



HAL
open science

Segmentation de maillages 3D par l'exemple

Esma Elghoul

► **To cite this version:**

Esma Elghoul. Segmentation de maillages 3D par l'exemple. Synthèse d'image et réalité virtuelle [cs.GR]. Télécom ParisTech, 2014. Français. NNT : 2014ENST0051 . tel-01093509v2

HAL Id: tel-01093509

<https://inria.hal.science/tel-01093509v2>

Submitted on 18 Aug 2016

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



EDITE - ED 130

Doctorat ParisTech

T H È S E

présentée pour obtenir le grade de docteur délivré par

TELECOM ParisTech

Spécialité « Informatique et Réseaux »

présentée et soutenue publiquement par

Esmâ ELGHOUL

le 29/09/2014

Segmentation de maillages 3D par l'exemple

Directrice de thèse : **Anne VERROUST-BLONDET**

Jury

M. Titus ZAHARIA , Professeur à Télécom SudParis	Président
M. Mohamed DAOUDI , Professeur au LIFL, Télécom Lille 1	Rapporteur
M. Florent DUPONT , Professeur au LIRIS, Université Lyon 1	Rapporteur
M. Julien TIERNY , Chargé de recherche, Télécom ParisTech	Examineur
M. Mohamed CHAOUCH , Chercheur, CEA LIST	Examineur
Mme. Anne VERROUST-BLONDET , Chargée de recherche, Inria Paris-Rocquencourt	Directrice de thèse

TELECOM ParisTech

École de l'Institut Mines-Télécom - membre de ParisTech

46 rue Barrault 75013 Paris - (+33) 1 45 81 77 77 - www.telecom-paristech.fr

RESUME : Cette thèse présente une méthode de segmentation de modèles 3D en parties significatives ou fonctionnelles. La segmentation s'effectue par "transfert" d'une segmentation exemple : la segmentation d'un modèle est calculée en transférant les segments d'une segmentation exemple d'un objet appartenant à la même classe de modèles 3D. Pour ce faire, nous avons adapté et étendu la méthode de segmentation par les marches aléatoires et transformé notre problème en un problème de localisation et mise en correspondance de faces germes. Notre méthode comporte quatre étapes fondamentales : la mise en correspondance entre le modèle exemple et le modèle cible, la localisation automatique de germes sur le modèle cible pour initialiser les régions, le calcul des segments du modèle cible et l'amélioration de leurs frontières. En constatant que les critères de similarité diffèrent selon que les objets sont de type rigide (chaises, avions, . . .) ou de type articulé (humains, quadrupèdes, . . .), nous décomposons notre approche en deux. La première dédiée aux objets rigides, où la mise en correspondance est basée sur le calcul des transformations rigides afin d'aligner au mieux les parties significatives des deux objets comparés. La deuxième dédiée aux modèles articulés, où la mise en correspondance des parties fonctionnelles, présentant des variations de poses plus importantes, est basée sur des squelettes calculés via des diagrammes de Reeb. Nous montrons à travers des évaluations qualitatives et quantitatives que notre méthode obtient des résultats meilleurs que les techniques de segmentation individuelle et comparables aux techniques de co-segmentation avec un temps de calcul nettement inférieur.

MOTS-CLEFS : segmentation 3D, alignement, marches aléatoires, graphes Reeb

ABSTRACT : In this dissertation, we present a new method to segment 3D models into their functional parts. The segmentation is performed by a transfer approach : a semantic-oriented segmentation of an object is calculated using a pre-segmented example model from the same class (chairs, humans, etc.). To this end, we adapted and extended the random walk segmentation method which allowed us to transform our problem into a problem of locating and matching seed faces. Our method consists of four fundamental steps : establishing correspondences between the example and the target model, localizing seeds to initialize regions in the target model, computing the segments and refining their boundaries in the target model. We decomposed our approach in two, taking into account similarity criteria which differ regarding the object type (rigid vs. articulated). The first approach is dedicated to rigid objects (chairs, airplanes, etc.), where the matching is based on rigid transformations to determine the best alignment between the functional parts of the compared objects. The second one focused on articulated objects (humans, quadrupeds, etc.), where coarse topological shape attributes are used in a skeleton-based approach to cover larger pose variations when computing correspondences between functional parts. We show through qualitative and quantitative evaluations that our method improves upon individual segmentation techniques and obtains results that are close to the co-segmentation techniques results with an important calculation time reduction.

KEY-WORDS : 3D segmentation transfer, alignment, random walks, Reeb graph



*A ma famille,
à mon cher mari.*

Remerciements

Je tiens tout d'abord à remercier Pr. Mohamed Daoudi et Pr. Florent Dupont pour le temps qu'ils ont consacré à la lecture de mon manuscrit et pour leurs précieuses suggestions et remarques. Merci également à Dr. Julien Tierny, Dr. Mohamed Chaouch d'avoir accepté de faire partie de mon jury de thèse et à Pr. Titus Zaharia de l'avoir présidé.

Je tiens à manifester mes sincères remerciements à ma directrice de thèse Anne Verroust-Blondet pour son apport scientifique considérable ainsi que pour m'avoir donné de son temps et de son expérience sans parcimonie. Je lui suis également reconnaissante pour ses conseils et son soutien moral continu. Je la remercie infiniment pour avoir cru en moi, pour avoir su m'orienter et pour m'avoir soutenue généreusement à tous les stades de ce travail de thèse.

J'aimerais ensuite remercier l'équipe IMEDIA pour son atmosphère accueillant et pour l'esprit amical et collaboratif de ses membres. Ma gratitude va également à Mohamed Chaouch qui a beaucoup contribué à ces travaux de recherche et qui m'a aidée et encouragée tout au long de ces années.

Je tiens à remercier tout particulièrement Asma, ma copine de toujours, collègue de bureau et colocataire, qui a eu la patience de me supporter tous les jours et dans tous les moments. Je la remercie tout simplement pour être présente durant ces huit années d'études que nous avons partagées ensemble et pour s'être occupée de moi comme le ferait une vraie sœur.

Les mots ne suffisent pas pour exprimer ma reconnaissance à mon cher mari, Mohamed, pour avoir su me motiver au quotidien en témoignant de patience et d'amour. Je le remercie pour son soutien infatigable, sa joie de vivre et son accompagnement.

J'adresse ma profonde reconnaissance également à ma famille. Je pense à ma sœur Ons, mon frère Kais, mon père et plus particulièrement ma mère sans qui je n'aurais jamais pu faire de longues études ni mener à bout ce travail de thèse. Son soutien inconditionnel et sa confiance m'ont donné l'envie d'avancer et ont toujours été ma source d'inspiration.

Enfin, je remercie l'ensemble des thésards de l'Inria avec qui j'ai eu l'occasion de discuter et d'échanger, pour leur soutien moral et sincère amitié. Un grand merci aussi à tous mes amis et proches en Tunisie et en France pour le soutien qu'ils m'ont apporté durant cette thèse.

Résumé

Cette thèse présente une méthode de segmentation de modèles 3D en parties significatives ou fonctionnelles. La segmentation s'effectue par "transfert" d'une segmentation exemple : la segmentation d'un modèle est calculée en transférant les segments d'une segmentation exemple d'un objet appartenant à la même classe de modèles 3D.

Pour ce faire, nous avons adapté et étendu la méthode de segmentation par les marches aléatoires et transformé notre problème en un problème de localisation et mise en correspondance de faces germes. Notre méthode de transfert de segmentation comporte quatre étapes fondamentales : la mise en correspondance entre le modèle exemple et le modèle cible, la localisation automatique de germes sur le modèle cible servant à initialiser les régions, le calcul des segments du modèle cible et l'amélioration des frontières des segments créés.

En étudiant le problème de la mise en correspondance des parties similaires d'une paire d'objets provenant de la même classe sémantique (chaise, avion, etc.), nous avons constaté que les critères de similarité à prendre en compte pour établir ces correspondances diffèrent selon que les objets sont de type rigide (chaises, avions, etc..) ou de type articulé (humains, quadrupèdes, etc.). Pour mieux gérer les deux types d'objets, nous décomposons notre approche en deux :

Une première approche, dédiée aux objets rigides, où la mise en correspondance est basée sur le calcul des transformations rigides permettant d'aligner au mieux les parties significatives des deux objets comparés.

Une deuxième approche de segmentation, dédiée aux modèles articulés. Elle se caractérise par une étape importante de pré-traitement des objets. Cette phase permet d'amorcer la mise en correspondance des parties fonctionnelles de ces modèles, qui présentent généralement des variations de poses importantes. L'algorithme introduit une paramétrisation de la surface des objets basée sur des squelettes calculés via des diagrammes de Reeb pour associer les parties de l'objet exemple pré-segmenté à leurs homologues dans le modèle cible.

Nous montrons à travers des évaluations qualitatives et quantitatives que notre approche est une méthode rapide qui améliore les résultats obtenus par les techniques de segmentation individuelle et obtient des résultats comparables aux techniques de co-segmentation avec un temps de calcul nettement inférieur.

Table des matières

1	Introduction	29
1.1	Motivations	29
1.2	Objectifs	30
1.3	Contributions	31
1.4	Organisation de la thèse	31
2	Segmentation de modèles polyédriques en parties significatives : état de l'art	33
2.1	Représentation numérique des modèles 3D	33
2.2	Les maillages triangulaires	34
2.3	Segmentation des modèles polyédriques	36
2.3.1	Formulation du problème de segmentation d'un maillage	36
2.3.2	Les applications de la segmentation 3D	38
2.4	Segmentations individuelles en parties significatives	40
2.4.1	La croissance de région	40
2.4.2	La croissance de régions à sources multiples	41
2.4.3	La classification hiérarchique	42
2.4.4	La classification itérative	43
2.4.5	L'analyse spectrale	44
2.4.6	Les méthodes implicites	45
2.4.7	Les méthodes statistiques	48
2.4.8	Conclusion	51
2.5	Co-segmentation de modèles 3D	51
2.5.1	Co-segmentation et correspondance	52
2.5.2	Méthodes supervisées	53
2.5.3	Méthodes non-supervisées	54
2.5.4	Méthodes semi-supervisées	58
2.5.5	Discussion	58

2.6	Évaluation de la segmentation 3D	60
2.6.1	Bases de modèles 3D	60
2.6.2	Métriques d'évaluations	63
2.7	Problématique de transfert de segmentation	65
2.7.1	Problématique traitée	65
2.7.2	Hypothèse globale [<i>H1</i>]	66
2.7.3	Hypothèse [<i>H2</i>] concernant les modèles rigides	67
2.7.4	Hypothèse [<i>H3</i>] concernant les modèles articulés	67
2.7.5	Principe de la méthode de segmentation par l'exemple	67
3	Marches aléatoires pour la segmentation 3D	71
3.1	Principe de la méthode des marches aléatoires	71
3.2	Contexte théorique	72
3.3	Etude de cas	74
3.3.1	Influence du positionnement des germes	74
3.3.2	Dépendance de l'emplacement du germe en absence de concavités	75
3.3.3	Sensibilité aux concavités non frontalières	77
3.3.4	Segmentation robuste des maillages bruités	77
3.3.5	Effet de l'ajout de germes sur la même région	78
3.4	Transfert de segmentation par les marches aléatoires	80
3.4.1	Cas des modèles rigides : marches aléatoires étendues aux germes multiples	80
3.4.2	Cas des modèles articulés : filtrage des faces concaves du maillage	81
4	Transfert de segmentation pour les modèles 3D rigides	83
4.1	Aperçu de la méthode	83
4.2	Processus d'alignement	84
4.3	Stratégie de localisation des germes et segmentation du modèle cible .	86
4.3.1	Localisation des pseudo-germes sur le modèle exemple	87
4.3.2	Stratégie de placement des germes sur le modèle cible	87
4.4	Amélioration des frontières	90
4.5	Expériences et résultats	95
4.5.1	Résultats multi-germes VS mono-germes	95
4.5.2	Comparaison avec l'état de l'art	99
4.5.3	Validation de l'hypothèse [<i>H1</i>]	102
4.5.4	Performance	102
4.5.5	Limitations	102

4.5.6	Extension	103
5	Transfert de segmentation pour les modèles 3D articulés	105
5.1	Aperçu de la méthode	105
5.2	Graphe de Reeb	106
5.3	Mise en correspondance entre les modèles exemple et cible	109
5.3.1	Détermination de la structure globale d'un maillage	110
5.3.2	Localisation des segments du modèle exemple par rapport à sa structure	112
5.3.3	Construction du graphe commun de correspondance	115
5.4	Localisation des germes et segmentation du modèle cible	117
5.5	Lissage des frontières	118
5.6	Résultats	121
5.6.1	Evaluation qualitative	121
5.6.2	Evaluation quantitative	124
5.6.3	Limitations	127
6	Conclusion	129
6.1	Bilan	129
6.2	Perspectives	130
	Annexes	133
A	Evaluation de la segmentation par l'exemple : protocole et mesures utilisées	135
B	Résultats visuels de segmentation par transfert	141
	Bibliographie	141

Table des figures

2.1	Une portion de maillage et son graphe dual (en gris).	35
2.2	Deux segmentations de types différents : à droite, une segmentation en carreaux de surface ; à gauche, une segmentation en parties significatives (figure provenant de [Sha08]).	38
2.3	Construction automatique d'un squelette d'animation, Katz et al. [KT03]. 39	
2.4	Recombinaison par parties entre un vélo et un moto par le système de Jain et al. [JTRS12]	39
2.5	Etapas d'une segmentation du système Shuffler (figure provenant de [KJS07])	41
2.6	Stratégies de l'approche de la ligne de partage des eaux. (a) Approche "ascendante", (b) Approche "descendante".	42
2.7	Segmentations hiérarchiques obtenues par ajustement de cylindres aux segments du cheval [AFS06]	42
2.8	Groupage flou et décomposition binaire par la méthode de Katz et al. [KT03]	44
2.9	Résumé et résultats de la méthode de la projection spectrale et d'analyse de contour de Liu et Zhang [LZ07]	45
2.10	Segmentation avec la fonction de diamètre de forme (SDF) [SSCO08] .	46
2.11	Processus de la segmentation basée sur le périmètre minimal de tranche (MSP) [HC12]	46
2.12	Construction de courbe squelette par contraction de maillage [ATC ⁺ 08]	48
2.13	Extraction de squelette topologique amélioré [TVD07].	48
2.14	Résumé de l'approche des coupe randomisées [GF08]	49
2.15	Différentes étapes de la méthode de segmentation par les marches aléatoires de Lai et al. [LHMR09]	49
2.16	Etiquetage sémantique probabiliste déterminé pour les faces d'un modèle cible, à partir d'un ensemble d'apprentissage [vKTS ⁺ 11]	53

2.17	Segmentation par la méthode de Benhabiles et al. [BLVD11] d'un modèle humain dans des poses différentes	54
2.18	Co-segmentation par classification des styles [XLZ ⁺ 10]	55
2.19	Vue d'ensemble des étapes de la co-segmentation non-supervisée de Sidi et al [SvKK ⁺ 11]	56
2.20	Illustration de la <i>co-hiérarchie structurelle</i> [vKXZ ⁺ 13]. Les arbres représentatifs finaux (en rouge, vert et bleu) de trois modèles de chaise différents sont unifiés en un seul arbre composé	57
2.21	Exemple d'ajout de contraintes durant l'apprentissage actif de [WAvK ⁺ 12]. Contrainte "il ne peut y avoir un lien" en rouge et contrainte "il faut lier" en bleu	58
2.22	Dans la segmentation du pieuvre, les tentacules sont assimilées aux pattes de la fourmi par la méthode de [HKG11]. Exemples extraits de la figure 6 de [HKG11].	59
2.23	Les différentes classes d'objets du benchmark de segmentation de Princeton (figure extraite de [CGF09]). Un échantillon de chaque catégorie est montré avec les contours des segments sélectionnés manuellement par différentes personnes.	60
3.1	Segmentations du même modèle avec deux choix de germes différents.	75
3.2	Décomposition correcte d'un modèle d'oiseau présentant des frontières de concavité peu marquée et un choix favorable de germes.	76
3.3	Propagation incorrecte de la segmentation du modèle d'oiseau due à l'absence de concavité sur de longues frontières et un choix défavorable de germes.	76
3.4	Sensibilité en présence de concavités non frontalières.	77
3.5	Segmentation robuste des modèles bruités.	78
3.6	Ajout de germes pour segmenter la chaise en 8 parties significatives. A gauche : 1 germe par segment, 8 en total ; au milieu : 2 germes par segment, 16 en total ; à droite : 5 germes par segment, 40 en total. . .	78
3.7	Ajout de germes pour segmenter l'avion en 6 parties significatives. A gauche : 1 germe par segment, 6 en total ; au milieu : 2 germes par segment, 12 en total ; à droite : 5 germes par segment, 30 en total. . .	79
4.1	Processus de segmentation par l'exemple d'objets rigides	84
4.2	Utilisation des images de silhouettes pour aligner M_T à M_E	85
4.3	Stratégie de placement des germes sur M_T	88

4.4	Améliorations apportées par l'approche multi-germes	89
4.5	Amélioration des frontières des segments créés pour les objets rigides .	92
4.6	Comparaison entre l'approche multi-germes après amélioration des frontières et l'approche mono-germe à travers les scores (%) du taux d'identification (Recognition Rate) évalués pour différentes classes de modèles 3D rigides.	96
4.7	Évaluation quantitative de la qualité des segmentations produites par notre approche en utilisant les métriques d'erreurs du PSB [CGF09] (de (a) à (d)) et évaluation de la stabilité des résultats avec la métrique AEI de Liu et al. [LTBZ13] en (e)	98
4.8	Scores de l'erreur de segmentation donnée par l'indice de Rand. les termes "Exemples", "SB3" et "JointAll" correspondent respectivement à nos modèles exemples pré-segmentés, à l'approche supervisée [KHS10] avec 3 modèles d'apprentissage et à l'approche non-supervisée [HKG11] dans la condition "JointAll" retournant les meilleurs scores. Un faible indice de Rand indique une forte similarité avec les segmentations manuelles.	100
4.9	Résultats de segmentation par transfert présentés pour une variété de modèles exemples. M_E est à gauche de la ligne verticale et les modèles segmentés à sa droite. Nous avons obtenus de bons résultats, même en modifiant le style de segmentation comme montré pour les ensembles de chaises.	101
4.10	Utilisation combinée de deux styles de segmentations exemplaires (les deux chaises du milieu) pour obtenir le résultat souhaité sur le modèle cible (la chaise à droite).	104
5.1	Évolution des lignes de niveaux de la fonction hauteur sur un modèle de tore et construction du graphe de Reeb associé à partir de l'ensemble des points critiques.	107
5.2	Construction du graphe grossier du modèle à partir de son graphe de Reeb	110
5.3	Filtrage des petites arêtes externes en prenant $\tau_1 = 0.18$. En haut, sans trier au préalable par poids croissant : le filtrage réduit le graphe à un noeud. En bas, en triant : il reste une arête. Figure extraite de [AHL07].	112
5.4	Évolution de la fonction h sur des modèles articulés et graphe topologique obtenu après le filtrage du graphe de Reeb associé à h	113

5.5	Pocessus de transfert de segmentation pour les modèles articulés	114
5.6	Détection de l'axe de symétrie	116
5.7	Lissage des frontières des segments de modèles articulés	119
5.8	Segmentations cohérentes des modèles de cheval et de girafe par l'ap- proche de Golovinskiy et al. [GF09] (a), et par notre approche (b). . . .	121
5.9	Comparaison avec les méthodes de segmentations individuelles.	122
5.10	Résultats de segmentation par transfert présentés pour une variété de modèles articulés	123
5.11	Évaluation quantitative de la qualité des segmentations des modèles articulés par notre approche en utilisant les métriques RI, CD, HD, GCE, LCE et AEI.	125
5.12	Scores de RI pour la comparaison de l'approche des modèles articulés avec l'état de l'art	126
5.13	Étiquetage des segments des modèles articulés par Kalogerakis et al. [KHS10]. Figure extraite de [KHS10].	127
5.14	Comparaison avec l'approche supervisée de Kalogerakis et al. [KHS10] : Scores (%) du taux d'identification sur trois classes de modèle articulé.	127

Liste des tableaux

2.1	Tableau récapitulatif des méthodes de segmentation en parties significatives.	50
2.2	Tableau résumant les principales caractéristiques des benchmarks et bases de modèles 3D disponibles pour l'évaluation des méthodes de segmentation en parties significatives.	62
2.3	Tableau récapitulatif des métriques d'évaluation quantitative comparant une segmentation automatique \mathcal{S}_M^a d'un modèle par rapport à l'une de ses segmentations vérité-terrain \mathcal{S}_M^{vt} ou, pour certaines métriques, par rapport à tout l'ensemble $\{\mathcal{S}_M^{vt}\}$	63
3.1	Durée de calcul des segmentations de la chaise de la figure 3.6 avec différents nombres de germes par segment	78
3.2	Durée de calcul des segmentations de l'avion de la figure 3.7 avec différents nombres de germes par segment	79
4.1	Comparaison des segmentations multi-germes (2-G) après et avant l'amélioration des frontières (AF) et des segmentations mono-germes (1-G), toujours par rapport aux segmentations vérité-terrain.	97
4.2	Scores (%) du taux d'identification sur 3 classes; Comparaison avec l'approche supervisée de Kalogerakis et al. : SB3 correspond au scores du tableau 1 dans [KHS10] avec 3 modèles utilisés chaque fois pour l'apprentissage.	100

Liste des symboles

- (l_i, r^i) Valeurs utilisées dans la paramétrisation des segments de M_E induite par le graphe $\Gamma(M_E)$, page 112
- (x, y, z) Coordonnées spatiales d'un point, page 34
- δ Impulsion unitaire de Dirac, page 93
- η Paramètre introduit dans la mesure d_a pour donner la priorité aux arêtes concaves, page 73
- $\Gamma(\mathcal{M})$ Graphe grossier représentant la structure globale du maillage \mathcal{M} , page 110
- λ Paramètre de pondération utilisé dans l'énergie $\mathcal{E}(\mathcal{L})$, page 91
- \mathcal{E} Ensemble des arêtes du maillage, page 34
- \mathcal{F} Ensemble des faces du maillage, page 34
- \mathcal{V} Ensemble des sommets du maillage, page 34
- \mathcal{C} Classe d'objets 3D (chaise, quadrupèdes, etc.), page 68
- \mathcal{G} Complexe simplicial associé au maillage, page 34
- \mathcal{L} Nouvel étiquetage obtenu par l'algorithme de coupe de graphe, page 91
- \mathcal{M} Maillage triangulaire 2-variété, page 35
- \mathcal{N} L'ensemble de toutes les paires de faces adjacentes du maillage, page 92
- $\mathcal{Q}_{ext}(M_E)|_{M_T}$ File permettant d'identifier les segments de M_E qui ne sont pas associés à des parties de M_T , page 117
- $\mathcal{Q}_{ext}(M_T)|_{M_E}$ File permettant d'identifier les parties de M_T qui ne sont pas associées à des segments de M_E , page 117
- \mathcal{S} Segmentation du maillage, page 36
- \mathcal{S}_M^{vt} Segmentation vérité-terrain du maillage, page 63

