 2.2.2.1. Estimadores Robustos

A una función implementada para estimar un parámetro desconocido de una población, es llamada estimador o estadístico.

Un estimador es una expresión matemática o un algoritmo de cálculo (que considera las condiciones y características del sistema empleado) que obtiene un valor aproximado de los parámetros de una población en base a una muestra de la misma. El estimador es un valor particular para una muestra específica de su población.

Los estimadores pueden ser agrupados en:

- 1) **Estimadores Clásicos o Paramétricos** : La moda, la media aritmética, la media de los extremos, la media armónica, la media geométrica, la media cuadrática, etc.
- 2) **Estimadores No Paramétricos o Estimadores Robustos** : Mediana de Hodges-Lehmann, estimador de Huber, etc.

Los Estimadores Robustos, conocidos también como estimadores no paramétricos o estimadores libres de distribución o simplemente robustos, son estimadores que no suponen una distribución de la población, de la cual se extrae la muestra.

En 1964, Peter Huber definió los M-estimadores, como una generalización del estimador de máxima verosimilitud para la minimización de funciones de la forma

$$\sum_{i=1}^n \rho(x_i, \beta), \quad (2.27)$$

## 2. Parametrización de Modelos Proyectivos

donde  $\rho$  es una función con ciertas propiedades,

$$\hat{\theta} = \operatorname{argmin}_{\beta} \left( \sum_{i=1}^n \rho(x_i, \beta) \right) \quad (2.28)$$

La función  $\rho$  que define al M-estimador tiene las siguientes propiedades:

- La función  $\rho$  es derivable.  $\psi = \rho'$ .
- La función  $\rho$  es par.
- La función  $\rho(u)$  es monótona no decreciente en  $|u|$ .
- Se cumple que  $\rho(0) = 0$ .

Algunos ejemplos de M-estimadores son los siguientes:

Tipo	$\rho(r)$	$\psi(r) = \frac{d\rho(r)}{dr}$	$w(r) = \frac{\psi(r)}{r}$
Cauchy	$\frac{1}{2}c^2 \ln \left( 1 + \frac{r^2}{c^2} \right)$	$\left( \frac{c^2}{c^2+r^2} \right) r$	$\frac{c^2}{c^2+r^2}$
Geman-McClure	$\frac{c^2 r^2}{2(c^2+r^2)}$	$\left( \frac{c^2}{c^2+r^2} \right)^2 r$	$\left( \frac{c^2}{c^2+r^2} \right)^2$
Huber	$\begin{cases} \frac{1}{2}r^2 & \text{si }  r  \leq c \\ c \left(  r  - \frac{1}{2}c \right) & \text{si }  r  > c \end{cases}$	$\begin{cases} r & \text{si }  r  \leq c \\ c \operatorname{sgn}(r) & \text{si }  r  > c \end{cases}$	$\begin{cases} 1 & \text{si }  r  \leq c \\ c  r ^{-1} & \text{si }  r  > c \end{cases}$
Parábola Truncada	$\begin{cases} \frac{1}{2}r^2 & \text{si }  r  \leq c \\ \frac{1}{2}c & \text{si }  r  > c \end{cases}$	$\begin{cases} r & \text{si }  r  \leq c \\ 0 & \text{si }  r  > c \end{cases}$	$\begin{cases} 1 & \text{si }  r  \leq c \\ 0 & \text{si }  r  > c \end{cases}$

Cuadro 2.1: M-estimadores

### 2.2.2.2. Desarrollo de Mínimos Cuadrados Iterativos Ponderados

Como mencionamos anteriormente, llamamos mínimos cuadrados ponderados, al procedimiento de asociar un peso  $w_i$  a cada uno de los datos existentes. Aplicando esta variante y considerando la ecuación (2.23) tenemos,

$$f(x_i, \beta) = \sum_j^N \rho(e_j), \quad (2.29)$$

$$\frac{\partial f(x_i, \beta)}{\partial \beta} = \sum_j^N \rho'(e_j) \frac{\partial e_j}{\partial \beta}. \quad (2.30)$$

considerando el cuadro 2.1,

$$\frac{\partial f(x_i, \beta)}{\partial \beta} = \sum_j^N \psi(e_j) \frac{\partial e_j}{\partial \beta} \quad (2.31)$$

se sabe que  $w_i = \frac{\psi(r)}{r}$ , reescribiendo

## 2. Parametrización de Modelos Proyectivos

---

$$\frac{\partial f(x_i, \beta)}{\partial \beta} = \sum_j^N \psi(e_j) e_j p_{jk} = 0 \quad (2.32)$$

$$\frac{\partial f(x_i, \beta)}{\partial \beta} = M^T W M \mathbf{x} = 0 \quad (2.33)$$

por lo tanto el problema a resolver para mínimos cuadrados iterativos ponderados (MCIP) está dado por (2.33), con

$$W = \begin{pmatrix} w_1 & 0 & 0 \\ 0 & w_2 & 0 \\ 0 & 0 & w_3 \end{pmatrix} \quad (2.34)$$

### 2.2.3. Levenberg-Marquardt

El algoritmo de Levenberg-Marquardt (*LMA* por sus siglas en Inglés), provee una solución numérica al problema de minimización de una función, generalmente no lineal. *LMA* interpola entre los algoritmos de Gauss-Newton (*GNA*) y descenso de gradiente. Es considerado mucho más robusto que el algoritmo de Gauss-Newton, dado que en la mayoría de los casos encuentra una solución incluso si se inicializa lejos del mínimo. Por otro lado en ciertas funciones y parámetros de inicialización se comporta un poco más lento que *GNA*.

Como muchos otros algoritmos numéricos de minimización, Levenberg-Marquardt es una técnica iterativa que encuentra un mínimo local de una función que se expresa como la suma de los cuadrados de funciones no lineales, con ciertos parámetros de inicialización.

Se utiliza la aproximación de la matriz Hessiana (matriz cuadrada de las segundas derivadas parciales) de una función, la cual, aplicada en el método mínimos cuadrados no lineales es:

$$\nabla^2 U(x_i, \beta) \approx J(x_i, \beta)^T * J(x_i, \beta) \quad (2.35)$$

Realizando un ajuste, se obtiene el algoritmo de Levenberg-Marquardt,

$$\nabla^2 U(x_i, \beta) \approx J(x_i, \beta)^T * J(x_i, \beta) + \tau I \quad (2.36)$$

donde  $J(x_i, \beta)$  es el Jacobiano de la función, como se muestra a continuación,

$$J(\mathbf{x}) = \begin{bmatrix} \frac{\partial e_1}{\partial b_1} & \cdots & \frac{\partial e_1}{\partial b_6} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial e_n}{\partial b_1} & \cdots & \frac{\partial e_n}{\partial b_6} \end{bmatrix} \quad (2.37)$$

y la constante  $\tau$  determina la tendencia del algoritmo: i) cuando se incrementa se aproxima al algoritmo de descenso de gradiente; y ii) cuando se decrementa, el

## 2. Parametrización de Modelos Proyectivos

---

algoritmo se asemeja al método de Gauss-Newton.  $\tau$  la mayoría de las veces es inicializada en 0.01.

El algoritmo de Levenberg-Marquardt está estructurado como se muestra en el cuadro 2.2.

- 1) Dado un valor inicial  $\beta$ , una tolerancia  $\epsilon$ .
- 2)  $k = 0$ . Calculo del Gradiente  $\nabla U_k$ .
- 3) **repetir**
- 4) Aproximación del Hessiano  $H_k$ ,  $(\nabla^2 U(x_i, \beta))$ .
- 5) Asigno un valor a  $\tau$ .
- 6)  $H_k^* = H_k + \tau I$ .
- 7) Resolver sistema  $H_k^* * p_k = - \nabla U_k$ .
- 8) Obtener  $\alpha_k$  (con condiciones de Wolfe [6], en nuestro caso búsqueda en línea).
- 9) Actualizar  $\beta_{k+1} = \beta_k + \alpha_k p_k$ .
- 10) Calculo del Gradiente  $\nabla U_k$ .
- 11) Actualizar  $k = k + 1$ .
- 12) **hasta**  $\| \nabla U(x_i, \beta) \| \leq \epsilon$
- 13) Regresar  $\beta$

Cuadro 2.2: Algoritmo Levenberg Marquardt

### 2.2.4. RANSAC

RANSAC es una abreviación para *RANdom SAMple Consensus* por sus siglas en Inglés. RANSAC es un algoritmo utilizado para estimar parámetros de un modelo matemático a partir de un conjunto de datos observados que contiene *outliers* o datos atípicos. Este algoritmo se asemeja al estimador de parábola truncada y se considera como un estimador robusto dado que es tolerante a una gran cantidad de datos atípicos. RANSAC es utilizado en gran medida en visión computacional para encontrar correspondencias entre un número determinado de imágenes de manera óptima.

RANSAC es capaz de encontrar los parámetros de un modelo con una probabilidad suficientemente alta de que los datos elegidos (muestra), de un determinado conjun-

## 2. Parametrización de Modelos Projectivos

---

to, corresponden a datos *inliers*. Se debe recalcar que no existe garantía de lo antes mencionado, sin embargo, dentro del algoritmo hay algunos parámetros que pueden ser ajustados de una manera cuidadosa para mantener el nivel de probabilidad razonablemente alto, siendo el tamaño de muestra uno de los parámetros más importante. Por mencionar un ejemplo, la ecuación de la recta está definida por una muestra de dos puntos que pertenecen a una nube de puntos, necesarios para estimar los parámetros del modelo de la línea recta. El hecho, que solamente dos puntos conformen una muestra para estimar un modelo, aumentando la probabilidad de no estar “contaminada” con datos atípicos.

RANSAC es un procedimiento iterativo, el cual selecciona de manera aleatoria (muestreo con reemplazo) un subconjunto de datos del conjunto original (este subconjunto seleccionado puede estar conformado por datos *inliers*, *outliers* y, de ambos). Al subconjunto obtenido le aproximamos un modelo, es decir, todos los parámetros libres del modelo son reconstruidos o estimados con los datos del subconjunto. Posteriormente todos los datos restantes, del conjunto original, son probados con este modelo, esto es, el algoritmo determina qué tan bien se ajustan los datos al modelo estimado. Para determinar si se tiene un modelo razonablemente bueno, se cuantifica la cantidad de datos que se encuentran dentro de un umbral  $T$  (soporte), lo que se denomina: 1) si dentro del subconjunto muestra existe un dato atípico, el soporte es muy reducido; y 2) si el subconjunto muestra no está contaminado por algún dato atípico, se espera un soporte alto. Este procedimiento es repetido un determinado número de veces, cada vez produciendo un modelo, el cual puede ser rechazado, ya sea porque pocos datos son clasificados como *inliers* o su medida de error es mayor que la de un modelo considerado como óptimo hasta ese momento. Al final, la solución es aquel modelo con mayor soporte ó cantidad de datos *inliers*.

El algoritmo RANSAC es descrito en el cuadro 2.3.

La distancia umbral  $T$ , es considerada como la distancia entre un punto *inlier* y el modelo, en la práctica dicha distancia es seleccionada usualmente de manera empírica.

Para determinar el número de ensayos,  $N$ , aplicamos la siguiente ecuación:

$$N = \log(1 - p) / \log(1 - (1 - \epsilon)^s) \quad (2.38)$$

donde  $p$  toma valores en el rango  $(0,1)$  y representa la probabilidad de que al menos una muestra no contenga *outliers* para un tamaño de muestra,  $s$ , y es proporcional a  $\epsilon$  número de *outliers*.

## 2. Parametrización de Modelos Proyectivos

---

### Objetivo

Ajuste robusto de un modelo para un conjunto de datos  $S$  que contiene *outliers*

### Algoritmo

- (I) Aleatoriamente se selecciona una muestra de  $s$  datos, del conjunto  $S$ , necesarios para definir el modelo. Los parámetros libres del modelo son reconstruidos o estimados con los datos de la muestra.
- (II) Se determinan un subconjunto de datos,  $S_i$ , que están dentro de una distancia umbral  $T$  del modelo. El subconjunto  $S_i$  define los datos *inliers* del conjunto  $S$ .
- (III) Si el número de datos contenidos en  $S_i$  es mayor que  $S_{best}$ , es seleccionado

$$S_{best} = S_i.$$

- (IV) Se repite el procedimiento desde (I).
- (V) Después de  $N$  ensayos, por consenso, el subconjunto  $S_i$  con un mayor número de *inliers* ( $S_{best}$ ) es seleccionado y considerado la solución. El modelo es estimado usando los datos del subconjunto  $S_{best}$ .

Cuadro 2.3: Algoritmo RANSAC

## 2. Parametrización de Modelos Projectivos

---

### 2.3. Transformaciones 2D-2D

Como se describió en la Subsección 2.1.3, se define como transformación al proceso de mapear un conjunto de puntos o líneas de un espacio proyectivo  $I$  a un espacio proyectivo diferente  $I'$ . A continuación describimos de manera detallada las transformaciones de homografía y matriz fundamental, implementadas a lo largo de este trabajo y de las cuales deseamos obtener sus parámetros con la mayor cantidad de datos.

#### 2.3.1. Homografía

La geometría proyectiva en 2D, es el estudio de las propiedades del plano proyectivo  $\mathbb{P}^2$ . Dichas propiedades son invariantes bajo un grupo de transformaciones conocidas como proyecciones. Una proyección la podemos definir como un mapeo invertible  $h$  de  $\mathbb{P}^2$  sobre si mismo.

Ahora bien, un mapeo  $h: \mathbb{P}^2 \rightarrow \mathbb{P}^2$  es una proyección si y solo si existe una matriz  $H_{3 \times 3}$  no singular tal que para cualquier punto en  $\mathbb{P}^2$  representado por un vector  $x$  se cumple  $h(\mathbf{x}) = Hx$ .

Por lo anterior, podemos definir que una homografía  $H$  es una transformación lineal sobre 3-vectores homogéneos representados por una matriz (3x3) no singular:

$$\begin{pmatrix} x'_1 \\ x'_2 \\ x'_3 \end{pmatrix} = \begin{bmatrix} h_{11} & h_{12} & h_{13} \\ h_{21} & h_{22} & h_{23} \\ h_{31} & h_{32} & h_{33} \end{bmatrix} \begin{pmatrix} x_1 \\ x_2 \\ x_3 \end{pmatrix} \quad (2.39)$$

expresado de una manera mas sencilla  $\mathbf{x}' = H\mathbf{x}$ .

La matriz  $H$  tiene la peculiaridad de poder ser modificada por un escalar diferente de cero sin alterarla. En consecuencia decimos que  $H$  es una matriz homogénea, ya que al igual que en la representación homogénea de un punto, sólo la relación entre los elementos de la matriz es importante. Hay ocho relaciones independientes entre los nueve elementos de  $H$ , y de ello se desprende que una transformación proyectiva tiene ocho grados de libertad. Por otro lado, dado que los dos grados de libertad  $(x, y)$  del punto  $x'_i$  en la primera imagen deben corresponder con el punto en la segunda imagen mapeado por  $Hx_i$ : solamente es necesario especificar 4 puntos correspondientes  $x_i \leftrightarrow x'_i$  para calcular plenamente  $H$ , con la única restricción que deben estar en posición general, es decir, cualquier subconjunto de tres puntos no deben ser colineales.

Es importante mencionar que para el cómputo de este tipo de transformaciones no es necesario el conocimiento de los parámetros de la cámara y de su posición, como se puede observar al implementar el algoritmo de transformación lineal directa (DLT) para calcular la proyección punto a punto (Ver Apéndice A).

## 2. Parametrización de Modelos Proyectivos

---

### Estimación de una Homografía

Al haber determinado que dado un conjunto de cuatro puntos correspondientes  $x_i \leftrightarrow x'_i$  de un espacio proyectivo 2D a un espacio proyectivo 2D diferente  $\{I \rightarrow I'\}$ , se puede resolver para  $H$ . El mapeo o transformación está dado por la ecuación  $x'_i = H^T x_i; i = 1, \dots, N, N \geq 4$ , de la cual se sabe que  $x'_i$  y  $H^T x_i$  tienen la misma dirección pero pueden diferir en magnitud por un escalar distinto de cero. Por consiguiente, la ecuación puede ser expresada en términos del producto cruz de vectores  $x'_i \times H^T x_i = 0$ . Esta forma nos va permitir derivar una solución lineal para  $H$ .

La fila  $j$ -ésima de la matriz  $H$  está denotada por  $h^{jT}$  para  $j = 1, \dots, 3$

$$H^T x_i = \begin{pmatrix} h^{1T} x_i \\ h^{2T} x_i \\ h^{3T} x_i \end{pmatrix} \quad (2.40)$$

escribiendo  $x'_i = (x'_i, x'^2_i, x'^3_i)$ , el producto cruz está dado como

$$x'_i \times H^T x_i = \begin{pmatrix} x'_{2i} a^{3T} x_i - x'_{3i} a^{2T} x_i \\ x'_{3i} a^{1T} x_i - x'_{1i} a^{3T} x_i \\ x'_{1i} a^{2T} x_i - x'_{2i} a^{1T} x_i \end{pmatrix} \quad (2.41)$$

Desde  $h^{jT} x_i = x'^T_i h^j$  para  $j = 1, \dots, 3$ , tenemos un conjunto de tres ecuaciones en las entradas de  $H$

$$\begin{bmatrix} 0 & -x'_{3i} x^T_i & x'_{2i} x^T_i \\ x'_{3i} x^T_i & 0 & -x'_{1i} x^T_i \\ x'_{2i} x^T_i & x'_{1i} x^T_i & 0 \end{bmatrix} \begin{pmatrix} h^1 \\ h^2 \\ h^3 \end{pmatrix} = 0 \quad (2.42)$$

Estas ecuaciones tienen la forma  $M_i h = 0$ , donde  $M_i$  es una matriz de  $3 \times 9$  y  $h$  es un vector de longitud 9, cuyos componentes conforman la matriz  $H$ . Cuando tenemos estas formas decimos que el sistema es lineal homogéneo.

Como se ha dicho, para obtener  $H$  es necesario de cuatro puntos correspondientes en posición general, con lo cual obtenemos una solución mínima, mas no significa que sea el único número de puntos a ser utilizados. Por lo tanto si más de cuatro puntos son dados, el conjunto de ecuaciones  $M_i h = 0$  estará sobre estimado y existirá una solución única.

Para solucionar este tipo de sistemas homogéneos se aplica la Descomposición en Valores Singulares.

Si se sabe que  $M_i^T M_i = M$ , donde  $M$  es una matriz simétrica positiva semidefinida, nuestro vector solución  $h = (h_1, \dots, h_9)$ , lo podemos obtener aplicando la factorización SVD, haciendo uso de las propiedades de ortogonalidad de dos de sus matrices, como se muestra a continuación

## 2. Parametrización de Modelos Projectivos

---

$$Mh = USV^T = 0, \quad (2.43)$$

$$U^TUSV^Th = 0, \quad (2.44)$$

donde  $U^TU = 1$

$$SV^Th = 0 \Rightarrow Sy = 0, \quad (2.45)$$

con  $y = V^Th$ , se tiene

$$v_3h = 0, \quad (2.46)$$

Los valores singulares son  $\lambda_3 = 0$ ;  $\lambda_1, \lambda_2 \neq 0$ . El vector  $v_3$  es nuestro vector solución para  $h = (h_1, \dots, h_9)$ , sujeto a  $\|v_3\| = 1$ .

Como podemos observar, el vector  $v_3$  corresponde al valor singular más pequeño de la matriz  $S$ .

El sistema de ecuaciones a resolver proviene de una transformación lineal, pero puede ser obtenido de una transformación bilineal. Por tal motivo, es sumamente importante mencionar que una transformación n-lineal tiene la propiedad de poder obtener sus parámetros de movimientos mediante un sistema lineal homogéneo.

### 2.3.2. Matriz Fundamental

La matriz fundamental, denominada  $F$ , es considerada la representación algebraica de la geometría epipolar. Implícitamente, la matriz fundamental, describe la geometría entre dos vistas o visión estéreo, pero a diferencia de la geometría epipolar, es independiente de la estructura de la escena y puede ser estimada solamente con puntos correspondientes de la imagen, sin necesidad de tener conocimientos de los parámetros intrínsecos de la cámara o de su posición relativa.

La matriz fundamental  $F$  es una matriz de dimensión  $3 \times 3$  y rango 2, para la cual, dos puntos correspondientes  $x \leftrightarrow x'$  satisfacen la siguiente relación:

$$x'Fx = 0. \quad (2.47)$$

A continuación se dan a conocer algunos conceptos básicos que describen la geometría proyectiva y posteriormente se muestra como derivar numéricamente la matriz fundamental  $F$  con base en el algoritmo de la transformación lineal directa (Ver Apéndice A).

#### 2.3.2.1. Geometría Epipolar

La geometría epipolar, está basada en la obtención de imágenes que aproximan un modelo estenopeico ó de proyección perspectiva (*pinhole*), Fig. 2.5, describiendo una

## 2. Parametrización de Modelos Proyectivos

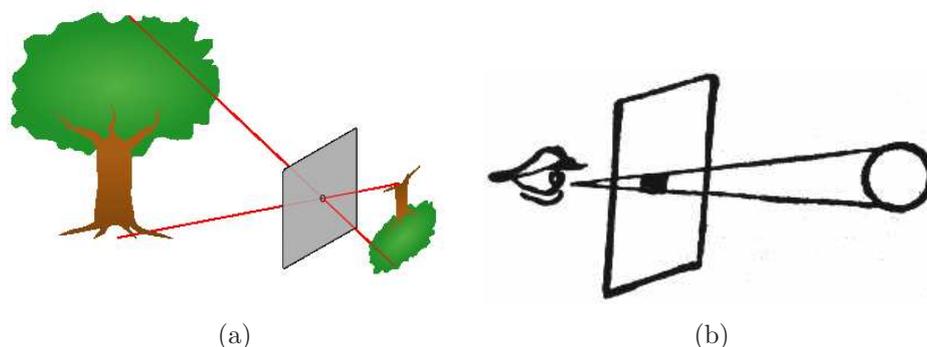


Figura 2.5: Principio de cámara con proyección perspectiva. Los rayos de luz de un objeto pasan a través de un pequeño orificio para formar una imagen.

serie de relaciones existentes entre puntos en el espacio 3D y sus proyecciones 2D en imágenes con diferente posición, las cuales conducen a una serie de restricciones entre los puntos. Dichas restricciones, al igual que lo hace la geometría de visión estéreo, están motivadas por la obtención de puntos correspondientes entre dos imágenes y pueden ser descritas por la matriz fundamental.

Supongamos que un punto  $\mathbf{X}$  en el espacio 3D es proyectado en dos imágenes: como  $x$  en la primera y  $x'$  en la segunda. Si observamos, Fig. 2.6(a), los puntos  $x$ ,  $x'$ , el punto en el espacio  $\mathbf{X}$  y los centros de las cámaras ( $c, c'$ ) son coplanares, es decir, están relacionados por un plano  $\pi$ .

Ahora supongamos que solamente conocemos el punto  $x$  y deseamos encontrar su punto correspondiente  $x'$ . El plano  $\pi$  está determinado por la línea que une los dos centros de cámara (línea de base) y por el rayo generado entre el punto en el espacio 3D  $\mathbf{X}$  y su proyección en la primera imagen  $x$ . Si sabemos que el punto  $x'$

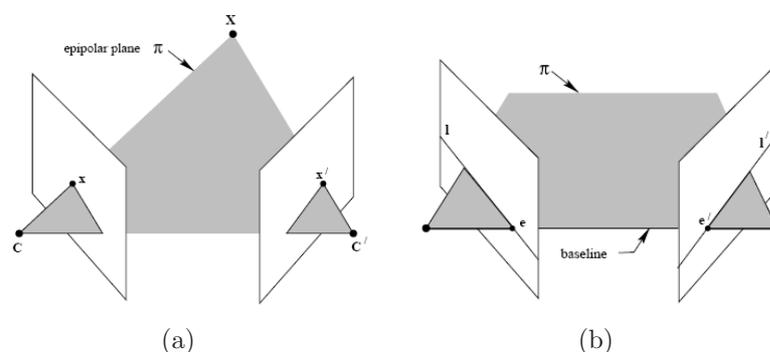


Figura 2.6: (a) Los centros de las imágenes  $c, c'$ , el punto  $\mathbf{X}$  en el espacio 3D, y los puntos  $x, x'$  correspondiente a cada imagen se encuentran en un plano común  $\pi$ . (b) La línea base (*baseline*) intersecciona a cada imagen en el epipolo  $e, e'$ . Cualquier plano que contiene la base línea es un plano epipolar, y su intersección con el plano de la imagen genera las líneas correspondientes  $l, l'$ .