- \mathcal{Z} Zone de recherche de la coupe minimale, page 118
- $\mathcal{E}_d(\mathcal{L})$ Energie de données dans $\mathcal{E}(\mathcal{L})$, page 91
- $\mathcal{E}_s(\mathcal{L})$ Energie de lissage dans $\mathcal{E}(\mathcal{L})$, page 91
- \mathcal{G}_E Graphe d'adjacence des segments du modèle exemple, page 91
- \mathcal{G}_T Graphe d'adjacence des segments du modèle cible, page 94
- \mathcal{P}'_i Plan servant à guider la localisation du deuxième germe de S_T^i , page 90
- \mathcal{P}_i Plan déduit de l'ACPC de S_E^i pour calculer le deuxième germe de S_T^i , page 90
- \mathcal{S} Surface d'un objet 3D, page 34
- \mathcal{V} Potentiel d'interaction des étiquettes des faces adjacentes, page 92
- $\overrightarrow{n_{i,1}}$ Forme avec $\overrightarrow{n_{i,2}}$ et $\overrightarrow{n_{i,3}}$ les trois vecteurs principaux décrivant l'alignement local du segment S_E^i , page 89
- τ_1 Seuil pour filtrer les arêtes externes du graphe $R(\mathcal{M}, h)$, page 111
- τ_2 Seuil pour filtrer les arêtes internes du graphe $R(\mathcal{M}, h)$, page 111
- E Nombre d'arêtes du maillage, page 34
- F Nombre de faces du maillage, page 34
- V Nombre de sommets du maillage, page 34
- θ Angle dièdre entre deux faces adjacentes, page 73
- $\Upsilon(M_E, M_T)$ Graphe commun de correspondance entre M_E et M_T , page 115
- B_i Vecteur creux utilisé dans la résolution du système linéaire dans l'algorithme des marches aléatoires, page 73
- $cap(f, f')$ Capacité de l'arc qui relie deux faces adjacentes f et f' , page 92
- D'_i demi-doite orientée utilisée pour localiser le deuxième germe de S_T^i , page 90
- e ou e_i Une arête du maillage, page 34
- F Fonction scalaire de \mathbb{R}^3 dans \mathbb{R} , page 34
- f ou f_i Une face du maillage, page 34
- g Genre du maillage, page 35
- G_d Graphe dual du maillage, page 35
- h Fonction scalaire servant à construire le graphe de Reeb, page 106

- h_l Facteur utilisé pour normaliser les probabilités de transition, page 73
- L_f Nouvelle étiquette attribuée à une face f après l'amélioration des frontières des segments, page 91
- M_E Modèle exemple segmenté, page 68
- M_T Modèle cible à segmenter, page 68
- $mathcal{A}$ Fonction indicatrice de l'ensemble des couples de segments adjacents d'une segmentation, page 94
- N Nombre de segments, page 68
- p_i Position du sommet v_i , page 34
- $P_{low}(\mathcal{M}, h)$ Partitionnement de bas niveau de la surface, associé au graphe $\Gamma(\mathcal{M})$, page 112
- $R(\mathcal{M}, h)$ Graphe de Reeb d'une fonction scalaire h associée à un maillage triangulaire \mathcal{M} , page 107
- S^i Segment d'indice i du maillage, page 36
- S_E^i Segment d'indice i du modèle exemple, page 68
- s_i Face germe du segment d'indice i , page 72
- S_T^i Segment d'indice i du modèle cible, page 68
- u_1 Paramètre pour pénaliser la création de coupes entre les segments, page 94
- u_2 Paramètre pour favoriser la création de coupes entre les segments, page 94
- v ou v_i Un sommet du maillage, page 34
- v_{source} Point source situé sur la tête d'un modèle articulé, page 109
- P_N Partitionnement du graphe dual en N parties, page 36
- \mathcal{L}_b Nouvel étiquetage binaire obtenu par l'algorithme de la coupe minimale, page 119
- $\mathcal{E}(\mathcal{L})$ Fonction d'énergie minimisée dans la phase d'amélioration des frontières des segments de modèles rigides, page 91
- $\mathcal{E}_{cut}(\mathcal{L}_b)$ Fonction d'énergie minimisée dans la phase de lissage des frontières des segments de modèles articulés, page 119
- $\mathcal{E}_R(\mathcal{L}_b)$ Energie de frontière dans $\mathcal{E}_{cut}(\mathcal{L}_b)$, page 120
- $\mathcal{E}_R(\mathcal{L}_b)$ Energie de région dans $\mathcal{E}_{cut}(\mathcal{L}_b)$, page 120

- $A_{m \times m}$ Matrice creuse utilisée dans la résolution du système linéaire dans l'algorithme des marches aléatoires, page 73
- c_i Centre de gravité du segment d'indice i , page 87
- $d_a(f_l, f_{l,j})$ Mesure de concavité basée sur l'angle dièdre entre les faces, page 73
- $P^i(f_l)$ Probabilité qu'une marche aléatoire partant de la face f_l atteigne d'abord le germe s_i , page 73
- $p_{l,j}$ Probabilité de transition entre deux faces adjacentes f_l et $f_{l,j}$, page 73
- V_i^G Sous-ensemble connexe d'indice i du graphe dual, page 36
- $w(\vartheta_i, \vartheta_j)$ Poids associés aux arêtes du graphe $R(\mathcal{M}, h)$, page 111

Chapitre 1

Introduction

1.1 Motivations

Grâce au développement de dispositifs d'acquisition de formes 3D et aux avancées dans les outils de modélisation interactive, le nombre et la diversité des bases de modèles 3D disponibles sur internet, comme la 3D Warehouse de SketchUp, sont en augmentation. L'analyse de haut niveau des formes 3D constitue une tâche primordiale dans de nombreuses applications. En effet, la modélisation de nouvelles formes par composition, l'édition de maillages ou la recherche par le contenu d'objets 3D, requièrent la compréhension de l'information sémantique associée à ces formes 3D.

Cependant, la plupart des bases de modèles 3D accessibles en ligne ne contiennent pas ce genre d'information et ne permettent pas de déduire les relations entre les maillages des différents objets. Elles contiennent généralement peu d'information sémantique et ne disposent pas des décompositions cohérentes des modèles en leurs parties significatives. Or ceci peut s'avérer très utile si l'on veut créer de nouvelles formes par assemblage de parties de modèles existants.

En effet, ce type d'application requiert de segmenter les modèles en parties significatives (fonctionnelles), et de trouver quelles parties peuvent être mises en correspondance à travers la base de données. Cette application peut utiliser notamment une indexation de formes par parties et des algorithmes conçus pour extraire automatiquement les relations sémantiques et structurelles des modèles appartenant à ces grandes bases.

De tels algorithmes sont habituellement basés sur l'analyse des formes 3D. Cette analyse peut s'effectuer localement ou globalement. L'analyse locale est axée sur les propriétés locales de la surface de l'objet, comme l'estimation des tenseurs de courbure locale. Toutefois, cette approche locale peut s'avérer insuffisante pour décrire

correctement la sémantique de l'objet. Les propriétés locales peuvent par contre être utiles dans une approche globale.

En effet, l'analyse globale d'une forme prend en compte la géométrie de l'objet en entier afin d'en extraire les propriétés globales inhérentes. Elle est utilisée pour calculer la segmentation de formes en parties significatives [AKM⁺06, Sha08], la segmentation de séquences de maillages [Arc11, ACH⁺13], la détection de symétrie [MPWC12] et la mise en correspondance de formes [vKZHCO11]. Ces méthodes peuvent servir à leur tour pour la reconnaissance de formes [TV08, QJQ08], l'indexation par parties [BMSF06] ou encore l'annotation sémantique [ARSF09]. Nous nous intéressons dans cette thèse à la segmentation de formes 3D, qui est un domaine de recherche très actif.

Les techniques de segmentation trouvent leur utilité dans de nombreuses applications : outre les applications citées ci-dessus, elles sont aussi très efficaces dans les processus de modélisation et d'animation de modèles 3D. La tendance actuelle entraînée par la mise en place de grandes bases généralistes de modèles 3D, est de considérer un ensemble composé de plusieurs modèles similaires dans le processus de segmentation, au lieu de considérer chaque modèle séparément. Un tel procédé permet d'aboutir à des segmentations sémantiques cohérentes, plus robustes et moins biaisées par rapport à d'éventuelles irrégularités de la surface de l'objet.

1.2 Objectifs

L'objectif principal de la thèse est de concevoir et développer une méthode de segmentation d'un objet 3D en parties sémantiquement significatives. Celle-ci doit produire des résultats convenables dans un temps raisonnable. Comme les méthodes de segmentation individuelle ne peuvent pas satisfaire de telles exigences dans le cas général, nous avons choisi d'utiliser la connaissance de l'utilisateur pour remédier à ce problème. L'idée est de calculer une segmentation de chaque objet à partir de la donnée d'un modèle exemple appartenant à la même classe d'objets, celui-ci étant déjà segmenté en des parties sémantiques. L'approche reposera donc sur les propriétés caractéristiques des objets (symétries, courbures, distance géodésique, etc.) et sur l'information sémantique supplémentaire incorporée par l'utilisateur.

Une stratégie appropriée doit être mise en place pour déterminer les correspondances entre les parties fonctionnelles des objets à l'intérieur d'une même classe sémantique (chaise, table, humain, etc.). Pour aboutir à des résultats satisfaisants pour tous les types de modèles 3D, nous avons adopté deux démarches différentes selon

que l'objet soit rigide (chaises, tables, vases, etc..) ou articulé (humains, quadrupèdes, pieuvres, etc..). Nous cherchons à obtenir :

- des segmentations cohérentes des modèles issus d'une même classe : la même étiquette sémantique doit être associée aux parties ayant la même fonctionnalité dans les différents modèles de la classe.
- un temps de réponse assez court pour que la méthode soit adaptée aux applications interactives.

1.3 Contributions

Hormis la segmentation par l'exemple, les contributions de cette thèse sont les suivantes :

- Une extension de la méthode de segmentation par les marches aléatoires permettant une initialisation de la segmentation avec plusieurs germes par segment.
- Une méthode simple pour aligner deux objets 3D rigides appartenant à une même classe de modèles rigides. La méthode associe les parties fonctionnelles des deux modèles 3D entre elles.
- Un algorithme pour associer les parties du modèle exemple pré-segmenté à leurs homologues dans le modèle cible articulé . Comme les parties fonctionnelles des modèles articulés présentent généralement des variations de poses importantes, cet algorithme est basée sur la mise en correspondance des squelettes grossiers des objets.
- Un algorithme robuste et automatique localisant les germes sur le modèle cible. Ces germes utilisés comme entrée de l'algorithme des marches aléatoires conduisent à la segmentation significative du modèle cible et à la mise en correspondance des segments calculés et des segments du modèle exemple.
- Un processus original visant à améliorer les frontières des segments calculés pour les modèles rigides. Ce processus lisse les frontières et rétablit les adjacences des segments de chaque modèle cible en tenant compte des adjacences des segments du modèle exemple.

1.4 Organisation de la thèse

Cette thèse est organisée en six chapitres.

- En premier lieu, nous présentons les problèmes de la segmentation sémantique et de la co-segmentation de maillages 3D et nous passons en revue les différentes

méthodes et études s’y rapportant dans la littérature. Dans la dernière section de ce chapitre, nous décrivons de manière détaillée la problématique traitée et nous posons les différentes hypothèses prises en compte dans sa résolution.

- Le chapitre 3 présente une étude de la segmentation interactive par l’algorithme des marches aléatoires et notre contribution quant à l’utilisation de cet algorithme pour la segmentation par l’exemple.
- Les chapitres 4 et 5 sont consacrés respectivement à la segmentation par l’exemple de modèles rigides et à celle de modèles articulés. Nous décrivons les étapes composant chaque approche dans le chapitre dédié. Les résultats et les évaluations, ainsi que les améliorations apportées par chaque approche proposée sont présentés à la fin de chaque chapitre.
- Finalement, en conclusion, les idées essentielles, les principaux résultats qui ressortent de ce travail et les pistes pour des travaux futurs sont présentés.

Deux annexes complètent ce mémoire :

- la première décrit le protocole et les mesures utilisés lors de l’évaluation de notre approche ;
- la seconde présente des résultats visuels de segmentation par transfert.

Liste de publications

- Esma Elghoul, Anne Verroust-Blondet. A segmentation transfer method for articulated models. *Eurographics, papier court, Gérone, Espagne 2013*.
- Esma Elghoul, Anne Verroust-Blondet et Mohamed Chaouch. Segmentation par l’exemple de modèles 3D rigides. *Coresa, Le Creusot, France, 2013*.
- Esma Elghoul, Anne Verroust-Blondet et Mohamed Chaouch. A segmentation transfer approach for rigid models. *Journal of Information Science and Engineering, 2014, accepté pour publication*.

Chapitre 2

Segmentation de modèles polyédriques en parties significatives : état de l'art

Ce chapitre dresse un état de l'art des principales méthodes de segmentation de modèles polyédriques existant dans la littérature. Nous nous intéressons ici plus particulièrement aux approches décomposant l'objet 3D en parties significatives ou fonctionnelles. Ces méthodes peuvent se décomposer en deux grandes familles :

- **Les segmentations individuelles**, qui calculent la segmentation d'un modèle 3D seul.
- **Les co-segmentations**, où la segmentation d'un modèle est construite en tenant compte de la connaissance d'un ensemble de modèles similaires, segmentés ou non.

Avant de décrire ces approches, rappelons les principales notions relatives aux modèles polyédriques utilisées dans cette thèse.

2.1 Représentation numérique des modèles 3D

L'efficacité croissante des moyens d'acquisition de formes 3D et des logiciels de CAO est, pour une part, due à la bonne représentation numérique des objets tridimensionnels. Différentes structures de données ont été conçues pour être adaptées aux contextes d'acquisition et de création de ces objets ainsi qu'à leurs traitements. On distingue trois grands types de représentations :

- *Les représentations volumiques*, comme les voxels. Elles sont souvent utilisées dans des contextes de modélisation physique (imagerie médicale, analyse de

données scientifiques, etc.).

- *Les représentations surfaciques implicites.* La surface \mathcal{S} de l'objet 3D est définie comme l'isosurface de niveau zéro d'une fonction scalaire $F : \mathbb{R}^3 \rightarrow \mathbb{R}$, c.à.d, $\mathcal{S} = \{(x, y, z) \in \mathbb{R}^3 \mid F(x, y, z) = 0\}$. Cette fonction F permet, en outre, de déterminer si un point de \mathbb{R}^3 est à l'intérieur du modèle et de calculer sa distance à la surface.
- *Les représentations surfaciques explicites.* Parmi ces représentations, on retrouve les maillages polygonaux et les surfaces paramétriques (NURBS, surfaces de subdivision, etc.). Par rapport aux NURBS et aux surfaces de subdivision, les maillages polygonaux n'ont pas de contraintes géométriques ou topologiques imposées et peuvent ainsi être considérés comme les plus flexibles des représentations surfaciques. Les triangles sont les primitives élémentaires les plus simples pour représenter les faces polygonales. En outre, tout maillage polygonal peut être ramené à un maillage triangulaire par une triangulation de chacune de ses faces, sans modifier la surface (cf. le tutoriel de Botsch et al. [BPR⁺06] pour une étude détaillée des maillages triangulaires et de leurs traitements géométriques).

Nous nous intéressons dans ce manuscrit aux objets tridimensionnels représentés par des maillages triangulaires. La prochaine section est une présentation rapide des définitions et notions concernant ces maillages.

2.2 Les maillages triangulaires

Définition 1 *Un maillage triangulaire \mathcal{M} est défini par des données de type topologique et de type géométrique.*

Les informations topologiques décrivent la connectivité des faces du maillage et sont données par le graphe $\mathcal{G} = \{\mathcal{V}, \mathcal{E}, \mathcal{F}\}$ où :

$\mathcal{V} = \{v_1, \dots, v_v\}$ est l'ensemble des sommets,

$\mathcal{E} = \{e_1, \dots, e_E \mid \forall i \in \{1, \dots, E\}, \exists v, v' \in \mathcal{V} \text{ tels que } v \neq v', \text{ et } e_i = (v, v') = (v', v)\}$ l'ensemble des arêtes et

$\mathcal{F} = \{f_{i,j,k} = (v_i, v_j, v_k) \mid v_i, v_j, v_k \in \mathcal{V} \text{ et } (v_i, v_j), (v_j, v_k), (v_k, v_i) \in \mathcal{E}\}$ l'ensemble des faces triangulaires du maillage.

L'information géométrique est donnée par le plongement géométrique de la surface maillée \mathcal{M} dans \mathbb{R}^3 . Il est obtenu en assignant une position $p_i = (x_i, y_i, z_i)$ de \mathbb{R}^3 à chaque sommet v_i de \mathcal{V} .

A partir de la description topologique \mathcal{G} d'un maillage \mathcal{M} , on peut repérer les faces adjacentes du maillage et construire le graphe dual de \mathcal{G} .

Définition 2 Deux faces de \mathcal{M} sont dites adjacentes si et seulement si elles ont une arête de \mathcal{E} en commun.

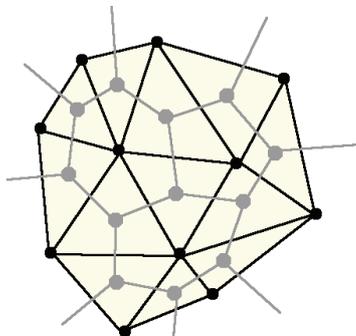


FIGURE 2.1 – Une portion de maillage et son graphe dual (en gris).

Définition 3 Le graphe dual $G_d = (V^G, E^G)$ du graphe primal \mathcal{G} du maillage \mathcal{M} est construit de la façon suivante (voir figure 2.1) :

- Les noeuds de G_d correspondent aux faces de \mathcal{M}
- Les arêtes de G_d relient les noeuds de G_d correspondant aux faces adjacentes dans \mathcal{M} .

Introduisons maintenant les notions de 2-variété et de genre d'un maillage.

Définition 4 Un maillage \mathcal{M} est 2-variété (ou 2-manifold) si chaque sommet v de \mathcal{G} a un voisinage homéomorphe à un disque (ou à un demi-disque sur les sommets de bord).

Définition 5 Un maillage \mathcal{M} 2-variété sans bord est un maillage 2-variété qui ne contient aucune arête de bord, c.à.d aucune arête incidente à une seule face.

Définition 6 Un maillage 2-variété \mathcal{M} est de genre g s'il contient g "trous". Si V est le nombre de sommets, E est le nombre des arêtes et F est le nombre de faces de \mathcal{M} , ces nombres et le genre g sont liés par la relation d'Euler : $V - E + F = 2(1 - g)$.

Dans cette thèse, nos méthodes sont adaptées au traitement de maillages triangulaires 2-variété (appelés aussi 2-Manifold). La problématique de la segmentation sera envisagée uniquement pour ce type de surfaces. Dorénavant, \mathcal{M} désignera un maillage triangulaire 2-variété de graphe $\mathcal{G} = \{V, E, F\}$ associé.

2.3 Segmentation des modèles polyédriques

Segmenter un modèle polyédrique consiste à décomposer sa surface en un ensemble de régions, appelées segments. Chaque segment est une partie connexe de la surface composée d'un ensemble d'éléments du maillage qui satisfont des propriétés géométriques ou qui sont associés à des attributs pertinents liés à la sémantique de la forme. Les études comparatives [AKM⁺06, Sha08, CGF09] sur les techniques de segmentation des maillages 3D différencient les approches géométriques de celles axées sur la sémantique. Dans cette section, nous présentons le problème de la segmentation d'un maillage et les différentes applications relatives à chaque type de segmentation en examinant plus particulièrement les applications directes de la segmentation en parties significatives.

2.3.1 Formulation du problème de segmentation d'un maillage

Considérons un maillage triangulaire 2-variété \mathcal{M} et son graphe $\mathcal{G} = \{\mathcal{V}, \mathcal{E}, \mathcal{F}\}$ associé. Si nous considérons que les segments sont constitués de faces du maillage, une segmentation de \mathcal{M} correspond à une partition de l'ensemble de ses faces \mathcal{F} . En utilisant le graphe dual G_d de \mathcal{G} , une segmentation de \mathcal{M} peut être définie comme suit :

Définition 7 Une segmentation $\mathcal{S} = \{S_1, \dots, S_N\}$ de \mathcal{M} en N segments est induite par le partitionnement $P_N = \{V_1^G, \dots, V_N^G\}$ de son graphe dual G_d en N sous-ensembles disjoints et non vides de nœuds :

$$\begin{cases} \forall V_i^G \in P_N, & V_i^G \neq \emptyset \text{ et } V_i^G \subset V^G \\ \bigcup_{i=1..N} V_i^G = V^G \\ \forall (V_i^G, V_j^G) \in P_N^2, & i \neq j \Rightarrow V_i^G \cap V_j^G = \emptyset. \end{cases} \quad (2.1)$$

Chaque segment S_i correspond à un sous-maillage de \mathcal{M} composé (i) des faces correspondant au nœuds du sous-ensemble V_i^G , (ii) de tous les sommets de ces faces triangulaires et (iii) de toutes les arêtes de \mathcal{M} reliant ces sommets.

Les segments doivent, en outre, posséder la propriété de connexité : chaque segment S^i constitue une région connexe de la surface et le sous graphe de G_d construit à partir des nœuds correspondants aux faces appartenant à S^i est connexe.

Construire une segmentation consiste à attribuer un nombre i à chaque face du maillage, ce nombre correspondant à l'indice du segment S^i contenant cette face.

Dans certains travaux, notamment dans le cas de la co-segmentation d'un ensemble de maillages 3D (cf. section 2.5), des étiquettes sémantiquement significatives

sont associées aux faces. En fait, elles permettent d'identifier de manière cohérente les parties qui possèdent la même "fonctionnalité" dans des objets similaires. Par conséquent, la contrainte de connexité n'est pas toujours satisfaite. Par exemple, les faces associées aux quatre pattes d'un quadrupède ont la même étiquette "pattes". Dans ce cas, un sous-étiquetage de ces parties de surface est nécessaire pour retrouver la propriété de connexité et obtenir une segmentation.

Définition 8 *Etant donnée une segmentation \mathcal{S} d'un maillage \mathcal{M} , les frontières de \mathcal{S} désignent les contours fermés constitués par les suites d'arêtes communes aux faces adjacentes de \mathcal{M} appartenant à des segments distincts.*

Selon Shamir [Sha08], le problème de la segmentation automatique peut être ramené à un problème d'optimisation sous contraintes d'une fonction critère. Toutefois, il n'existe pas de critère universel permettant d'obtenir une partition de surface satisfaisante dans tous les cas. Le choix de type de segmentation, et donc du critère à optimiser, est alors déterminé par l'application qui l'a requise : une partition pertinente dans un contexte peut être inappropriée dans un autre. Ces critères utilisent certains attributs des éléments du maillage :

- L'angle dièdre entre deux faces adjacentes, la direction de la normale ou la courbure aux sommets, les lignes de crête ont prouvé leur efficacité pour segmenter un modèle 3D en carreaux de surface, mais ils peuvent intervenir également dans les segmentations par parties.
- La distance Euclidienne, la distance géodésique sur le maillage, la convexité, des approximations géométriques de haut niveau (en utilisant des sphères, des cylindres, des cônes, des quadriques, etc.), la symétrie, le squelette, et les caractéristiques d'un mouvement du modèle sont autant d'attributs utilisés pour décomposer l'objet en parties significatives.

De plus, les paramètres d'entrée et les types d'interaction diffèrent selon les méthodes de segmentation. Certaines d'entre elles requièrent la donnée du nombre de segments au départ pour construire la segmentation. D'autres approches utilisent une ou plusieurs valeurs de seuil indiquant une tolérance qui déterminera indirectement le nombre de segments à calculer. Enfin, dans les approches hiérarchiques ou itératives, un nombre maximum d'itérations est fixé de façon à limiter le nombre de segments final.

Avant d'aller plus en avant dans la description des méthodes de segmentation, considérons les applications de la segmentation de maillage.

2.3.2 Les applications de la segmentation 3D

Dans la plupart des cas, chaque domaine d'application détermine le type de segmentation à effectuer et les critères à prendre en compte pour la calculer. Examinons les deux grands types de segmentation et leurs applications associées (cf. Figure 2.2).

La segmentation en carreaux de surface

Elle crée des régions surfaciques (patches en anglais) qui vérifient certaines contraintes géométriques telles que la taille, la planéité, la courbure, etc.

Ce type de segmentation est utilisée dans de nombreuses applications comme le remaillage, la paramétrisation de maillage, la métamorphose, le plaquage de texture et la simplification ou la compression de maillage. A titre d'exemple, la compression de maillage est une application directe de l'approche de segmentation des modèles CAO de Lavoué et al. [LDB05] basée sur l'analyse des tenseurs de courbure.

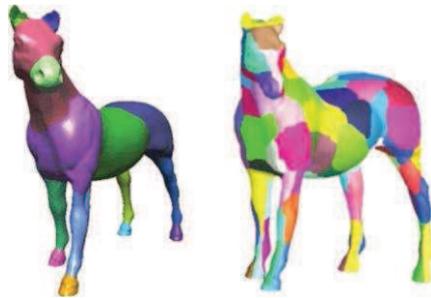


FIGURE 2.2 – Deux segmentations de types différents : à droite, une segmentation en carreaux de surface ; à gauche, une segmentation en parties significatives (figure provenant de [Sha08]).

La segmentation en parties significatives ou fonctionnelles

Cette segmentation s'appuie sur la compréhension de la sémantique de l'objet. Le but de ce type de technique est de révéler la structure globale de l'objet en faisant appel à des critères inspirés des études de la perception visuelle humaine [HR84, Bie87]. Ceux-ci soulignent l'importance de la localisation des concavités pour reconnaître et décomposer un objet en parties significatives. En particulier, Hoffman et Richards [HR84] introduisent la *règle des minima* selon laquelle la vision humaine subdivise généralement les surfaces le long des minima négatifs des courbures principales.

La segmentation en parties sémantiques est considérée comme une tâche fondamentale dans l'analyse de haut niveau des formes tridimensionnelles. Elle est utilisée

dans certaines méthodes d'indexation partielle d'objets 3D, comme dans l'approche de Tierny et al. [Tie08, TVD09].

La segmentation par parties peut aussi s'avérer très utile dans les processus d'animation et de déformation des objets articulés. En extrayant la structure topologique sous-jacente du modèle 3D pour déterminer sa décomposition (comme dans la figure

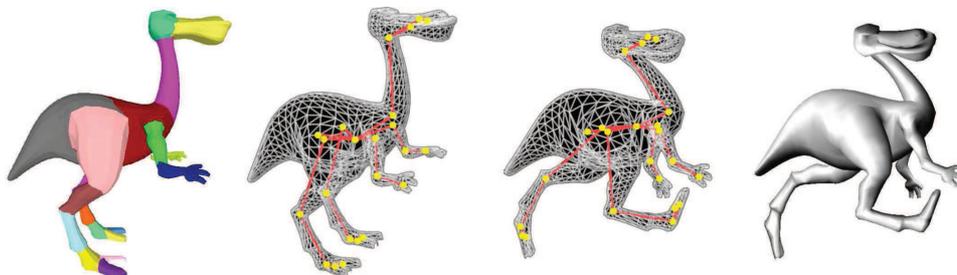


FIGURE 2.3 – Construction automatique d'un squelette d'animation, Katz et al. [KT03].

2.3), on construit un squelette qui permet une manipulation aisée du maillage.

L'une des applications les plus pertinentes de ce type de segmentation est la modélisation d'objets par assemblage. En effet, en utilisant une décomposition produite par la segmentation, on peut aisément combiner plusieurs parties provenant de modèles exemples différents pour créer un nouvel objet.

Différents algorithmes basés sur ce principe ont été introduits. Funkhouser et al. [FKS⁺04] ont été les premiers à proposer la construction de modèles 3D pilotée par les données. Leur approche utilise le découpage des parties désirées avec des "ciseaux intelligents". Un système de modélisation avec des parties interchangeables a été présenté par Kraevoy et al. [KJS07]. Plus récemment, Jain et al. [JTRS12] ont proposé



FIGURE 2.4 – Recombinaison par parties entre un vélo et un moto par le système de Jain et al. [JTRS12]. Au milieu, les trois nouveaux modèles créés par recombinaison automatique. Figure extraite de [JTRS12].

un système qui peut construire rapidement de nouveaux modèles en incorporant des parties de modèles 3D existants. Les modèles produits sont très variés en apparence, même s'ils ont une structure d'adjacence et des propriétés de symétrie très similaires aux modèles de la base comme le montre la figure 2.4.

D'autre part, Kalogerakis et al. [KCKK12] ont proposé une méthode de synthèse d'objets pilotée par les données. Pour ce faire, ils ont introduit un modèle probabiliste générique dans lequel ils ont utilisé des ensembles de modèles annotés, où les composants et les correspondances entre ceux-ci sont déjà connus.

Notre but est de produire des décompositions sémantiques pertinentes des maillages triangulaires, donc des segmentations en parties significatives. Dorénavant, notre étude se concentrera sur ce type de segmentation. En particulier, l'état de l'art et la table récapitulative 2.1 présentés dans la prochaine section concerneront les méthodes de ce type.

2.4 Segmentations individuelles en parties significatives

Les algorithmes de segmentation de modèles 3D sont souvent dérivés de méthodes issues de domaines connexes, comme la segmentation d'images et l'apprentissage automatique non supervisé. Les méthodes de segmentation se déclinent en des variantes d'algorithmes de classification, des méthodes implicites ou encore des combinaisons des deux.

Nous présentons ici un aperçu des techniques de segmentation en parties significatives en suivant les catégories¹ proposées par Ariel Shamir [Sha08] : (i) la croissance de régions, (ii) la croissance de régions à sources multiples, (iii) la classification hiérarchique, (iv) la classification itérative, (v) l'analyse spectrale, (vi) les méthodes implicites et (vii) les méthodes statistiques.

2.4.1 La croissance de région

Cette approche consiste à faire grossir chaque région progressivement autour d'un germe de départ. La plupart des méthodes de ce type sont dédiées aux segmentations en carreaux de surface. La segmentation est construite alors de façon séquentielle grâce à un algorithme glouton.

L'algorithme se compose de deux étapes : le choix d'un germe (une face dans le cas des maillage 3D) et la croissance de la région qui lui correspond par agglomération des éléments (faces) voisins. Ce type d'algorithme a une progression descendante : chaque région se forme par un choix optimum local puis l'on se ramène à la résolution d'un problème plus petit pour calculer les régions restantes. Les algorithmes de cette catégorie diffèrent principalement par le critère d'ajout d'un élément du maillage à

1. Il est à noter que les techniques de segmentation en carreaux de surface peuvent aussi être répertoriées en utilisant ces catégories.

une région existante et par la stratégie de sélection des germes (sélectionnés aléatoirement, manuellement ou via une heuristique). Les frontières obtenues nécessitent souvent un redressement ou un lissage en post-traitement.

Dans le cas de Zhang et al [ZPK⁺02], l'arrêt de la croissance de région s'effectue à la rencontre d'une courbe de bord calculée au préalable à partir des points de courbure négative détectés par un seuillage des estimations des courbures gaussiennes aux points de la surface. La phase de segmentation du système *Shuffler* de Kraevoy et al. [KJS07] utilise, quant à elle, des critères de convexité et de compacité calculés à partir de la région et de son enveloppe convexe pour obtenir des subdivisions des objets en parties approximativement convexes (voir la figure 2.5).

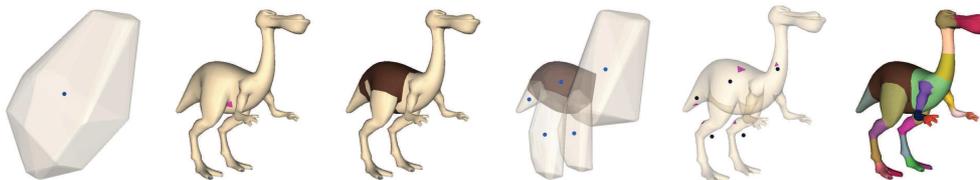


FIGURE 2.5 – Etapes d'une segmentation du système Shuffler (figure provenant de [KJS07]). De gauche à droite : l'enveloppe convexe de la région candidate (le modèle entier), une première face germe, son segment correspondant, les enveloppes convexes du segment et des régions candidates suivantes, de nouvelles faces germes et la segmentation finale.

2.4.2 La croissance de régions à sources multiples

Cette technique suit le même principe que l'approche de croissance de régions décrite précédemment mais ici plusieurs germes sont donnés en entrée et les régions correspondantes grossissent en parallèle. L'algorithme bien connu de la ligne de partage des eaux (watershed) fait partie de cette catégorie de méthodes. Il a été largement utilisé pour la segmentation d'images avant d'être adapté pour la segmentation de maillages [MW99, ZH04]. Il nécessite la donnée d'une fonction de hauteur sur le maillage. Cette fonction guide l'écoulement de l'eau dans le déroulement de l'algorithme. Deux approches sont alors possibles pour segmenter la surface en des bassins versants [MW99].

La première est une approche "ascendante" (voir la figure 2.6a) où les germes correspondent aux minima locaux de la fonction hauteur. Il s'agit d'inonder progressivement ces minima locaux jusqu'à atteindre les crêtes où se rencontrent les bassins voisins. La deuxième est une approche "descendante" (voir la figure 2.6b) où une

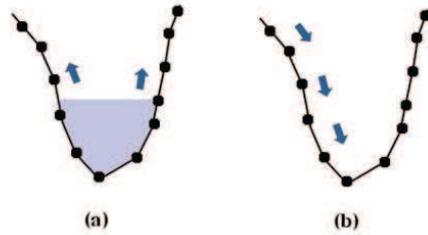


FIGURE 2.6 – Stratégies de l’approche de la ligne de partage des eaux. (a) Approche "ascendante", (b) Approche "descendante".

goutte d’eau coule dans la direction de la moindre résistance pour atteindre un minimum. Le chemin parcouru par cette goutte sera marqué par la même étiquette que le minimum atteint. Les gouttes partent de sommets appartenant à des plateaux non minimaux de la fonction hauteur.

La fonction hauteur varie selon les méthodes : la courbure à chaque sommet est utilisée dans l’approche de Mangan et Whitacker [MW99] alors que Zhou et Huang [ZH04] calculent la distance géodésique à un sommet racine du maillage et prennent pour germes les extrema locaux de cette fonction.

L’approche de croissance de régions a l’avantage de la simplicité et de l’efficacité. Cependant, elle peut être sensible au bruit du maillage, au positionnement des germes et à la sur-segmentation due aux minima parasites. Une étape de fusion des petites régions voisines en fonction d’une valeur de seuil permet de résoudre les problèmes de sur-segmentation éventuels.

2.4.3 La classification hiérarchique



FIGURE 2.7 – Segmentations hiérarchiques obtenues par ajustement de cylindres aux segments du cheval. Figure extraite de [AFS06] .

L’approche hiérarchique consiste à fusionner des régions voisines par paires jusqu’à l’obtention des parties significatives souhaitées. L’algorithme est initialisé en associant un segment distinct à chaque face du maillage. Un coût de fusion est cal-

culé pour chaque paire de segments adjacents. Ce coût est réévalué après chaque étape de fusion, au voisinage des segments fusionnés. L'algorithme consiste à fusionner successivement les paires de segments ayant le coût de fusion minimal jusqu'à ce qu'un critère d'arrêt soit vérifié. Ce critère peut dépendre du nombre de segments composant la partition, du coût de la fusion, etc. L'algorithme peut aussi s'exécuter jusqu'à l'obtention d'un seul segment résultant de la fusion de toutes les régions. Dans ce cas, les segmentations intermédiaires peuvent être stockées efficacement dans un dendogramme, ce qui permettra par la suite un accès rapide aux segmentations déterminées à chaque niveau.

Les critères de fusion varient selon les méthodes. Gelfand et Guibas [GG04] introduisent un score de similarité de glissement pour effectuer les fusions. Attene et al. [AFS06] privilégient les fusions de segments qui aboutissent à une bonne approximation de primitives (plans, cylindres ou sphères, comme sur la figure 2.7) et obtiennent de bons résultats sur des modèles issus de la CAO.

2.4.4 La classification itérative

Calculer la segmentation revient ici à résoudre un problème variationnel par l'itération d'un processus composé de deux étapes : une étape de partitionnement et une étape d'ajustement. Ce processus correspond à l'algorithme des k -moyennes, connu aussi sous l'appellation algorithme de Lloyd [Llo82]. Le processus part de k faces germes représentant les k régions à créer. Dans l'étape de partitionnement, chaque face du maillage est associée à la région la plus proche. Cette initialisation peut être effectuée, typiquement, par un algorithme de croissance de régions. Dans l'étape d'ajustement, de nouveaux représentants sont calculés à partir des parties identifiées. Le processus s'arrête quand les représentants ne sont plus modifiés.

Ce type de méthode peut s'avérer délicat. En effet, les choix effectués dans les étapes de partitionnement et d'ajustement influent sur la convergence de l'algorithme. De plus, le positionnement initial des germes peut influencer sur la segmentation finale. Toutefois, la convergence de l'algorithme est garantie pour les objets convexes au bout d'un nombre fini d'itérations. Pour les objets représentés par des surfaces arbitraires, la convergence serait aussi garantie si la condition de connexité des segments était relaxée. Cependant, il ne serait pas pertinent d'avoir des segments qui correspondent à des zones non-connectées de la surface.

Les exemples d'utilisation de cette approche incluent la segmentation compatible d'objets pour la métamorphose [STK02], le groupage flou et la coupe de graphe [KT03]. Dans cette dernière approche, Katz et Tal [KT03] calculent un groupage

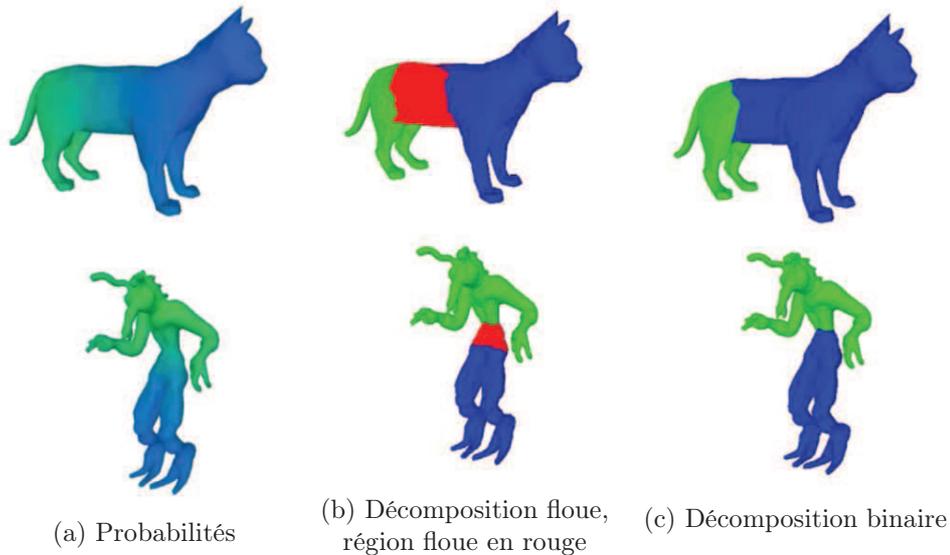


FIGURE 2.8 – Groupage flou et décomposition binaire par la méthode de Katz et al., figure extraite de [KT03].

flou en associant à chaque face la probabilité d'appartenir à plusieurs segments (voir les objets de la figure 2.8a). La distance utilisée dans le calcul des probabilités est une combinaison de distances géodésiques et angulaires entre éléments de surface adjacents. Puis un algorithme de la coupe minimale est appliqué sur les zones floues, c'est à dire les zones de la surface où les probabilités d'appartenir à l'un des deux segments voisins sont très proches (zones rouges sur les objets de la figure 2.8b), afin de retrouver les frontières exactes entre deux segments (décomposition binaire de la figure 2.8c). Ces deux algorithmes sont répétés de manière récursive dans un processus "coarse to fine" jusqu'à l'obtention de la segmentation souhaitée.

2.4.5 L'analyse spectrale

Le maillage d'un modèle 3D est un graphe que l'on peut analyser par des méthodes spectrales issues de la théorie spectrale des graphes. Ces méthodes consistent à exploiter les vecteurs propres de la matrice Laplacienne du graphe G_d pour effectuer une réduction de dimensionnalité. Les parties sont alors identifiées par plongement du graphe dans un nouvel espace de dimension nettement inférieure. Comme le remarque Gotsman [Got03], le problème de partitionnement combinatoire de graphe est transformé en un problème de partitionnement géométrique de l'espace. La matrice Laplacienne est définie par $L = D - A$ où D est une matrice diagonale contenant les degrés $d_{i,i}$ (valences) des sommets v_i de G_d et A est la matrice d'adjacence de G_d .

Plus précisément, le calcul de ces matrices se fait sur un graphe G_d pondéré par une fonction poids qui qualifie la liaison entre les noeuds.

Liu et Zhang [LZ04] introduisent une technique de classification spectrale pour effectuer une segmentation de maillage. Le partitionnement est calculé en utilisant la matrice d'affinité et ses k premiers vecteurs propres. Dans un second article [LZ07], Liu et Zhou améliorent leur précédent algorithme en effectuant une segmentation binaire itérative. Le maillage est projeté en dimension 2 et dimension 1 via la projection spectrale. Puis une stratégie d'analyse de contour 2D est mise en oeuvre pour détecter les coupes spectrales (voir la figure 2.9).

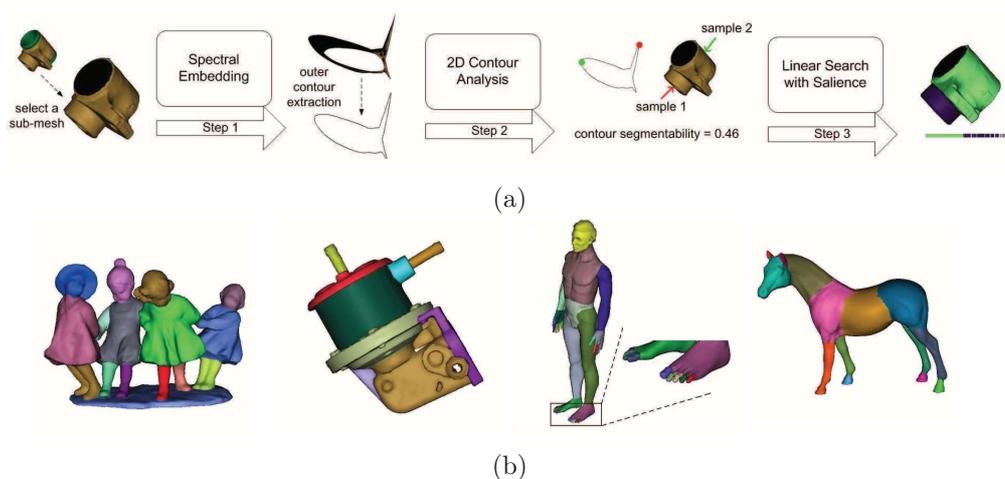


FIGURE 2.9 – Figure inspirée de [LZ07].(a) Résumé de la méthode de la projection spectrale et l'analyse de contour de Liu et Zhang [LZ07], (b) Quelques résultats obtenus par cette méthode.

2.4.6 Les méthodes implicites

Nous regroupons dans cette catégorie les approches de segmentations dépendantes d'une certaine propriété de la surface. Il s'agit des propriétés qui sont, dans une certaine mesure, détenues localement par les segments et qui ne peuvent pas être mesurées au niveau atomique des faces. Il est donc difficile de les capturer en s'appuyant uniquement sur une méthode de partitionnement issue des catégories précédentes. Dans la suite, nous proposons de classer ces méthodes suivant la stratégie d'optimisation de la propriété définie pour la segmentation.

- **La coupe de graphe**

Elle est généralement utilisée en post-traitement pour lisser les bords entre les segments. Les algorithmes de la coupe minimale, par exemple, recherchent les

optimums globaux d'une fonction objectif pour déterminer des frontières nettes entre les segments.

Plusieurs travaux basés sur des propriétés de la surface ont utilisé la coupe de graphe pour raffiner les bords des segments. Shapira et al. [SSCO08] ont défini

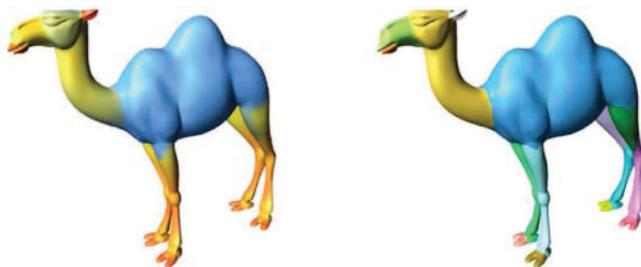


FIGURE 2.10 – Segmentation avec la fonction de diamètre de forme (SDF). Figure extraite de [SSCO08]. (a) Modèle coloré en fonction des valeurs de la SDF du rouge (diamètre étroit) au bleu (diamètre large), (b) Modèle segmenté.

une fonction de diamètre de forme (SDF) qui fournit une bonne description du volume du modèle 3D. Cette fonction scalaire aboutit à des segmentations significatives du fait qu'elle fait la distinction entre les parties fines et les parties épaisses du modèle, comme le montre la figure 2.10. Un partitionnement souple est créé par simple seuillage de cette fonction. Ensuite, un algorithme de coupe de graphe par k -chemins est appliqué pour obtenir des bords lisses au niveau des zones concaves.