## 2. Parametrización de Modelos Proyectivos

---

es coplanar con todos los puntos que conforman al plano  $\pi$ ,  $x'$  solamente puede ser encontrado a lo largo de la línea  $l'$ , generada por la intersección entre el plano  $\pi$  y la segunda imagen. El beneficio de saber que el punto  $x'$  se encuentra a lo largo de un segmento de recta, reduce significativamente el espacio de búsqueda, Fig. 2.6(b).

Los conceptos que describen a la geometría proyectiva son:

- El **epipolo** es el punto de intersección de la línea que une los centros de las cámaras con el plano de la imagen.
- Un **plano epipolar** es un plano que contiene a la línea base.
- Una **línea epipolar** es la intersección de un plano epipolar con el plano de la imagen. Todas las líneas epipolares intersectan con el epipolo. Un plano epipolar intersecta los planos de la imagen izquierda y derecha en líneas epipolares y, define las correspondencias entre las líneas.

### 2.3.2.2. Estimación de la Matriz Fundamental

La matriz fundamental esta definida por la ecuación (2.47) para cualquier par de puntos correspondientes  $x \leftrightarrow x'$  en dos imágenes. Con la cantidad suficiente de puntos correspondientes, por lo menos 7, la ecuación (2.47) puede ser utilizada para calcular la matriz fundamental  $F$ . Si cada par de puntos correspondientes es expresado en coordenadas homogéneas,  $x = (x, y, 1)^T$  y  $x' = (x', y', 1)^T$ ; cada par da lugar a una ecuación lineal para las entradas desconocidas de  $F$

$$x'xf_{11} + x'yf_{12} + x'f_{13} + y'xf_{21} + y'yf_{22} + y'f_{23} + xf_{31} + yf_{32} + f_{33} = 0. \quad (2.48)$$

Considerando que el vector  $f$  es de longitud 9 compuesto por las entradas de  $F$  ordena por filas. La ecuación (2.48) puede ser representada como un producto de vectores

$$(x'x, x'y, x', y'x, y'y, y', x, y, 1) f = 0. \quad (2.49)$$

Para un conjunto de  $n$  correspondencias, se obtiene un conjunto de ecuaciones lineales de la forma

$$Af = \begin{bmatrix} x'_1x_1 & x'_1y_1 & x'_1 & y'_1x_1 & y'_1y_1 & y'_1 & x_1 & y_1 & 1 \\ \vdots & \vdots \\ x'_nx_n & x'_ny_n & x'_n & y'_nx_n & y'_ny_n & y'_n & x_n & y_n & 1 \end{bmatrix} f = 0 \quad (2.50)$$

Este es un conjunto de ecuaciones homogéneas y,  $f$  sólo puede ser determinada a escala. Para que una solución exista, la matriz  $A$  debe ser a lo más de rango 8, y si el rango es exactamente 8, entonces la solución es única sujeto a  $\|f\| = 1$ , y puede ser encontrada por un método lineal. La solución corresponde al espacio nulo de la

## 2. Parametrización de Modelos Projectivos

---

matriz  $A$ .

En caso de la existencia de correspondencias con ruido, el rango de la matriz  $A$  puede ser mayor de 8. Para estos casos es necesario encontrar una solución por medio de mínimos cuadrados. La solución para  $f$  con mínimos cuadrados es el vector propio que corresponde al menor valor singular de  $A$ . El vector solución  $f$  encontrado de esta manera minimiza  $\|Af\|$  y esta sujeta a la condición  $\|f\| = 1$ .

Un caso muy importante en la estimación de la matriz  $F$  es cuando solamente 7 pares de puntos correspondientes se conocen. Esto da lugar a una matriz  $A$  de  $7 \times 9$ , que generalmente va a ser de rango 7. La solución a la ecuación (2.50) para este caso es un espacio bi-dimensional de la forma

$$\alpha F_1 + (1 - \alpha) F_2 \quad (2.51)$$

donde  $\alpha$  es una variable escalar. Las matrices  $F_1$  y  $F_2$  son obtenidas de los vectores  $f_1$  y  $f_2$  correspondientes al espacio nulo de la matriz  $A$ . Aplicando la condición  $\det(F) = 0$ , tenemos

$$\det(\alpha F_1 + (1 - \alpha) F_2) = 0. \quad (2.52)$$

dado que  $F_1$  y  $F_2$  son conocidas, esto lleva a resolver una ecuación polinomial cubica para  $\alpha$ . Habrá una o tres soluciones reales. La ecuación (2.52) arroja una o tres soluciones posible para la matriz fundamental.

Siempre que se trabaja con matrices fundamentales es recomendable que se mantenga su singularidad, es decir que se mantenga el rango 2, para que exista concurrencia entre las líneas epipolares; uno de los métodos más aplicados y prácticos, mas no muy efectivo, es usando la norma de Frobenius. Otra recomendación es aplicar una normalización, por translación y escalamiento, a nuestros datos antes de generar el sistema lineal de ecuaciones para una mejor estabilidad de los resultados (Ver Capítulo 11 de [1]).

### 2.3.3. Cálculo de la Homografía y la Matriz Fundamental

A continuación se describen, de manera resumida, los algoritmos para el cálculo de los parámetros de homografías y matrices fundamentales. Para el caso de la matriz  $H$  generalizamos para cuatro o más puntos correspondientes y para el caso de  $F$  para siete correspondencias en adelante.

El algoritmo de RANSAC es la base fundamental del cómputo automático ya que se encarga de realizar una búsqueda entre todos los datos para, de esa manera estimar los parámetros de determinado modelo. En la Subsección 2.2.4 se mencionó que el algoritmo RANSAC, debe saber de alguna manera, que tan bueno es el modelo y por consiguiente que tan bien se ajusta a los datos. Dadas las características de

## 2. Parametrización de Modelos Projectivos

---

la homografía y de la matriz fundamental en el estado del arte se pueden observar determinado número de medidas de distancia que evalúan o indican que tan adecuado es un modelo en relación a un par de puntos correspondientes. Para nuestras aplicaciones fueron seleccionadas: la distancia Euclidiana entre dos puntos y la distancia epipolar simétrica para homografías y matrices fundamentales respectivamente. Dichas medidas de distancia son dadas a conocer junto con los algoritmos.

La suma total de las distancias en relación a los puntos correspondientes nos arroja una medida indicando que tan bueno es un modelo determinado, mas no es considerada una medida global o de confianza. En el Capítulo 3 se da a conocer un método que aplica una medida estadística considerada una medida global y en el Capítulo 5 se propone una función de costo con evolución diferencial. A continuación se muestran los algoritmos:

### Objetivo

Cálculo de una Homografía entre dos imágenes.

### Algoritmo

- (I) Obtención de puntos de interés en ambas imágenes  $x_j, x'_j, j = 1, \dots, m$ .
- (II) Cálculo de un conjunto de puntos correspondientes en base a su proximidad o semejanza de un área específica,  $x_i \leftrightarrow x'_i, i \ll j$ .
- (III) Aplicando RANSAC, iterar  $N$  veces, Eq. (2.38).
  - 1) Seleccionar de manera aleatoria  $n \geq 4$  puntos correspondientes y calcular una homografía  $H$ .
  - 2) Calcular la distancia Euclidiana  $d_{iE}$  para todos y cada una de los puntos correspondientes  $x_i \leftrightarrow x'_i$ ,
$$\forall i, d_{iE} = D(x'_i, Hx_i). \quad (2.53)$$
  - 3) Contar el número de *inliers* pertenecientes a  $H$ , cuyas distancias sean menor a un umbral  $T$  estimado empíricamente:  $d_{iE} \leq T$ .
- (IV) La homografía con mayor número de *inliers* (soporte) es considerada el mejor modelo y con base en ella se determinan todas las correspondencias correctas, es decir, se eliminan correspondencias consideradas atípicas.
- (V) Con todas las correspondencias consideradas correctas,  $H$ , es reestimada para ajustar sus parámetros.

Cuadro 2.4: Algoritmo para la estimación automática de los parámetros de homografías entre dos imágenes con puntos correspondientes.

## 2. Parametrización de Modelos Projectivos

---

### Objetivo

Cálculo de la Matriz Fundamental entre dos imágenes.

### Algoritmo

- (I) Obtención de puntos de interés en ambas imágenes  $x_j, x'_j, j = 1, \dots, m$ .
- (II) Cálculo de un conjunto de puntos correspondientes en base a su proximidad o semejanza de un área específica,  $x_i \leftrightarrow x'_i, i \ll j$ .
- (III) Aplicando RANSAC, iterar  $N$  veces, Eq. (2.38).

- 1) Seleccionar de manera aleatoria  $n \geq 7$  puntos correspondientes y calcular la matriz fundamental  $F$ .
- 2) Calcular la distancia simétrica epipolar  $d_i$  para todos y cada uno de los puntos correspondientes  $x_i \leftrightarrow x'_i$ ,

$$\forall i, d_i = (x_i^T F x'_i)^2 \left( \frac{1}{(F x_i)_1^2 + (F x_i)_2^2} + \frac{1}{(F x'_i)_1^2 + (F x'_i)_2^2} \right). \quad (2.54)$$

- 3) Contar el número de *inliers* pertenecientes a  $F$ , cuyas distancias sean menores a un umbral  $T$  estimado empíricamente:  $d_i \leq T$ .
  - 4) Si existen tres soluciones reales para  $F$  el número de *inliers* es determinado para cada uno y se elige la solución con mayor número (soporte).
- (IV) La matriz fundamental con mayor número de *inliers* es considerada el mejor modelo y con base en ella se determinan todas las correspondencias correctas, es decir, se eliminan correspondencias consideradas atípicas.
- (v) Con todas las correspondencias consideradas correctas,  $F$ , puede ser reestimada para ajustar sus parámetros.

Cuadro 2.5: Algoritmo para la estimación automática de los parámetros de la matriz fundamental entre dos imágenes con puntos correspondientes.

## 2. Parametrización de Modelos Proyectivos

---

### 2.4. Resultados Experimentales

Para observar, analizar y comparar los diferentes métodos de estimación se generó un problema sintético, el cual nos permitió trabajar en un ambiente controlado y apreciar las ventajas y, las desventajas de cada uno de ellos.

Otro experimento que se llevó a cabo fue la implementación, con imágenes reales, de RANSAC para la estimación de los parámetros de homografía y matriz fundamental. En la Subsección 2.4.3 se describen algunos resultados.

En el caso de los experimentos realizados con los métodos de estimación de parámetros fue necesario hacer una separación en las soluciones algebraicas directas y soluciones con análisis estadístico. En las primeras corridas realizadas con datos ruidosos se observó que al momento de resolver un sistema del tipo  $Ax = 0$ , la solución  $x$  obtenida de la matriz  $A$ , no correspondía al espacio nulo o más cercano a cero de  $A$  y aunque correspondiera la solución, existe una perturbación con media diferente de cero. Realizando una búsqueda en la literatura que nos ayudará a reducir o eliminar el sesgo en la matriz  $A$ , se encontró que Kanatani [2] mediante un análisis estadístico de los datos, elimina el sesgo de la matriz  $A$  y proporciona una solución  $x$  que corresponde al espacio nulo de  $A$ . El método clásico proporciona el espacio nulo de  $A$ , pero no coincide con la esperanza de la solución. El método de Kanatani no determina el espacio nulo de  $A$ , sino de otra matriz, modificada a partir de  $A$ , de la cual se espera que reduzca el sesgo sistemático.

La implementación de los métodos propuestos por Kanatani (Ver Apéndice B) para el problema de regresión lineal es una de las principales aportaciones de este trabajo de tesis. Al mismo tiempo, la revisión de los métodos de estimación presentes en el estado del arte tiene una gran importancia y es una gran aportación.

En la sección de soluciones algebraicas directas se muestran resultados obtenidos con los métodos de estimación como fueron vistos en las secciones anteriores y se demuestra que la solución deja de pertenecer al espacio nulo si no se satisfacen ciertas condiciones de ruido y linealidad. En la sección con análisis estadístico y solución insesgada se implementa la propuesta de Kanatani y se dan algunas conclusiones.

#### 2.4.1. Solución Algebraica Directa de Mínimos Cuadrados

Los datos en los experimentos fueron generados de manera aleatoria con base en el modelo de la recta con pendiente 1 y ordenada 0. Aplicando una distribución uniforme, dentro de un rango  $[0, 200]$ , se generó un valor  $x_i, i = 1, \dots, 300$  de manera aleatoria y aplicando la ecuación de la recta se calculó su correspondiente  $y_i, i = 1, \dots, 300$ . A cada  $y_i$  se le sumo un error distribuido de manera normal  $N(0, \sigma)$ . Cuando el experimento requiere la presencia de datos atípicos, se toma un porcentaje de los 300 puntos, que oscila entre  $[0, 1, 2, 5, 5, 10, 25, 50]$  % acorde el experimento que se este realizando y se sustituyen con puntos creados de manera

## 2. Parametrización de Modelos Proyectivos

---

aleatoria, con distribución  $N(0, \sigma)$  en ambos ejes.

Se observó que en la mayoría de los experimentos, pero principalmente en los métodos de Mínimos Cuadrados y Mínimos Cuadrados Iterativos Ponderados, la presencia de datos con ruido  $\sigma$  sin la presencia de datos atípicos generaban una solución no óptima como se puede apreciar en los resultados mostrados en la Fig. 2.7. Se puede apreciar, de manera gráfica, que los resultados obtenidos en los experimentos realizados con mínimos cuadrados, Figs. 2.7(a) 2.7(b), no son óptimos y los parámetros del modelo estimados no son los correctos. Con los métodos de RANSAC 2.7(c) y Levenberg-Marquardt 2.7(d) se los parámetros estimados aproximan muy bien a los datos.

Por lo anterior, se prestó principal interés a los métodos que implementan mínimos cuadrados, donde se presenta el problema al momento de estimar los parámetros del modelo. Realizando un trabajo exhaustivo, dado que los experimentos están controlados y se sabe cuales son los parámetros que mejor ajustan al modelo, se monitoreó el vector solución que mejor aproxima los datos y se observó que con determinado error  $\sigma$  dicho vector deja de corresponder al eigenvalor más cercano a cero de la matriz  $A$ , correspondiente al sistema  $Ax = 0$  a minimizar para estimar los parámetros del modelo que mejor ajusta los datos. En la Fig. 2.8 se puede observar dicho comportamiento.

El comportamiento apreciado en relación al vector solución, nos impedía seguir adelante en nuestro análisis. Buscando la manera de reducir o retardar el cruce de los eigenvalores se encontró la propuesta de Kanatani que nos ayuda a comprender este comportamiento y nos entrega una solución con un análisis estadístico.

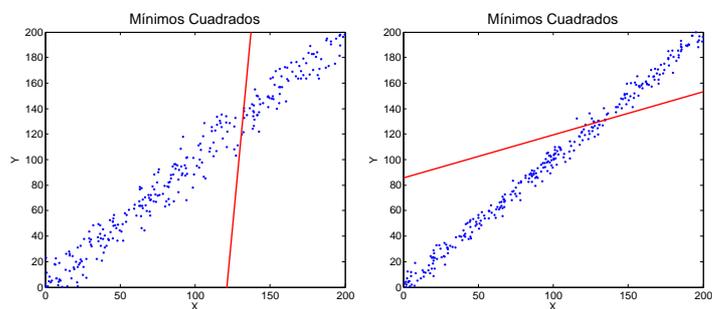
### 2.4.2. Análisis Estadístico de Mínimos Cuadrados y Solución Insegada

Kanatani en su libro [2] demuestra que el método de mínimos cuadrados generan una matriz con sesgo para los problemas de incidencia lineal y por consiguiente una solución errónea. Para realizar un análisis estadístico en los datos y proponer un esquema (Ver Apéndice B) que eliminara dicho sesgo y arrojara una solución correspondiente al espacio nulo, Kanatani creó un modelo que se ajusta mejor al comportamiento del ruido y que es muy similar a nuestra aplicación.

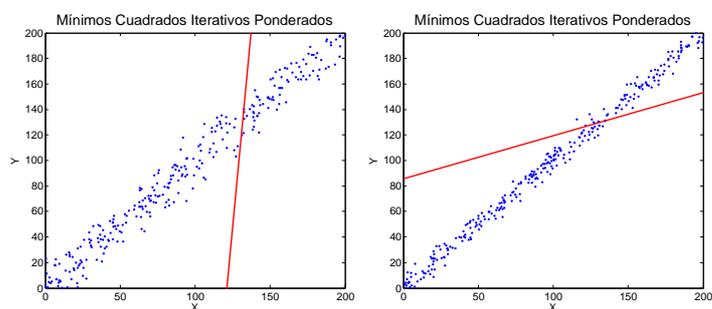
Asumiendo se conoce el ruido  $\sigma$  presente en los datos, la implementación del Método Estadístico Insegado como normalmente se le conoce al esquema propuesto por Kanatani, elimina el sesgo de la matriz  $A$  y genera una solución que reduce el error sistemático en nuestras estimaciones. En la figura 2.9 se muestran algunos Mínimos Cuadrados y Mínimos Cuadrados Iterativos Ponderados.

## 2. Parametrización de Modelos Projectivos

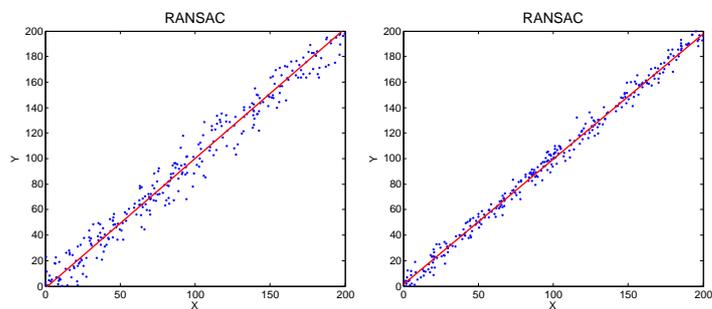
---



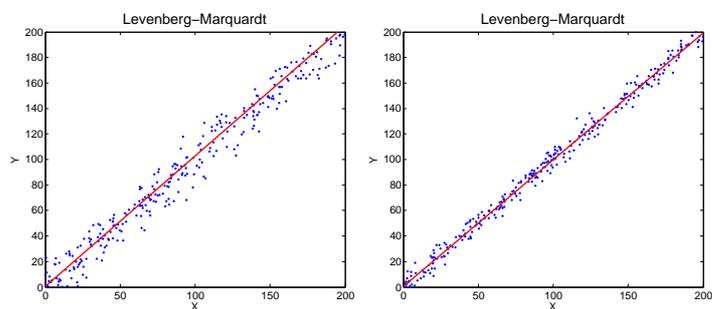
(a) Mínimos Cuadrados



(b) Mínimos Cuadrados Iterativos Ponderados



(c) RANSAC



(d) Levenberg-Marquardt

Figura 2.7: Solución Analítica con Métodos de Estimación. Las gráficas mostradas a la izquierda de cada subfigura fueron con generadas con  $\sigma = 10$  y las gráficas de la derecha con  $\sigma = 5$ . En ninguna de las gráficas existen datos atípicos.

## 2. Parametrización de Modelos Projectivos

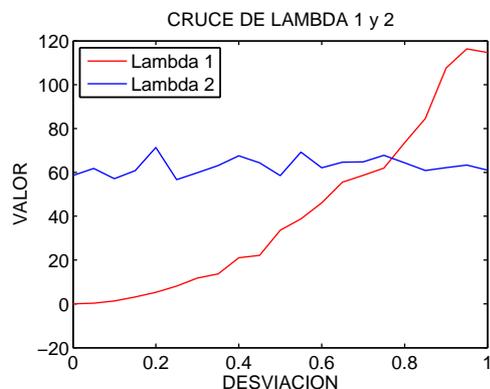
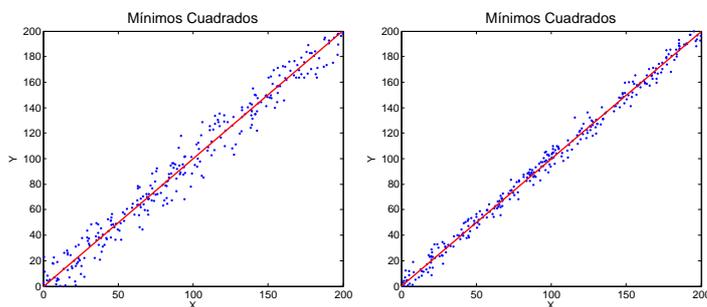
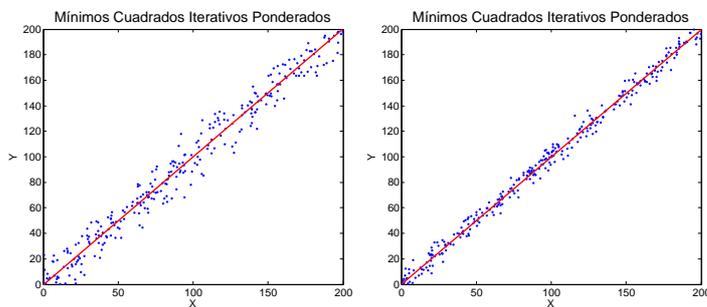


Figura 2.8: Cruce de Lambdas. El vector que mejor aproxima el modelo con los datos, con determinado error  $\sigma$ , deja de pertenecer a lambda 1 el cual corresponde al eigenvalor más cercano a cero de la matriz  $A$  y pasa a ser un vector que corresponde a lambda 2.



(a) Mínimos Cuadrados



(b) Mínimos Cuadrados Ponderados

Figura 2.9: Solución con Análisis Estadístico. Las gráficas mostradas a la izquierda de cada subfigura fueron con generadas con  $\sigma = 10$  y las gráficas de la derecha con  $\sigma = 5$ . En ninguna de las gráficas existen datos atípicos.

## 2. Parametrización de Modelos Proyectivos

---

### 2.4.3. Estimación de Transformaciones 2D-2D con RANSAC

RANSAC, a diferencia de los métodos de estimación antes mencionados, es la mejor alternativa en la estimación de transformaciones 2D gracias a que maneja una gran cantidad de datos (“contaminados” y “no contaminados”) en tiempo real y proporciona una solución con un gran número de correspondencias con baja incertidumbre, para posteriormente ingresar a algoritmos de similitud, como es el caso de correlación normalizada cruzada (Ver Apéndice D), el cual requiere que exista la menor cantidad de datos atípicos para realizar una tarea eficiente en el menor tiempo.

Para presentar de una manera gráfica el proceso del cómputo automático en la estimación de los parámetros de Homografía y Matriz Fundamental presentado en la Subsección 2.3.3, se desarrollaron dos pruebas con imágenes reales. Los parámetros en ambas pruebas fueron: i) umbral  $T = 1$ ; y ii) número de iteraciones  $N = 200$ .

Universidad	Imagen Izq.	Imagen Der.
Características obtenidas	430	421
Correspondencias con Medida de Similitud	99	99
Correspondencias después de RANSAC	81	81
Correspondencias atípicas detectadas con RANSAC	18	18
Plaza	Imagen Izq.	Imagen Der.
Características obtenidas	421	421
Correspondencias con Medida de Similitud	98	98
Correspondencias después de RANSAC	93	93
Correspondencias atípicas detectadas con RANSAC	5	5

Cuadro 2.6: Resumen de resultados aplicando RANSAC en imágenes reales 2D-2D.