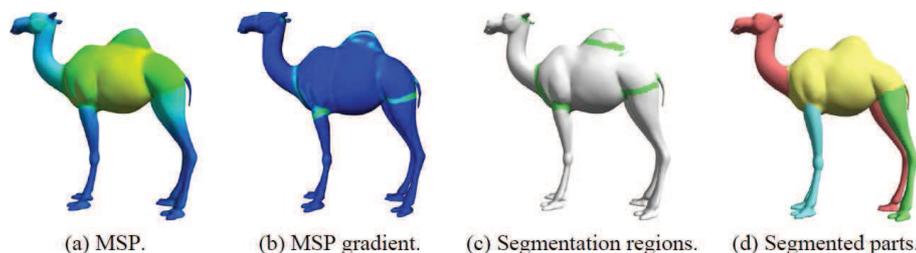


FIGURE 2.11 – Processus de la segmentation basée sur le périmètre minimal de tranche (MST). Figure extraite de [HC12].

Ho et Chuang [HC12] créent des segmentations hiérarchiques en calculant une mesure de saillance définie en fonction du périmètre minimal de tranche (MST). Le gradient de la fonction MST est aussi évalué dans une étape de coupe du graphe (voir figure 2.11). Les segmentations des deux méthodes que nous venons de citer sont invariantes par rapport à un changement de pose, comme d'ailleurs les segmentations construites par la méthode de Katz et al. [KLT05] et celle de Agathos et al. [APPS10]. L'approche de Katz et al. [KLT05] extrait

d’abord des points caractéristiques sur une nouvelle représentation du maillage obtenue par positionnement multidimensionnel (MDS). Elle identifie ensuite le segment noyau à travers un miroir sphérique et calcule la segmentation finale par une approche de coupe minimale favorisant des contours convexes et courts. D’une manière analogue, l’approche de Agathos et al. [APPS10] extrait les points saillants du maillage en utilisant une fonction de saillie (*protrusion function*) et approxime ensuite une région représentant le noyau du maillage. Les frontières du partitionnement correspondant à chaque saillie sont successivement approximées puis raffinées par un algorithme de coupe minimale.

- **L’utilisation d’un squelette**

Calculer et associer un squelette à un maillage triangulaire permet de construire une partition de la surface du modèle par l’étiquetage des membres du squelette. Ce type de méthode est tout à fait adapté aux objets articulés comme les mains, les personnages, les quadrupèdes, etc. Différents algorithmes effectuent une décomposition sémantique d’un modèle en construisant un squelette [LWTH01, LKA06, TVD07, ATC⁺08, BDBP09].

Le squelette correspond à une décomposition volumique du modèle pour [LWTH01, LKA06]. Dans le cas de Li et al. [LWTH01], les arêtes du squelette sont obtenues par contraction d’arêtes et sont associées à des éléments de volume. La décomposition résultante est utilisée dans des algorithmes de détection de collision. Lien et al. [LKA06] introduisent une méthode itérative construisant simultanément le squelette et la décomposition du maillage. L’extraction du squelette utilise le centre du composant ou l’axe principal de son enveloppe convexe. Différentes mesures de qualité comparant le squelette et son composant associé permettent de contrôler l’arrêt du processus de décomposition.

Au et al. [ATC⁺08] présentent une approche originale de construction de squelette par contraction de maillage. La surface est lissée jusqu’à ce qu’elle soit confondue à une courbe squelette, puis simplifiée en éliminant les arêtes une à une. Durant ce processus, la correspondance avec les sommets d’origine du maillage est préservée (voir figure 2.12).

Dans [TVD07, BDBP09] la décomposition est basée sur un calcul de graphe de Reeb (cf. section 5.2). Celui-ci nécessite la donnée d’une fonction sur la surface du modèle. Tierny et al. [TVD07] procèdent en deux temps : les points correspondant aux extrema géodésiques de la surface sont d’abord repérés. La

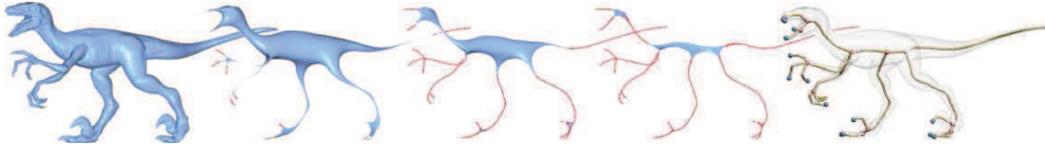


FIGURE 2.12 – Construction de courbe squelette par contraction de maillage, figure extraite de [ATC⁺08].



FIGURE 2.13 – Extraction de squelette topologique amélioré [TVD07].

fonction associée au graphe de Reeb correspond à la distance géodésique au plus proche de ces points. Un squelette dérivé du graphe de Reeb est calculé et raffiné (voir figure 2.13). Berretti et al. [BDBP09] prennent pour fonction la somme des distances géodésiques aux autres sommets du maillage normalisée sur la surface.

2.4.7 Les méthodes statistiques

Golovinsky et Funkhouser [GF08] ont proposé une approche randomisée où la segmentation d'un modèle est déduite d'un ensemble de segmentations échantillons. Celles-ci sont obtenues en appliquant à plusieurs reprises des algorithmes de segmentation avec des initialisations différentes sur le modèle 3D. A partir de ces segmentations échantillons, une "fonction de partition", évaluée sur chaque arête du maillage, estime la vraisemblance d'appartenance à une frontière de segmentation. la segmentation finale est déduite par l'algorithme de la coupe minimale. La figure 2.14 résume cette approche.

D'autres approches cherchent à simuler un phénomène de diffusion sur la surface par un processus stochastique. Lai et al. [LHMR09] décrivent une procédure de segmentation par les marches aléatoires comportant deux phases. Durant la première phase, un ensemble de k faces germes ($k >$ nombre de segments requis) est défini pour l'objet et une sur-segmentation est calculée en associant chaque face f du maillage au germe qui a la probabilité la plus élevée d'atteindre f par une marche aléatoire

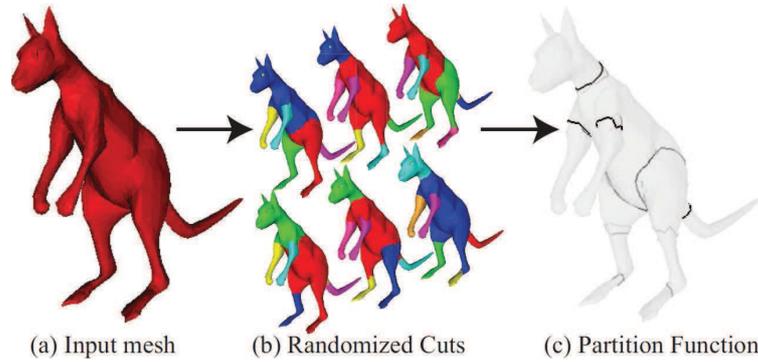


FIGURE 2.14 – Résumé de l’approche des coupes randomisées. Figure extraite de [GF08]. (a) Objet d’entrée,(b) Échantillons de segmentations obtenus par différents paramétrages.
(c) Fonction de partition estimée.

sur le graphe dual du maillage. Une description plus détaillée de cette approche est fournie dans le chapitre 3. Durant la deuxième phase, les segments sont fusionnés de manière hiérarchique jusqu’à atteindre le nombre de segments fixé par l’utilisateur (voir figure 2.15).

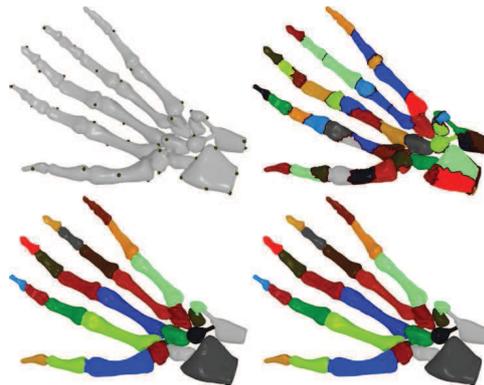


FIGURE 2.15 – Méthode de segmentation par les marches aléatoires de Lai et al. (Figure extraite de [LHMR09]). En haut, placement des germes et sur-segmentation. En bas : à gauche, résultat de la fusion des segments et à droite, résultat final après lissage des bords.

Récemment, Benjamin et al. [BPVR11] ont présenté une méthode de segmentation basée sur une modélisation de la diffusion de la chaleur à travers un objet. Elle est dédiée aux objets articulés. Cet algorithme, nommé « Heat Walk », utilise le noyau de la chaleur, solution fondamentale de l’équation de la chaleur, pour décomposer la surface. Il identifie, de manière non-supervisée, des régions cumulatives de la chaleur -généralement les parties terminales de l’objet comme les pattes, la queue et la tête pour un quadrupède- et des régions dissipatives qui sont plus localisées au niveau de

Méthode	Catégorie	Attribut(s)	Nbre de segments			Type d'objets	
			Manuel	Seuil	Auto	Rigides	Non-rigides
[KJS07]	Croissance de régions	Convexité, compacité		✓		✓	✓
[MW99]	Ligne de partage des eaux	Courbure		✓		✓	
[ZH04]	Ligne de partage des eaux	Distance géodésique, topologie			✓		✓
[AFS06]	Classification hiérarchique	Similarité aux primitives, distance Euclidienne	✓			✓	✓
[GG04]	Classification hiérarchique	Glissement local		✓		✓	
[STK02]	Classification itérative	Distance géodésique, angle dièdre	✓			✓	✓
[KT03]	Classification itérative	Distance géodésique, angle dièdre		✓		✓	✓
[LZ04]	Analyse spectrale	Distance géodésique			✓	✓	✓
[LZ07]	Analyse spectrale	Distance géodésique, courbure		✓		✓	✓
[SSCO08]	Méthode implicite, coupe de graphe (CG)	Topologie (axe médian)		✓			✓
[HC12]	Méthode implicite (CG)	Périmètre minimal de tranche		✓		✓	✓
[KLT05]	Méthode implicite (CG)	Distance géodésique, convexité			✓		✓
[APPS10]	Méthode implicite (CG)	Distance géodésique, saillance		✓			✓
[ATC+08]	Méthode implicite basée squelette (BS)	Squelette (courbe squelette)			✓		✓
[LWTH01]	Méthode implicite (BS)	Squelette (décomposition volumique)			✓		✓
[LKA06]	Méthode implicite (BS)	Squelette (décomposition volumique)			✓		✓
[TVD07]	Méthode implicite (BS)	Squelette (graphe de Reeb)			✓	✓	✓
[BDBP09]	Méthode implicite (BS)	Squelette (graphe de Reeb)			✓	✓	✓
[GF08]	Méthode statistique	Convexité	✓			✓	✓
[LHMR09]	Méthode statistique	Convexité	✓		✓	✓	✓
[BPVR11]	Méthode statistique	Distance géodésique, courbure			✓		✓

TABLE 2.1 – Tableau récapitulatif des méthodes de segmentation en parties significatives.

la partie centrale de l'objet.

2.4.8 Conclusion

Les techniques présentées dans ce chapitre décomposent la surface d'un modèle 3D en ses parties fonctionnelles constitutives. La majorité d'entre elles sont des méthodes de classification non supervisée. Certaines ont pour objectif de maximiser la similarité intra-segment et la dissimilarité inter-segments. Elles se basent sur le calcul des propriétés locales de la surface : courbure au niveau des points, angle dièdre des paires de faces, etc. D'autres techniques ont une approche plus globale, considérant que la segmentation est liée à une propriété non décelable localement, comme les techniques utilisant les squelettes. La table 2.1 récapitule les différentes méthodes présentées et les différencie en fonction des catégories de méthode, des attributs pris en compte pour décomposer la surface, de la manière de définir le nombre de segments composant la partition et des classes d'objets traités (rigides, non rigides). Pour une étude et une comparaison plus complète des méthodes de segmentation individuelle, le lecteur est référé à [AKM⁺06, Sha08, CGF09].

Clairement, il n'existe pas d'approche qui construit une segmentation en parties significatives satisfaisante dans le cas général. De fait, le partitionnement de la surface d'un objet peut dépendre des besoins de l'utilisateur et de l'application envisagée. Pour satisfaire les attentes de l'utilisateur sans lui imposer une trop lourde interaction, certains auteurs ont proposé d'utiliser des techniques d'apprentissage et de segmenter simultanément des modèles 3D appartenant à une même classe d'objets. C'est ce qu'on appelle la co-segmentation. Ces types d'approches sont présentées dans la section suivante.

2.5 Co-segmentation de modèles 3D

Plusieurs algorithmes ont été développés pour trouver des correspondances intéressantes entre les parties fonctionnelles dans les ensembles de modèles 3D. Les auteurs supposent tous que les modèles similaires peuvent être décomposés en des parties équivalentes du point de vue sémantique. La co-segmentation est un problème lié à la correspondance entre les formes. Elle est présentée dans la section suivante. Différentes familles d'approches traitant ce problème sont décrites (approches supervisées, non-supervisées et semi-supervisées) dans la suite, puis discutées en conclusion.

2.5.1 Co-segmentation et correspondance

Bien que les méthodes proposées pour segmenter un modèle individuel en parties significatives peuvent fournir des segmentations de qualité croissante, segmenter un ensemble de maillages de manière cohérente demeure une tâche difficile. Certaines méthodes de segmentations individuelles utilisent des heuristiques qui restent cohérentes entre les différents maillages (comme la fonction de diamètre de forme [SSCO08]). Cependant, des indices importants qui peuvent être obtenus en traitant tous les objets d’une classe simultanément sont ignorés en segmentant les maillages séparément.

En effet, l’objectif majeur de l’analyse des formes 3D aujourd’hui est d’inférer une connaissance de haut niveau de la structure d’une forme donnée. De plus, pour explorer les grandes bases d’objets 3D, il est nécessaire d’évaluer et de quantifier la similarité entre les formes. Beaucoup d’efforts ont été fait dans ce sens, essayant de formaliser les notions de similarité et de distance entre les formes 3D. Pour la tâche de co-segmentation automatique en particulier, les travaux récents exploitent la géométrie et la connaissance *a priori* de la sémantique pour établir les correspondances entre les formes 3D et les segmenter dans leur ensemble en des parties sémantiques cohérentes.

Van Kaick et al. [vKZHCO11] présentent une étude sur la correspondance des formes 3D. Pour eux, calculer des segmentations cohérentes d’un ensemble d’objets revient à résoudre un problème de correspondance en groupe : recalculer un groupe de formes simultanément permet de se servir de l’information du groupe comme une contrainte supplémentaire dans la recherche de la solution. Par ailleurs, ils soulignent qu’un lien très fort existe entre les trois tâches suivantes : la segmentation, la reconnaissance et la correspondance. Par conséquent, l’analyse sémantique des formes ne devrait pas, selon eux, envisager ces problèmes séparément, mais plutôt conjointement avec l’aide de l’information tirée du groupe.

Les méthodes de co-segmentation permettent donc la mise en correspondance et l’étiquetage des parties de modèles 3D à l’intérieur d’une classe d’objets et offrent une amélioration considérable par rapport aux segmentations individuelles. Les techniques d’apprentissage utilisées dans la co-segmentation peuvent être supervisées [KHS10, vKTS⁺11, BLVD11, LMS13], non-supervisées [GF09, XLZ⁺10, HKG11, SvKK⁺11, HFL12, MXLH13, WWS⁺13, vKXZ⁺13] ou semi-supervisées [LCHB12, WAvK⁺12].

2.5.2 Méthodes supervisées

Les méthodes de segmentation supervisées prennent, en entrée, une classe d'objets dont une partie est constituée de modèles segmentés. L'idée de base de ces méthodes est de transférer la segmentation des modèles exemples vers les modèles cibles appartenant à la même famille d'objets. Kalogerakis et al. [KHS10] sont les premiers à présenter une technique d'apprentissage supervisée pour la co-segmentation d'objets 3D, marquant une amélioration importante par rapport aux algorithmes de segmentation individuelle. Leur méthode est inspirée par l'approche TextonBoost de Shotton et al. [SWRC09], une méthode de segmentation supervisée proposée pour les images. A partir d'un ensemble d'apprentissage de modèles pré-étiquetés, plusieurs centaines de caractéristiques de forme sont utilisées pour apprendre un classifieur fournissant les coûts d'affectation des différentes étiquettes à une face donnée du maillage. Ces coûts sont combinés dans une fonction objectif formulée par un modèle de champ aléatoire conditionnel (Conditional Random Field, CRF). Par ailleurs, l'algorithme d'apprentissage JointBoost utilisé pour les classifieurs permet une sélection automatique des caractéristiques discriminantes pertinentes dans le bassin des caractéristiques fournies au départ. Une telle méthode a l'avantage de déterminer directement des étiquettes correctes et cohérentes pour les modèles cibles.

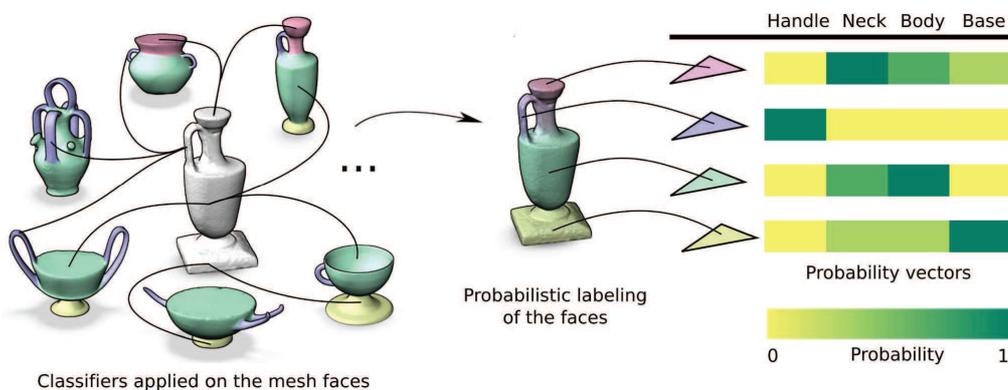


FIGURE 2.16 – Etiquetage sémantique probabiliste déterminé pour les faces du modèle cible (modèle en gris), à partir d'un ensemble d'apprentissage (modèles situés autour de la cible avec leurs étiquetages vérité-terrain). Figure extraite de [vKTS⁺11].

Afin de renforcer la correspondances entre les parties, van Kaick et al. [vKTS⁺11] ont introduit une méthode d'étiquetage conjoint des modèles cibles. Celle-ci prend en considération à la fois les étiquettes sémantiques probabilistes calculées pour les faces (voir figure 2.16) et la connaissance préalable des correspondances des parties

déduites de l'ensemble des modèles d'apprentissage pré-segmentés. L'approche récente proposée par Laga et al. [LMS13] emploie à la fois les contextes des parties et leurs caractéristiques géométriques pour apprendre les correspondances sémantiques à travers un classifieur SVM.



FIGURE 2.17 – Segmentation par la méthode de Benhabiles et al. [BLVD11] d'un modèle humain dans des poses différentes. Figure extraite de [BLVD11].

Benhabiles et al [BLVD11] ont proposé une approche originale de segmentation supervisée basée contours. L'apprentissage d'une fonction objectif d'arête frontière est effectué lors d'une étape hors-ligne, en utilisant un ensemble de segmentations vérité-terrain. Plusieurs caractéristiques géométriques sont calculées et les plus pertinentes pour l'apprentissage sont sélectionnées grâce à un classifieur Adaboost. Dans une étape de traitement en-ligne, la fonction d'arête apprise est utilisée pour déterminer les arêtes frontières candidates et un processus d'optimisation est mis en œuvre pour calculer les frontières finales des segments des modèles cibles. Cependant, bien que cette méthode décompose les objets cibles en parties significatives, elle n'a pas pour objectif de mettre en correspondance ces parties ou de leur attribuer des étiquettes sémantiques cohérentes (voir figure 2.17). Il convient de noter que cette méthode parvient à décomposer correctement plusieurs objets cibles en parties significatives. Cependant, comme elle ne calcule que les contours, elle ne cherche pas à identifier les correspondances entre les parties ou à leur attribuer des étiquettes sémantiques cohérentes (voir figure 2.17).

2.5.3 Méthodes non-supervisées

Contrairement à la co-segmentation supervisée, la co-segmentation non supervisée ne prend pas des exemples d'apprentissage comme données d'entrée. La première étape pour la majorité des méthodes non-supervisées consiste à obtenir des correspondances fiables entre les formes. Ceci permet de collecter les informations à partir des formes diverses pour calculer la segmentation.

Certaines méthodes non-supervisées [GF09, XLZ⁺10] considèrent la co-segmentation comme un problème de partitionnement de graphe. L'approche proposée par Golovinskiy et Funkhouser [GF09] construit d'abord les correspondances en utilisant un alignement rigide entre les modèles basé sur un algorithme d'ICP 3D. Elle résout ensuite un problème de partitionnement d'un large graphe pondéré. Les nœuds du graphe représentent toutes les faces des modèles d'entrée et les arêtes du graphe sont de deux types possibles : des arêtes d'adjacence reliant les faces adjacentes sur un maillage et des arêtes de correspondance, déduites de l'alignement global et indiquant une correspondance entre deux faces appartenant à deux modèles différents. Comme la méthode repose sur l'alignement rigide pour établir les correspondances, les bons résultats ne sont obtenus que pour un type limité de modèles (modèles rigides) présentant peu de diversité dans les formes.

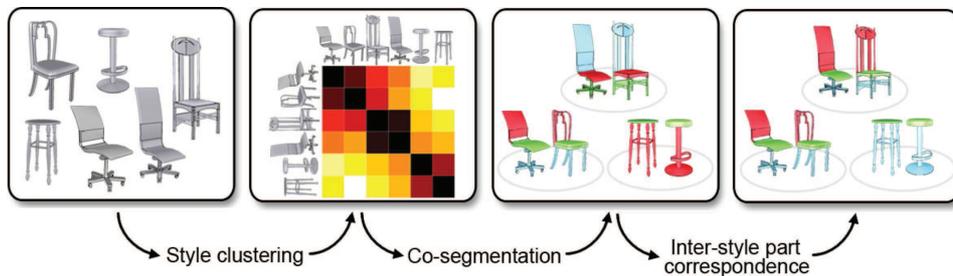


FIGURE 2.18 – Co-segmentation par classification des styles [XLZ⁺10]. Figure extraite de [XLZ⁺10].