## 2. Parametrización de Modelos Proyectivos

---

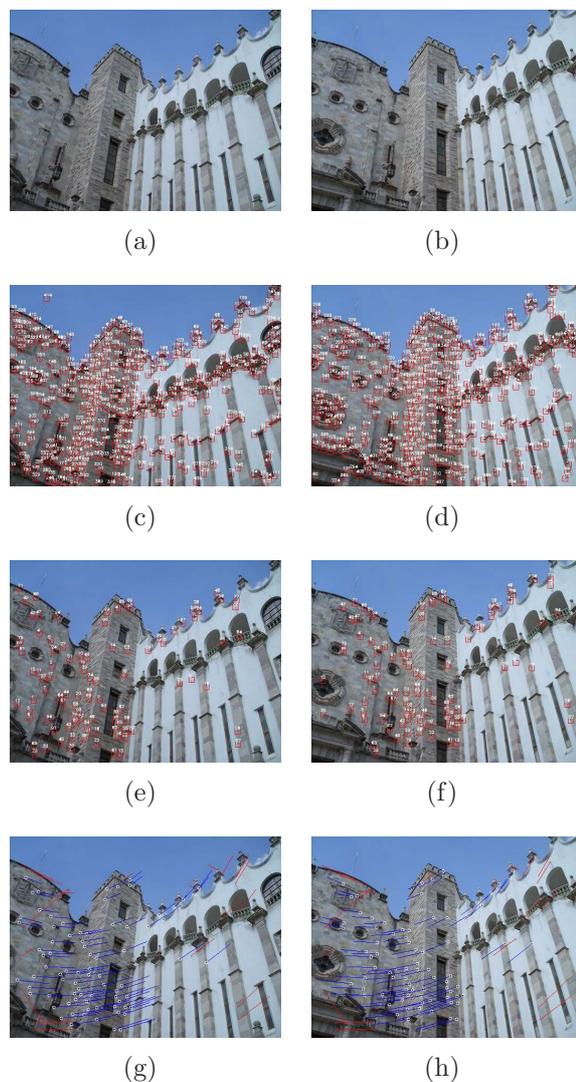


Figura 2.10: Resultados de Homografía con RANSAC. (a) (b) Imágenes de la Universidad de Guanajuato. Las imágenes son de dimensión  $513 \times 385$ . (c) (d) Se detectaron 430 y 421 características respectivamente en cada imagen. (e) (f) Aplicando una medida de similitud, Correlación Normalizada Cruzada (Ver Apéndice 2.3.3), se obtuvieron 99 correspondencias. (g) (h) Después de haber obtenido los parámetros de la matriz  $H$ , son consideradas como buenas 81 correspondencias y 18 correspondencias erróneas u *outliers*.

## 2. Parametrización de Modelos Projectivos

---

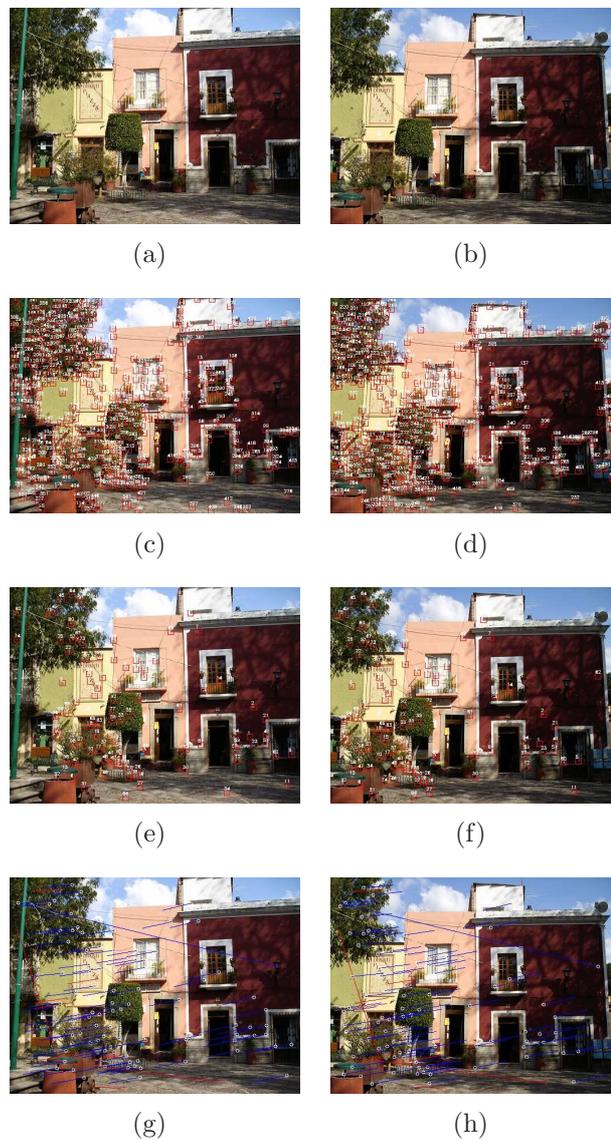


Figura 2.11: Resultados de  $M$ . Fundamental con RANSAC: (a) (b) Imágenes de la Plaza San Fernando en Guanajuato. Las imágenes son de dimensión  $513 \times 385$ . (c) (d) Se detectaron en ambas imágenes 421 características. (e) (f) Aplicando una medida de similitud, Correlación Normaliza Cruzada (Ver Apéndice 2.3.3), se obtuvieron 98 correspondencias. (g) (h) Después de haber obtenido los parámetros de la matriz  $F$ , son consideradas como buenas 93 correspondencias y 5 correspondencias erróneas u *outliers*.

## 2. Parametrización de Modelos Proyectivos

---

### 2.4.4. Conclusiones del capítulo

– Mínimos Cuadrados:

El método de estimación por mínimos cuadrados, por ser un procedimiento de orden lineal, es bastante rápido a diferencia de procesos iterativos o de aquellos que aproximan una matriz Hessiana. Mínimos cuadrados al tratar de ajustar una función a los datos por minimización de residuos, no tiene la capacidad de detectar datos atípicos, más sin embargo en la mayoría de los casos se ajusta al error, el cual, no siempre es normal y funciona mejor cuando la distribución de los datos es aleatoria. Como se observó en la sección de solución algebraica directa, mínimos cuadrados puede presentar sesgo y no obtener una solución óptima. Cuando existen *outliers* en los datos, los métodos de regresión robusta son más adecuados.

– RANSAC:

El hecho que RANSAC sea un proceso aleatorio y que el tamaño de la muestra, que implementa, es el más pequeño para definir un modelo sin ambigüedades, hace de RANSAC un proceso sumamente rápido el cual puede ser aplicado en tiempo real, elevando su capacidad de soportar una gran cantidad de datos atípicos. Por como está estructurado y los parámetros que maneja el algoritmo de RANSAC en sus condiciones de paro, el número de iteraciones depende de la cantidad de datos atípicos. En RANSAC se pueden observar dos grandes desventajas, una de ellas es que los resultados son diferentes en cada corrida y no se asegura encontrar una solución, ambas debido a su aspecto de aleatoriedad.

– Estimadores Robustos:

Dentro de este apartado, los métodos que implementan estimadores robustos y los cuales se caracterizan por ser iterativos, mínimos cuadrados iterativos ponderados y Levenberg-Marquardt, se clasifican en lineales y no lineales, respectivamente, por la manera en que expresan la función a minimizar. Por su parte mínimos cuadrados iterativos ponderados tiene la peculiaridad de detectar la presencia de datos atípicos, debido a que le da mayor importancia a datos que considera proporcionan “buena información”, con la restricción que no soporta gran cantidad de ellos. La distribución que sigan los datos atípicos no afecta su comportamiento, a consideración, que su inicialización sea muy buena. Al igual que mínimos cuadrados convencionales, mínimos cuadrados iterativos ponderados, desde un punto de vista estadístico o geométrico puede presentar sesgo y no obtener una solución óptima. Por otra parte, Levenberg-Marquardt, quien minimiza una función, expresada en términos cuadráticos de funciones no lineales, presenta un costo computacional muy elevado a causa de tener que estimar la matriz Hessiana de la función a minimizar y por consiguiente, es considerado un procedimiento lento en comparación con

## 2. Parametrización de Modelos Projectivos

---

RANSAC y mínimos cuadrados iterativos ponderados. Al igual que mínimos cuadrados iterativos ponderados, Levenberg-Marquardt, es sensible a detectar la presencia de datos atípicos, no soporta una gran cantidad de los mismos y en la mayoría de las veces requiere una muy buena inicialización. Dependiendo de la inicialización, el ajuste que proporciona Levenberg-Marquardt a la distribución de los datos se ve afectada y desde un punto de vista estadístico o geométrico no siempre se presenta sesgo y se obtienen soluciones óptimas la mayor parte del tiempo, Fig. 2.7.

### – Análisis Estadístico:

La implementación del análisis estadístico propuesto por Kanatani [2] reduce el sesgo presente en problemas de regresión lineal, ayudando en el cálculo de una “mejor” solución correspondiente al espacio nulo, en sistemas del tipo  $Ax = 0$ .

## Capítulo 3

# Método Estadístico Insesgado: una alternativa en la implementación del EP $n$ P

El estimar la posición y orientación de una cámara en relación a un objeto, a partir de un número reducido de observaciones, es un problema bastante estudiado, con muy diversas e importantes aportaciones, denominado perspectiva de  $n$  puntos (P $n$ P). El hecho que los datos con que se trabaja (imágenes) no estén ausentes de ruido, implica una mayor complejidad de los algoritmos, así como tiempos de procesamiento y costo computacional. Para eliminar y reducir los efectos producidos por el ruido, para obtener una solución final, se han implementado diversas estrategias numéricas para reducir sus efectos.

A continuación revisamos un algoritmo propuesto por Noguera *et. al.* [7], denominado solución eficiente al problema de perspectiva- $n$ -puntos (EP $n$ P), que estima una transformación rígida a partir de correspondencias 3D-2D y obtiene una solución final mediante una combinación lineal en el espacio nulo de soluciones debido a la presencia de una matriz sesgada generada por datos ruidosos. A dicho algoritmo aplicamos el método estadístico insesgado propuesto por Kanatani como una alternativa a la combinación lineal (como se demostró en sección 2.4.2). La implementación de este método estadístico nos permite obtener información de los datos y una solución directa, reduciendo el problema del sesgo. Se demuestra con algunos experimentos que la robustez, estabilidad y orden de convergencia se mantiene aplicando el método estadístico, incluso es mejor que el algoritmo original para determinados niveles de ruido y cantidad de datos utilizados.

### 3.1. Introducción al problema P $n$ P

En visión por computadora el problema de estimación de la posición es llamado Perspectiva- $n$ -Puntos (P $n$ P) solo cuando se determina a partir de la observación de

### 3. Método Estadístico Insesgado: una alternativa para EPnP



Figura 3.1: Posición y orientación de una cámara en relación a un objeto en el espacio. Dado un determinado objeto en el sistema de coordenadas del mundo, Fig. (a), se obtiene una imagen mediante una cámara, la cual maneja un sistema de coordenadas diferente, Fig. (b). El objetivo es estimar el movimiento de rotación y translación que alinee ambos sistemas de coordenadas, Fig. (c).

$n$  puntos en una imagen, ya que existen otros métodos. Defínase la estimación de la posición como: la posición y orientación de una cámara en relación a un objeto en el espacio, Fig. 3.1. La implementación de la geometría de  $n$  puntos característicos de un par de imágenes, para estimar la posición, ha sido ampliamente estudiada y tiene un gran interés en el área de visión por computadora por sus diversas aplicaciones. Soluciones al problema PnP, presentes en el estado del arte, han sido desarrolladas utilizando tres o más puntos característicos y consideran con frecuencia la presencia tanto de datos ruidosos como atípicos. En la estimación de la posición por PnP siempre se hacen las siguientes suposiciones:

- Los parámetros intrínsecos de la cámara son conocidos.
- La posición de puntos característicos en coordenadas del mundo real, 3D, y sus respectivas correspondencias en las imágenes, 2D, son conocidas.

La mayoría de las aproximaciones al problema PnP, las cuales pueden ser clasificadas en iterativas [7, 12, 11, 10] y no-iterativas [8, 9, 13, 15], están diseñadas para resolver el problema en tiempo real y de forma cerrada sin la necesidad de inicialización [16], explorar alternativas en base a la geometría del modelo [9, 10] e incluir información adicional con la intención de proporcionar mayor estabilidad [13, 15] o reducir la ambigüedad al momento de estimar su posición [14]. Las propuestas existentes son en su mayoría de orden alto, esto es, incrementa conforme el número de puntos característicos  $n$  son utilizados. Por mencionar algunos: la propuesta de Fiore [17] es de complejidad  $O(n^2)$  pero es inestable para datos ruidosos en 2D; Quan y Lan [13] proponen un algoritmo de complejidad  $O(n^5)$ , el cual puede convertirse de complejidad  $O(n^3)$  si el método de descomposición en valores singulares es aplicado (SVD); Ansar y Daniilidis [8] derivan un conjunto de ecuaciones cuadráticas organizadas en un sistema lineal  $\frac{n(n-1)}{1} \times \left(\frac{n(n-1)}{2} + 1\right)$ , las cuales requieren  $O(n^8)$

### 3. Método Estadístico Insesgado: una alternativa para EPnP

---

operaciones para ser resueltas.

Noguer *et al.* [7] introducen un procedimiento no iterativo que resuelve de manera eficiente el problema de perspectiva- $n$ -puntos (EPnP). Es denominado eficiente, porque a diferencia de métodos tradicionales, maneja una menor cantidad de incógnitas. Ciertamente uno de los procedimientos más rápidos, preciso al igual que la mayoría de los métodos iterativos, robusto en la presencia de datos ruidosos, estable y con la habilidad de manejar cientos de puntos  $n$  en tiempo real. El éxito de EPnP es la estrategia de representar los puntos en coordenadas del mundo real como una suma de puntos de control. El uso de los puntos de control reduce el número de variables desconocidas a tratar y estima la posición en un tiempo  $O(n)$ , es decir, EPnP requiere solamente  $n$  operaciones para obtener una solución.

La propuesta EPnP genera un sistema homogéneo de ecuaciones lineales y se obtiene la solución final por medio de una combinación lineal del espacio nulo, definido por una matriz de  $12 \times 12$ . La combinación lineal es causada por la presencia de datos con ruido que generan una matriz sesgada. Por lo anterior la propuesta de Kanatani puede ser aplicada y resolverlo al igual que en el caso de mínimos cuadrados. A continuación se detalla el algoritmo EPnP y posteriormente nuestra implementación del método estadístico insesgado en el mismo.

#### 3.2. Solución Eficiente al problema PnP

El algoritmo EPnP, basado en su propia parametrización, tiene como objetivo estimar las proyecciones en el sistema de coordenadas de la cámara, únicamente, de los puntos de control y no de los  $n$  puntos de referencia, para obtener posteriormente su orientación y translación. Los  $n$  puntos en coordenadas del mundo real son expresados en una suma ponderada de los puntos de control, cuatro puntos para una configuración general (4 puntos no coplanares) y tres puntos para una configuración plana. La idea principal de esta parametrización es reducir el número de variables desconocidas a estimar, de  $n$  a solamente la cantidad de puntos de control utilizados (3 ó 4).

Una vez que EPnP ha simplificado el problema a resolver para un número muy pequeño de incógnitas, genera un sistema homogéneo y obtiene la mejor solución con ayuda de una combinación lineal  $\beta_i, i = 1, \dots, 4$  del espacio nulo de soluciones de una matriz  $M$  de  $2n \times 12$  para una configuración general o  $2n \times 9$  para una configuración plana. Aplicando el método de descomposición en valores singulares para hacer más eficiente el proceso, se resuelve para un matriz  $M^T M$  en un tiempo  $O(n)$ .

Con referencia en el artículo de Noguer *et al.* [7], inicialmente se describirá la parametrización implementada por EPnP y posteriormente su desarrollo hasta llegar a la obtención de una solución final calculando  $\beta_i, i = 1, \dots, 4$ .

### 3. Método Estadístico Inssegado: una alternativa para EPnP

#### 3.2.1. Parametrización de EPnP

Considerando los  $n$  puntos en coordenadas del mundo real como  $p_i^w, i = 1, \dots, n$  y sus respectivas proyecciones en la imagen como  $p_i^c, i = 1, \dots, n$  e, implementando la configuración general, donde solamente cuatro puntos de control  $c_j, j = 1, \dots, 4$  son necesarios, la representación en términos de suma ponderada para  $p_i^w$  esta dada por la siguiente expresión,

$$\forall i, p_i^w = \sum_{j=1}^4 \alpha_{ij} c_j^w, \text{ con } \sum_{j=1}^4 \alpha_{ij} = 1, \quad (3.1)$$

asumiendo que la misma relación se mantiene para  $p_i^c$ , se tiene,

$$\forall i, p_i^c = \sum_{j=1}^4 \alpha_{ij} c_j^c. \quad (3.2)$$

Donde  $\alpha_{ij}$  son coordenadas homogéneas baricéntricas, es decir, corresponden a masas normalizadas colocadas en las caras rectangulares formadas por los puntos de control y que al final determinan un punto  $p_i$ . En la configuración general las caras rectangulares son generadas por un tetraedro y para la configuración plana las caras rectangulares pasan a ser lados de un triángulo. Por lo anterior, se recomienda que la selección de los puntos de control formen una base.

#### 3.2.2. Desarrollo del método EPnP original [7]

Teniendo por asentado que nuestra cámara está calibrada (es decir, se conocen los parámetros intrínsecos de la cámara  $A$ ), así como los puntos proyectados en la imagen  $[u_i, v_i, 1]^T, i = 1, \dots, n$  y sus respectivas coordenadas homogéneas baricéntricas  $\alpha_{ij}$ , estimadas por medio de los  $n$  puntos en coordenadas del espacio, Eq. (3.1). Si se tiene la siguiente expresión,

$$\forall i, w_i \begin{bmatrix} u_i \\ v_i \\ 1 \end{bmatrix} = A p_i^c = A \sum_{j=1}^4 \alpha_{ij} c_j^c. \quad (3.3)$$

donde las variables desconocidas son las coordenadas de la cámara  $[x_j^c, y_j^c, z_j^c]^T$  pertenecientes a los puntos de control  $c_j^c$  y los  $n$  parámetros de proyección  $w_i$ . Desarrollando la expresión anterior considerando los coeficientes focales  $(f_u, f_v)$  y los puntos principales  $(u_c, v_c)$  que conforman la matriz  $A$  se obtiene,

$$\forall i, w_i \begin{bmatrix} u_i \\ v_i \\ 1 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} f_u & 0 & u_c \\ 0 & f_v & v_c \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \sum_{j=1}^4 \alpha_{ij} \begin{bmatrix} x_j^c \\ y_j^c \\ z_j^c \end{bmatrix}. \quad (3.4)$$

Sustituyendo los parámetros  $w_i$  por  $\sum_{j=1}^4 \alpha_{ij} z_j^c$ , se producen dos ecuaciones lineales para cada uno de los  $n$  puntos de referencia:

### 3. Método Estadístico Insesgado: una alternativa para EPnP

---

$$\sum_{j=1}^4 \alpha_{ij} f_u x_j^c + \alpha_{ij} (u_c - u_i) z_j^c = 0, \quad (3.5)$$

$$\sum_{j=1}^4 \alpha_{ij} f_v y_j^c + \alpha_{ij} (v_c - v_i) z_j^c = 0. \quad (3.6)$$

Si las ecuaciones (3.5) y (3.6) son concatenadas, para todos los puntos de referencia, se genera un sistema lineal homogéneo  $Mx = 0$  que puede ser resuelto por el método de transformación lineal directa (Ver Apéndice A). Sabemos que resolver para una matriz  $M$  de  $2n \times 12$  para una configuración general y  $2n \times 9$  para una configuración plana, no es tan eficiente como resolver para la matriz  $M^T M$  de  $12 \times 12$  porque se reduce el número de ecuaciones y es compatible con la solución de mínimos cuadrados.

Para obtener una solución final  $x = [c_1^{cT}, c_2^{cT}, c_3^{cT}, c_4^{cT}]$ , el algoritmo EPnP resuelve un pequeño número de ecuaciones cuadráticas para estimar  $\beta_i, i = 1, \dots, 4$ , con la finalidad de expresar  $x$  como una combinación lineal de los eigenvectores pertenecientes al espacio nulo de  $M^T M$  (por la razón explicada en la Sección 2.4.1, que ocurre en los problemas de incidencia lineal).

$$x = \sum_{i=1}^N \beta_i v_i. \quad (3.7)$$

La estimación de a lo más 4  $\beta$ 's en diversas pruebas ha sido suficiente. La manera de seleccionar la óptima combinación lineal es obteniendo la reproyección de error, Eq. (3.8), para los  $N = 1, \dots, 4$  casos como se muestra en el Cuadro 3.1.

$$error = \sum_i dist^2 \left( A[R|t] p_i^w, \begin{bmatrix} u_i \\ v_i \\ 1 \end{bmatrix} \right). \quad (3.8)$$

#### 3.2.3. Matriz insesgada de momentos

Kanatani [2] propuso un modelo que describe algunas consecuencias del ruido para problemas de incidencia lineal y permite desarrollar un análisis estadístico. Con este modelo Kanatani demostró que la solución con mínimos cuadrados es estadísticamente sesgada y derivó un esquema para una estimación insesgada. En el algoritmo EPnP, la solución propuesta es compatible con la solución de mínimos cuadrados.

Si se observa el comportamiento de los  $N$   $\beta$ 's calculados por el algoritmo EPnP, existe un  $\beta_i$  predominante y no necesariamente aquel que corresponde al eigenvalor más pequeño o cercano a cero (Fig. 3.2). Este tipo de comportamiento indica que

### 3. Método Estadístico Insesgado: una alternativa para EPnP

---

#### Objetivo

Obtener el vector solución  $x$  con el menor error de reproyección, por medio de una combinación lineal de los eigenvectores de  $M^T M$ .

#### Algoritmo

- (I) Al haber obtenido los eigenvectores  $v_i, i = 1, \dots, 12$  pertenecientes a  $M^T M$ , donde el eigenvalor  $\lambda_1$  es igual a cero o el más cercano a cero y, así sucesivamente.
- (II) Se inicializa la variable  $N=1$
- (III) Iteración hasta  $N=4$ 
  - 1) Se estiman las variables  $\beta_i, i = 1, \dots, N$  considerando solamente los primeros  $N$  eigenvectores  $v_i$ .
  - 2) Se obtiene el vector solución  $x_N$  con base en la Eq. (3.7) y posteriormente los parámetros de rotación ( $R$ ) y translación ( $t$ ).
  - 3) Con la Eq. (3.8) se estima el error de reproyección para  $N$  vectores.
  - 4) Si el error de reproyección es mayor que un cierto valor  $\epsilon$  se incrementa el valor de  $N$ , de lo contrario termina el proceso iterativo.
- (IV) Fin de la iteración
- (V) El vector  $x_N$  con menor error de reproyección, de una cierta cantidad de iteraciones  $N$ , es la solución final.

Cuadro 3.1: Pseudocódigo para la estimación de la solución final de EPnP como una combinación lineal de 4 eigenvectores de la matriz de momentos.

### 3. Método Estadístico Insesgado: una alternativa para EPnP

a partir de un cierto nivel de ruido el vector solución  $v_i$  del espacio nulo  $M^T M$  no corresponde al eigenvalor más pequeño, de ahí que propongan realizar una búsqueda de la solución final  $x$  mediante una combinación lineal de los eigenvectores.

### 3.3. Aplicación del Método Estadístico Insesgado en el problema EPnP

Con el método estadístico insesgado (Ver Apéndice B), la solución al método de EPnP corresponde al espacio nulo de una matriz insesgada  $\hat{M}$  y no a la combinación lineal de eigenvectores de la matriz sesgada  $M$ , 3.7. Considerando que el computo de  $M^T M$  es la operación más costosa computacionalmente con una complejidad de orden  $O(n)$  (rango de la matriz) y que no es necesario la combinación lineal, la propuesta realizada implementando el método estadístico insesgado de Kanatani (que en este documento hemos denominado Weighted Unbiased EPnP ó WUEPnP), es una alternativa robusta, confiable y bajo diversas circunstancias más rápida que la idea original.

Asumamos que se conocen las coordenadas 3D, sus respectivas proyecciones 2D y la cámara está calibrada como originalmente se planteó en la Subsección 3.2.2. Para el algoritmo WUEPnP se debe añadir y considerar que las coordenadas 3D son afectadas por ruido y asumir que el comportamiento es caracterizado por una distribución con media desconocida y desviación estándar  $\sigma$ . El error en la matriz original  $M$  es causado por la propagación de la desviación estándar  $\sigma$ . El análisis estadístico de Kanatani evita realizar la combinación lineal y genera una matriz insesgada  $\hat{M}$  de dimensión  $12 \times 12$  a partir del (pero no igual) producto  $M^T M$ .

Si la Eq. (3.5) es representada como un vector  $\vec{v} = \sum_{j=1}^4 [\alpha_{ij} f_u \ 0 \ \alpha_{ij} (u_c - u_i)]$  y la Eq. (3.6) como un vector  $\vec{v} = \sum_{j=1}^4 [0 \ \alpha_{ij} f_v \ \alpha_{ij} (v_c - v_i)]$  que multiplica a la solución  $\vec{x} = \sum_{j=1}^4 [x_i^c \ y_i^c \ z_i^c]^T$ . Asumiendo que el error  $\sigma$  es conocido y solamente está presente en los ejes  $(x, y)$  de las  $n$  coordenadas 3D de forma isotrópica. El error propagado a todas las  $\alpha_{ij}$  por la Eq. (3.1) dadas las coordenadas 3D perturbadas es

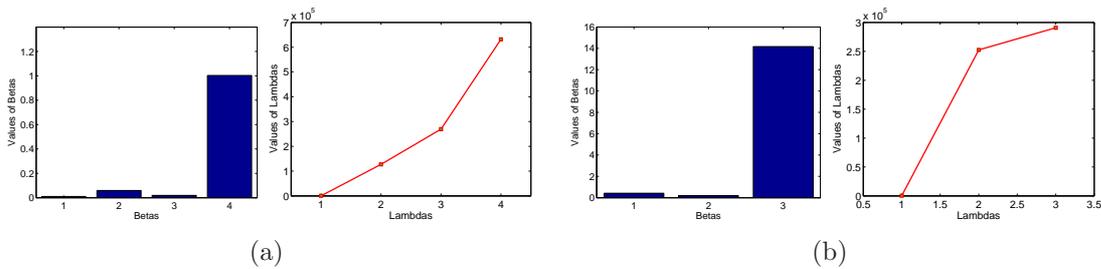


Figura 3.2: Matriz  $M^T M$  Insensageda. En la imagen izquierda se gráfica el valor de los eigenvalores  $\lambda_i, i = 1, \dots, N$  y en la derecha los valores de  $\beta_i, i = 1, \dots, N$  estimados para el caso de  $N=4$  (a) y para el caso de  $N=3$  (b).

### 3. Método Estadístico Insesgado: una alternativa para EPnP

---

$$\forall i, \sigma_i = \sum_{j=1}^4 \alpha_{ij} \sigma z_j = \sum_{j=1}^4 [1 \ 1 \ \alpha_{ij} \sigma] \vec{x} = \vec{\gamma}_i \vec{x}, \quad (3.9)$$

donde  $\sigma_i$  es una variable aleatoria con media 0 y, la matriz de covarianzas es

$$V[\vec{\gamma}] = E[\vec{\gamma}^T \vec{\gamma}]. \quad (3.10)$$

Para la estimación de la varianza se aplica la siguiente igualdad

$$\forall i, \sigma_i^2 = \vec{x}^T E[\vec{\gamma}_i^T \vec{\gamma}_i] \vec{x} = (\vec{x}, V[\vec{\gamma}_i] \vec{x}). \quad (3.11)$$

y se define a la variable de pesos como  $W_i = \frac{1}{\sigma_i^2}$ .

Si se resuelve para el método de renormalización, Eq. (B.7), la matriz de momentos insesgada  $\hat{M}$  se obtiene aplicando la ecuación

$$\forall i, \hat{M} = \sum_{i=1}^n (W_i (\vec{v}_i^T \vec{v}_i) + W_i (\vec{v}_i^T \vec{v}_i)). \quad (3.12)$$

Si se resuelve para el método estadístico insesgado, Eq. (B.12), la matriz de momentos insesgada  $\hat{M}$  se obtiene con

$$\hat{M} = \sum_{i=1}^n (W_i (\vec{v}_i^T \vec{v}_i - V[\vec{\gamma}_i]) + W_i (\vec{v}_i^T \vec{v}_i - V[\vec{\gamma}_i])). \quad (3.13)$$

Para la estimación de los pesos,  $W_i$ , es necesario contar con una solución aproximada  $\vec{x}$ , por lo tanto el cálculo de las Eq. (3.12) y Eq. (3.13) entra en un proceso iterativo y los valores para  $W_i$  en la primera iteración se recomienda que tengan los valores de uno. La existencia de este proceso iterativo dentro del algoritmo WUEPnP no afecta su complejidad como se demostrará más adelante y la inicialización de los pesos  $W_i = 1$  evita proponer una solución  $\vec{x}$  que puede ocasionar se genere una solución final errónea.

$$\forall i, W_i = \frac{1}{(\vec{x}, V[\vec{\gamma}_i] \vec{x})}. \quad (3.14)$$

## Implementación

A continuación se muestran los pasos para la implementación del método estadístico insesgado (WUEPnP) aplicando una configuración general:

### 3. Método Estadístico Inseguro: una alternativa para EPnP

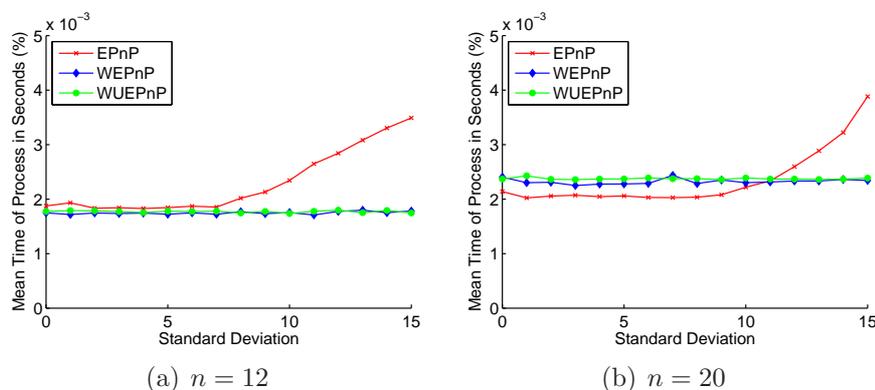


Figura 3.3: Tiempos de procesamiento. Tiempos de procesamiento implementando diferente cantidad de puntos de referencia (a)  $n = 12$  y (b)  $n = 20$ .

#### Objetivo

Implementación del método WUEPnP aplicando una configuración general.

#### Algoritmo

- (I) Los parámetros internos de la cámara son conocidos al igual que los  $n$  puntos en coordenadas 3D y sus respectivas proyecciones 2D en la imagen.
- (II) El ruido  $\sigma$  es agregado a las coordenadas 3D en los ejes  $(x, y)$ .
- (III) Se generan o eligen los cuatro puntos de control en el sistema de coordenadas del mundo  $c_j^w, j = 1, \dots, 4$ . Para nuestras aplicaciones se eligieron los siguiente puntos de control:  $(0, 0, 0), (0, 0, 1), (0, 1, 0), (1, 0, 0)$ .
- (IV) Para todos los puntos de referencia y de manera iterativa se genera la matriz  $M$  de tamaño  $12 \times 12$  (Eq. (3.13)).
  - 1) Para ambos métodos en la primera iteración la variables  $\forall i, W_i$  toma el valor de 1.
  - 2) Para las demás iteraciones la variable  $\forall i, W_i$  es estimada con Eq. (3.14).
- (v) Aplicando descomposición en valores singulares a la matriz  $M$ . La solución al sistema lineal homogéneo  $Mx = 0$  corresponde al eigenvector con el menor eigenvalor. La solución final es  $x = [c_1^{cT}, c_2^{cT}, c_3^{cT}, c_4^{cT}]$ .
- (vi) Con los  $n$  puntos en coordenadas del mundo y sus respectivas proyecciones Eq.(3.1), la rotación y translación  $(R, t)$  de la cámara son calculadas.

Cuadro 3.2: Pseudocódigo para la estimación de una solución final del algoritmo WUEPnP.

### 3. Método Estadístico Insesgado: una alternativa para EP $n$ P

---

#### 3.4. Resultados Experimentales

El método estadístico insesgado WUEP $n$ P, conjuntando ponderación estadística y estimadores insesgados, es nuestra principal aportación, pero en los experimentos consideramos incluir el método de normalización denominado WEP $n$ P para su evaluación, Eq. (3.12). En esta sección se muestra que la implementación de ambos métodos conservan la complejidad de orden  $O(n)$ , son robustos y estables al igual que el método EP $n$ P original.

Nuestros experimentos fueron realizados con datos sintéticos sin datos atípicos u *outliers*, con diferente número de puntos de referencia  $n$  y desviación estándar  $\sigma$ , todo esto con la intención de recrear situaciones potencialmente reales donde existe poca información y ruido en los datos de entrada. Los programas fueron implementados en MATLAB versión 7.4 y los resultados obtenidos son un promedio de 300 corridas.

El código del algoritmo EP $n$ P usado para nuestro experimentos fue obtenido de <http://cvlab.epfl.ch/~fmoreno/>. Al igual que Noguer *et al.* en su artículo [7] se determinó el error de rotación relativo  $R$  y el error de translación  $t$  con:

$$E_{rot} (\%) = \|q_{true} - q\| / \|q\|, \quad (3.15)$$

$$E_{trans} (\%) = \|t_{true} - t\| / \|t\|. \quad (3.16)$$

donde  $R_{true}$  y  $t_{true}$  son la rotación y translación real de la cámara respectivamente.  $q$  y  $q_{true}$  son los cuaterniones normalizados correspondientes a la matriz de rotación (estimados y reales), así como  $t$  y  $t_{true}$  son a su correspondiente vector de translación.

##### 3.4.1. Tiempo de procesamiento

Como se mencionó anteriormente, el método estadístico insesgado contiene un procedimiento iterativo y es necesario saber si afecta el tiempo de cálculo de EP $n$ P. Realizando algunos experimentos con diferente número de puntos de referencia  $n$  y error  $\sigma$ , aplicando solamente dos iteraciones como fue mencionado en la subsección de implementación, se encontró que el tiempo de procesamiento de WEP $n$ P y WUEP $n$ P es directamente proporcional al número de puntos de referencia  $n$  y la desviación estándar  $\sigma$  no cambia para un valor fijo de  $n$ , a diferencia del método EP $n$ P (Fig. 3.3). El tiempo de procesamiento en EP $n$ P incrementa conforme incrementa los valores de  $\sigma$ , el ruido sobre los datos; el tiempo de procesamiento para WEP $n$ P y WUEP $n$ P permanece constante en relación con el nivel de ruido añadido  $\sigma$ .

El algoritmo EP $n$ P al momento de realizar el cálculo de los coeficientes  $\beta$ 's con diferente desviación estándar  $\sigma$  y cierta cantidad de puntos de referencia  $n$ , requiere

### 3. Método Estadístico Insesgado: una alternativa para $EPnP$

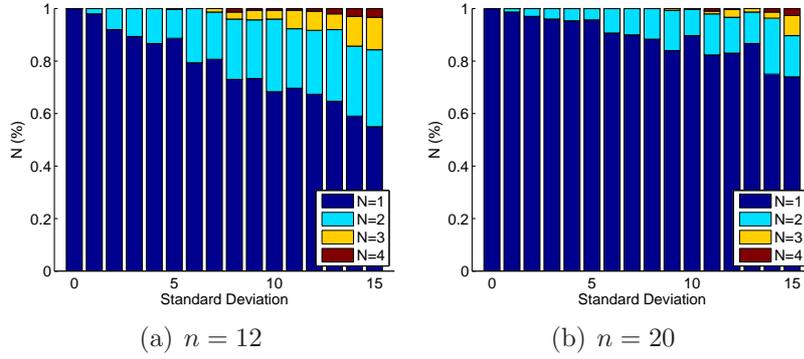


Figura 3.4: Casos de  $N$

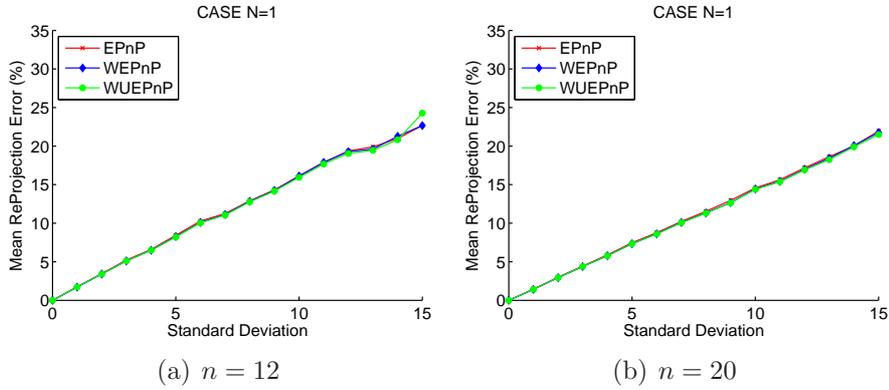


Figura 3.5: Error Medio de Reproyección para el caso  $N=1$ .

un tiempo de procesamiento mayor, que aumenta conforme lo hace el nivel de ruido  $\sigma$ . En el cuadro 3.1, existe un paso donde se hace una validación del error de reproyección, si dicho error es grande se requiere una mayor cantidad de iteraciones y se eleva el número de casos  $N$ . Las variables que afectan la estimación del error de reproyección son el número de puntos de referencia  $n$  y el valor de  $\sigma$ , Fig. 3.4. Considerando que  $WEPnP$  y  $WUEPnP$  son estables con  $n \geq 9$  y que el caso  $N = 1$  ocurre con más frecuencia, es claro que el error medio de reproyección es similar a  $EPnP$  y para ciertos niveles de  $\sigma$  mejor, Fig. 3.5. No obstante, el método que proponemos es más rápido para los casos en que la solución del método  $EPnP$  es una combinación lineal de 2 o más eigenvectores de la matriz de momentos.

#### 3.4.2. Errores de reproyección, rotación y translación

Como medida cuantitativa de comparación entre  $EPnP$ ,  $WEPnP$  y  $WUEPnP$  se calcularon errores de reproyección, rotación y translación. Los resultados mostrados corresponden al promedio de 300 corridas como se mencionó al inicio de esta sección. La finalidad de estos experimentos es mostrar la robustez y estabilidad de los algoritmos  $WEPnP$  y  $WUEPnP$ , comparado con el  $EPnP$  original.

### 3. Método Estadístico Insesgado: una alternativa para EP $n$ P

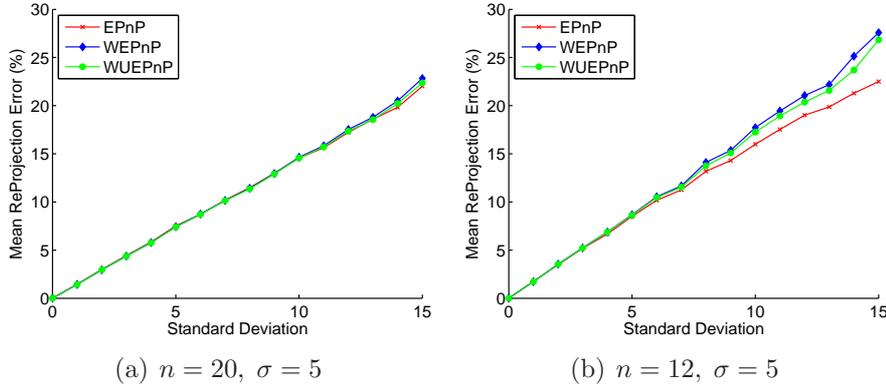


Figura 3.6: Gráfica de error medio de reproyección. (a) Error medio de reproyección implementando  $n = 12$  puntos de referencia. (b) Error medio de reproyección implementando  $n = 20$  puntos de referencia.

Calculando el error de reproyección para  $n = 12$  y  $n = 20$  puntos de referencia con diferentes niveles de  $\sigma$ , observamos que el error de reproyección entre EP $n$ P y los algoritmos estadísticos son muy similares (Fig. 3.6). Conforme incrementa el número de puntos de referencia  $n$  se reducen las diferencias. Este tipo de comportamiento tiene sentido porque la información estadística obtenida depende y mejora con una mayor cantidad de información disponible.

El error medio de rotación y translación de EP $n$ P son considerablemente bajos y estables, dependiendo del número de puntos de correspondencia  $n$  utilizados. Contrario a WEP $n$ P y WUEP $n$ P que requieren un número significativo de número de referencias  $n \geq 9$  para estimar el comportamiento del error, Fig. 3.7(a). En otro caso, para los métodos WEP $n$ P y WUEP $n$ P, si el número de puntos de referencia es lo suficientemente grande  $n = 20$  con diferentes niveles de ruido  $\sigma = 0, \dots, 15$  el error medio de reproyección y translación son comparables a los obtenidos mediante EP $n$ P, incluso para niveles grandes de ruido, Fig. 3.7(b).

#### 3.4.3. Conclusiones del capítulo

Las conclusiones obtenidas después de haber realizado los experimentos son:

- La implementación del método estadístico de Kanatani elimina el sesgo en la matriz de momentos  $\hat{M}$  y la solución final  $\vec{x}$  se obtiene de manera directa sin la necesidad de determinar una combinación lineal del conjunto de eigenvectores como lo hace Noguera *et. al.* [7].
- La complejidad de orden  $O(n)$  para WUEP $n$ P se mantiene. El proceso iterativo en el cálculo de las variables pesos  $W_i$  no afecta la complejidad y, el tiempo de cálculo de estos pesos es pequeño comparado con el resto del tiempo de procesamiento.

### 3. Método Estadístico Inseguro: una alternativa para EP $n$ P

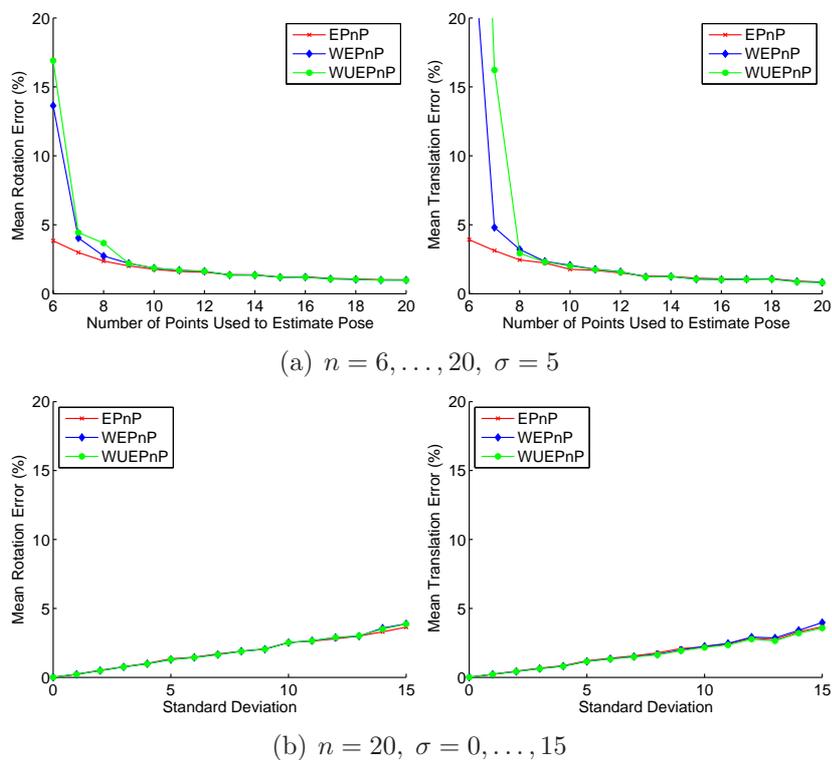


Figura 3.7: Gráfica de error medio de rotación y translación para diferentes cantidad de puntos de referencia  $n$ , así como desviación estándar  $\sigma$ .

- El algoritmo WUEP $n$ P es tan preciso como el algoritmo EP $n$ P, al momento de estimar la posición de la cámara  $(R, t)$ .
- El algoritmo WUEP $n$ P requiere una mayor cantidad de puntos de referencia  $n \geq 9$  dado un error  $\sigma$  para la estimación de los parámetros de la transformación rígida. Los resultados son análogos a los del algoritmo EP $n$ P

## Capítulo 4

# Estudio y modificación del método de estadísticas “*A Contrario*” para la estimación de transformaciones paramétricas

Estadísticas “*A Contrario*”, es un método basado en un criterio probabilístico, el cual de manera iterativa, nos indica los subconjuntos de datos (con cardinalidad  $k$ ) que se encuentran por debajo de un valor de significancia, definida como una garantía de calidad. El hecho que un subconjunto de datos se encuentra por debajo de dicho valor, reduce la probabilidad de que los datos que lo conforman, se ajusten a un modelo determinado por azar (por mencionar un ejemplo, estadísticas “*A Contrario*”, detecta la existencia de un movimiento rígido dados dos conjuntos de datos  $A, B$  y permite decidir si los datos son independientes o están correlacionados). “*A Contrario*” es utilizado para saber si un conjunto de observaciones se ajusta a un modelo, al azar o no.

Es importante enfatizar que los patrones repetidos son sumamente fáciles de hacer coincidir, porque las áreas que rodean a los puntos de interés son muy similares entre ellas (existe ambigüedad), haciendo difícil la tarea de encontrar puntos correspondientes correctos para estimar los parámetros del modelo. Lo anterior contribuye al problema de estimación de modelos con muy pocas correspondencias. El análisis del método de estadísticas “*A Contrario*” nos permitió realizar algunas modificaciones y observar su comportamiento para el problema de correspondencias.

A continuación se introduce el método de estadísticas “*A Contrario*” de manera detallada, se describe su implementación y posteriormente se dan a conocer algunas modificaciones propuestas y finalmente algunas conclusiones.

## 4. Estudio y modificación del método de estadísticas “A Contrario”

### 4.1. Introducción al Método “A Contrario”

En su artículo, Noury *et al.* [20], implementan un criterio probabilístico basado en el trabajo [19] para la obtención de los parámetros de la matriz fundamental. El método desarrollado, llamado “A Contrario”, obtiene dos conjuntos de datos mediante una distribución acumulada generada por el total de los mismos, por consiguiente es necesario dar a conocer su notación de forma generalizada y posteriormente dar a conocer el criterio de selección de puntos correspondientes, necesarios en la estimación de parámetros de la matriz fundamental. Al mismo tiempo se dan a conocer las hipótesis que definen el modelo “A Contrario”.

#### 4.1.1. Método “A Contrario” para el cálculo de la matriz fundamental

Del artículo [20]. Consideremos un conjunto  $\mathbb{S} \subset A \times B$  (con cardinalidad  $k$ ) conformado por pares de puntos  $(m_1^i, m_2^i)$ , y supongamos que el modelo  $T$  ha sido estimado con  $t$  pares pertenecientes a  $\mathbb{S}$ . Denotando,

$$\alpha = \max_{i \in \{1, k\}} \omega d(Tm_1^i, m_2^i). \quad (4.1)$$

y

$$c = \max_{i \in \{1, k\}} \delta(des(m_1^i), des(m_2^i)). \quad (4.2)$$

Las probabilidades en el modelo “A Contrario”  $M$  están definidas por las siguientes hipótesis. Los  $k - t$  pares de puntos que no están implicados en el calculo de  $T$  son considerados muestras independientes, así como los  $k$  descriptores, y la distancia entre **POI** se asume siguen las leyes de probabilidad vistas anteriormente. Este método es llamado modelo “A contrario” porque si  $\mathbb{S}$  esta conformado por pares de **POI** que coinciden realmente, las hipótesis antes mencionadas no son válidas.

La probabilidad de  $\mathbb{S}$  en relación a  $M$  es

$$\begin{aligned} P_M(S|T) &:= P_M(\forall i \in \{1, \dots, k\}, \omega \cdot d(Tm_1^i, m_2^i) \leq \alpha \\ &\quad \text{y } \delta(des(m_1^i), des(m_2^i)) \leq c) \\ &= \alpha^{k-t} P(c)^k. \end{aligned} \quad (4.3)$$

Donde, una  $P_M(S|T)$  chica, indica una menor probabilidad de que  $\mathbb{S}$  este conformado por **POI** que coinciden por casualidad. Una mejor explicación es que las correspondencias obedecen la geometría 3D por medio de la relación establecida por la matriz fundamental.