Xu et al. [XLZ⁺10] décèlent les variations des échelles des parties fonctionnelles en classifiant d'abord les formes selon des classes de styles. De cette manière, ils sont capables de traiter des collections de formes plus variées comprenant des parties à échelles *anisotropes* ou *non-homogènes*. Puis, dans chaque classe de style, ils établissent les correspondances entre les parties des modèles y appartenant et calculent leurs co-segmentations. Enfin, pour rendre les segmentations cohérentes à travers les différentes classes de styles, des déformations sont appliquées au niveau des parties dans une procédure "*déformer-pour-ajuster*" (*deform-to-fit*). Cette procédure permet de trouver les meilleures correspondances entre les parties sémantiquement similaires et d'attribuer de nouvelles étiquettes cohérentes aux segments (voir figure 2.18). Cependant, le processus de génération du graphe dans les deux méthodes pré-citées reste considérablement coûteux en temps de calcul.

Pour Huang et al. [HKG11], segmenter conjointement des modèles provenant d'une bibliothèque hétérogène revient à formuler un problème d'optimisation quadratique. Ils proposent une méthode de résolution basée sur une relaxation continue

par programmation linéaire. Ils obtiennent des résultats comparables aux approches supervisées sur le benchmark d'évaluation [CGF09]. Cette technique produit des segmentations meilleures lorsque l'ensemble des formes traité est riche en variations. Toutefois, elle ne garantit pas une segmentation cohérente de l'ensemble entier des formes.

Sidi et al. [SvKK⁺11] envisagent le problème de la co-segmentation comme celui de la classification spectrale dans un espace de descripteurs. L'algorithme calcule en premier lieu les segmentations individuelles des modèles d'entrée ainsi qu'un descripteur de forme pour chaque segment. En utilisant l'ensemble des descripteurs, tous les segments obtenus sont projetés dans un espace commun via des *maps de diffusion*. Une co-segmentation initiale est alors obtenue par la classification des segments dans cet espace. Tous les segments associés au même groupe représentent potentiellement une classe de parties e.g., base, corps, tige ou anse d'un vase. Ce premier résultat est exploité pour créer un modèle statistique, qui est à son tour utilisé pour raffiner la co-segmentation (voir figure 2.19). Cette approche nécessite de fournir des segmentations initiales pour tous les modèles d'entrée, ce qui peut produire des résultats peu satisfaisants quand la segmentation individuelle ne reflète pas correctement les parties sémantiques.

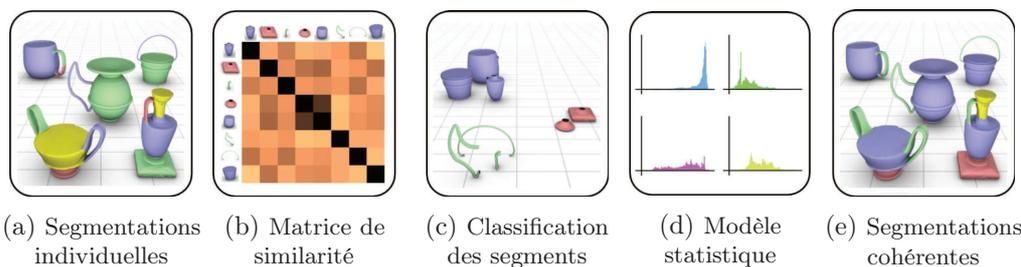


FIGURE 2.19 – Vue d'ensemble des étapes de la co-segmentation non-supervisée de Sidi et al [SvKK⁺11]. Figure extraite de [SvKK⁺11].

Hu et al. [HFL12] ont présenté une méthode alternative pour la co-segmentation de modèles similaires, basée sur la classification dans des sous-espaces (subspace clustering). Celle-ci effectue des classifications dans de multiples espaces de descripteurs de formes, lui permettant de générer simultanément les segments et leurs correspondances en regroupant des régions surfaciques issues des sur-segmentations initiales des modèles. Récemment, Meng et al. [MXLH13] ont proposé un algorithme qui classe, dans un premier temps, des patches primitifs sur-segmentés en utilisant un ensemble de descripteurs des propriétés intrinsèques des formes (distance géodésique moyenne, facteur conforme [BCG08], ...). Les descripteurs sont pondérés manuellement avant

de commencer la classification. Dans un deuxième temps, l'algorithme améliore les segmentations par une optimisation *multi-label* itérative. Afin d'affecter de manière automatique les poids aux descripteurs de formes selon leur pertinence pour la co-segmentation, Wu et al [WWS⁺13] ont proposé une nouvelle approche qui détermine automatiquement la combinaison optimale des matrices d'affinité relatives aux différents descripteurs. Ceci permet d'effectuer une classification spectrale directement dans un espace de descripteurs fusionnés et de réduire en même temps l'impact des descripteurs les moins fiables.

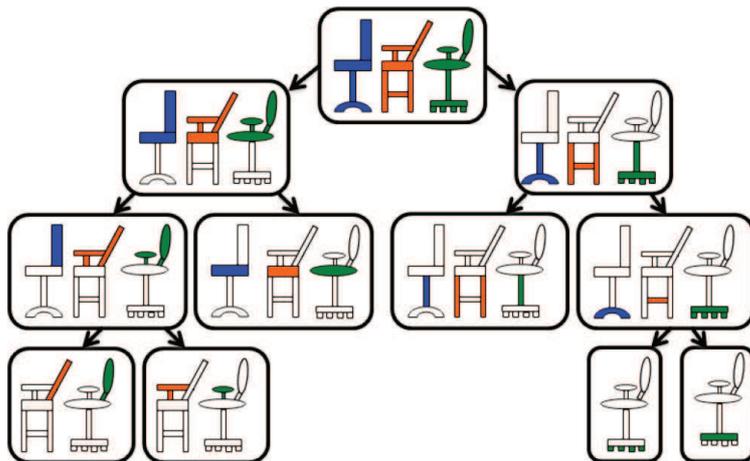


FIGURE 2.20 – Illustration de la *co-hiérarchie structurelle*. Les arbres représentatifs finaux (en rouge, vert et bleu) de trois modèles de chaise différents sont unifiés en un seul arbre composé. Figure extraite de [vKXZ⁺13].

Toujours dans le contexte de la co-segmentation non-supervisée, van Kaick et al. [vKXZ⁺13] introduisent une approche d'analyse *co-hiérarchique* pour l'apprentissage des structures des modèles manufacturés. Ils considèrent que plusieurs solutions équivalentes sont possibles pour établir la structure hiérarchique d'un seul modèle, et proposent d'utiliser la connaissance latente dans la collection de modèles similaires fournis pour construire une hiérarchie unifiée. Pour chaque objet, un ensemble initial d'arbres candidats représentatifs de la hiérarchie est obtenu en étudiant en priorité, les symétries des parties structurelles et leurs arrangements dans l'espace, plutôt que leurs détails géométriques. Les similarités et les variabilités entre les différentes structures des parties sont apprises de manière non-supervisée. En résultat, la représentation unifiée des structures hiérarchiques est décrite par un arbre binaire unique (voir figure 2.20) et permet d'aboutir à des segmentations cohérentes des modèles à l'intérieur d'une même classe d'objets.

2.5.4 Méthodes semi-supervisées

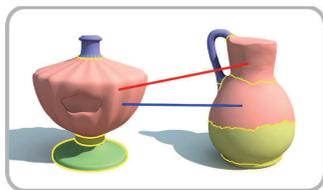


FIGURE 2.21 – Exemple d’ajout de contraintes durant l’apprentissage actif de [WAvK⁺12]. Contrainte "il ne peut y avoir un lien" en rouge et contrainte "il faut lier" en bleu. Figure extraite de [WAvK⁺12].

La segmentation semi-supervisée peut être vue comme une solution de compromis entre les méthodes supervisées et les méthodes non-supervisées. En effet, elle peut améliorer les performances (efficacité, évolutivité, etc.) de l’apprentissage non-supervisé en incorporant la connaissance apportée par des maillages étiquetés et des maillages non-étiquetés en même temps [LCHB12], ou en considérant des contraintes imposées sur les données [WAvK⁺12]. Les contraintes peuvent être spécifiées de façon interactive, typiquement à travers une contribution extérieure de l’utilisateur dans le processus de classification.

Dans le travail récent sur l’apprentissage actif pour la co-segmentation, Wang et al. [WAvK⁺12] considèrent que la géométrie à elle seule ne permet pas de transmettre toujours proprement la sémantique des formes, et que, de ce fait, la co-segmentation générée par une méthode non-supervisée ne peut être parfaite. Ils introduisent alors un système qui suggère automatiquement les contraintes et qui peut améliorer efficacement les résultats si l’utilisateur ajoute certaines de ces contraintes de manière appropriée. Plus précisément, une co-segmentation non-supervisée [SvKK⁺11] est appliquée à l’ensemble des modèles pour créer les segments initiaux. Puis, l’utilisateur ajoute soit des contraintes "il faut lier" (*must-link*) soit des contraintes "il ne peut y avoir un lien" (*cannot-link*) pour spécifier les liens sémantiques entre les segments déjà calculés (voir figure 2.21). Ces contraintes sont ensuite propagées à tout l’ensemble et la co-segmentation est affinée. Cette approche requiert cependant que l’utilisateur spécifie de manière interactive des dizaines, voire des centaines de contraintes pour obtenir les résultats parfaits visés.

2.5.5 Discussion

Notre étude des approches de co-segmentation et de co-analyse des collections de modèles 3D a révélé, en premier lieu, que les méthodes dédiées exclusivement aux

modèles rigides supposent un alignement et une orientation correctes des formes ou, le cas échéant, calculent un alignement rigide entre elles par une méthode de recalage standard (e.g., l'algorithme d'ICP 3D). De plus, toutes les approches citées dans cette section, à l'exception de [GF09, HKG11], produisent uniquement des étiquettes (e.g., les étiquettes peuvent indiquer "pied" mais pas quel pied). Par conséquent, les correspondances déterminées par ces approches pour un ensemble de formes donné peuvent s'avérer incohérentes si l'on considère un étiquetage plus fin, en particulier quand la propriété de connexité doit être satisfaite pour chaque segment (voir section 2.3).

Deux approches [HKG11, BLVD11] ne prennent pas en considération le fait que les modèles appartiennent à une même classe sémantique d'objets. Elles calculent une co-segmentation sur une base hétérogène. En conséquence, [HKG11] n'obtiennent pas forcément des segmentations cohérentes : en effet dans les segmentations produites sur le benchmark de Princeton [CGF09], les tentacules des pieuvres sont sur-segmentées car elles sont assimilées à des pattes d'insectes (voir figure 2.22). Pour [BLVD11], la correspondance entre les segments n'est pas effectuée puisque cette méthode calcule les arêtes frontières et non les caractéristiques des régions.

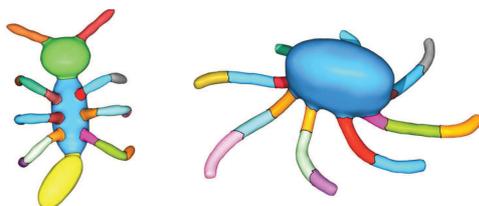


FIGURE 2.22 – Dans la segmentation du pieuvre, les tentacules sont assimilées aux pattes de la fourmi par la méthode de [HKG11]. Exemples extraits de la figure 6 de [HKG11].

Les approches récentes de co-segmentation basée sur l'apprentissage ont obtenu globalement des résultats satisfaisants : les ensembles d'objets présentant d'importantes variations entre les formes sont segmentés de façon cohérente. Cependant, la majorité de ces algorithmes demandent des calculs qui peuvent s'avérer lourds. Les méthodes non-supervisées effectuent de nombreuses comparaisons sur les paires de modèles d'entrée. Les méthodes supervisées, quant à elles, ont une longue phase d'apprentissage hors-ligne : en effet cette phase nécessite de segmenter et d'étiqueter de 15% à 95% des données pour définir l'ensemble d'apprentissage. Le temps d'exécution peut atteindre dans certains cas plusieurs heures [KHS10, HKG11] ce qui rend certaines méthodes inappropriées pour les applications exigeant un temps de réponse

assez court.

En somme, la segmentation d'une collection de modèles a un apport indéniable sur la qualité des segmentations et sur l'identification des parties similaires. Partant de ce constat, nous proposons une approche qui utilise une information supplémentaire par rapport aux segmentations individuelles mais qui ne fait pas appel à un processus d'apprentissage coûteux. En effet, dans la plupart des cas la géométrie des formes et la donnée d'une segmentation exemple sur un seul modèle constituent ensemble des informations suffisantes pour identifier les éléments homologues (i.e., ayant la même apparence et la même fonctionnalité) entre deux formes issues d'une même classe d'objets. Notre but est donc d'introduire une méthode rapide de segmentation qui décompose l'objet en parties significatives de manière cohérente au sein d'une classe d'objets.

2.6 Évaluation de la segmentation 3D

Différentes bases de données d'objets 3D sont mises à disposition et diverses métriques leurs sont associées pour évaluer et comparer les algorithmes de segmentation. Certaines sont destinées à évaluer la qualité des segmentations individuelles et d'autres sont plus adaptées pour vérifier la cohérence entre les segmentations de modèles différents. Dans cette section, nous présentons et comparons les bases et les métriques d'évaluation qui ont été utilisées ces dernières années pour évaluer les techniques de segmentation et de co-segmentation 3D.

2.6.1 Bases de modèles 3D



FIGURE 2.23 – Les différentes classes d'objets du benchmark de segmentation de Princeton (figure extraite de [CGF09]). Un échantillon de chaque catégorie est montré avec les contours des segments sélectionnés manuellement par différentes personnes.

Avec l'apparition de nombreux algorithmes proposant des solutions au problème de segmentation d'objets en parties significatives, une tâche primordiale est de déterminer si une méthode est meilleure qu'une autre, dans quelle mesure elle l'est et pour quel type d'objets. Un cadre bien approprié est nécessaire pour évaluer efficacement ces méthodes et les comparer de manière impartiale. Dans cette optique, un nombre de benchmarks de segmentation 3D [CGF09, BVLD10] et de données vérité-terrain [WAvK⁺12] ont été proposés. Le tableau 2.2 récapitule les caractéristiques des trois bases présentées dans cette section. Le benchmark de Chen et al. [CGF09], appelé "The Princeton Segmentation Benchmark" (PSB), a été largement utilisé aussi bien dans les évaluations des méthodes de segmentations individuelles que dans les travaux portant sur la co-segmentation. Ce benchmark comprend une collection de 4300 segmentations créées manuellement par différentes personnes, pour 380 maillages triangulaires classés selon 19 catégories d'objets différentes (voir figure 2.23). Il offre également quatre métriques quantitatives qui servent à comparer les segmentations automatiques par rapport aux segmentations manuelles vérité-terrain (des détails sur ces métriques sont fournis dans la section 2.6.2).

Benhabiles et al [BVLD10] ont créé un benchmark avec un corpus plus petit : 28 modèles classés selon 5 catégories différentes avec 4 segmentations manuelles par modèle, ce qui donne un total de 112 segmentations manuelles, et une métrique d'évaluation améliorée par rapport à une métrique proposée dans le PSB. Il a été utilisé pour l'évaluation des segmentations automatiques individuelles, en particulier en 2012 dans la compétition SHREC [LVB⁺12] (SHREC'12 Track : 3D mesh segmentation). Parmi les méthodes concurrentes, l'approche de segmentation par apprentissage supervisée de Benhabiles et al. [BLVD11] a obtenu les meilleurs résultats d'évaluation de SHREC'12 (cette approche décompose correctement plusieurs objets en parties significatives sans chercher à attribuer des étiquettes sémantiques cohérentes à l'intérieur d'une même classe d'objet). Le benchmark PSB diffère de celui de Benhabiles et al. [BVLD10] par le type de segmentations manuelles : dans ce dernier, les segments sont formés en affectant des indices au sommets du maillage, tandis que dans PSB, les indices sont affectés aux faces du maillage.

Pour évaluer des méthodes de co-segmentation, Wang et al. [WAvK⁺12] ont mis à disposition la base d'objets ainsi que l'ensemble des segmentations vérité-terrain qu'ils avaient collectées. Cette base, appelée "The Shape COSEG Dataset", consiste en des maillages triangulaires pour la plupart simplifiés, fournis chacun avec une segmentation vérité-terrain (avec des étiquettes attribuées aux faces) et regroupés en 11 ensembles où chaque ensemble correspond à une catégorie (chaise, vase, qua-

	Benchmark PSB de Chen et al. [CGF09]	Benchmark de Benhabiles et al. [BVLD10]	Base COSEG de Wang et al. [WAvK⁺12]
Nombre de classes d'objets	19	5	11
Nombre de maillages dans toute la base	380	28	1090
Nombre de segmentations vérité-terrain dans toute la base	4300	112	1090
Métriques proposées	CD, HD, LCE, GCE et RI	3D-NPRI	Pas de métrique
Eléments étiquetés du maillages	Faces	Sommets	Faces
Étiquettes cohérentes à l'intérieur d'une classe d'objets ?	Non	Non	Oui

TABLE 2.2 – Tableau résumant les principales caractéristiques des benchmarks et bases de modèles 3D disponibles pour l'évaluation des méthodes de segmentation en parties significatives.

drupède..). Rappelons que la majorité des algorithmes de co-segmentations aboutissent à un étiquetage cohérent des parties fonctionnelles sans imposer la propriété de connexité. De ce fait, et contrairement aux segmentations fournies dans les deux bases précédentes, on peut retrouver pour certains objets une même étiquette attribuée à des parties non-connectées (une étiquette unique pour les quatre pieds d'une chaise par exemple).

Toutefois, la base COSEG se distingue de ses précédentes par l'adoption d'étiquettes identiques pour représenter les parties ayant des fonctionnalités similaires dans les modèles appartenant à une même catégorie. Par conséquent, elle est la plus pratique pour comparer visuellement les segmentations créées par une méthode de co-segmentation et vérifier facilement leur cohérence. De plus, il est possible d'approfondir l'évaluation par une comparaison quantitative en utilisant les métriques de similarité existantes (voir section 2.6.2), tout en sachant que la correspondance entre les segments vérité-terrain est garantie, ce qui allège la tâche de l'utilisateur car il ne doit pas effectuer la mise en correspondance manuellement, à l'opposé des benchmarks PSB et [BVLD10] où ce procédé est nécessaire.

2.6.2 Métriques d'évaluations

	Désignation	Type de comparaison	Membres de comparaison
Écart de coupe	CD	Frontières	$\mathcal{S}_M^a \leftrightarrow \mathcal{S}_M^{vt}$
Distance de Hamming	HD	Régions	$\mathcal{S}_M^a \leftrightarrow \mathcal{S}_M^{vt}$
Erreur de consistance locale ou globale	LCE, GCE	Régions	$\mathcal{S}_M^a \leftrightarrow \mathcal{S}_M^{vt}$
Indice de Rand	RI	Tests non-paramétriques	$\mathcal{S}_M^a \leftrightarrow \mathcal{S}_M^{vt}$
Indice de Rand probabiliste normalisé	3D-NPRI	Tests non-paramétriques	$\mathcal{S}_M^a \leftrightarrow \{\mathcal{S}_M^{vt}\}$
Distance de Hamming de similarité	SHD	Régions	$\mathcal{S}_M^a \leftrightarrow \{\mathcal{S}_M^{vt}\}$
Incrément d'entropie adaptatif	AEI	Régions	$\mathcal{S}_M^a \leftrightarrow \{\mathcal{S}_M^{vt}\}$
Taux d'identification	RR	Régions + Étiquetage	$\mathcal{S}_M^a \leftrightarrow \mathcal{S}_M^{vt}$

TABLE 2.3 – Tableau récapitulatif des métriques d'évaluation quantitative comparant une segmentation automatique \mathcal{S}_M^a d'un modèle par rapport à l'une de ses segmentations vérité-terrain \mathcal{S}_M^{vt} ou, pour certaines métriques, par rapport à tout l'ensemble $\{\mathcal{S}_M^{vt}\}$.

La visualisation des résultats de segmentations étant insuffisante pour les comparer correctement, des métriques quantitatives ont été proposées afin d'évaluer de façon équitable les méthodes de segmentation de maillages 3D. Le tableau 2.3 fournit une vue d'ensemble sur ces métriques.

Chen et al. [CGF09] ont adapté des mesures qui ont déjà été utilisées pour évaluer des segmentations d'images dans des travaux préalables en vision par ordinateur. Quatre nouvelles métriques sont alors introduites dans leur benchmark PSB permettant de comparer une segmentation automatique et une segmentation vérité-terrain (manuelle) d'un même modèle :

- *L'écart de coupe* (Cut Discrepancy, noté CD), métrique basée sur les contours, elle mesure la proximité des frontières des deux segmentations.
- *La distance de Hamming* (Hamming Distance, notée HD) est une métrique basée région qui mesure la différence globale entre les régions de deux segmentations différentes.
- *L'erreur de consistance locale ou globale* (Local (resp. Global) Consistency Error, notées LCE (et GCE respectivement)) est une métrique également basée région. Elle mesure l'erreur de raffinement entre deux segmentations en rendant compte des similitudes et des différences hiérarchiques dans les segmentations.

- *L'indice de Rand* (Rand Index, noté RI) est une mesure non-paramétrique de similarité entre deux segmentations. Son principe est de tester pour chaque paire de faces si celles-ci sont étiquetées de la même façon dans les deux segmentations (ensemble dans le même segment ou séparément).

Benhabiles et al. [BVLD10, Ben11] ont examiné ces quatre métriques de plusieurs points de vue en fonction de propriétés que devrait satisfaire une métrique de similarité. Ils reprochent à ces métriques d'être :

- sensibles au raffinement de la segmentation (excepté LCE et GCE),
- non robustes aux cas dégénérés (excepté RI) par exemple, quand chaque face du maillage correspond à un segment différent ou à l'opposé, lorsque toutes les faces du maillages sont associées au même segment,
- et limitées en terme de comparaison simultanée de la segmentation calculée par rapport à plusieurs segmentations vérité-terrain.

Ils proposent alors une métrique originale appelée *indice de Rand probabiliste normalisé* (3D-NPRI) qui améliore l'indice de Rand en permettant de prendre en compte des segmentations vérité-terrain multiples du même modèle.

Plus récemment, Liu et al. [LTBZ13] ont introduit deux nouvelles métriques dont le principe de calcul est inspiré de la métrique 3D-NPRI [BVLD10]. Ces métriques permettent d'évaluer la segmentation automatique d'un objet par rapport à tout l'ensemble de ses segmentations vérité-terrain :

- *La distance de Hamming de similarité* (Similarity Hamming Distance, notée SHD) est une métrique basée sur la recherche de similarités partielles entre la segmentation calculée et les segmentations vérité-terrain.
- *L'incrément d'entropie adaptatif* (Adaptive Entropy Increment, noté AEI) est une métrique basée sur le concept d'entropie qui mesure l'incertitude associée à une variable aléatoire, et plus spécifiquement la diversité et le désordre dans un ensemble de segmentations. L'idée est de calculer l'incrément de l'entropie lorsqu'une segmentation calculée est ajoutée à l'ensemble des segmentations vérité-terrain puis de se baser sur l'amplitude de cet incrément pour évaluer la qualité de la segmentation calculée.