Generalizando la sección 2 de [20]. Dados los conjuntos,

$$S_1 = \left\{ (x_1, y_1, 1) \in \mathbb{R}^2 \times \{1\} \mid \begin{array}{l} x_a \leq x_1 \leq x_b \\ y_a \leq y_1 \leq y_b \end{array} \right\} \quad (4.4)$$

#### 4. Estudio y modificación del método de estadísticas “A Contrario”

---

$$S_2 = \left\{ (x_2, y_2, 1) \in \mathbb{R}^2 \times \{1\} \mid \begin{array}{l} x'_a \leq x_2 \leq x'_b \\ y'_a \leq y_2 \leq y'_b \end{array} \right\}. \quad (4.5)$$

Sabemos que,

- $x_b, x'_b$  son los valores máximos y  $x_a, x'_a$  son los valores mínimos que pueden tomar los elementos en el eje  $x_1, x_2$  respectivamente. Lo mismo sucede para  $y_b, y'_b$  y  $y_a, y'_a$  en los ejes  $y_1, y_2$ .
- Las regiones  $S_1, S_2$  tienen igual área, diámetro y dimensiones,

$$(x_b - x_a) \cdot (y_b - y_a) = (x'_b - x'_a) \cdot (y'_b - y'_a) \quad (4.6)$$

$$(x_b - x_a) = (x'_b - x'_a) \quad (4.7)$$

$$(y_b - y_a) = (y'_b - y'_a). \quad (4.8)$$

- Los puntos de interés  $m_1^i \in S_1, m_2^i \in S_2$  se representan en coordenadas homogéneas  $m^i = (x_i, y_i, 1)$  y están acompañados de un descriptor local  $des(m^i)$  [18] obtenido en una pequeña región alrededor del punto  $m^i$ .
- Una correspondencia está dada por una pareja  $(m_1, m_2)$ .

Tenemos dos conjuntos finitos  $A, B$  con  $A \subset S_1, B \subset S_2$  y suponemos que están asociados por una relación  $T$ . Las restricciones de la correspondencia entre los puntos de interés  $(m_1, m_2)$  son: 1) la distancia o criterio existente entre  $d(Tm_1, m_2)$ , y 2) la semejanza entre los descriptores  $des(m_1), des(m_2)$ . Por una parte, la restricción 1 puede indicar que el par  $(m_1, m_2)$  satisface el criterio impuesto a nuestro modelo por casualidad y no corresponder al mismo punto en 3D. Por otra parte, la restricción 2 refuerza la posibilidad de que  $m_1$  y  $m_2$  correspondan al mismo punto en 3D.

Asignando una ley de probabilidad a cada restricción:

- 1)  $\omega d(Tm_1, m_2)$ , donde  $\omega$  es un coeficiente escalar de normalización independiente del movimiento rígido. El cálculo de  $\omega$  se encuentra estrechamente ligado al área y diámetro de  $S_1, S_2$ . En el caso de la matriz fundamental  $\omega = \frac{2 \cdot \text{Diámetro}}{\text{Área}}$ .
- 2)  $P(c) = Pr(\delta(des(m_1), des(m_2)) < c)$ , donde  $\delta$  es una métrica entre los descriptores locales y  $P(c)$  es la distribución acumulada de probabilidad estimada al contar los elementos que satisfacen  $\delta(des(m_1), des(m_2)) < c$ , sobre todos los pares posibles  $(A \times B)$ .

A continuación se introduce el criterio de probabilidad implementado en el artículo de Noury *et. al.* [20].

## 4. Estudio y modificación del método de estadísticas “A Contrario”

---

### 4.1.2. Criterio de Probabilidad

Del artículo [20]. Dado que la probabilidad  $P_M(S|T)$  no permite “comparar” fácilmente grupos de correspondencias  $\mathbb{S}$  con diferente cardinalidad, la siguiente notación es introducida (inspirada por la Propuesta 2 en [19]).

$$\epsilon_S(\alpha, c, k, n, t) := (n-t) \binom{n}{k} \binom{k}{t} \alpha^{k-t} P(c)^k \leq \epsilon, \quad (4.9)$$

con  $\alpha, c, k$  definidos en la sección anterior, y  $n$  la cardinalidad del subconjunto de  $A \times B$  en el cual son buscados los grupos de correspondencias correctas.

Existen  $\binom{n}{k}$  como grupos  $\mathbb{S}$ ,  $(n-t)$  opciones para  $k$  (cuyos valores están entre la cantidad mínima de correspondencias para calcular  $T$  mas uno  $(t+1)$  y  $n$ ),  $\binom{k}{t}$  opciones para los  $t$  pares o correspondencias para estimar  $T$ . Existen al final  $(n-t) \binom{n}{k} \binom{k}{t}$  matrices  $T$  a probar para los conjuntos  $\mathbb{S}$ .

Por tanto,  $\epsilon_S$  es denominada la significancia del conjunto  $\mathbb{S}$  y es el límite superior para la probabilidad de que el conjunto  $\mathbb{S}$  contenga muestras que satisfagan la relación  $T$  por azar, sin ser datos atípicos. Para un número esperado de grupos  $\mathbb{S}$  que pueden ser observados según el modelo “A Contrario”: si  $\epsilon_S$  es menor a 1, se espera que el conjunto considerado no es observado por casualidad y podemos asumir que se ha encontrado una solución.  $\epsilon_S$  hace un compromiso entre la calidad de los individuos en correspondencia (medida por  $\alpha$  y  $c$ ) y el número de correspondencias en el grupo  $\mathbb{S}$ .

Se está interesado en aquellos grupos  $\mathbb{S}$  que minimizan  $\epsilon_S$ . Dado que una búsqueda total es un proceso exhaustivo y costoso computacionalmente, se emplea una heurística para realizar la búsqueda e implementar este método.

### 4.1.3. Implementación

En la implementación del método de estadísticas “A Contrario”, son necesarios dos conjuntos  $(S_1, S_2)$  con las mismas dimensiones. En la práctica los conjuntos  $(S_1, S_2)$  son representados por los puntos de interés en un par de imágenes, de las cuales se extraen un número finito  $(A, B)$  de características, respectivamente. Las características extraídas  $(m_1^i, m_2^i)$  están representadas en coordenadas homogéneas y a cada una de ellas se les asigna un descriptor  $des(m^i)$  invariante a escala y rotación (SIFT [18]).

Como se mencionó anteriormente, el método “A Contrario”, busca obtener grupos de correspondencias correctas de un conjunto determinado  $(A \times B)$  que cumplan con un criterio probabilístico, Eq. (4.9), mediante una heurística que permita explorar el espacio generado por las posibles combinaciones entre ambos conjuntos  $(A, B)$ . Una vez que un conjunto de correspondencias es determinado, los parámetros del

#### 4. Estudio y modificación del método de estadísticas “A Contrario”

---

modelo pueden ser estimados.

Por lo anterior y como parte de la heurística de búsqueda, después de obtener un número determinado de características  $m^i$  con sus respectivos descriptores para cada imagen, una probabilidad empírica acumulada  $P(c)$  es estimada en base a la distancia entre descriptores de las  $(A \times B)$  posibles combinaciones. La distancia implementada  $\chi^2$ , es una distancia euclidiana ponderada basada en las proporciones de los vectores fila (los descriptores *des* son vectores de dimensiones 128), donde si ambos vectores tienen los mismos valores, la distancia será igual a cero. Realizando un análisis de la distribución acumulada de distancias para correspondencias correctas, se demuestra que la distancia entre descriptores,  $d(des(m_1^i), des(m_2^i))$ , es pequeña en comparación con las correspondencias erróneas, sin embargo pueden existir casualidades y no corresponder al mismo punto en 3D. Por ejemplo, cuando existe un patrón que se repite en la imagen. El análisis se llevó a cabo implementando imágenes que contienen patrones repetidos, se seleccionaron las primeras 100 correspondencias de la distribución acumulada y en todos los casos se observa que las correspondencias seleccionadas se pueden considerar correctas, aunque existen algunas correspondencias erróneas debido a patrones repetidos existentes en la imagen.

La selección de un determinado grupo de características, mediante la probabilidad empírica acumulada  $P(c)$ , permite considerar un subconjunto el cual descarta un gran número de correspondencias erróneas y múltiples reduciendo el espacio de búsqueda y complejidad del algoritmo. En este momento simplemente se tienen listas de puntos característicos agrupados, es decir, una característica en la primera imagen  $m_1^i$  tiene como posibles correspondencias a  $n$  puntos correspondientes en la segunda imagen  $m_2^i, i = 1, \dots, n$ , pero no son todavía correspondencias correctas en su totalidad. Este tipo de agrupamiento crea *Grupos de Candidatos*, e.g. un punto de interés en el conjunto  $S_1$  puede tener  $n$  correspondencias candidatas en el conjunto  $S_2$ .

Se sabe que el cálculo de la matriz fundamental  $F$  requiere de por lo menos 7 puntos correspondientes, que generan 3 soluciones posibles, aplicando la metodología de RANSAC. El método “A Contrario” sigue un procedimiento de selección aleatoria, en donde la cantidad de puntos o características correspondientes necesarias para generar un modelo es llamada *muestra*. La manera en que una *muestra* es obtenida es la siguiente: i) considerando que se cuentan con un determinado número de *grupos de candidatos*  $\mathbf{g}$ , aleatoriamente se seleccionan 7 de ellos; ii) de los 7 *grupos de candidatos*, aleatoriamente de cada uno de ellos, se selecciona un par correspondiente de características. Al conjunto de las siete correspondencias candidatas se le denomina *muestra*.

Dado que no es computacionalmente factible hacer una búsqueda exhaustiva para evaluar todas las *muestra* y calcular los parámetros de la matriz  $F$ , al mismo tiempo que se encuentra la mayor cantidad de puntos correspondientes, Noury *et.*

#### 4. Estudio y modificación del método de estadísticas “A Contrario”

---

*al.* proponen la siguiente heurística. Con la finalidad de determinar la significancia  $\epsilon_S$  de un grupo determinado de correspondencias  $S$ , Eq. (4.9); dada una *muestra* se calcula  $\alpha$ , Eq. (4.1), para todas las correspondencias que conforman los *grupos de candidatos* no pertenecientes a la *muestra*, teniendo en cuenta que por cada *grupo de candidato* existe como mínimo una correspondencia. De cada *grupo de candidatos* se selecciona aquella correspondencia con menor distancia epipolar  $\alpha$  y se ordenan de manera creciente. Se obtienen subconjuntos anidados de dimensión  $k$ , con  $k$  entre 8 y el número total de *grupos de candidatos*, se puede estimar la significancia  $\epsilon_S$  para cada uno de ellos. A cada subconjunto de dimensión  $k$  se le asocia un valor máximo de  $P(c)$ , Eq. (4.2). El subconjunto con menor  $\epsilon_S$  tiene la mayor probabilidad de que las correspondencias en  $S$  realmente cumplan con la relación  $T$ , porque pertenecen al modelo.

La implementación de  $\epsilon_S$  es la clave del método de estadísticas “A Contrario”. Si se obtiene un subconjunto con  $\epsilon_S \leq 1$  se puede aumentar la probabilidad que las correspondencias que lo integran no fueron obtenidas al azar. El siguiente paso consiste en implementar un proceso de optimización: una vez que un subconjunto con  $\epsilon_S \leq 1$  es obtenido, la búsqueda aleatoria para encontrar una *muestra* no se realiza entre el total de *grupos de candidatos*, sino entre las correspondencias que conforman al subconjunto con la menor significancia, hasta dicha iteración. En la Tabla (4.1) se resume el algoritmo del método de estadísticas “A Contrario”.

#### 4.2. Modificación al Método “A Contrario” para el cálculo de la matriz fundamental

**Nuestra propuesta:** El método “A Contrario” mediante su criterio estadístico apuesta a encontrar un subconjunto, conformado por correspondencias correctas, de cardinalidad  $k$  en base a su valor de significancia  $\epsilon_S$  sin modificar en ningún momento la probabilidad empírica acumulada  $P(c)$ , porque la búsqueda de subconjuntos siempre es realizada en el espacio completo  $A \times B$ . Cuando la significancia de un subconjunto  $S$  es menor a uno, se aumenta la probabilidad que las correspondencias que lo integran no son por causalidad, mas sin embargo “A Contrario” siempre apuesta al subconjunto con menor significancia  $\bar{\epsilon}$ . El que un subconjunto tenga una significancia mínima  $\bar{\epsilon}$ , específicamente, no quiere decir que todas sus correspondencias sean correctas, sino que en conjunto y en base al criterio estadístico implementado, la probabilidad de que exista dentro del subconjunto una correspondencia no correcta es mucho menor, Eq. (4.3). Por consiguiente, el hecho de considerar al subconjunto con mayor número de correspondencias correctas aquel con la mínima significancia  $\bar{\epsilon}$  y compararlo posteriormente contra todos los demás subconjuntos estimados en iteraciones posteriores, puede estar descartando un gran número de correspondencias correctas, las cuales pueden ser mucho mejores y aportar mayor información al momento de estimar los parámetros del modelo que describen al movimiento rígido. Al mismo tiempo la búsqueda dentro del espacio  $A \times B$  en ningún momento hace uso de información *apriori* proporcionada por el subconjunto con la menor significancia.

#### 4. Estudio y modificación del método de estadísticas “A Contrario”

---

##### Objetivo

Obtener un subconjunto  $\bar{S}$  con mayor número de correspondencias correctas, el cual minimiza el criterio de probabilidad  $\bar{\epsilon}$ .

##### Algoritmo

- (I) Se extraen los puntos característicos (SIFT, Lowe [18]).
- (II) Se calcula la distribución empírica acumulada  $P(c)$ , obteniendo la distancia  $\chi^2$  entre las  $(A \times B)$  posibles combinaciones de descriptores y ordenando de manera ascendente.
- (III) Se construyen los *grupos de candidatos*. Considerando los primeros 2000 pares de descriptores proporcionados por  $P(c)$ , se obtiene cuantos y cuales descriptores de la primera imagen  $des(m_1^i)$  se relacionan con los descriptores  $des(m_2^i)$  de la segunda imagen.
- (IV) Sea  $\bar{\epsilon} = +\infty$ , repetir
  - 1) Se selecciona de manera aleatoria una *muestra*: un conjunto  $T$  de 7 *grupos de candidatos*, y una correspondencia de cada grupo (entre todos los grupos al principio, y entre el mejor subconjunto  $\bar{S}$  en el proceso de optimización).
  - 2) Se calcula la matriz  $F$  para los grupos de candidatos con la *muestra* que conforma el conjunto  $T$ .
  - 3) Determinar el conjunto  $U$  asociado a la matriz fundamental  $F$  correspondiente a  $T$ :
    - Estimar  $\alpha$  para cada *grupo de candidatos*.
    - Ordenar de manera creciente  $\alpha$ 's para cada *grupo de candidatos*.
    - Seleccionar el valor máximo de  $P(c)$  para cada subconjunto de  $k$  elementos conteniendo las  $\alpha$ 's más pequeñas.
    - Calcular  $\epsilon_S$  y seleccionar el subconjunto  $\bar{S}$  que lo minimiza.
  - 4) Si  $\epsilon_S(U) < \bar{\epsilon}$ , entonces  $\bar{\epsilon} = \epsilon_S(U)$  y  $\bar{S} = U$ .
  - 5) Si  $\epsilon_S(U) < 1$ , se ingresa al proceso de optimización, donde la *muestra* no se obtiene de los *grupos de candidatos*, sino del subconjunto  $\bar{S}$ , considerado el subconjunto con menor significancia hasta el momento.
- (V) hasta que el número de iteraciones sea mayor a  $N$  ( $N_{opt}$  en el proceso de optimización es igual  $\frac{N}{10}$ ).
- (VI) Se regresa  $\bar{S}$  y  $\bar{\epsilon}$ .

Cuadro 4.1: Pseudocódigo del método “A Contrario” original.

## 4. Estudio y modificación del método de estadísticas “A Contrario”

Por lo anterior, se propone considerar como subconjunto del criterio probabilístico aquel con cardinalidad  $k'$ . En lugar de considerar como el mejor subconjunto de correspondencias aquel con menor significancia  $\bar{\epsilon}$ , se apuesta por seleccionar aquel subconjunto considerado al último con una significancia  $\epsilon_S < 1$ . Si observamos la Fig. 4.1 (donde por cuestiones numéricas es preferible implementar el  $\log(\bar{\epsilon})$  y en donde el criterio para la selección de un subconjunto pasa ser de  $\epsilon_S < 1$  a  $\log(\epsilon_S) < 0$ ), se puede apreciar que la cantidad de correspondencias consideradas como correctas son muchas más y cumplen el criterio probabilístico  $\epsilon_S < 1$ , Fig. 4.1(b), en comparación al método “A Contrario” original, Fig. 4.1(a). Con la finalidad de ir reduciendo el espacio de búsqueda y hacer uso de la información proporcionada por el subconjunto de cardinalidad  $k'$ , la probabilidad empírica acumulada  $P(c)$  debe ir adaptándose en base a los *grupos de candidatos* considerados dentro del mismo subconjunto.

El hecho de apostar por una mayor cantidad de correspondencias y posteriormente reducir el espacio de búsqueda modificando la probabilidad empírica acumulada  $P(c)$ , al mismo tiempo que se adapta el criterio probabilístico, puede asegurar una convergencia exenta de mínimos locales y generar subconjuntos de cardinalidad  $k'$  con un mayor número de correspondencias correctas, aunque con un mayor número de correspondencias erróneas. Con la modificación propuesta, el objetivo es perder la menor cantidad de información correcta posible y sin la necesidad de un proceso de optimización. En la Tabla (4.2) se resume el algoritmo del método “A Contrario” modificado.

### 4.3. Resultados Experimentales

Para observar el comportamiento del método “A Contrario” y la modificación propuesta, se seleccionaron dos imágenes: un cubo de  $400 \times 300$  generado de manera

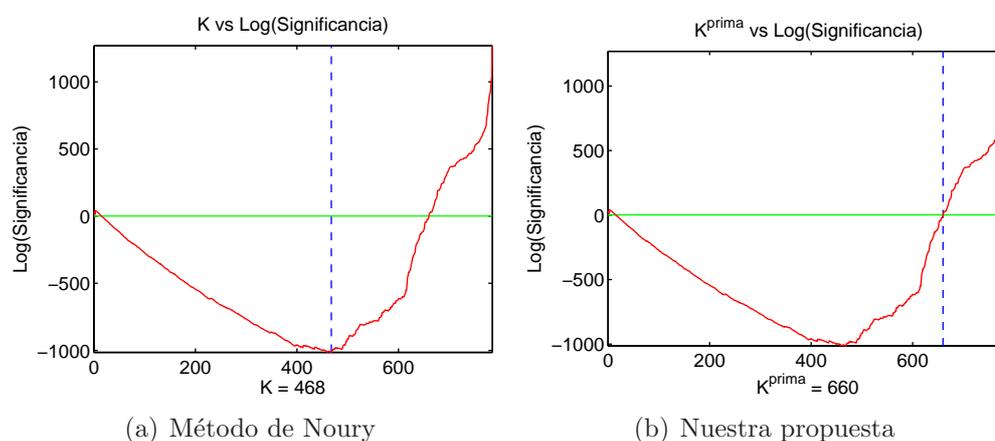


Figura 4.1: Gráfica de Log(Significancia).

#### 4. Estudio y modificación del método de estadísticas “A Contrario”

---

##### Objetivo

Obtener un subconjunto  $S$  de cardinalidad  $k'$ , modificando la probabilidad empírica acumulada  $P(c)$ .

##### Algoritmo

- (I) Se extraen los puntos característicos (SIFT).
- (II) Se calcula la distribución empírica acumulada  $P(c)$  inicial y construyen los *grupos de candidatos*.
- (III) Sea  $\bar{\epsilon} = +\infty$ , repetir
  - 1) Se selecciona de manera aleatoria una *muestra*: un conjunto  $T$  de 7 *grupos de candidatos*, y una correspondencia de cada grupo.
  - 2) Determinar el conjunto  $U$  asociado a la matriz fundamental  $F$  correspondiente a  $T$ :
    - Estimar  $\alpha$  para cada *grupo de candidatos* y ordenar.
    - Seleccionar el valor máximo de  $P(c)$  para cada subconjunto con  $\alpha$  creciente.
    - Calcular  $\epsilon_S$  y seleccionar el último subconjunto  $S$  que cumple  $\log(\epsilon_S) < 0$ .
  - 3) Actualizar  $P(c)$  con los *grupos de candidatos* dentro del subconjunto  $S$ .
- (IV) hasta que el número de iteraciones sea mayor a  $N$ .
- (v) Se regresa  $S$ .

Cuadro 4.2: Pseudocódigo del método “A Contrario” modificado.

#### 4. Estudio y modificación del método de estadísticas “A Contrario”

sinéctica con un programa de gráficos en 3D llamado Blender y la fachada de la Universidad de Guanajuato  $513 \times 385$ . Ambas imágenes presentan una gran cantidad de patrones repetidos, difíciles en la detección de correspondencias.

Lo principal a observar en la implementación de ambos métodos es la cantidad de puntos correspondientes que cada uno de ellos es capaz de estimar y el valor de  $\log(\epsilon)$ , que por problemas numéricos al momento de calcular Eq. (4.9), principalmente por las combinaciones, es preferible implementar  $\log$ . Los resultados de ambos métodos fueron comparados y al final se obtuvieron algunas conclusiones. Para cada conjunto de imágenes se generan dos gráficas: i) se observa la cantidad de correspondencias recuperadas (conservadas) por iteración; y ii) se observa el valor de  $\log(\epsilon_S)$  del subconjunto  $S$  con mayor número de correspondencias en cada iteración obtenidas.

Para la imagen del cubo generado de manera sintética, ambos métodos tuvieron un buen comportamiento. Para el caso de “A Contrario” el número de correspondencias encontradas fue de 545, Fig. 4.2(a), y para el caso de “A Contrario” modificado se obtuvieron 549 correspondencias, Fig. 4.2(b). Ambos métodos obtuvieron valores muy similares, el método “A Contrario” modificado de manera visual presenta alrededor de 4 correspondencias erróneas a diferencias de “A Contrario” clásico que no presenta ninguna. En la gráfica del número de correspondencias, Fig. 4.2(c) se

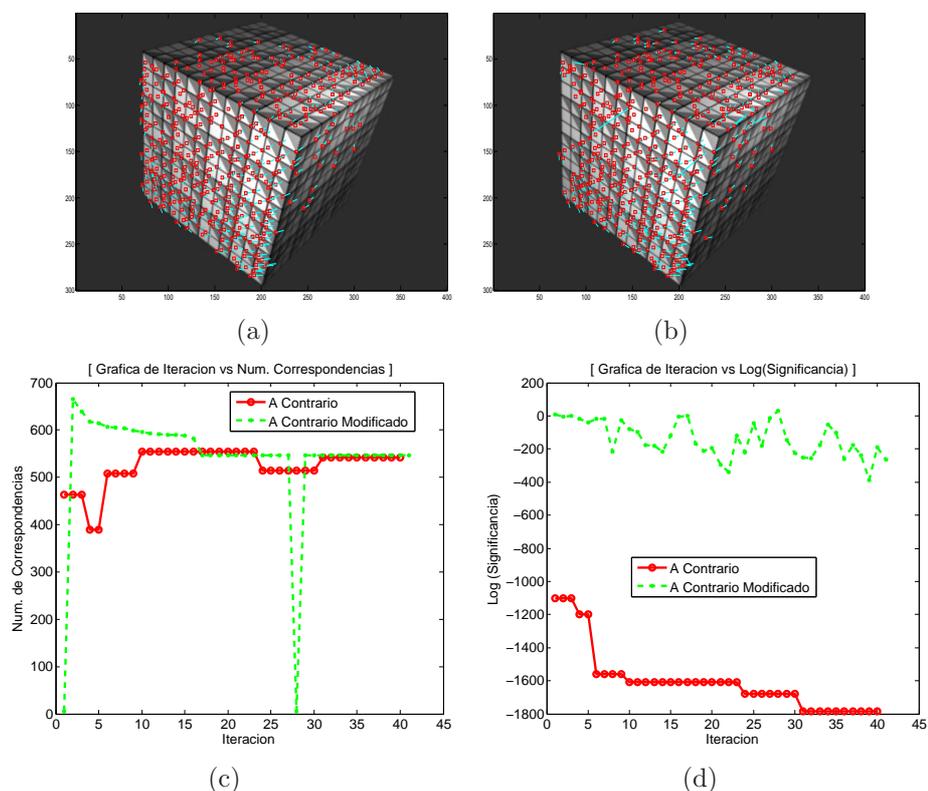


Figura 4.2: Resultados imagen cubo.

## 4. Estudio y modificación del método de estadísticas “A Contrario”

---

ve reflejado la diferencia existente de 4 correspondencias, que comparado con total de correspondencias obtenidas es mínimo. En la gráfica, Fig. 4.2(d), para el caso de “A Contrario” siempre se mantiene un valor de  $\log(\epsilon_S)$  mucho más bajo que en “A Contrario” modificado y con menor variación. Esto último tiene sentido porque las significancias obtenidas con el método modificado normalmente se mantienen cerca de cero y con la metodología clásica en valores mucho más pequeños o negativos.

La inestabilidad presente en “A Contrario” modificado se puede atribuir al criterio de selección implementado,  $\log(\epsilon_S) < 0$ , no tan estricto y a la reducción del espacio de búsqueda. La reducción del espacio de búsqueda en el método “A Contrario” modificado, al mismo tiempo que la probabilidad empírica acumulada  $P(c)$  es actualizada en cada iteración, disminuye el número de combinaciones presentes en el criterio probabilístico, Eq. (4.9). Por lo anterior, se elimina la necesidad de un proceso de optimización y la probabilidad de obtener mejores resultados es mayor, debido a que se cuenta con mayor cantidad de información considerada correcta.

En el caso de las imágenes de la Universidad de Guanajuato el comportamiento de ambos métodos fue similar al cubo, a diferencia de una menor cantidad de correspondencias incorrectas estimadas con el método “A Contrario” modificado. El número de correspondencias estimadas con el método “A Contrario” fue de 692, Fig 4.3(a). Para el caso del método “A Contrario” modificado se observó una gran diferencia en el número de correspondencias con un total de 790, Fig 4.3(b). El haber obtenido menor número de correspondencias incorrectas y la existencia de una diferencia considerable de correspondencias estimadas entre ambos métodos, se atribuye principalmente a las características de la imagen, ya que la Universidad de Guanajuato presenta menor cantidad de patrones repetidos.

Un caso en donde se puede apreciar una diferencia crítica entre el método clásico de “A Contrario” y nuestra propuesta, es cuando una significancia pequeña tiene un subconjunto de correspondencias reducido, Fig. 4.4, eliminando información sumamente valiosa. Por lo tanto se puede deducir que nuestra propuesta, considerando el ejemplo anterior y los resultados del cubo/universidad, tiene como ventaja el conservar un mayor número de correspondencias y sin la necesidad de un proceso de optimización.

### 4.3.1. Conclusiones del capítulo

Las conclusiones obtenidas después de haber realizado los experimentos son:

- 1) “A Contrario” ha demostrado ser robusto a patrones repetidos y porque a diferencia de los métodos antes mencionados, no es necesario que los conjuntos de datos iniciales o puntos de interés (**POI**, por sus siglas en Inglés) estén en correspondencia.
- 2) El criterio probabilístico implementado en el método “A Contrario” es la clave para manejar patrones repetidos, ya que realiza un balance entre la distancia

#### 4. Estudio y modificación del método de estadísticas “A Contrario”

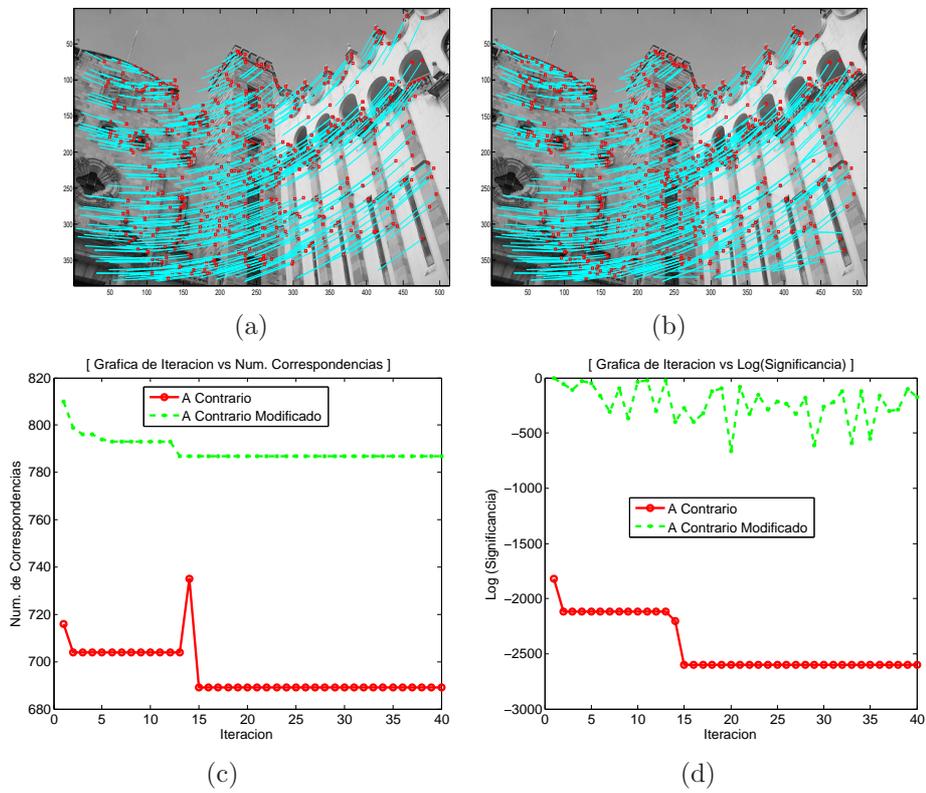


Figura 4.3: Resultados imagen universidad.

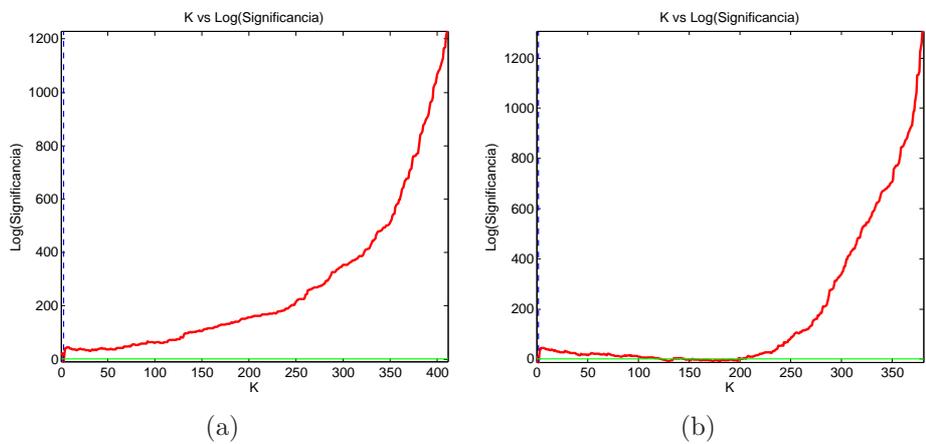


Figura 4.4: Casos donde existe una diferencia crítica entre el método propuesto y el método clásico de “A Contrario”.

#### 4. Estudio y modificación del método de estadísticas “*A Contrario*”

---

epipolar, implícita en el modelo la matriz fundamental, y la similitud de los puntos, proporcionada por el descriptor.

- 3) El “apostar” por el subconjunto  $S$  con menor significancia  $\epsilon$  no es la única opción para la estimación de correspondencias correctas en la implementación del criterio probabilístico [19], como se demuestra en el método “*A Contrario*” modificado. La razón de esta afirmación, es que en muchas ocasiones, el “apostar” por la menor significancia se obtienen resultados con una cantidad muy reducida de correspondencias, como se muestra en la figura 4.4.
- 4) La implementación del método “*A Contrario*” modificado maneja valores altos de significancia  $\epsilon$  con un número mayor de correspondencias. Tiene la desventaja que ciertas correspondencias son incorrectas, pero en comparación con el total de estimadas son mínimas (como ejemplo y prueba se tienen los resultados con el cubo y la universidad).

##### 4.3.2. Trabajo Futuro

La implementación del criterio probabilístico [19] en la estimación de los parámetros de modelos como la matriz de homografías, es un trabajo a futuro. El hecho de que la matriz de homografías trabaje con planos de una imagen, ocasiona que al momento de estimar la diferencia  $\alpha$ , Eq. (4.1), la distribución generada por la normalización  $w$  no corresponda a la generada por la probabilidad empírica acumulada  $P(c)$  (lo anterior se debe a que las áreas, por punto característico, que maneja la matriz fundamental en relación a la imagen, difieren con el área manejada por la matriz de homografías).

## Capítulo 5

# Cálculo de transformaciones paramétricas 2D-2D implementando Evolución Diferencial

En la comunidad científica, la búsqueda de soluciones a problemas de optimización global en un espacio continuo, ha generado el desarrollo un gran número de metodologías o técnicas clásicas. Dichas metodologías proporcionan soluciones algebraicas que en muchas ocasiones no satisfacen las demandas del mundo real, debido a: i) la existencia de problemas que no pueden ser resueltos en tiempo polinomial; ii) no se puede afirmar existe una solución eficiente; o, iii) simplemente el espacio de búsqueda es muy grande, generando que el tiempo para la solución del problema sea exponencial.

Por lo anterior, la implementación de heurísticas o técnicas que buscan soluciones buenas (es decir, casi óptimas) a un costo computacional razonable fue adoptada muy rápidamente. La computación evolutiva, la cual ha permitido el desarrollo de heurísticas inspiradas en mecanismos de evolución biológica, ha despertado un gran interés entre los investigadores por su capacidad de resolver problemas sumamente complejos y por sus diversas aplicaciones en áreas muy variadas.

La Evolución Diferencial (ED) es un método de optimización perteneciente a la categoría de computación evolutiva. ED es capaz de minimizar funciones en el espacio continuo no lineal y no diferenciable, además de que requiere pocas variables de control, es robusto y fácil de adaptar.

ED es implementado con la firme idea de proporcionar una medida, dada un función de aptitud, que nos indique que tan buenos son los parámetros estimados en transformaciones 2D-2D, considerado uno de los problemas que demandan ser resueltos en el estado del arte. La implementación de ED como una heurística evolutiva permite hacer uso de sus diversas características, pero principalmente del mecanismo de selección natural implícito en todo proceso natural evolutivo y el cual es capaz de

## 5. Evolución Diferencial en el cálculo de transformaciones 2D-2D

evaluar que tan buena es una transformación dado un conjunto de correspondencias.

Las transformaciones ha implementar son la homografía y la matriz fundamental. Se propone una función a minimizar y al mismo tiempo se implementan algunos estimadores robusto con la finalidad de observar como influyen en aspectos del algoritmo de evolución diferencial.

### 5.1. Heurística de Evolución Diferencial

Evolución diferencial es un algoritmo de optimización propuesto por Kenneth Price y Rainer Storn [21]. Desde sus inicios ED ha ido ganando prestigio en todo el mundo y es considerado una de las herramientas más poderosas de optimización global.

Evolución diferencial es un algoritmo universal que puede ser aplicado en prácticamente cualquier problema de optimización, lineal o no lineal, continuo o discreto, o una combinación de ambos. Evolución diferencial fue diseñado para optimizaciones sumamente difíciles en espacio continuo y siempre ha presentado un mejor comportamiento en casos donde los métodos tradicionales quedan en segundo termino o lugar. Evolución diferencial es un algoritmo pequeño basado en un modelo matemático simple, de un gran naturaleza y un complejo proceso de evolución.

Uno de los aspectos que hace de evolución diferencial único y por el cual recibe el nombre de diferencial, es el uso inteligente de las diferencias entre individuos mediante una simple y rápida operación lineal. Evolución diferencial, de manera resumida, mantiene una población de soluciones candidatas, las cuales se recombinan y mutan (operación lineal) para producir nuevos individuos los cuales son elegidos de acuerdo al valor de su función de desempeño.

#### 5.1.1. Algoritmo de Evolución Diferencial

Asumamos que se busca la solución óptima  $X^*$ , representada por un vector de parámetros  $x_i^*, i = 1, \dots, D$ , sujeta a condiciones de frontera  $L \leq V \leq H$ . El criterio de optimización está sujeto por una función escalar  $f(X)$  que se quiere o desea, por ejemplo, a minimizar. En otras palabras, se declara el siguiente problema de optimización

$$\min_X f(X), L \leq V \leq H, X \in \mathcal{R}^D. \quad (5.1)$$

En evolución diferencial es necesario afinar ciertos parámetros de control. Existe o hay solamente tres parámetros de control en el algoritmo. 1) La constante  $F$  (o mutación), 2) la constante de cruce  $Cr$ , y 3) el tamaño de la población  $NP$ . El resto de los parámetros son (a) la dimensión  $D$  del problema, el cual escala la dificultad de la tarea de optimización; (b) máximo número de generaciones (o iteraciones)  $GEN$ , que sirve como una condición de paro; y (c) condiciones de frontera baja y alta,  $L$  y

## 5. Evolución Diferencial en el cálculo de transformaciones 2D-2D

$H$ , respectivamente, las cuales limitan el área de búsqueda. Uno puede variar todos estos parámetros a voluntad.

Las variables necesarias a declarar para el funcionamiento de evolución diferencial son:  $X \in \mathfrak{R}^D$ , individuo de prueba (o solución);  $Pop \in \mathfrak{R}^{[D \times NP]}$ , población, la cual representa un conjunto de posibles soluciones;  $Fit \in \mathfrak{R}^{NP}$ , aptitud de la población;  $f \in \mathfrak{R}$ , aptitud de la prueba de solución;  $iBest \in N$ , índice del actual mejor individuo de la población;  $i, j, g \in N$ , variables bucle;  $Rnd \in N$ , parámetros de mutación; y  $r \in N^3$ , índices de individuos seleccionados al azar.

La población se inicializa y se evalúa su aptitud (criterio de optimización). Siempre se supone no se tiene información acerca del óptimo, por lo cual la población es inicializada con las condiciones de frontera,

$$Pop_{ij} = L + (H - L) \cdot rand_{ij} [0, 1], i = 1, \dots, D, j = 1, \dots, NP \quad (5.2)$$

donde la aptitud de la población es

$$Fit_j = f (Pop_j) \quad (5.3)$$

El algoritmo es iterativo. Se realizan  $GEN$  iteraciones, donde  $GEN$  es utilizado como condición de paro. En cada iteración, para cada individuo los siguientes cuatro pasos son realizados:

- 1) De manera aleatoria se seleccionan tres individuos de la población, mutuamente diferentes y también diferentes del individuo actual  $j$

$$r_{1,2,3} \in [1, \dots, NP], r_1 \neq r_2 \neq r_3 \neq j. \quad (5.4)$$

- 2) Creación del individuo prueba  $X$ . Primeramente, el parámetro de mutación  $Rnd$  es seleccionado de manera aleatoria dentro del rango  $[1, \dots, D]$ . Posteriormente, el individuo prueba es construido acorde a la siguiente regla de probabilidad.

$$x_i = \begin{cases} x_{i,r_3} + F \cdot (x_{i,r_1} - x_{i,r_2}) & Si (rand_{ij} [0, 1] < Cr) \vee (Rnd == i) \\ x_{ij} & De lo contrario \end{cases} \quad (5.5)$$

con  $i = 1, \dots, D$ .

- 3) Verificando las condiciones de frontera. Si alguno de los parámetros del individuo prueba viola alguna condición, es regresado a una área factible.

$$Si (x_i \notin [L, H]) \quad x_i = L + (H - L) \cdot rand_i [0, 1] \quad (5.6)$$

## 5. Evolución Diferencial en el cálculo de transformaciones 2D-2D

- 4) Selección del mejor individuo. Primeramente la función de aptitud del individuo prueba y del actual individuo  $j$  son comparadas. Si la función del individuo prueba es menor o igual al del actual, el individuo prueba reemplaza al individuo actual en la población. Además, es necesario comprobar si el nuevo miembro de la población es mejor que el individual considerado hasta este instante como el mejor. Si es el caso, el índice del mejor individuo es actualizado.

$$\text{Si } (f(X) \leq \text{Fit}_j) \text{ Pop}_j \leftarrow X, \text{Fit}_j \leftarrow f(X) \quad (5.7)$$

posteriormente,

$$\text{Si } (f(X) \leq \text{Fit}_{iBest}) \text{ } iBest \leftarrow j \quad (5.8)$$

Cuando el algoritmo concluye, la solución óptima es  $\text{Pop}_{iBest}$  con un valor de aptitud de  $\text{Fit}_{iBest}$ .

De manera resumida, el algoritmo puede ser visualizado en la Tabla (5.1.2).

### 5.1.2. Aspectos Importantes de Evolución Diferencial

Después de conocer el algoritmo de evolución diferencial, es importante resaltar algunos aspectos que lo hacen único y sumamente poderoso:

- 1) La manera en que el individuo prueba es creado es mediante auto adaptación.

$$U = X_{r_3} + F \cdot (X_{r_1} - X_{r_2})$$

La fórmula es considerada como una mutación y cruza de individuos realizada en una sola operación.

- 2) Al realizar una diferencia entre individuos, de manera espontanea, el algoritmo de evolución diferencial se adapta de manera automática a la función.

## 5. Evolución Diferencial en el cálculo de transformaciones 2D-2D

### Objetivo

Obtener la solución óptima  $Pop_{iBest}$  y su valor de aptitud  $Fit_{iBest}$ .

### Algoritmo

- (I) Se introducen los siguientes parámetros o variables de inicialización:
  - $D$  - La dimensión del problema.
  - $NP, F, Cr$  - Parámetros de Control.
  - $GEN$  - Condición de paro.
  - $L, H$  - Condiciones de frontera.
- (II) Se inicializa la población  $Pop_{ij} \leftarrow rand_{ij}[L, H]$  y se evalúa  $Fit_j \leftarrow f(Pop_j)$ .
- (III) Para  $g = 1$  hasta  $GEN$ 
  - Para  $j = 1$  hasta  $NP$ 
    - Seleccionar de manera aleatoria  $r_{1,2,3} \in [1, \dots, NP], r_1 \neq r_2 \neq r_3 \neq j$ .
    - Crear el individuo prueba  $X \leftarrow S(r, F, Cr, Pop)$ .
    - Se verifican las condiciones de frontera  $Si (x_i \notin [L, H]) x_i \leftarrow rand_i[L, H]$ .
    - Se selecciona la mejor solución ( $X$  o  $Pop_j$ ) y se actualiza  $iBest$  si es necesario.

$Si (f(X) \leq Fit_j) Pop_j \leftarrow X, Fit_j \leftarrow f(X)$

$Si (f(X) \leq Fit_{iBest}) iBest \leftarrow j$

Cuadro 5.1: Pseudocódigo de Evolución Diferencial.

## 5. Evolución Diferencial en el cálculo de transformaciones 2D-2D

### 5.2. Parametrización de transformaciones aplicando Evolución Diferencial

Si se asume se tiene una cierta cantidad de puntos correspondientes  $x_i \rightarrow x'_i$  y existe una transformación  $T : \mathfrak{R}^2 \rightarrow \mathfrak{R}^2$ . El algoritmo de evolución diferencial puede ser aplicado y obtener los parámetros de  $T$ .

Como se ha venido mencionando, acorde a los parámetros del modelo a estimar, son necesario una cierta cantidad de puntos correspondientes  $N_T$ . Normalmente un modelo de transformación  $T$  es generado mediante  $N_T$  puntos de correspondencias y el modelo de transformación puede ser evaluado con  $f(T)$ . Aplicando ED no es necesario estimar los parámetros de  $T$  en base a  $N_T$  puntos de correspondencias, ya que en este caso los parámetros de la transformación  $T$  son propuestos de manera aleatoria como un vector  $X_T$  y se evalúa de manera cruzada con los puntos correspondientes  $x_i \rightarrow x'_i$  mediante una función  $f(X_T)$ .

Evolución diferencial, por su estructura hace fácil y de manera eficiente el adaptar cualquier función a optimizar. A continuación se describe el algoritmo de evolución diferencial para la estimación de transformación  $T$ , dado que se conoce cierta cantidad de puntos correspondientes  $x_i \rightarrow x'_i$ :

Asumiendo se conocen  $i$  correspondencias entre dos imágenes, el determinante de la transformación  $\det(T) = 1$  y los parámetros de optimización han sido ajustados  $(F, Cr, NP, D, GEN, L, H)$ , donde  $L = -1$ ,  $H = 1$ .

Las variables para esta implementación son:  $X_T \in \mathfrak{R}^D$ , modelo de transformación, donde  $X_T$  representa de forma vectorial los parámetros de la transformación  $T$  y los cuales se quieren estimar de manera precisa;  $Pop \in \mathfrak{R}^{[D \times NP]}$ , población, la cual representa un conjunto de posibles modelos de transformación;  $Fit \in \mathfrak{R}^{NP}$ , aptitud de un determinado modelo de transformación;  $f \in \mathfrak{R}$ , aptitud del modelo de transformación en relación a los puntos correspondientes  $x_i \rightarrow x'_i$ ;  $iBest \in N$ , índice del actual mejor modelo de transformación;  $i, j, g \in N$ , variables bucle;  $Rnd \in N$ , parámetros de mutación; y  $r \in N^3$ , índices de los parámetros de un determinado modelo de transformación seleccionados al azar.

La población se inicializa y se evalúa su aptitud (criterio de optimización).

$$Pop_{ij} = L + (H - L) \cdot rand_{ij} [0, 1), i = 1, \dots, D, j = 1, \dots, NP \quad (5.9)$$

$$Fit_j = f(Pop_j) \quad (5.10)$$

El algoritmo es iterativo. Se realizan  $GEN$  iteraciones, donde  $GEN$  es utilizado como condición de paro. En cada iteración, para cada individuo los siguientes cuatro pasos son realizados:

## 5. Evolución Diferencial en el cálculo de transformaciones 2D-2D

- 1) De manera aleatoria se seleccionan tres modelos de transformación de la población, mutuamente diferentes y también diferentes del actual modelo de transformación  $j$

$$r_{1,2,3} \in [1, \dots, NP], r_1 \neq r_2 \neq r_3 \neq j. \quad (5.11)$$

- 2) Creación del modelo de transformación prueba  $X_T$ . Primeramente, el parámetro de mutación  $Rnd$  es seleccionado de manera aleatoria dentro del rango  $[1, \dots, D]$ . Posteriormente, el modelo de transformación prueba es construido acorde a la siguiente regla de probabilidad.

$$x_{T_i} = \begin{cases} x_{T_i, r_3} + F \cdot (x_{T_i, r_1} - x_{T_i, r_2}) & \text{Si } (rand_{ij} [0, 1] < Cr) \vee (Rnd == i) \\ x_{T_{ij}} & \text{De lo contrario} \end{cases} \quad (5.12)$$

con  $i = 1, \dots, D$ .

- 3) Verificando las condiciones de frontera. Si alguno de los parámetros del modelo de transformación prueba viola alguna condición, es regresado a una área factible.

$$\text{Si } (x_{T_i} \notin [L, H]) \quad x_{T_i} = L + (H - L) \cdot rand_i [0, 1] \quad (5.13)$$

- 4) Selección del mejor modelo de transformación. Primeramente la función de aptitud del modelo prueba y del actual modelo de transformación  $j$  son comparadas. Si la función del modelo prueba es menor o igual al del actual, el modelo prueba reemplaza al modelo actual en la población. Además, es necesario comprobar si el nuevo modelo de la población es mejor que el modelo considerado hasta este instante como el mejor. Si es el caso, el índice del mejor modelo es actualizado.

$$\text{Si } (f(X_T) \leq Fit_j) \quad Pop_j \leftarrow X_T, Fit_j \leftarrow f(X_T) \quad (5.14)$$

posteriormente,

$$\text{Si } (f(X_T) \leq Fit_{iBest}) \quad iBest \leftarrow j \quad (5.15)$$

Cuando el algoritmo concluye, la solución óptima es  $Pop_{iBest}$  con un valor de aptitud de  $Fit_{iBest}$ .

## 5. Evolución Diferencial en el cálculo de transformaciones 2D-2D

### Función objetivo a minimizar

Considerando que el vector solución  $X_T$  es una representación vectorial de la transformación  $T$  y se tienen un conjunto de correspondencias  $x_i \rightarrow x'_i$ , la función a optimizar es

$$\min_{X_T} f(X_T) = \delta(d(x_i, X_T(x'_i))). \quad (5.16)$$

donde  $\delta$  es la implementación de los siguientes estimadores robustos,

Tipo	$\rho(r)$	$\psi(r) = \frac{d\rho(r)}{dr}$	$w(r) = \frac{\psi(r)}{r}$
Cauchy	$\frac{1}{2}c^2 \ln\left(1 + \frac{r^2}{c^2}\right)$	$\left(\frac{c^2}{c^2+r^2}\right)r$	$\frac{c^2}{c^2+r^2}$
Geman-McClure	$\frac{c^2 r^2}{2(c^2+r^2)}$	$\left(\frac{c^2}{c^2+r^2}\right)^2 r$	$\left(\frac{c^2}{c^2+r^2}\right)^2$

Cuadro 5.2: M-estimadores aplicados en ED

y su representación gráfica, con  $c = 2$ , es, Fig. (5.1)

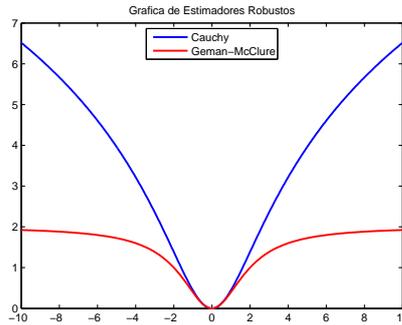


Figura 5.1: Representación Gráfica de Estimadores Robustos con  $c = 2$ .