Les métriques 3D-NPRI, SHD et AEI sont tolérantes par rapport à la répartition hiérarchique et la granularité des segmentations (niveaux de raffinement). Elles fournissent des résultats d'évaluation qui sont en concordance avec les résultats obtenus par les métriques du PSB. En outre, elles sont moins biaisées et présentent un pouvoir

discriminant renforcé.

De l'autre côté, beaucoup de travaux de co-segmentation ont calculé des scores du *taux d'identification* (Recognition rate, noté RR), une mesure définie par Kalogerakis et al. [KHS10] comme l'inverse de l'erreur de classification. Elle donne le pourcentage de l'aire de la surface du maillage identiquement étiquetée dans les deux segmentations du même modèle : la segmentation calculée par une méthode de co-segmentation et la segmentation vérité-terrain.

Dans les expériences menées dans le cadre de nos travaux, nous avons sélectionné des bases et des métriques d'évaluation décrites dans cette section en tenant compte de leur pertinence par rapport aux comparaisons à effectuer.

2.7 Problématique de transfert de segmentation

Cette section décrit la problématique de transfert de segmentation entre des objets 3D appartenant à la même classe. Elle présente également les différentes hypothèses que nous avons pris en compte pour élaborer les approches de segmentation proposées dans cette thèse. Un aperçu synthétique de ces approches est fourni à la fin de cette section.

2.7.1 Problématique traitée

Comme nous l'avons indiqué dans le chapitre précédent, les études comparatives sur les techniques de segmentation de maillage 3D [AKM⁺06, Sha08, CGF09, BVLD09a] différencient les approches géométriques et les approches basées sur la sémantique. Notre but est de retenir l'information sémantique durant la segmentation d'un modèle. Le problème à résoudre consiste donc à identifier automatiquement des parties sémantiquement significatives d'un modèle 3D, ce qui est difficile à accomplir en ne considérant que les propriétés géométriques de l'objet. Pour ce faire, nous proposons d'utiliser la connaissance de l'utilisateur et d'effectuer cette segmentation par transfert d'une segmentation exemple :

L'utilisateur fournit l'information sémantique désirée en segmentant un modèle 3D en parties significatives. Puis, à partir de ce modèle pris comme exemple, une segmentation similaire est automatiquement calculée sur chaque modèle de la même classe.

Nous rappelons que la co-segmentation ou la segmentation simultanée et similaire d'une famille de modèles 3D (cf. section 2.5) est un problème légèrement différent du notre, puisque l'objectif principal, dans ce cas, est de segmenter les maillages de façon

cohérente à l’intérieur d’une même classe d’objets. En outre, dans la majorité des méthodes de co-segmentation, les segments résultants ne sont pas forcément connexes, ce qui n’est pas ce que nous cherchons à obtenir. Toutefois, [GF09] présentent une extension de leur méthode de co-segmentation pour transférer une segmentation exemple à un ensemble de modèles de la même classe d’objets. Cette approche utilise un alignement rigide approximatif des modèles et calcule la co-segmentation non supervisée d’un ensemble d’objets (cf. section 2.5.3 sur les méthodes non-supervisées). De ce fait, ils obtiennent globalement de bons résultats pour les modèles rigides et des résultats moins satisfaisants pour les modèles articulés. Nos travaux sont différents dans la mesure où :

- nous effectuons une segmentation modèle à modèle qui est rapide ;
- nous introduisons deux approches distinctes, l’une dédiée aux objets rigides et l’autre aux objets articulés en tenant compte des spécificités de chacun de ces deux types d’objets.

Ces deux approches sont fondées sur des hypothèses clés :

- ◊ une hypothèse globale [H1] ;
- ◊ une hypothèse concernant les modèles rigides [H2] ;
- ◊ une hypothèse concernant les modèles articulés [H3].

2.7.2 Hypothèse globale [H1]

Comme ce travail porte exclusivement sur des segmentations en parties significatives, nous considérons que la plupart des frontières des segments devraient se situer le long des minima négatifs des courbures principales comme indiqué dans l’étude de Hoffman et Richards [HR84]. Ceci est confirmé en examinant les segmentations produites manuellement dans le PSB [CGF09] et dans la base COSEG [WAvK⁺12]. Nous avons constaté que l’algorithme de segmentation de Lai et al. [LHMR09] utilisant les marches aléatoires est tout à fait adaptable à notre problématique d’autant plus qu’il est basé sur la *règle des minima* [HR84]. La motivation sous-tendue par ce choix d’algorithme sera clairement explicitée dans le chapitre 3.

L’hypothèse [H1] concerne l’utilisation de la méthode des marches aléatoires pour la segmentation. Elle s’énonce comme suit : nous supposons que la segmentation exemple fournie par l’utilisateur décompose le modèle 3D en des parties significatives qui auraient pu être produites par un algorithme de segmentation par les marches aléatoires.

Cela signifie que ces segments auraient pu être calculés par l’algorithme de Lai et al. [LHMR09] à partir d’un ensemble de *pseudo* germes bien choisis sur le maillage.

2.7.3 Hypothèse [H2] concernant les modèles rigides

Dans le cas des modèles rigides, on remarque que les modèles issus d'une même classe et alignés entre eux ont leurs parties significatives proches. Par exemple, une chaise, qui a une décomposition naturelle en un "dossier", une "assise" et des "pieds" a ces parties situées respectivement en haut, au milieu et en bas quand la chaise est posée sur le sol. En outre, lorsque deux chaises sont alignées entre elles, les emplacements de ces parties restent proches, à une transformation rigide près. D'ailleurs, dans notre discussion sur les méthodes de co-segmentation dans le chapitre 2, nous avons montré qu'il s'agit d'une hypothèse sous-jacente dans les approches de co-segmentation dédiées aux modèles rigides.

Nous supposons l'hypothèse [H2] vérifiée, à savoir : les modèles rigides appartenant à la même classe d'objets peuvent être alignés de façon à préserver l'alignement de leurs parties significatives.

2.7.4 Hypothèse [H3] concernant les modèles articulés

En examinant les modèles articulés, nous avons constaté que les modèles appartenant à la même classe possèdent une structure sous-jacente similaire. Par exemple pour les quadrupèdes, cette structure peut être décomposée en une tête, un torse, quatre pieds et parfois une queue. Ainsi, une localisation grossière des segments à transférer du modèle exemple vers le modèle cible pourrait être effectuée si l'on extrait les squelettes grossiers de ces modèles.

Nous supposons qu'il est possible d'extraire des structures topologiques similaires et comparables des modèles articulés appartenant à la même classe sémantique.

2.7.5 Principe de la méthode de segmentation par l'exemple

Discussion des hypothèses [H2] et [H3]

D'abord, il est intéressant de souligner que l'hypothèse d'alignement [H2] appliquée seule aux objets articulés, appelés aussi objets non-rigides, serait une hypothèse très faible. Ces objets présentent une grande variabilité. Il n'est pas possible de trouver un alignement induisant une mise en correspondance de leurs parties. En effet, leurs parties prennent des poses différentes lorsqu'elles sont articulées différemment autour des jointures. Le mieux serait donc de considérer l'hypothèse [H3] pour ce type d'objets.

Par ailleurs, bien que les objets rigides issus d'une même classe aient la même structure globale, il est difficile en pratique d'extraire des squelettes similaires des

objets rigides similaires vu la forme de leurs composants et la nature de leurs jointures : pour ce type d'objets, la forme d'une partie fonctionnelle n'est pas toujours assimilable à une forme tubulaire, elle peut être plate ou creuse et avoir parfois une jointure très large avec les parties voisines, ce qui peut générer un squelette ambigu ne reflétant pas la structure réelle de l'objet. Dans le chapitre 2, la table 2.1 récapitulative des méthodes de segmentations individuelles montre que la majorité des méthodes basées squelette ou topologie ne parviennent pas à segmenter les objets rigides en parties significatives. Parmi elles, seules les méthodes [TVVD07, BDBP09] utilisant des graphes de Reeb y parviennent. Néanmoins, vu que nous cherchons à transférer une segmentation cohérente aux modèles rigides d'une même classe, il est difficile d'obtenir des segmentations cohérentes en se basant sur la comparaison de graphes de Reeb, car il ne serait pas garanti d'aboutir à des graphes comparables pour les modèles rigides de certaines classes comme les chaises ou les vases (leurs maillages sont de genres g différents avec $g \neq 0$ pour la majorité), mis à part la complexité de la construction du graphe par rapport à un calcul d'alignement. Pour ces raisons, l'hypothèse [H3] sera limitée aux modèles articulés.

Grandes lignes de la méthode

Dans la suite du manuscrit, M_E désignera le modèle exemple segmenté, $S_E^1..S_E^N$ ses N segments, \mathcal{C} sa classe et M_T un modèle quelconque appartenant à \mathcal{C} . Tous les modèles 3D considérés sont des maillages triangulaires 2-variétés. Notre méthode de transfert de segmentation construit une partition de la surface de M_T en N segments $S_T^1..S_T^N$, où S_T^i est associé au segment S_E^i .

Grâce aux hypothèses énoncées ci-avant, nous avons pu transformer le problème de transfert de segmentation en un problème de positionnement de faces germes sur le modèle cible. La méthode de transfert se décompose en quatre étapes :

1. Une **mise en correspondance entre le modèle exemple M_E et le modèle cible M_T** appartenant à \mathcal{C} . Cette étape se base sur l'hypothèse [H2] pour le traitement des modèles rigides et l'hypothèse [H3] pour le traitement des modèles articulés.
2. Une **localisation de faces germes sur M_T** exploitant l'hypothèse [H1].
3. Un **calcul de la segmentation de M_T** à partir des germes localisés, par un algorithme dérivé de l'algorithme des marches aléatoires de Lai et al. [LHMR09].
4. Une **amélioration des frontières des segments**.

Ce processus favorise une mise en œuvre souple et efficace, selon le type d'objets

concerné (rigide ou articulé). L'étape de calcul de segmentation, basée sur l'algorithme des marches aléatoires est détaillée dans le prochain chapitre. Les processus de transfert de segmentation sont présentés et évalués dans le chapitre 4 pour les modèles rigides et le chapitre 5 pour les modèles articulés.

Chapitre 3

Marches aléatoires pour la segmentation 3D

Notre but est d'introduire une méthode de segmentation par l'exemple dans une classe d'objets similaires suffisamment rapide pour avoir un usage interactif. Dans cette optique, nous avons choisi de développer une approche basée sur les marches aléatoires. En effet, en étudiant les différents algorithmes de segmentation individuelles, nous avons pu constater que la méthode des marches aléatoires appliquée à la problématique de la segmentation 3D par Lai et al. [LHMR09] fournit de bons résultats à la fois sur les formes rigides et non-rigides. D'autre part, elle permet la segmentation interactive d'objets et garantit les meilleurs temps de réponse.

Dans ce chapitre, nous présentons le principe des marches aléatoires et leur contexte théorique en liaison avec la segmentation de maillages. Puis nous discutons des caractéristiques de la segmentation interactive de Lai et al. [LHMR09] et nous proposons une amélioration en vue d'appliquer les marches aléatoires au problème de segmentation par l'exemple.

3.1 Principe de la méthode des marches aléatoires

Les marches aléatoires sont introduites en vision par ordinateur pour la première fois dans les travaux de Wechsler et Kidode [WK79] pour la discrimination de texture. Puis, Gorelick et al. [GGS⁺06] proposent de caractériser la forme d'un objet 2D en étudiant le temps moyen pour qu'une marche aléatoire atteigne la frontière de l'objet. Toujours dans le contexte de données 2D, Grady [Gra06] propose une méthode pionnière de segmentation d'images par les marches aléatoires. Dans une étude incontournable, il introduit les fondements mathématiques de la méthode et souligne

son côté pratique pour la segmentation interactive et pour l'édition de la segmentation. Les travaux de Lai et al. [LHMR09] étendent l'approche de Grady [Gra06] à la segmentation d'objets 3D en parties significatives.

L'idée intuitive de la méthode peut être formulée comme suit :

Un ensemble de N éléments germes représentant les N segments doit être d'abord défini pour l'objet. Ces germes sont des faces dans le cas des maillages 3D. L'algorithme effectue ensuite la classification du reste des éléments en répondant à la question : étant donnée une marche aléatoire à partir d'un élément (une face) de l'objet, quelle est la probabilité qu'elle atteigne d'abord chacun des éléments germes ? En répondant à cette question, nous attribuons à chaque élément un vecteur de longueur N qui spécifie la probabilité qu'une marche aléatoire à partir de cet élément arrive en premier à chaque germe. Le partitionnement final est réalisé en associant chaque face de l'objet au germe qui représente la destination la plus probable d'une marche aléatoire.

Dans le cas des maillages surfaciques, on se ramène à un problème discret sur le graphe dual du maillage où l'élément germe est une face et les déplacements s'effectuent en traversant les arêtes pour atteindre les faces adjacentes. Il s'agit ici d'un processus stochastique à caractère markovien. Il a été établi par Doyle et Snell [DS84] que les probabilités à calculer sont égales à la solution du problème de Dirichlet discret avec des conditions aux bords aux emplacements des éléments germes.

3.2 Contexte théorique

Considérons un maillage triangulaire \mathcal{M} , variété de dimension 2 constituée de $m + N$ faces, et $s_1 \dots s_N$ des faces de \mathcal{M} représentant les germes. L'algorithme des marches aléatoires [LHMR09] construit une partition de \mathcal{M} en N composantes connexes à partir des N faces germes. La segmentation est calculée en attribuant une valeur i , $i = 1, \dots, N$ à chaque face non-germe f_l , $l = 1, \dots, m$ de \mathcal{M} , où i est l'indice de la face germe s_i qui a la probabilité $P^i(f_l)$ la plus élevée d'être atteinte la première par une marche aléatoire partant de f_l sur le graphe dual de \mathcal{M} , i.e., $P^i(f_l) > P^j(f_l)$ pour $j \neq i$.

Les probabilités P^i introduites dans [LHMR09] favorisent la création des frontières des segments sur les arêtes de forte courbure négative et assurent la connexité des

régions de la surface formant les segments. Elles satisfont :

$$\begin{cases} P^i(f_l) = \sum_{j=1}^3 p_{l,j} P^i(f_{l,j}) & l = 1, \dots, m \\ P^i(s_i) = 1 \\ P^i(s_k) = 0 \quad \text{quand } k \neq i \end{cases} \quad (3.1)$$

où $f_{l,j}, j = 1..3$ sont les trois faces adjacentes à f_l et $p_{l,j}$ sont les probabilités de transition décrivant l'*environnement* de la marche et calculées suivant [LHMR09] :

$$p_{l,j} = h_l |e_{l,j}| \exp \left\{ -\frac{d_a(f_l, f_{l,j})}{\bar{d}_a} \right\} \quad (3.2)$$

avec h_l tel que $p_{l,1} + p_{l,2} + p_{l,3} = 1$. $|e_{l,j}|$ est la longueur de l'arête commune à f_l et $f_{l,j}$, et d_a est basée sur la mesure de l'angle dièdre θ entre les faces f_l et $f_{l,j}$:

$$d_a(f_l, f_{l,j}) = \eta [1 - \cos(\theta(f_l, f_{l,j}))] \quad (3.3)$$

η donne la priorité aux arêtes concaves : $\eta = 1$ pour les arêtes concaves et $\eta = 0.1$ pour les arêtes convexes. d_a est normalisée par sa moyenne sur toutes les arêtes \bar{d}_a .

Pour chaque i de $\{1, \dots, N\}$, P^i est le vecteur des m probabilités $(P^i(f_1), \dots, P^i(f_m))$. En suivant [LHMR09], on se ramène à N systèmes linéaires indépendants qui peuvent être écrits sous forme matricielle :

$$A_{m \times m} P^i = B^i \quad (3.4)$$

où les éléments $(a_{l,j})_{1 \leq l \leq m, 1 \leq j \leq m}$ de $A_{m \times m}$ s'écrivent :

$$a_{l,j} = \begin{cases} 1 & \text{pour } l = j \\ -p_{l,j} & \text{pour } f_l \text{ adjacente à } f_j \text{ et } f_l \text{ non-adjacente à une face germe} \\ 0 & \text{ailleurs} \end{cases} \quad (3.5)$$

Les valeurs des éléments b_k^i du vecteur B^i sont :

$$b_l^i = \begin{cases} 1 & \text{si } f_l \text{ est adjacente au germe } s^i \\ 0 & \text{ailleurs} \end{cases} \quad (3.6)$$

Une ligne de $A_{m \times m}$ comporte au plus quatre valeurs non nulles et le vecteur B^i a au plus trois valeurs non nulles, qui correspondent aux faces adjacentes à s_i . Comme la matrice $A_{m \times m}$ est indépendante du choix de l'indice i , on peut écrire $A_{m \times m} P_{m \times n} =$

$B_{m \times n}$, où la matrice $P_{m \times n}$ regroupe en ses colonnes les vecteurs P^i , et $B_{m \times n} = (B_1, \dots, B_n)$. Les N systèmes linéaires forment donc un système linéaire creux, ce qui permet de calculer rapidement les $P^i(f_l)$ et de déduire la segmentation de \mathcal{M} dans un temps très raisonnable.

3.3 Etude de cas

Cette version de l'algorithme des marches aléatoires garantit que chaque segment est relié à un seul germe dans le sens où il n'existe aucune région possédant un label particulier et ne comportant aucun germe. De plus, la solution qui fournit les valeurs des probabilités $P^i(f_l)$ existe toujours et est unique.

Examinons les caractéristiques recherchées dans une segmentation interactive. Elles sont les suivantes :

- ▷ la détection des frontières peu marquées,
- ▷ l'évitement des solutions triviales (évitement du phénomène de petites coupes),
- ▷ la robustesse au bruit du maillage,
- ▷ la possibilité d'identifier plusieurs segments en même temps,
- ▷ la rapidité d'exécution.

La méthode des marches aléatoires satisfait les quatre derniers critères. Cependant, elle peut se montrer parfois moins fiable pour détecter des frontières à faible concavité. Pour mieux comprendre le comportement de l'algorithme vis à vis du placement des germes et de la géométrie du maillage, nous avons évalué expérimentalement la méthode de segmentation interactive et nous avons constaté les faits que nous présentons dans les sections suivantes.

3.3.1 Influence du positionnement des germes

En faisant varier la position des germes dans les parties désirées, en suivant la sémantique d'une segmentation humaine, nous avons remarqué que, de manière générale, les résultats de segmentation sont stables. L'algorithme peut parfois échouer à identifier correctement les frontières des segments, en particulier lorsque les concavités sont faibles au niveau des frontières et quand les faces germes sont placées assez loin. La figure 3.1 illustre un exemple de segmentation interactive d'un modèle de girafe avec deux choix de positionnement de germes. Les résultats sont acceptables dans le deuxième cas mais le sont moins dans le premier cas. Afin d'obtenir des résultats plus cohérents vis à vis de la perception humaine, Lai et al [LHMR09] ont eu l'idée, pour leur version automatique de la méthode de segmentation, de positionner initialement

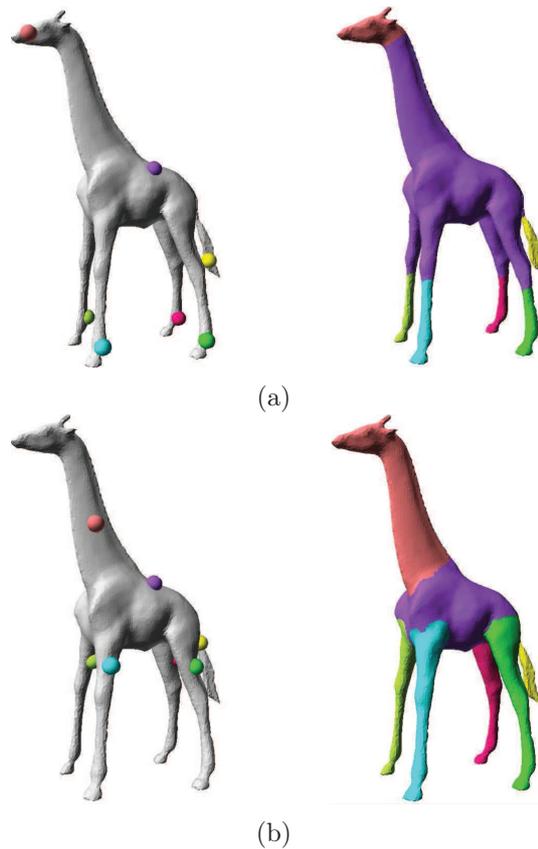


FIGURE 3.1 – Segmentations du même modèle avec deux choix de germes différents.

un grand nombre de germes de façon aléatoire pour calculer une sur-segmentation et de fusionner les petits segments dans un second temps.

3.3.2 Dépendance de l'emplacement du germe en absence de concavités

Contrairement aux approches de croissance de région, basées également sur la sélection d'un ensemble de germes, l'algorithme des marches aléatoires a la possibilité de distinguer une frontière peu marquée dès qu'une partie de cette frontière est cohérente. La figure 3.2 montre une segmentation correcte des ailes d'un oiseau sur les deux côtés malgré le fait que la géométrie des frontières entre les ailes et le corps de l'oiseau varie considérablement : d'un côté (vue de face) il y a une absence remarquable de concavité qui laisserait place à la confusion entre la zone correspondante aux ailes et la partie centrale du corps, et du côté opposé (vue de derrière) la courbure de la concavité est bien plus importante. La méthode parvient à différencier les ailes du reste du corps.



FIGURE 3.2 – Décomposition correcte d'un modèle d'oiseau présentant des frontières de concavité peu marquée et un choix favorable de germes.

Toutefois, ce bon résultat n'est pas toujours assuré. Par exemple, quand la longueur des frontières entre les parties désirées est importante et l'information géométrique est manquante (absence de concavité) sur une grande portion des frontières, la segmentation de ces parties peut être insatisfaisante si le choix des positions des germes n'est pas judicieux (voir la segmentation des ailes d'oiseau de la figure 3.3).