El apostar a minimizar la función  $f(X_T)$  e implementar estimadores robustos diferenciables y continuos, aplicando evolución diferencial, está basado en dos razones principales: i) la característica de optimización global presente en evolución diferencial; y ii) la implementación de una función que evalúa a un conjunto de correspondencias dado un conjunto de parámetros de un modelo determinado. El obtener un valor numérico único, que indique que tan buenos son los parámetros de un modelo en relación a un conjunto de puntos correspondientes, se puede considerar como una medida que evalúa que tan buena es la transformación en relación a un conjunto de puntos correspondientes, ya sea que tengan mucha o poca incertidumbre.

### 5.3. Resultados Experimentales

Con la finalidad de observar el comportamiento de los diferentes estimadores robustos y corroborar que el valor calculado por la función  $f(X_T)$ , implementada en evolución diferencial, puede ser considerada como una medida que evalúa los parámetros estimados del modelo, se realizaron un conjunto de experimentos con imágenes, tanto

## 5. Evolución Diferencial en el cálculo de transformaciones 2D-2D

reales como sintéticas. Al mismo tiempo se realizó una comparación con el algoritmo de estimación RANSAC.

Todos los resultados que se muestran a continuación, son generados después de haber realizado un total de 30 corridas. Para el caso de evolución diferencial los parámetros de optimización son: i) la constante de diferenciación recibe un valor de  $F = 0,99$ ; ii) la constante de cruce es igual a  $Cr = 0,8$ ; y iii) el tamaño de la población  $NP = 200$ . El resto de los parámetros, considerando que los parámetros a estimar corresponden a la matriz de homografía  $H$  y a la matriz fundamental  $F$ , son: (a) dimensión del problema  $D = 9$ ; (b) número de generaciones  $GEN = 100$ ; y (c) condiciones de frontera baja y alta,  $L = -1$  y  $H = 1$ . El haber ajustado los parámetros de esta manera y tomando en cuenta que en cada generación se obtienen  $NP * 5$  modelos prueba, al final se tiene un total de 120000 evaluaciones a función. Para el caso de RANSAC, al igual que para evolución diferencial, los parámetros de los estimadores robustos son ajustados con  $c = 5$  y el umbral (o medida) en el cual una correspondencia es considerada *inlier* es 5.

Las imágenes implementadas en los experimentos fueron tres. La primera de ellas es la fachada de un edificio ubicado en una de las tantas plaza que se pueden encontrar en la ciudad de Guanajuato, denominada Plaza, la cual cuenta con superficies planas y donde no es fácil detectar características. La segunda de las imágenes, denominada Universidad, como su propio nombre lo dice es la fachada de la Universidad de Guanajuato, la cual tiene una gran número de características similares que dificulta la generación de correspondencias. La última de las imágenes implementadas, es un cubo realizado de manera sintética con la finalidad de tener una gran cantidad de características similares o dicho de otra manera, generar una gran cantidad de correspondencias múltiples, Fig. (5.2).



Figura 5.2: Imágenes implementadas con ED.

Los cuadros (5.3, 5.4) muestran las mejores aptitudes de RANSAC y la implementación realizada con Evolución Diferencial después de 30 corridas. Para las diferentes imágenes se implementaron los estimadores de Geman y Cauchy con porcentaje de datos atípicos u *outliers* del 50 % y 95 %, para un total de 500 correspondencias. Para el caso del cubo, debido a su gran cantidad de características similares, se generó una función empírica acumulada  $P(C)$  y se consideraron las primeras 500

## 5. Evolución Diferencial en el cálculo de transformaciones 2D-2D

correspondencias. En los cuadros (5.3, 5.4) se pueden observar la cantidad de evaluaciones a función realizadas por cada algoritmo, la cantidad de *inliers* y la aptitud o medida de confianza obtenida. Para el caso de RANSAC se puede observar una cantidad de evaluaciones a función estimada por el mismo algoritmo, cantidad de evaluaciones a función deseada para obtener a lo menos una correspondencias correcta.

Plaza	RANSAC				ED		
	Eva. Func.	Deseadas	Inliers	Aptitud	Eva. Func.	Inliers	Aptitud
Geman 95 %	1341	1341	123	4750.42	120000	122	4752.63
Cauchy 95 %	1341	1341	121	33427.78	120000	121	33430.82
Geman 50 %	300	35	298	2564.04	120000	298	2568.84
Cauchy 50 %	300	35	299	17771.71	120000	298	17773.13
Universidad	Eva. Func.	Deseadas	Inliers	Aptitud	Eva. Func.	Inliers	Aptitud
Geman 95 %	3685	3685	107	5005.22	120000	105	4997.50
Cauchy 95 %	31452	31452	104	34639.25	120000	104	34606.32
Geman 50 %	300	46	283	2881.38	120000	283	2902.46
Cauchy 50 %	300	44	283	18782.29	120000	282	18776.50
Cubo	Eva. Func.	Deseadas	Inliers	Aptitud	Eva. Func.	Inliers	Aptitud
Geman P(C)	120000	2208568	40	5764.43	120000	54	5553.10
Cauchy P(C)	120000	5685393	18	31295.74	120000	54	31010.11

Cuadro 5.3: Resultados de Homografía Aplicando ED

Plaza	RANSAC				ED		
	Eva. Func.	Deseadas	Inliers	Aptitud	Eva. Func.	Inliers	Aptitud
Geman 95 %	120000	512291	119	4768.00	120000	134	4587.55
Cauchy 95 %	120000	35960160439	120	65932.19	120000	133	63108.23
Geman 50 %	500	272	302	2506.80	120000	307	2451.31
Cauchy 50 %	500	348	293	35074.63	120000	302	33661.88
Universidad	Eva. Func.	Deseadas	Inliers	Aptitud	Eva. Func.	Inliers	Aptitud
Geman 95 %	120000	86142866714	33	5845.74	120000	129	4673.17
Cauchy 95 %	120000	5121438203	42	84965.50	120000	121	57948.72
Geman 50 %	500	447	284	2715.17	120000	291	2626.74
Cauchy 50 %	500	435	285	33953.15	120000	286	30930.07
Cubo	Eva. Func.	Deseadas	Inliers	Aptitud	Eva. Func.	Inliers	Aptitud
Geman P(C)	120000	2744895282	72	5346.57	120000	115	4814.06
Cauchy P(C)	120000	47614750888	32	78424.60	120000	63	57071.51

Cuadro 5.4: Resultados de Matriz Fundamental Aplicando ED

Realizando un análisis de los resultados con la matriz de transformación de Homografías, se puede observar que para el caso de las imágenes, Plaza y Universidad, el algoritmo de RANSAC realizó un reducido número de evaluaciones a función y en su mayoría estimó mejores aptitudes. En relación a la cantidad de *inliers*, el número estimado por RANSAC y ED es similar. Ahora bien, para el caso de la imagen Cubo, se observa que el algoritmo de RANSAC no tiene un buen desempeño y falla, es decir, al momento que RANSAC estima que la cantidad de evaluaciones a función deseada esta por arriba de millones, la estimación de los parámetros del modelo tardaría semanas, incluso meses en realizarse. Por lo anterior, se puede decir que dada la existencia de correspondencias con gran incertidumbre o con características

## 5. Evolución Diferencial en el cálculo de transformaciones 2D-2D

muy similares (patrones repetidos), la implementación de evolución diferencial tiene un mejor comportamiento significativamente. Es importante mencionar que el comportamiento presente, en las dos primera imágenes aplicando RANSAC, puede ser atribuido a la cantidad de correspondencias necesarias para general un modelo  $H$ , que en este caso son 4.

Analizando los resultados implementando Matriz Fundamental, Cuadro (5.4), existe un comportamiento diferente en las imágenes de la Plaza y la Universidad, específicamente cuando existe un gran porcentaje de *outliers*. El que RANSAC falle con un porcentaje de 95% de datos atípicos confirma que la cantidad de correspondencias necesarias para la estimación de los parámetros del modelo juega un papel muy importante y significativo. En aquellos casos donde el porcentaje de *outliers* es del 50%, a pesar de haberse realizado un bajo número de evaluaciones a función, la cantidad de *inliers* y las aptitudes nunca fueron mejores que las estimadas aplicando evolución diferencial. Para la imagen del Cubo, se observo el mismo comportamiento que para caso de la transformación  $H$ , es decir, RANSAC no se comporta bien manejando un gran número de patrones repetidos a diferencia de evolución diferencial. Lo anterior se debe principalmente a que RANSAC con la ayuda de puntos correspondientes genera un modelo y ED propone un modelo el cual es evaluado.

Al momento de realizar el análisis de la implementación de Homografías, para las imágenes de la Plaza y Universidad, se aprecia que el número reducido de evaluaciones a función es significativamente menor que el que realiza ED. Observando el comportamiento de las mejores aptitudes generadas en cada iteración, Fig. (5.3) y Fig. (5.4), es claramente visible que ED en todo momento mantiene una mediana de los mejores resultados muy por debajo de RANSAC, lo que se traduce en conservar una menor desviación estándar de los resultados. El mismo fenómeno sucede para el caso de matriz fundamental.

Ahora bien, se ha venido mencionando que evolución diferencial tiene un buen desempeño en la presencia de patrones repetidos con un número considerable de datos atípicos. Al observar, Fig. (5.5), el comportamiento de las mejores aptitudes en cada corrida, se demuestra lo antes mencionado independientemente del modelo a estimar. Se puede apreciar que la presencia de mediciones atípicas es muy baja y la desviación estándar también.

## 5. Evolución Diferencial en el cálculo de transformaciones 2D-2D

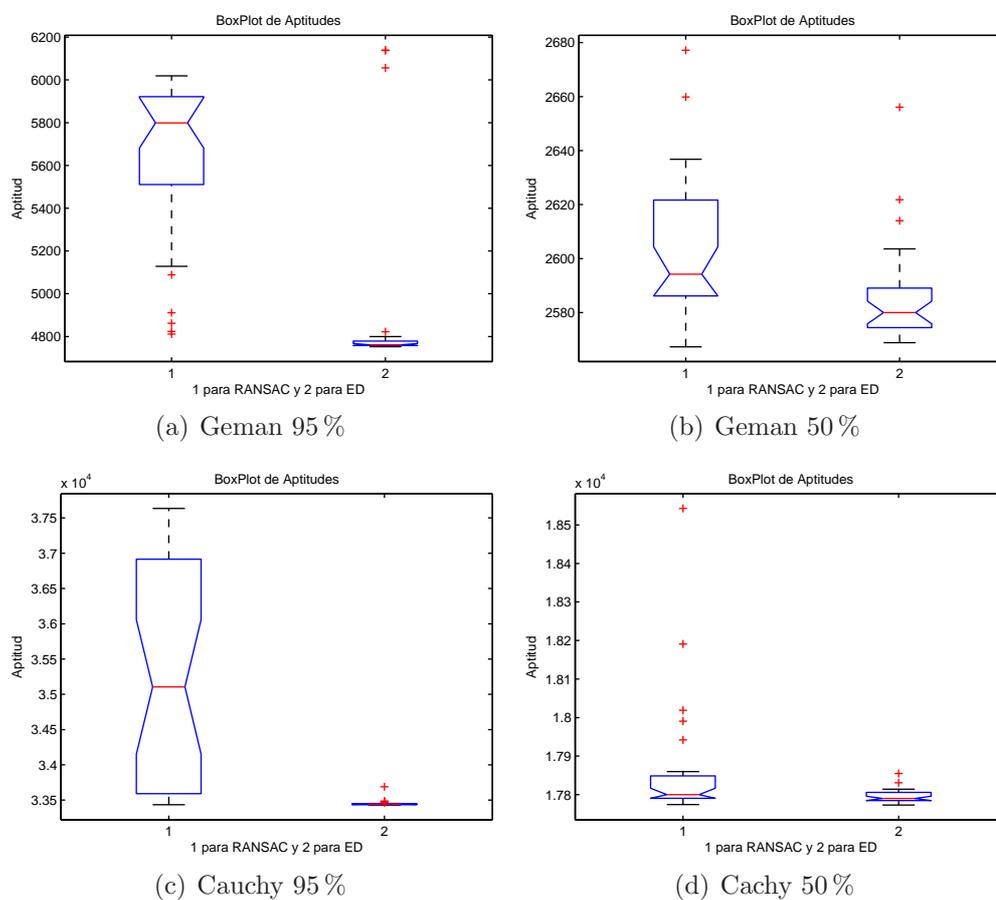


Figura 5.3: Análisis de Aptitudes de la imagen Plaza implementando Homografía.

## 5. Evolución Diferencial en el cálculo de transformaciones 2D-2D

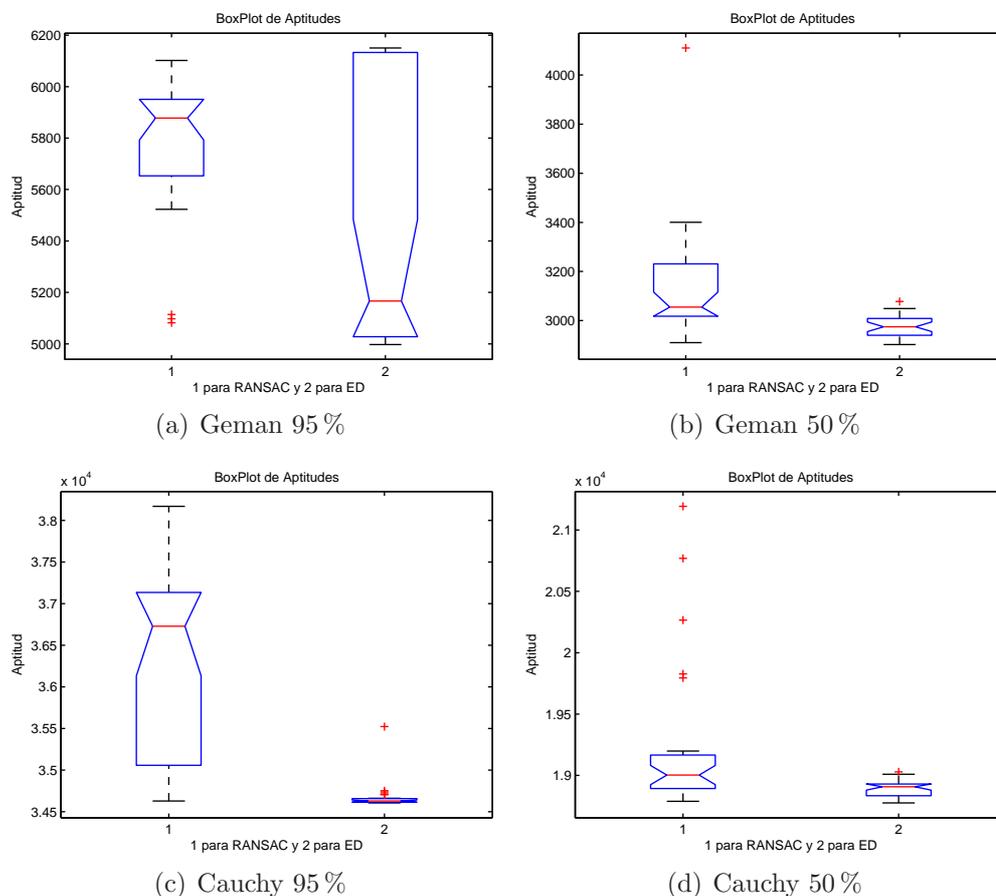


Figura 5.4: Análisis de Aptitudes de la imagen Universidad implementando Homografía.

El haber implementado dos estimadores diferentes, Geman y Cauchy, fue con la finalidad de observar el comportamiento de cada uno de ellos en la implementación de evolución diferencial. Observando el comportamiento tanto de la aptitud y la cantidad de *inliers* por generación con los diferentes estimadores implementados en la imagen Plaza, Fig. (5.6), se observó que la implementación del estimador Cauchy se aproxima al óptimo en un número de generaciones menor que el estimador de Geman, al mismo tiempo que la estimación de una mayor cantidad de *inliers* es mas temprana. En relación a la gráfica de aptitudes, la diferencia observada en los valores de los estimadores radica en el comportamiento de cada uno de ellos, como se pudo observar en la gráfica de estimadores, Fig. (5.1). Aunque no se presenta la gráfica con el comportamiento de la imagen Universidad, se asegura que el comportamiento es similar al anterior.

Asumiendo que el comportamiento de los estimadores sería similar en la imagen Cubo, fue una gran sorpresa el observar que fue todo lo contrario, Fig. (5.7). Analizando de manera detenida porque el cambio de comportamiento, de los estimadores, en la presencia de patrones repetidos, se concluyó que la forma suave

## 5. Evolución Diferencial en el cálculo de transformaciones 2D-2D

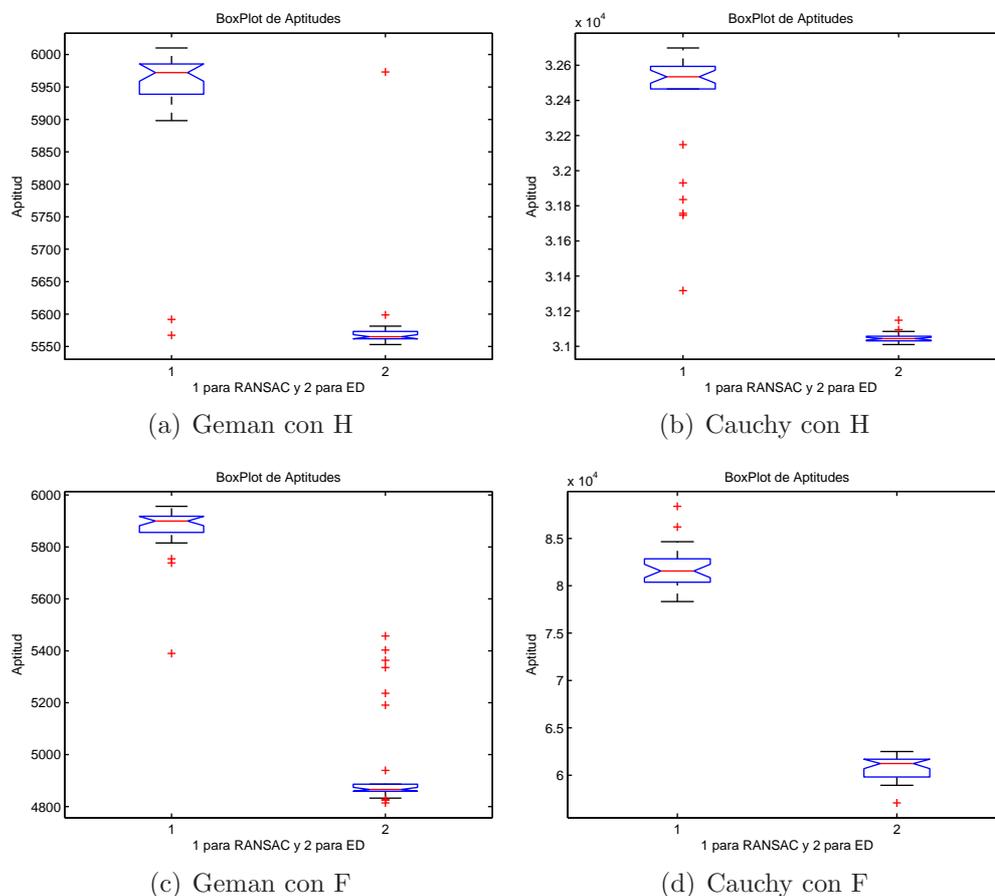


Figura 5.5: Análisis de Aptitudes de Imagen Cubo.

presente el estimador Geman en comparación con Cauchy, beneficia el aspecto de explotación presente en todos los procedimientos evolutivos, lo cual se traduce en una búsqueda más precisa y selectiva. Se pensaría que el hecho de ser una búsqueda más precisa requeriría un mayor tiempo, pero en efectos prácticos ha demostrado ser más eficiente y rápida.

### Conclusiones del capítulo

La implementación de evolución diferencial en la estimación de parámetros en transformaciones 2D-2D, ha demostrado ser sumamente eficiente, independientemente de la cantidad de evaluaciones a función realizadas, como medida global para la evaluación de transformaciones, y estimación de correspondencias. Así mismo, a diferencia de estimadores como RANSAC, soporta una gran cantidad de datos atípicos y sobre todo una gran cantidad de patrones repetidos, haciéndolo sumamente poderoso. La implementación de estimadores robustos, en evolución diferencial, permite disminuir los tiempos de convergencia y estimar una mayor cantidad de correspondencias correctas (en la solución final). Aspectos de exploración y explotación, presente en heurísticas evolutivas, mantienen una estrecha relación con los estimadores robustos y por consiguiente complementa a evolución diferencial.

## 5. Evolución Diferencial en el cálculo de transformaciones 2D-2D

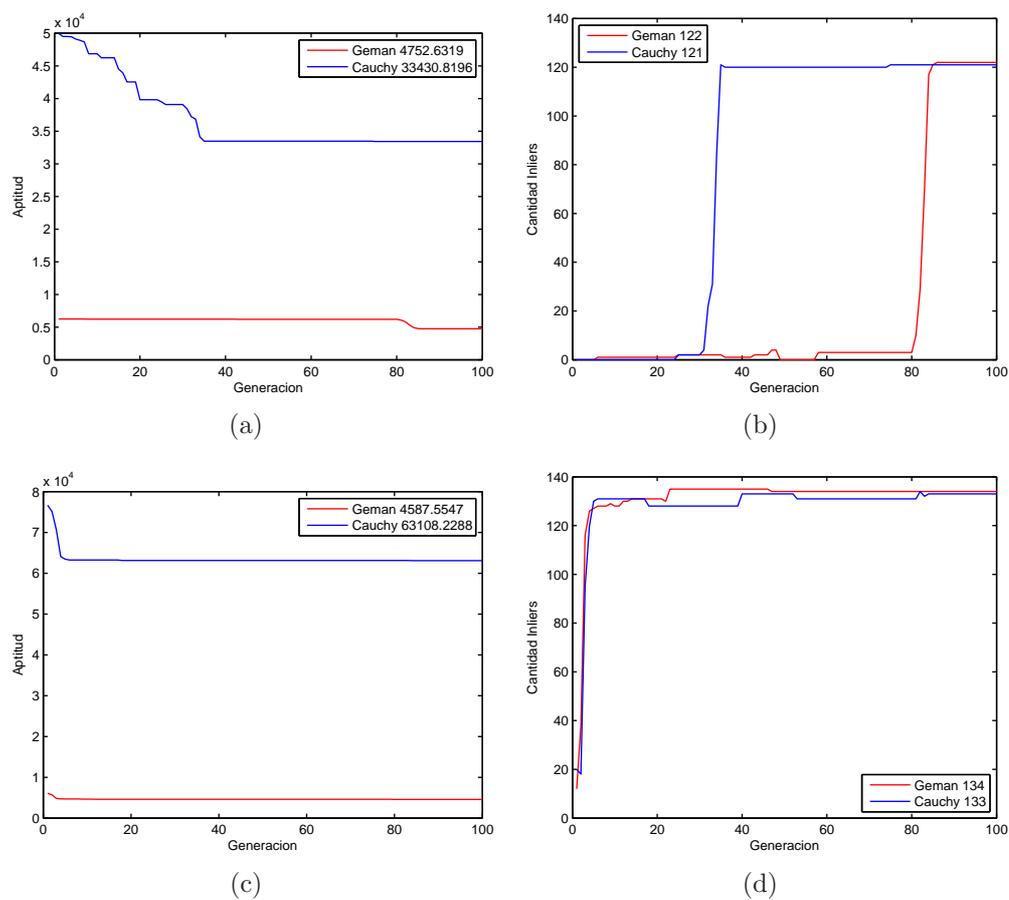


Figura 5.6: Análisis de Estimadores Robustos implementando la imagen Plaza: (a) se observa el valor de la aptitud por generación para los estimadores de Geman y Cauchy implementando el modelo de Homografía; (b) se observa la cantidad de inliers estimados por generación; (c) y (d) valor de aptitud y cantidad de inliers por generación implementando Matriz Fundamental.