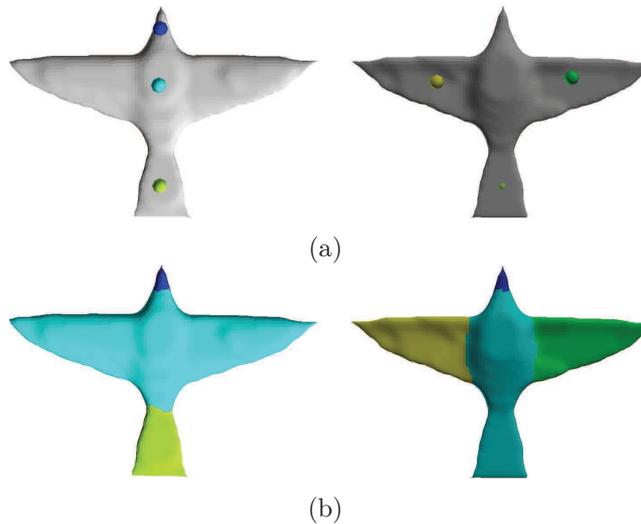


FIGURE 3.3 – Propagation incorrecte de la segmentation du modèle d'oiseau due à l'absence de concavité sur de longues frontières et un choix défavorable de germes.

Ainsi, pour obtenir une segmentation interactive correcte, il faut accorder une attention aux emplacements de germes pour bien distinguer les frontières très peu marquées. Avec un choix approprié de germes, l'algorithme est capable non seulement de détecter ce type de frontière, mais aussi d'éviter les coupes triviales (très petites coupes). Sur ce point, il est même meilleur que les approches de coupes de graphe, car celles-ci sont plus susceptibles de générer des petites coupes triviales en l'absence de frontières concaves, étant basées sur la recherche de la coupe minimale. De plus, contrairement aux algorithmes de coupe de graphe, l'algorithme des marches aléatoires fournit une valeur de "confiance" de la segmentation en termes des probabilités $P^i(f_i)$ des marches aléatoires associées à chaque élément germe.

3.3.3 Sensibilité aux concavités non frontalières

Les études [HR84, Bie87] ont souligné que la vision humaine se sert des concavités de l'objet pour reconnaître ses parties significatives et pour le décomposer. Il en découle que la présence d'une forte concavité dans la surface centrale d'une partie à identifier serait contraignante pour le calcul de la segmentation. Or, la surface du maillage peut présenter parfois des irrégularités entraînant la présence de concavités qui ne correspondent pas à des frontières de segmentation. Considérons l'exemple

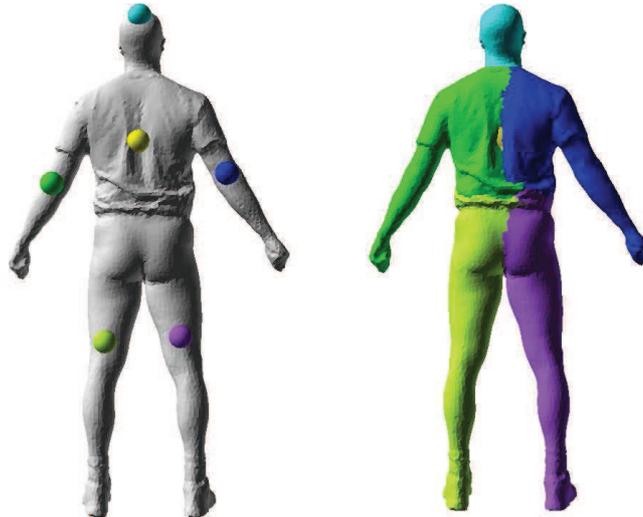


FIGURE 3.4 – Sensibilité en présence de concavités non frontalières.

du modèle humain de la figure 3.4. La face germe sélectionnée pour représenter le torse est positionnée à l'intérieur d'une concavité non frontalière (dont la position est représentée par une sphère jaune). L'algorithme de segmentation a privilégié la création d'une frontière traversant cette concavité irrégulière. Par conséquent, la probabilité qu'une marche aléatoire sur la surface du dos atteigne la zone creuse ou se trouve le germe est très faible car elle doit traverser une frontière de segmentation. Le segment (segment jaune) qui devrait alors représenter le torse est réduit aux faces très proches de l'élément germe.

3.3.4 Segmentation robuste des maillages bruités

La méthode de segmentation étant basée sur un calcul de probabilités, elle est tolérante par rapport à un faible bruit appliqué au maillage (voir figure 3.5). Les travaux de Grady [Gra06] et Lai et al. [LHMR09] ont montré empiriquement que le résultat de segmentation par les marches aléatoires ne serait pas influencé par l'ajout d'une faible quantité de bruit additif aux données. De même, pour un bruit



FIGURE 3.5 – Segmentation robuste des modèles bruités.

plus important, les probabilités peuvent être estimées de manière robuste en prenant en compte un filtre approprié appliqué aux données bruitées.

3.3.5 Effet de l'ajout de germes sur la même région



FIGURE 3.6 – Ajout de germes pour segmenter la chaise en 8 parties significatives. A gauche : 1 germe par segment, 8 en total ; au milieu : 2 germes par segment, 16 en total ; à droite : 5 germes par segment, 40 en total.

Temps de calcul (8 segments)	8 germes	16 germes	40 germes
Chaise(20242 faces)	2.33s	1.90s	1.65s

TABLE 3.1 – Durée de calcul des segmentations de la chaise de la figure 3.6 avec différents nombres de germes par segment .

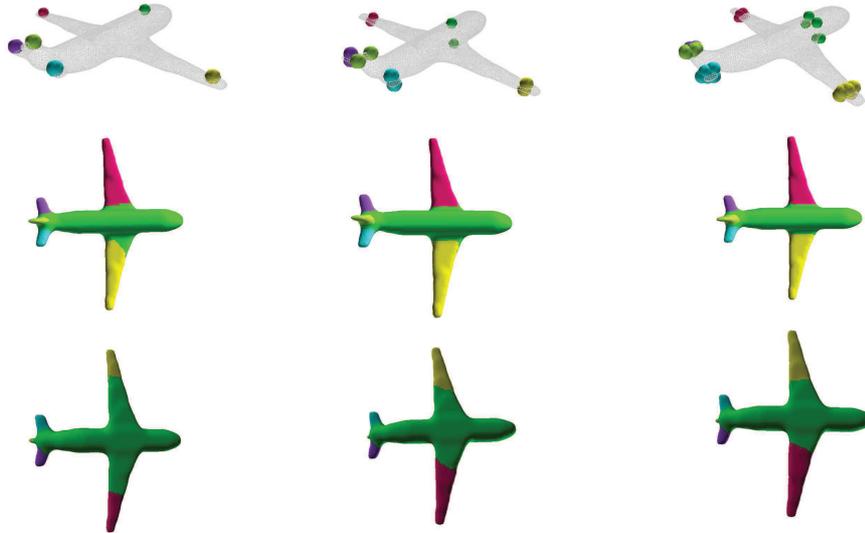


FIGURE 3.7 – Ajout de germes pour segmenter l’avion en 6 parties significatives. A gauche : 1 germe par segment, 6 en total ; au milieu : 2 germes par segment, 12 en total ; à droite : 5 germes par segment, 30 en total.

Temps de calcul (6 segments)	6 germes	12 germes	30 germes
Avion (11043 faces)	1.11s	0.91s	0.88s

TABLE 3.2 – Durée de calcul des segmentations de l’avion de la figure 3.7 avec différents nombres de germes par segment .

Pour améliorer la qualité visuelle de la segmentation automatique, nous avons étudié l’effet de l’ajout de quelques germes sur l’objet en préservant le même nombre de segments souhaités. Les figures 3.6 et 3.7 montrent des modèles où l’on a positionné initialement un germe pour chaque segment (colonne à gauche). Nous avons remarqué que pour certaines régions qui n’ont pas de frontières claires avec les régions voisines (le dossier de la chaise dans la figure 3.6 et les ailes de l’avion dans la figure 3.7), un seul germe n’est pas suffisant pour représenter la région lui correspondant.

Les segmentations obtenues par le placement de plusieurs germes sur chaque région à calculer sont également montrées : une paire de germes de positions opposées (colonnes du milieu des figures 3.6 et 3.7) et cinq germes (colonnes à droite des figures 3.6 et 3.7) par région. Nous constatons que les résultats de segmentation s’améliorent en ajoutant des germes. De même, l’algorithme devient plus rapide (voir section 3.4.1 pour plus de détails). Les tables 3.1 et 3.2 indiquent des temps de calcul décroissants avec l’augmentation du nombre de germes par segments. Nous concluons de ce fait que l’ajout de germes sur la même région dans des positions favorables est tout à fait

avantageux pour la segmentation.

Nous allons exploiter cette étude de cas afin d'élaborer des solutions efficaces pour remédier aux problèmes repérés et pour ainsi permettre l'utilisation des marches aléatoire dans une méthode de transfert de segmentation automatique à l'intérieur d'une même classe d'objets 3D.

3.4 Transfert de segmentation par les marches aléatoires

Nous avons vu que les facteurs clés d'une segmentation correcte par les marches aléatoires sont principalement la détection des concavités appropriées et le placement des germes dans des positions propices. De plus, comme nous l'avons indiqué dans la section 2.7, les objets articulés et les objets rigides demandent des traitements différents dans le cadre de la segmentation par l'exemple. Nous allons décrire comment les marches aléatoires seront utilisées pour chacun de ces deux types d'objets pour créer des segmentations en parties significatives, à partir de la donnée d'une segmentation exemple. Ces extensions des marches aléatoires seront utilisées dans les chapitres 5 (objets rigides) et 6 (objets articulés).

3.4.1 Cas des modèles rigides : marches aléatoires étendues aux germes multiples

L'étude de cas a montré que le positionnement favorable des germes sur le modèle à segmenter et l'augmentation du nombre de germes par région produisent de meilleures segmentations. Dans le contexte de transfert de segmentation entre les objets rigides d'une même classe, les hypothèses [H1] et [H2] de la section 2.7 rendent possible l'utilisation des marches aléatoires à germes multiples pour la segmentation par l'exemple des objets rigides. En effet, une stratégie de positionnement de germes qui suit l'alignement des maillages a été développée pour ce type d'objets. Les détails du positionnement automatique de deux germes par surface de région dans le modèle cible sont dans la section 4.3.2. Nous proposons d'étendre la représentation théorique des marches aléatoires présentée dans la section 3.2 afin de permettre l'introduction de plusieurs germes par segment.

Supposons que l'on désire associer deux faces germes s_i^1 et s_i^2 pour chaque segment d'indice i , $i = 1, \dots, N$. Le nombre de faces non-germes est alors réduit de N , ($m' = m - N$), tandis que le nombre des probabilités des marches aléatoires à calculer pour l'une de ces faces f_l reste inchangé et égal à N . En effet, pour décider si f_l appartient à la région d'indice i nous calculons cette fois la probabilité qu'une marche aléatoire

atteigne d'abord l'une des deux faces germes s_i^1 et s_i^2 . Les probabilités des faces germes sont définies par :

$$\begin{cases} P^i(s_i^j) = 1 & \text{pour } j \in \{1, 2\} \\ P^i(s_k^j) = 0 & \text{pour } j \in \{1, 2\} \text{ et } k \neq i \end{cases} \quad (3.7)$$

En modifiant l'équation 3.4, l'écriture matricielle des N systèmes linéaires devient :

$$A_{m' \times m'} P^i = B^i \quad (3.8)$$

Notons que le nombre de zéros diminue dans le vecteur B^i car celui-ci peut contenir jusqu'à six valeurs non nulles qui correspondent aux faces adjacentes à s_i^1 ou à s_i^2 . Cependant, $A_{m' \times m'}$ contient toujours quatre valeurs non nulles au plus par ligne. De plus, sa taille est inférieure à celle de $A_{m \times m}$ et elle est plus creuse que $A_{m \times m}$: si le nombre total de germes ajoutés par rapport aux N premiers germes est aussi égal à N , la matrice $A_{m' \times m'}$ contient au plus $2 \times 3 \times N = 6N$ zéros supplémentaires par rapport à $A_{m \times m}$ ($3 \times N$ est le nombre de faces f_l devenues voisines des nouvelles faces germes et 2 est le nombre de faces adjacentes aux f_l en excluant la face germe). Ceci réduit la complexité de recherche de la solution, étant donné que la complexité d'un système linéaire creux dépend du nombre d'éléments non nuls, et justifie ainsi les temps de calcul décroissants avec l'addition de faces germes comme montrés dans les tables 3.1 et 3.2 .

Le processus peut être adapté, si besoin, pour associer n'importe quel nombre de faces germes par segment. Toutefois, chercher à localiser un nombre important de germes en utilisant la correspondance avec le modèle exemple peut constituer en lui même une étape coûteuse qui ralentira le processus global de transfert de segmentation. De plus, une attention particulière doit être portée au placement des germes additionnels car la connectivité de chaque région produite par la segmentation multi-germes n'est plus garantie. Par conséquent, nous nous limitons à déterminer deux faces germes opposées par région en utilisant la stratégie de localisation décrite à la section 4.3.2.

3.4.2 Cas des modèles articulés : filtrage des faces concaves du maillage

La localisation des germes supplémentaires sur les modèles cibles rigides est basée sur l'hypothèse [H2] supposant qu'un alignement rigide entre les parties de deux modèles issus d'une même classe sémantique d'objets est possible. Or, cette hypothèse ne tient pas pour les modèles articulés. Pour ceux-ci, notre approche se limitera à

déterminer un seul germe par région sur l'objet cible. La méthode proposée pour les positionner est détaillée dans les sections 5.3 et 5.4. Toutefois, nous effectuons au préalable un filtrage des faces de la surface cible pour écarter les faces candidates proches de zones concaves, donc mal placées pour jouer le rôle de germe. A chaque face du maillage, nous affectons une mesure de convexité égale à la moyenne des valeurs de convexité des trois arêtes composant la face. Nous utilisons pour cela les valeurs des probabilités de transition $p_{l,j}$ de l'équation 3.2 qui incluent déjà les valeurs de convexité. La valeur de convexité $conv_{l,j}$ d'une arête commune entre une face f_l et une face $f_{l,j}$ est déduite de l'expression de $p_{l,j}$, en enlevant le facteur de normalisation :

$$conv_{l,j} = \frac{p_{l,j}}{h_l} \quad (3.9)$$

La valeur de convexité moyenne C_T sur tout le maillage est calculée et puis utilisée comme une valeur seuil. Les faces candidates qui ont une valeur de convexité inférieure à C_T sont rejetées. Ce filtrage permet d'éviter le placement des germes dans des zones à concavité marquée, qu'elles soient ou non situées au niveau des frontières.

Chapitre 4

Transfert de segmentation pour les modèles 3D rigides

Dans ce chapitre, nous proposons d'utiliser un modèle exemple segmenté pour créer des segmentations sémantiques de modèles rigides appartenant à la même classe d'objets 3D (tables, chaises, etc.). Pour cela, nous introduisons une méthode simple pour aligner deux modèles 3D appartenant à une même classe de modèles rigides. La méthode associe les parties fonctionnelles des deux modèles 3D entre elles. Afin de transférer une segmentation cohérente du modèle exemple vers le modèle cible, nous proposons un algorithme robuste et automatique localisant des germes sur le modèle cible. Ces germes, utilisés comme entrée de l'algorithme des marches aléatoires étendu (cf. section 3.4.1), conduisent à la segmentation significative du modèle cible et à la mise en correspondance des segments calculés et des segments du modèle exemple. Enfin, nous développons une nouvelle approche exploitant le graphe d'adjacence des segments de l'exemple pour améliorer les contours des frontières des segments cibles. Nous présentons en fin de chapitre une étude comparative de notre approche de segmentation par l'exemple avec des approches existantes de segmentation individuelle et de co-segmentation.

4.1 Aperçu de la méthode

Comme nous l'avons présenté dans la section 2.7, nous supposons que les hypothèses $[H1]$ et $[H2]$ sont vérifiées. Le processus global de transfert de segmentation est décomposé en plusieurs étapes (cf. figure 4.1) :

- Tout d'abord, chaque maillage M_T de \mathcal{C} est aligné avec le modèle exemple M_E afin que les distances entre les parties significatives de M_E et M_T soient

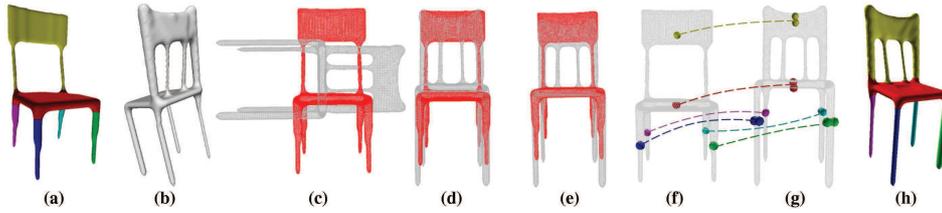


FIGURE 4.1 – Le processus de segmentation. (a) le modèle exemple segmenté M_E ; (b) le modèle cible M_T ; (c), (d) et (e) les trois étapes de l’alignement ; (f) localisation des pseudo germes sur M_E ; (g) les germes multiples sur M_T et (h) la segmentation résultante sur M_T .

minimisées (cf. section 4.2).

- Puis une localisation des pseudo germes associés aux segments de M_E conduisant à un placement des germes sur M_T est effectuée (cf. section 4.3). Pour rendre le transfert de segmentation plus robuste, plusieurs germes sont associés à chaque segment candidat sur M_T .
- La segmentation de M_T est calculée par l’algorithme des marches aléatoires initialisé par l’ensemble de germe localisés (cf. section 3.4.1 du chapitre 3).
- Un processus original est appliqué pour lisser les contours des segments de M_T et améliorer leur adjacence (cf. section 4.4).

Les améliorations apportées par notre approche multi-germes et les résultats de transfert de segmentation sont présentés dans la section 4.5.

4.2 Processus d’alignement

Le modèle exemple M_E et le modèle cible M_T appartenant à la même classe \mathcal{C} sont données dans une position et une orientation arbitraires et constituent les données d’entrée de notre algorithme. La méthode alignant M_T avec M_E est décomposée en trois étapes.

Tout d’abord, trois axes d’alignement associés à chaque modèle sont calculés via la méthode d’alignement 3D [CV09] : cette méthode produit des alignements cohérents à l’intérieur d’une même classe sémantique d’objets, notamment quand il s’agit de classes d’objets rigides. Pour chaque modèle, 48 systèmes de coordonnées peuvent être construits en appliquant des permutations et des inversions aux trois axes calculés [TZ01]. Ce nombre est réduit à 24 quand on se limite aux repères orthonormés directs.

La deuxième étape consiste à fixer les orientations et l’ordre des axes d’alignement. Pour éviter les comparaisons coûteuses effectuées directement sur les maillages 3D, nous normalisons la taille des modèles avec leurs cubes englobants canoniques et

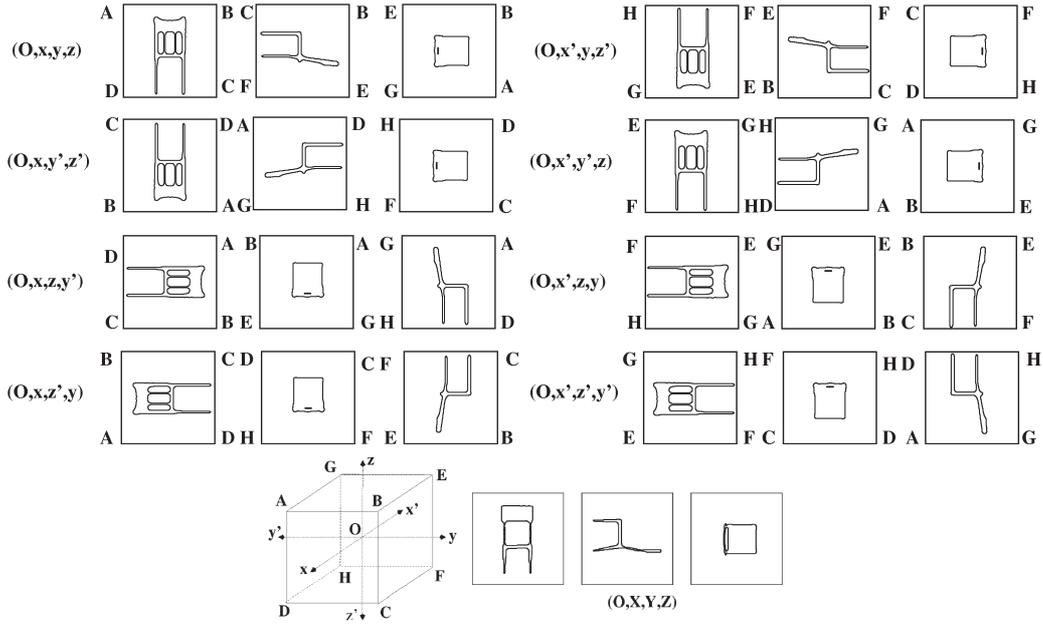


FIGURE 4.2 – De haut en bas : 8 triplets d’images de silhouettes construites à partir de la projection de M_T sur les faces du cube englobant, avec les systèmes de coordonnées candidats associés et, dans la dernière ligne, les silhouettes formées par la projection de M_T sur les trois faces orthogonales à \vec{OX} , \vec{OY} et \vec{OZ} . Ici le triplet (O, x, y, z) est celui qui aligne le mieux M_T et M_E .

nous utilisons les projections de l’objet sur les faces de ces cubes. Pour ce faire, nous constatons les faits suivants : (i) comme M_E et M_T appartiennent à la même classe d’objets rigides, ils ont des formes similaires ; (ii) si M_E et M_T sont similaires, leurs projections sur les faces de leurs cubes englobants sont similaires quand les deux modèles sont alignés ; (iii) trois silhouettes au plus peuvent être obtenues par projection d’un modèle 3D sur les faces de son cube englobant (à une rotation d’un quart, d’un demi ou de trois-quarts de tour et/ou à une réflexion près).

Afin de comparer les faces appropriées, nous associons à M_E un repère orthonormé direct, (O, X, Y, Z) tel que $\vec{OZ} = \vec{OX} \wedge \vec{OY}$, construit à partir des trois axes d’alignement obtenus dans la première étape, et nous calculons les silhouettes en projetant le maillage de M_E sur les trois faces orthogonales à \vec{OX} , \vec{OY} et \vec{OZ} (voir figure 4.2). De même, à partir du cube canonique englobant de M_T , nous calculons huit ensembles composés chacun de trois images de silhouettes correspondant aux projections de M_T sur les faces associées aux 8 repères orthonormaux directs (O, x, y, z) , (O, x, y', z') , (O, x, z, y') , (O, x, z', y) , (O, x', y, z') , (O, x', y', z) , (O, x', z, y) et (O, x', z', y) . Chaque ensemble de trois images de silhouettes est associé aux trois triplets obtenus par une permutation circulaire des axes orientés, i.e. (O, x, y, z) , (O, y, z, x) et (O, z, x, y) pour

le premier ensemble d'images dans la figure 4.2. Puis, nous comparons le triplet de silhouettes associées à M_E avec les 24 triplets d'images de silhouettes correspondant aux 24 repères candidats pour M_T en utilisant une ICP rigide sur les contours des silhouettes. Le triplet de contours qui minimise l'erreur calculée par l'ICP définit l'orientation et l'ordre des axes qui alignent le mieux M_T à M_E . A la fin de cette étape, les ordres et orientations des axes d'alignement sont tels que M_E et M_T sont globalement alignés.