## 5. Evolución Diferencial en el cálculo de transformaciones 2D-2D

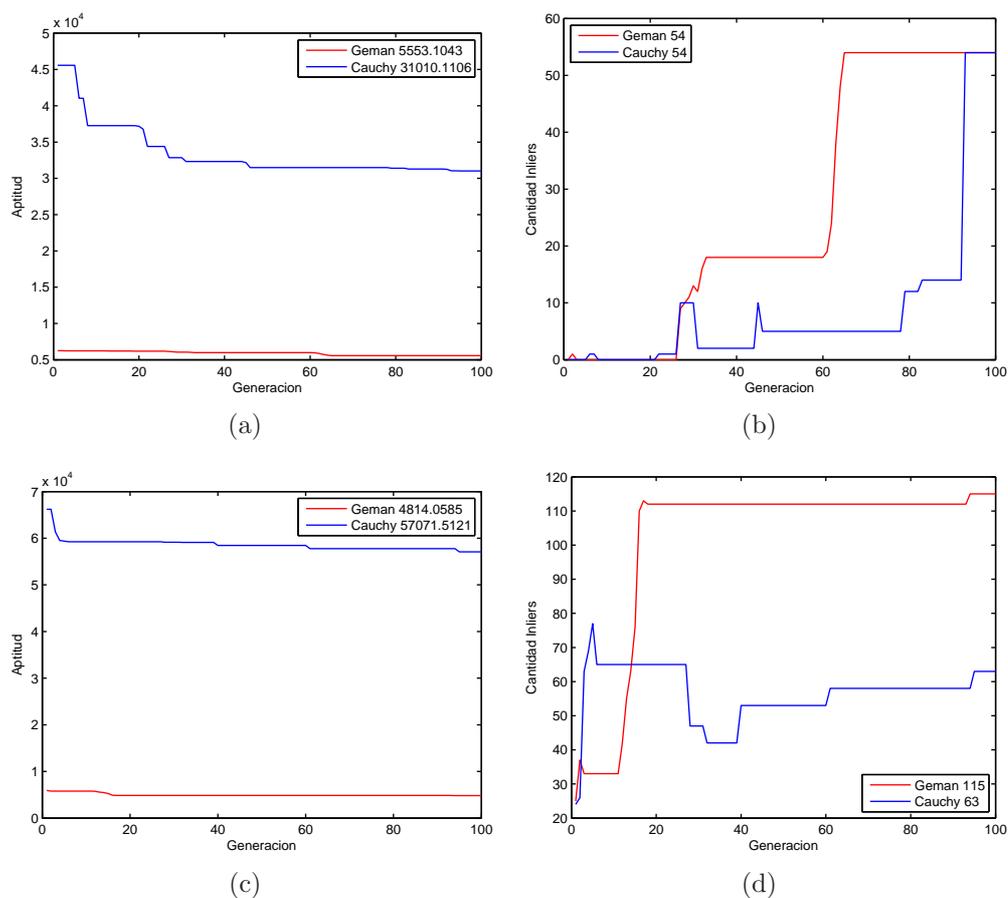


Figura 5.7: Análisis de Estimadores Robustos implementando la imagen Cubo: (a) se observa el valor de la aptitud por generación para los estimadores de Geman y Cauchy implementando el modelo de Homografía; (b) se observa la cantidad de inliers estimados por generación; (c) y (d) valor de aptitud y cantidad de inliers por generación implementando Matriz Fundamental.

## Capítulo 6

# Resumen y conclusiones generales

El trabajo realizado, con la finalidad de estimar los parámetros de un modelo aplicando correspondencias con incertidumbre, nos ha brindado la posibilidad de estudiar procedimientos y algoritmos presentes en el estado del arte, al mismo tiempo que nos ha permitido realizar algunas aportaciones, que describimos a continuación.

Haber realizado un análisis de diversos métodos de estimación, así como su aplicación, de diferentes modelos de transformación, nos permite tener una referencia de los avances y aportaciones realizados a lo largo de los años, en un problema en el cual existe mucho trabajo por delante y donde conocer claramente las ventajas y desventajas que aportan los diferentes métodos de estimación, presentes en el estado del arte, nos brinda la pauta para iniciar investigaciones y generar nuevos conocimientos, como es el caso de este trabajo de tesis.

La implementación del método estadístico de Kanatani [2], el cual elimina el sesgo presente en una matriz de momentos causada por datos ruidosos, es sin lugar a dudas una de nuestras principales aportaciones. La implementación de este método en visión por computadora es algo nuevo y, por las pruebas realizadas, proporciona soluciones robustas, exactas y directas. La implementación de este método estadístico insesgado, en métodos de estimación de modelos paramétricos, nos ha permitido obtener información directamente de los datos, información que describe el comportamiento del error y por consiguiente podemos retrasar o atenuar sus efectos, es decir, nos ha permitido eliminar la necesidad de procedimientos para la obtención de una solución final, ya que siempre se obtiene una solución directa. Implementando el método estadístico insesgado, en el algoritmo de EPnP, se eliminó la necesidad de una combinación lineal del conjunto de eigenvalores y, a pesar de que el método estadístico introduce un procedimiento iterativo, el número de operaciones para obtener una solución se mantuvo. Para niveles de ruido alto, los procedimientos que implementan el método estadístico, generalmente logran obtener soluciones finales en menor tiempo, en comparación con el algoritmo original.

Estudiar, analizar e implementar el método estadístico de “*A Contrario*”, nos permitió proponer algunas alternativas, que al final brindaron muy buenos resulta-

## 6. Resumen y conclusiones generales

---

dos y dejan abierto un tema de trabajo bastante interesante, por la gran cantidad de datos que maneja y el número de correspondencias que arroja como solución. El hecho de que “*A Contrario*” trabaje con gran eficiencia, a pesar de que los puntos característicos se encuentre en un ambiente con patrones repetidos y, que implemente un criterio probabilístico fuerte, como se ha comprobado, lo hacen un método robusto y eficiente para el problema de correspondencias. Otro aspecto que llama mucho la atención es que no es necesario de correspondencias apareadas, simplemente, es necesario contar con los conjuntos de datos de los cuales se van a estimar los parámetros del modelo.

La implementación de evolución diferencial, en la estimación de modelos paramétricos e implementación de su función de aptitud, como una medida global para la evaluación de las transformaciones estimadas, es una de nuestras principales aportaciones. Evolución diferencial ha demostrado ser sumamente eficiente, independientemente de la cantidad de evaluaciones de función realizadas. A diferencia de estimadores como RANSAC, evolución diferencial soportar una gran cantidad de datos atípicos y trabaja muy bien con imágenes con una gran cantidad de patrones repetidos (correspondencias con incertidumbre). La implementación de estimadores robustos, junto con evolución diferencial, disminuye los tiempos de convergencia e incrementa la cantidad de correspondencias correctas. Así mismo, podemos afirmar que los aspectos de exploración y explotación presentes en heurísticas evolutivas están manteniendo una estrecha relación con los estimadores.

# Apéndice A

## Transformación Lineal Directa (DLT)

La Transformación Lineal Directa (DLT) es un método analítico desarrollado por Abdel-Aziz y Karara en la década de los '70 [24] para la obtención de las coordenadas espaciales tridimensionales de un objeto a partir de varias fotografías convergentes del mismo, obtenidas con una cámara no métrica. Este método relaciona directamente las coordenadas espaciales sin la necesidad de obtener parámetros de calibración, por lo que fue considerado una innovación en el área de la Fotogrametría.

DLT es un algoritmo que resuelve un conjunto de variables dado un conjunto de relaciones de similitud:

$$\mathbf{x}_k \propto \mathbf{A}\mathbf{y}_k, \text{ para } k = 1, \dots, N, \quad (\text{A.1})$$

donde  $\mathbf{x}_k$  y  $\mathbf{y}_k$  son vectores conocidos,  $\propto$  denota la igualdad hasta cierto valor escalar desconocido, y  $\mathbf{A}$  es una matriz o transformación lineal que contiene las incógnitas por resolver.

Ejemplo. Sea  $\mathbf{x}_k \in \mathbb{R}^2$  y  $\mathbf{y}_k \in \mathbb{R}^3$  vectores conocidos y el problema es encontrar una matriz  $A_{2 \times 3}$  tal que

$$\alpha_k \mathbf{x}_k = \mathbf{A}\mathbf{y}_k, \text{ para } k = 1, \dots, N, \quad (\text{A.2})$$

donde  $\alpha_k \neq 0$  es un factor escalar desconocido, relacionado con la ecuación  $k$ .

Con la finalidad de deshacernos de los escalares desconocidos y obtener un sistema de ecuaciones homogéneas, definimos la siguiente matriz antisimétrica

$$H = \begin{pmatrix} 0 & -1 \\ 1 & 0 \end{pmatrix}, \quad (\text{A.3})$$

y multiplicamos ambos lados de nuestra ecuación (A.2) con  $\mathbf{x}_k^T H$  por la izquierda

$$\alpha_k \mathbf{x}_k^T H \mathbf{x}_k = \mathbf{x}_k^T H \mathbf{A}\mathbf{y}_k, \text{ para } k = 1, \dots, N. \quad (\text{A.4})$$

## A. Transformación Lineal Directa (DLT)

---

Dado que  $\mathbf{x}_k^T H \mathbf{x}_k = 0$ , se obtiene una ecuación homogénea

$$\mathbf{x}_k^T H \mathbf{A} \mathbf{y}_k = 0, \text{ para } k = 1, \dots, N. \quad (\text{A.5})$$

Considerando a los vectores  $\mathbf{x}_k$ ,  $\mathbf{y}_k$  y a la matriz  $A$  como:

$$\mathbf{x}_k = \begin{pmatrix} x_{1k} \\ x_{2k} \end{pmatrix}, \mathbf{y}_k = \begin{pmatrix} y_{1k} \\ y_{2k} \\ y_{3k} \end{pmatrix}, \text{ y } A = \begin{pmatrix} a_{11} a_{12} a_{13} \\ a_{21} a_{22} a_{23} \end{pmatrix}, \quad (\text{A.6})$$

la ecuación (A.5) se transforma en

$$\begin{aligned} & a_{11}x_{2k}y_{1k} - a_{21}x_{1k}y_{1k} + a_{12}x_{2k}y_{2k} \\ & - a_{22}x_{1k}y_{2k} + a_{13}x_{2k}y_{3k} - a_{23}x_{1k}y_{3k} = 0, \text{ para } k = 1, \dots, N. \end{aligned} \quad (\text{A.7})$$

Reescribiendo la ecuación (A.7) se tiene

$$\mathbf{b}_k^T \mathbf{a} = 0, \text{ para } k = 1, \dots, N. \quad (\text{A.8})$$

donde  $\mathbf{b}_k$  y  $\mathbf{a}$  son ambos vectores de dimensión 6:

$$\mathbf{b}_k = \begin{pmatrix} x_{2k}y_{1k} \\ -x_{1k}y_{1k} \\ x_{2k}y_{2k} \\ -x_{1k}y_{2k} \\ x_{2k}y_{3k} \\ -x_{1k}y_{3k} \end{pmatrix}, \text{ y } \mathbf{a} = \begin{pmatrix} a_{11} \\ a_{21} \\ a_{12} \\ a_{22} \\ a_{13} \\ a_{23} \end{pmatrix}. \quad (\text{A.9})$$

Para un determinado número  $N$  de vectores, tenemos una representación matricial de la forma

$$\mathbf{B} \mathbf{a} = 0. \quad (\text{A.10})$$

Donde  $\mathbf{B}$  es una matriz de  $N \times 6$  que contiene los vectores  $\mathbf{b}_k$  en sus filas. Esto significa que  $\mathbf{a}$  reside en el espacio nulo de  $\mathbf{B}$  y puede ser determinado por descomposición de valores singulares (SVD). Una vez determinado  $\mathbf{a}$ , los elementos de  $\mathbf{A}$  se pueden encontrar mediante una simple reorganización del vector de dimensión 6 a una matriz de  $2 \times 3$ .

# Apéndice B

## Análisis Estadístico para problemas de incidencia lineal

Kenichi Kanatani [2] realizó un estudio de los efectos del ruido presente en la mayoría de las aplicaciones con imágenes al momento de realizar cálculos geométricos fundamentales. Demostró que las soluciones con mínimos cuadrados son en general sesgadas por la propagación de ruido presente en los datos. El siguiente teorema juega un papel importante:

**Teorema B.0.1.** *Sea  $A$  una matriz simétrica  $n$ -dimensional, que tiene eigenvalores  $\lambda_1, \dots, \lambda_n$  con  $u_1, \dots, u_n$  sus correspondientes eigenvectores que forman un sistema ortonormal. Si la matriz  $A$  es perturbada en*

$$A' = A + \delta A, \quad (\text{B.1})$$

*cada eigenvalor  $\lambda_i$  es perturbado en*

$$\lambda'_i = \lambda_i + (u_i, \delta A u_i) + O(\delta A)^2 \quad (\text{B.2})$$

*Si el eigenvalor  $\lambda_i$  es una simple raíz, el eigenvector correspondiente  $u_i$  es perturbado en*

$$u'_i = u_i + \sum_{k \neq i} \frac{(u_k, \delta A u_i)}{\lambda_i - \lambda_k} u_k + O(\delta A)^2. \quad (\text{B.3})$$

Por lo anterior, Kanatani, introdujo un modelo que describe el comportamiento del ruido, con la intención de desarrollar un análisis estadístico del mismo. Dicho análisis le permitió derivar una combinación ordenada de pasos para la estimación de una solución insesgada.

El modelo de Kanatani, asume que el ruido está presente en todos y cada uno de los puntos  $p_i, i = 1, \dots, n$  representados en coordenadas homogéneas que conforman una muestra y se distribuye de manera isotrópica sobre el plano de la imagen, es decir, se distribuye de igual manera sobre los ejes  $(x, y)$ . En ausencia de ruido cada

## B. Análisis Estadístico para problemas de incidencia lineal

---

punto  $p_i, i = 1, \dots, n$  tiene un correspondiente vector normalizado  $m_i = 1, \dots, n$ .

Si un punto  $p_i$  es perturbado por ruido, su vector normalizado sufre una perturbación  $\Delta m_i$ , por la propagación del mismo. Kanatani considera al ruido como una variable aleatoria y asume que su valor esperado  $E[\Delta m_i]$  es igual a 0. Al mismo tiempo, asume que el comportamiento del error es caracterizado por la matriz de covarianzas  $V[m_i]$  conocida

$$V[m_i] = E[\Delta m_i \Delta m_i^T]. \quad (\text{B.4})$$

Si se sabe que: i) los puntos  $p_i, i = 1, \dots, n$  son colineales y sus correspondientes vectores  $m_i, i = 1, \dots, n$  generan una matriz de momentos  $M$ , donde en ausencia de ruido su eigenvalor mas pequeño es igual a cero; ii) en la presencia de ruido, los vectores  $m_i$  son perturbados en  $m'_i = m_i + \Delta m_i$ . Aplicando mínimos cuadrados se busca resolver

$$\sum_{i=1}^N W_i (p_i, m'_i)^2 \rightarrow \min. \quad (\text{B.5})$$

donde  $\epsilon_i = (p_i, m'_i) = (p_i, \Delta m_i)$ ,  $E[\Delta m_i] = 0$  y la varianza es definida como

$$\sigma_i^2 = E[\epsilon_i^2] = E[(p_i, \Delta m_i)^2] = p_i^T E[\Delta m_i \Delta m_i^T] p_i = (p_i, V[m_i] p_i). \quad (\text{B.6})$$

Por lo tanto, si la siguiente transformación  $u_i = \epsilon_i / \sigma_i$  es aplicada, el cálculo de Eq.(B.5) obedece una distribución gaussiana con media 0, varianza 1 y es equivalente a

$$\sum_{i=1}^N u_i^2 = \sum_{i=1}^N \frac{(p_i, m'_i)^2}{(p_i, V[m_i] p_i)} \rightarrow \min. \quad (\text{B.7})$$

donde los pesos  $W_i$  son calculados de la siguiente manera

$$W_i = \frac{1}{(p_i, V[m_i] p_i)}. \quad (\text{B.8})$$

Si existe una perturbación en cada uno de los vectores normalizado  $m_i \rightarrow m_i + \Delta m_i$ , la matriz de momentos se define como

$$\begin{aligned} \hat{M} &= \sum_{i=1}^N W_i (m_i + \Delta m_i) (m_i + \Delta m_i) \\ &= \sum_{i=1}^N W_i (m_i m_i^T) + \sum_{i=1}^N W_i (\Delta m_i \Delta m_i^T) \\ &= M + \Delta M \end{aligned} \quad (\text{B.9})$$

donde la esperanza de  $\Delta M$  por lo general es diferente de cero

## B. Análisis Estadístico para problemas de incidencia lineal

---

$$E [\Delta M] = \sum_{i=1}^N W_i E [\Delta m_i \Delta m_i^T] = \sum_{i=1}^N W_i V [m_i]. \quad (\text{B.10})$$

a diferencia de

$$\sum_{i=1}^N W_i (m_i \Delta m_i^T) = \sum_{i=1}^N W_i (\Delta m_i m_i^T) = 0. \quad (\text{B.11})$$

porque  $E [\Delta m_i] = 0$ .

De lo anterior se deriva la siguiente proposición hecha por Kanatani [2],

**Proposición B.0.2.** *La línea que se ajusta a los puntos de la imagen con vectores normalizados  $m_i$  y matrices de covarianza  $V [m_i]$ , estimada con el eigenvector de la matriz*

$$M = \sum_{i=1}^N W_i (m_i m_i^T - V [m_i]) \quad (\text{B.12})$$

*que corresponde al eigenvalor mas pequeño, es estadísticamente insesgada.*

# Apéndice C

## Detector de Harris

y Correlación Cruzada Normalizada]Detector de Esquinas de Harris y Correlación Cruzada Normalizada

El método detector de esquinas de Harris es, probablemente, el más comúnmente usado, debido a su elevada invarianza ante escala, rotación, cambios de iluminación y ruido en la imagen. Este detector está basado en la matriz  $C(x, y)$  que se calcula sobre una subventana  $p \times p$  para cada punto de interés en la posición  $(x, y)$ .

$$C(x, y) = \begin{pmatrix} \sum I_x^2 & \sum I_x I_y \\ \sum I_x I_y & \sum I_y^2 \end{pmatrix} \quad (\text{C.1})$$

donde  $I_x, I_y$  son los gradientes de la imagen en dirección horizontal y vertical respectivamente. Sean  $\lambda_1$  y  $\lambda_2$  los valores propios de la matriz  $C(x, y)$ , la función de autocorrelación  $R$  tendrá un pico si ambos valores propios son altos. Esto significa que desplazamientos en cualquier dirección producirán un incremento significativo, indicando que se trata de una esquinas.

$$R = \lambda_1 \lambda_2 - k(\lambda_1 + \lambda_2) \quad (\text{C.2})$$

con  $k = 0,04$ .

## Apéndice D

# Correspondencia por Normalización

La correlación cruzada normalizada (NCC, *Normalized Cross Correlation*) es el estándar utilizado como método estadístico para determinar las similitudes entre píxeles de diferentes imágenes. Para cada píxel de una imagen se calcula la correlación entre la distribución de disparidad de una ventana centrada en dicho píxel y una ventana del mismo tamaño centrada en el píxel a analizar de la imagen. El problema consiste en encontrar el punto que se ajusta de manera adecuada al primero. La métrica implementada para correlación cruzada normaliza es:

$$\frac{\sum_{u,v} (I_1(u,v) - \hat{I}_1) \cdot (I_2(u+d,v) - \hat{I}_2)}{\sqrt{\sum_{u,v} (I_1(u,v) - \hat{I}_1)^2 \cdot (I_2(u+d,v) - \hat{I}_2)^2}} \quad (\text{D.1})$$

# Bibliografía

- [1] Multiple View Geometry in Computer Vision. Hartley, R. and Zisserman, A., *Cambridge University Press*, 2003.
- [2] Geometric Computation for Machine Vision. K. Kanatani, Oxford Engineering Science Series; Vol. 37, pp.476, 1995.
- [3] Algebra Lineal. Kenneth Hoffman, Ray Kunze, 2000.
- [4] Numerical Methods for Least Squares Problems. Å. Björck, 1996.
- [5] Linear Models: Least Squares and Alternatives. C. Radhakrishna Rao, H. Toutenburg, 1999.
- [6] Numerical optimization, Springer. Nocedal, J. and Wright, S.J., 1999.
- [7] Accurate Non-Iterative O (n) Solution to the PnP Problem. Moreno-Noguer, F. and Lepetit, V. and Fua, P., *Computer Vision, 2007. ICCV 2007. IEEE 11th International Conference on*, pp.1-8,2007.
- [8] Linear Pose Estimation from Points or Lines. Ansar, A. and Daniilidis, K., *IEEE TRANSACTIONS ON PATTERN ANALYSIS AND MACHINE INTELLIGENCE*, pp.578-589,2003.
- [9] An analytic solution for the perspective 4-point problem. Horaud, R. and Conio, B. and Leboulleux, O. and Lacolle, B. and LIFIA, G., *Computer Vision and Pattern Recognition, 1989. Proceedings CVPR'89., IEEE Computer Society Conference on*, pp.500-507,1989.
- [10] Object Pose: The Link between Weak Perspective, Paraperspective, and Full Perspective. Horaud, R. and Dornaika, F. and Lamiroy, B., *International Journal of Computer Vision*, vol. 22, no. 2, pp.173-189,1997.
- [11] Fast and Globally Convergent Pose Estimation from Video Images. Lu, C.P. and Hager, G.D. and Mjolsness, E., *IEEE Computer Society*, 2000.
- [12] Iterative pose estimation using coplanar feature points. Oberkampf, D. and DeMenthon, D.F. and Davis, L.S., *Computer Vision and Image Understanding*, vol. 63, n0. 3, pp. 495-511, 1996.

## BIBLIOGRAFÍA

---

- [13] Linear N-Point Camera Pose Determination. Quan, L. and Lan, Z., *IEEE TRANSACTIONS ON PATTERN ANALYSIS AND MACHINE INTELLIGENCE*, pp. 774-780, 1999.
- [14] Robust Pose Estimation from a Planar Target. Schweighofer, G. and Pinz, A., *IEEE TRANSACTIONS ON PATTERN ANALYSIS AND MACHINE INTELLIGENCE*, pp. 2024-2030, 2006.
- [15] Camera Pose and Calibration from 4 or 5 known 3D Points. Triggs, B., *Proceedings of the 7th International Conference on Computer Vision, Kerkyra, Greece*, p. 278284.
- [16] Random sample consensus: a paradigm for model fitting with applications to image analysis and automated cartography. Fischler, M.A. and Bolles, R.C., *Communications of the ACM*, vol. 24, no. 6, pp. 381-395, 1981.
- [17] Efficient Linear Solution of Exterior Orientation. Fiore, P.D., *IEEE TRANSACTIONS ON PATTERN ANALYSIS AND MACHINE INTELLIGENCE*, pp. 140-148, 2001.
- [18] “Distinctive image features from scale-invariant key-points” D. Lowe. *IJCV*, vol. 60, no. 2, pp. 91-110, 2004.
- [19] “A Probabilistic Criterion to Detect Rigid Point Matches between Two Images and Estimate the Fundamental Matrix” L. Moisan y B. Stival. *IJCV*, vol. 57, no. 3, pp. 201-218, 2004.
- [20] “Fundamental Matrix Estimation Without Prior Match” Noury, N. y Sur, F. and Berger, M.O. *ICIP07 (I: 513-516)*, 2007.
- [21] “Differential evolution - a simple and efficient adaptive scheme for global optimization over continuous spaces”. Storn, R. y Price, K. *Journal of Global Optimization*, vol. 11, no. 4, pp. 341-359, 1997.
- [22] *Differential Evolution: A Practical Approach To Global Optimization*. Price, K.V. y Storn, R.M. y Lampinen, J.A. Springer. 2005.
- [23] *Differential evolution: in search of solutions*. Feoktistov, V. Springer, New York. 2006.
- [24] Direct linear transformation into object space coordinates in close-range photogrammetry, *Proc. Symp. Close-Range Photogrammetry*. Abdel-Aziz, YI and Karara, HM. Urbana: University of Illinois at Urbana-Champaign. vo. 18, 1971.