Une mise en correspondance robuste des segments de M_E avec des parties de M_T nécessite le calcul d'un alignement plus fin entre M_E et M_T . Ceci est effectué à la dernière étape du processus d'alignement. Ici notre but est différent de [Kaz07, MG09] qui calculent la meilleure rotation pour aligner globalement deux modèles ensemble. Comme nous voulons aligner les parties principales de M_E et de M_T , cette étape peut mettre en jeu une suite de translations et de rotations : la transformation rigide appliquée sur M_T est calculée via un algorithme ICP 3D global [BM92] appliqué sur le couple de modèles M_E et M_T . Finalement, les deux modèles M_E et M_T sont définis dans un même repère \mathcal{R} et leurs parties significatives sont alignées de manière raffinée.

Il convient de noter que ce processus d'alignement aurait pu être remplacé par l'alignement extrinsèque de Kim et al. (étape 3a de [KLM⁺12]). Celui-ci donnerait en général des résultats d'alignement similaires avec une complexité assez proche de celle du processus que nous avons adopté. Toutefois, les deux premières étapes de notre approche d'alignement calculent les repères qui alignent de manière cohérente un ensemble de modèles rigides appartenant à la même classe et peuvent être utilisés seules à cet effet.

4.3 Stratégie de localisation des germes et segmentation du modèle cible

Une fois les deux modèles M_E et M_T alignés, il nous faut définir un ensemble approprié de faces germes sur M_T afin d'utiliser l'approche des marches aléatoires pour transférer la segmentation de M_E sur M_T . A ce niveau, les différentes parties de M_T sont relativement proches des segments de M_E . Ainsi, le calcul des faces germes de M_T utilise une localisation grossière des faces germes associées aux segments de M_E .

4.3.1 Localisation des pseudo-germes sur le modèle exemple

La segmentation de M_E consiste en une décomposition du modèle en parties significatives. En utilisant l'hypothèse [H1], un ensemble approprié de faces germes sélectionnées sur M_E peut conduire à une segmentation similaire par la méthode des marches aléatoires. Nous les désignons par des pseudo-germes puisqu'il est inutile de les calculer ici. En général, l'algorithme des marches aléatoires construit les frontières de ses segmentations autour d'arêtes à forte courbure négative et est robuste vis-à-vis des petits déplacements des germes. Cependant, positionner un germe dans la région centrale du segment est plus opportun car cela permet d'éviter les zones concaves des bords. Soit c_i le centre de gravité du sous-maillage de M_E correspondant au segment S_E^i :

$$c_i = \frac{\sum_{f \in S_E^i} aire(f) \cdot centre(f)}{\sum_{f \in S_E^i} aire(f)} \quad (4.1)$$

On considère que le point c_i donne une estimation grossière de l'emplacement du pseudo-germe de S_E^i : l'ensemble des faces du maillage appartenant à S_E^i et proches de c_i contient probablement le pseudo-germe de S_E^i .

4.3.2 Stratégie de placement des germes sur le modèle cible

Afin de transférer la segmentation du modèle M_E sur le modèle non-segmenté M_T , une approche intuitive est de sélectionner la face de M_T la plus proche du pseudo-germe c_i de S_E^i comme face germe de la région associée au segment S_T^i et de lancer l'algorithme des marches aléatoires pour segmenter M_T . Cette approche sera désignée par "approche mono-germe" dans la suite du chapitre. Bien que les algorithmes de partitionnement de ce type soient habituellement initialisés avec un seul germe par région, les approches mono-germes peuvent échouer quand les frontières des segments exemples ne sont pas situées sur des zones concaves. De plus, comme nous l'avons souligné dans la section 3.3, elles peuvent créer des segments incorrects quand le germe est positionné dans une concavité.

Nous avons étendu l'initialisation de l'algorithme de segmentation en permettant la sélection d'un couple de germes pour chaque segment à calculer. La première face germe f_i^1 de S_T^i correspond à la face de M_T qui est la plus proche du centre de gravité c_i de S_E^i , où $d(c_i, f)$ est la distance euclidienne entre c_i et le centre d'une face f du

maillage polygonal de M_T :

$$f_i^1 = \underset{f \in M_T}{\operatorname{argmin}}(d(c_i, f)) \quad (4.2)$$

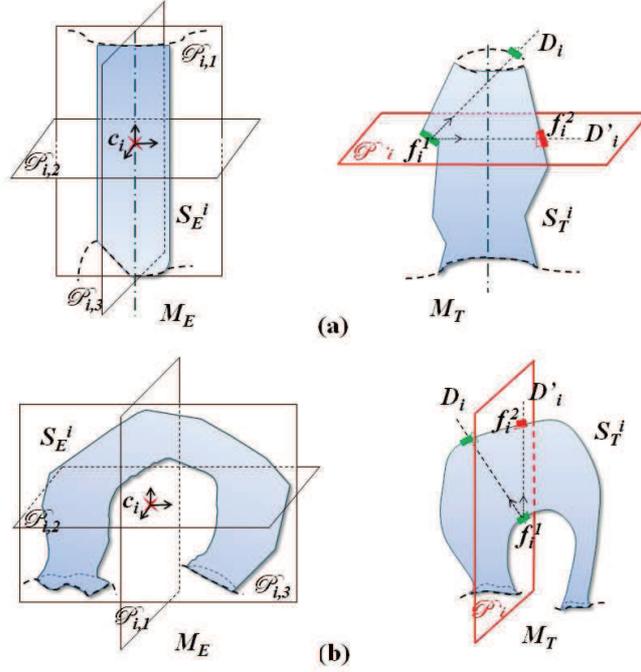


FIGURE 4.3 – Stratégie de placement des germes sur M_T . (a) Le plan $\mathcal{P}_{i,2}$ est calculé en utilisant le segment S_E^i . Dans M_T , D'_i est la projection de D_i sur \mathcal{P}'_i (plan parallèle à $\mathcal{P}_{i,2}$ et contenant le centre de f_i^1). D'_i rencontre la surface du maillage en une deuxième face germe f_i^2 . (b) Les deux plans $\mathcal{P}_{i,1}$ et $\mathcal{P}_{i,2}$ n'intersectent pas les arêtes des frontières de S_E^i . Cependant, seulement $\mathcal{P}_{i,1}$ divise la région de surface en séparant les bords fermés de part et d'autre, ce qui le rend plus convenable que $\mathcal{P}_{i,2}$ pour le placement de f_i^2 . Ainsi le plan \mathcal{P}'_i est parallèle à $\mathcal{P}_{i,1}$.

La sélection du deuxième germe est plus délicate. En effet, une sélection incorrecte peut affecter la propriété de connectivité du segment, assurée a priori par l'unicité du germe. Pour résoudre ce problème, nous utilisons les plans principaux locaux calculés à partir de S_E^i afin de guider le placement de la deuxième face germe. Ces plans sont définis via une analyse en composantes principales continues (ACPC) [Vra04] effectuée sur le segment exemple S_E^i . En effet, l'ACPC paraît être la plus complète et la plus stable de toutes les variantes d'ACP que nous avons étudiées. Elle calcule trois vecteurs propres orthogonaux de la matrice de covariance de la surface de S_E^i , en opérant avec des sommes d'intégrales sur les triangles du maillage au lieu d'effectuer

des calculs sur les sommets.

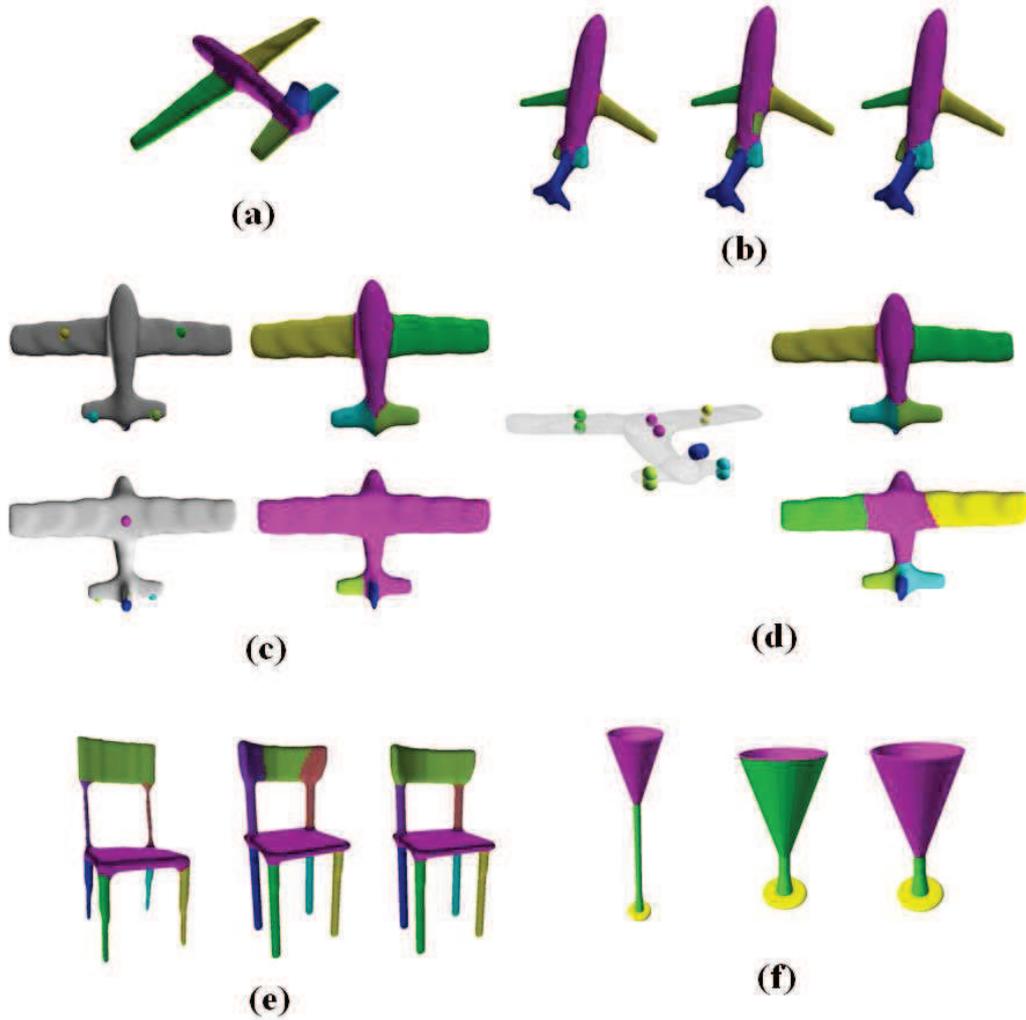


FIGURE 4.4 – Améliorations apportées par l’approche multi-germes : (a) le modèle d’avion utilisé pour segmenter les modèles dans (b), (c) et (d) ; (c) segmentation mono-germe d’un avion cible, les positions calculées pour les germes sont montrées sur deux vues opposées du modèle ; (d) meilleure détection des bords des ailes en utilisant des couples de germes ; (b) de gauche à droite : mono-germe, multi-germes sans plans \mathcal{P}_i et multi-germes en utilisant les plans \mathcal{P}_i ; (e) et (f) à gauche : M_E , à droite : améliorations apportées sur la segmentation multi-germes de M_T en comparaison à sa segmentation mono-germe.

L’alignement local de S_E^i est alors décrit via trois vecteurs principaux locaux $\overrightarrow{n_{i,1}}$, $\overrightarrow{n_{i,2}}$ et $\overrightarrow{n_{i,3}}$. Comme le segment S_E^i et son homologue sur M_T sont supposés avoir des poses similaires, les vecteurs principaux locaux de S_T^i devraient être assez proches de

ceux calculés pour S_E^i . Le plan \mathcal{P}_i , utilisé pour la localisation du deuxième germe f_i^2 de S_T^i , est choisi parmi les trois plans principaux ($\mathcal{P}_{i,k} = (c_i, \overrightarrow{n_{i,k}}$ avec $k = 1..3$). Il vérifie : (i) \mathcal{P}_i contient c_i ; (ii) \mathcal{P}_i est normal à l'un des vecteurs $\overrightarrow{n_{i,k}}$ et (iii) \mathcal{P}_i a une intersection nulle avec l'ensemble des arêtes composant les bords de S_E^i , s'il existe. Si plus d'un plan satisfait les conditions (i), (ii) et (iii), la priorité est donnée au plan qui divise S_E^i en deux parties séparant les frontières distinctes ($\mathcal{P}_{i,1}$ dans la Figure 4.3 (b)). Lorsque aucun des trois plans ne satisfait les trois conditions, nous gardons un seul germe pour ce segment.

Le rôle de \mathcal{P}_i est de guider la localisation du deuxième germe f_i^2 pour assurer sa sélection dans la zone centrale de la région du segment cible et loin de ses bords. La deuxième face f_i^2 est choisie parmi les faces de M_T intersectant le plan \mathcal{P}'_i parallèle à \mathcal{P}_i et contenant le centre de gravité de f_i^1 , de la manière suivante : une demi-droite orientée D_i , issue du centre de la face f_i^1 et dirigée par la normale intérieure à f_i^1 est d'abord calculée. La projection de D_i sur le plan \mathcal{P}'_i donne une demi-droite orientée D'_i . Le deuxième germe f_i^2 correspond à la première face de M_T qui rencontre D'_i (voir figure 4.3). La face f_i^2 appartient normalement à la même partie fonctionnelle de l'objet, mais est opposée à f_i^1 . Fixer un couple de germes par segment implique en pratique que nous affectons la même étiquette aux deux faces germes en phase d'initialisation.

Une fois les deux germes localisés pour chacun des N segments, nous utilisons enfin la méthode multi-germes de segmentation par les marches aléatoires décrite dans la section 3.4.1 pour construire la segmentations de M_T , avec $2N$ faces germes f_i^1 et f_i^2 , $1 \leq i \leq N$. Quelques résultats montrant les améliorations apportées par l'approche multi-germes par rapport à l'approches mono-germe sont montrés dans la figure 4.4. La figure 4.4b montre particulièrement l'effet de l'utilisation des plans \mathcal{P}_i sur le résultat de segmentation par l'exemple d'un modèle d'avion .

4.4 Amélioration des frontières

Une fois la segmentation effectuée, les frontières des segments nécessitent parfois une étape de raffinement supplémentaire. L'approche classique de raffinement utilisée habituellement par les méthodes de segmentation consiste à lisser à petite échelle les frontières des segments créés en se limitant au voisinage proche de celles-ci. Cependant, nous voulons ici résoudre à la fois deux problèmes de types différents :

1. Un problème classique qui consiste à lisser les frontières pour qu'elles adhèrent aux contours naturels de la forme.

2. Un nouveau problème qui consiste à modifier les adjacences des segments créés en faisant en sorte que les graphes d'adjacence des segments de M_E et de M_T soient similaires.

Pour ce faire, nous avons introduit un processus original qui résoud les deux problèmes en même temps : il remplace en quelque sorte le lissage classique à petite échelle par un lissage plus souple permettant de plus grand déplacements des frontières quand cela est nécessaire. Ceci permet d'améliorer le graphe d'adjacence des segments de M_T et le rendre similaire à celui des segments de M_E . Le processus que nous avons développé s'appuie sur la méthode de coupe de graphe qui a montré son utilité en vision, notamment dans la segmentation d'images et de données visuelles à grand volume.

L'algorithme de coupe de graphe que nous utilisons ici est le *alpha-beta swap* (appelé aussi *α - β swap* et *swap move algorithm*) de Boykov et al. [BVZ01]. Nous l'avons adapté aux deux problèmes à résoudre, en vue d'améliorer les résultats de segmentation obtenus par les marches aléatoires dans deux sens :

- contrôler l'existence de frontières entre les segments ;
- lisser en même temps ces frontières.

Pour cela, une fonctionnelle d'énergie est minimisée en résolvant un problème d'optimisation multi-labels qui est formulé théoriquement dans un cadre bayésien. Plus précisément, nous proposons de minimiser une fonction d'énergie $\mathcal{E}(\mathcal{L})$ sur le graphe dual du modèle cible M_T en tenant compte des probabilités calculées par les marches aléatoires, des frontières entre les segments adjacents de M_T et du graphe d'adjacence \mathcal{G}_E construit à partir des segments de M_E . Le modèle de la fonction d'énergie $\mathcal{E}(\mathcal{L})$ choisi est celui habituellement utilisé pour la coupe de graphe : l'énergie de la coupe est composée d'une énergie de données $\mathcal{E}_d(\mathcal{L})$ (data energy) et d'une énergie de lissage $\mathcal{E}_s(\mathcal{L})$ (smoothness energy) :

$$\mathcal{E}(\mathcal{L}) = \lambda \mathcal{E}_d(\mathcal{L}) + \mathcal{E}_s(\mathcal{L}) \quad (4.3)$$

où λ est un paramètre de pondération (nous avons pris $\lambda = 0.2$ pour donner une priorité plus élevée à l'énergie de lissage $\mathcal{E}_s(\mathcal{L})$). C'est l'énergie de lissage $\mathcal{E}_s(\mathcal{L})$ qui contribue à résoudre les problèmes liés aux frontières des segments. Nous avons donc porté une attention particulière à la définition des termes de cette énergie pour trouver une solution originale aux problèmes posés.

La segmentation optimale est calculée de manière à trouver le meilleur équilibre entre les termes "de région" (énergie de données) et "de frontière" (énergie de lissage). En ce sens, le nouvel étiquetage \mathcal{L} obtenu par l'algorithme de coupe de graphe

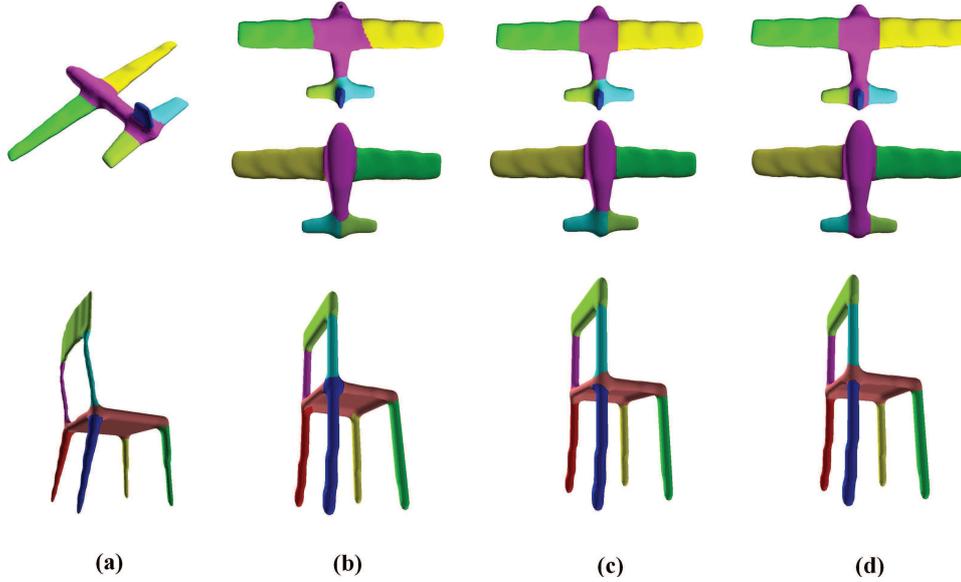


FIGURE 4.5 – Amélioration des frontières : (a) Segmentation de M_E , (b) transfert de segmentation sur M_T en utilisant l’algorithme des marches aléatoires multi-germes, (c) simple lissage des frontières avec l’algorithme α -*expansion* utilisant des potentiels d’interaction uniformes \mathcal{V}_δ et (d) lissage des frontières et correction du graphe d’adjacence des segments avec l’algorithme α - β *swap* prenant des potentiels d’interaction non-uniformes (définition 4.10). Dans la fonction de capacité utilisée ici, les valeurs prises pour des coefficients d’ajustement sont $\kappa = 0.3$ et $\gamma = 0.1$.

réattribue une étiquette $L_f \in \{1, \dots, N\}$ à chaque face f de M_T telle que toutes les coupes entre les segments nouvellement calculés sont raffinées.

L’énergie de données $\mathcal{E}_d(\mathcal{L})$ est définie par :

$$\mathcal{E}_d(\mathcal{L}) = \sum_{f \in M_T} -\log(P^{L_f}(f) + \varepsilon) \quad (4.4)$$

où les valeurs $P^{L_f}(f)$ proviennent des probabilités calculées par l’algorithme des marches aléatoires. L’emploi des vraisemblances logarithmiques négatives dans les termes unaires de $\mathcal{E}_d(\mathcal{L})$ est motivé par la formulation du problème comme une estimation du maximum a posteriori d’un champ de Markov aléatoire (MAP-MRF) par Greig et al. [GPS89], qui sont les premiers à montrer que les algorithmes de coupe de graphe basés sur l’optimisation combinatoire sont potentiellement utiles dans le domaine de la vision par ordinateur. De plus, cette formulation a démontré son efficacité dans les nombreux travaux qui l’ont employée par la suite.

Dans l’énergie de lissage $\mathcal{E}_s(\mathcal{L})$, chaque terme est le produit d’une fonction de capacité $cap(f, f')$, définie sur l’arc qui relie deux faces adjacentes f et f' , et d’un potentiel d’interaction $\mathcal{V}(L_f, L_{f'})$ de leur paire d’étiquettes. $\mathcal{E}_s(\mathcal{L})$ est égale à la

somme des termes de lissage :

$$\mathcal{E}_s(\mathcal{L}) = \sum_{(f,f') \in \mathcal{N}} \text{cap}(f, f') \cdot \mathcal{V}(L_f, L_{f'}) \quad (4.5)$$

où \mathcal{N} est l'ensemble de toutes les paires de faces adjacentes (f, f') de M_T . Nous employons la même fonction que Katz et al. [KLT05] pour définir la capacité de l'arc entre f et f' :

$$\text{cap}(f, f') = \kappa \left(\frac{\text{Ang}(f, f')}{\text{Ang}_{\text{moy}}} \right) + (1 - \kappa) \frac{|e_{f, f'}|}{e_{\text{moy}}} \quad (4.6)$$

avec

$$\text{Ang}(f, f') = (1 - \gamma(1 - |\cos(\theta_{f, f'})|))^2 \quad (4.7)$$

où $\theta_{f, f'}$ est la mesure de l'angle dièdre entre les faces f et f' , γ est un coefficient de convexité dont la valeur est petite quand l'angle est concave et égale à 1 quand l'angle est convexe, Ang_{moy} est la moyenne de $\text{Ang}(f, f')$ sur l'ensemble \mathcal{N} . La longueur de l'arête commune entre f et f' est $|e_{f, f'}|$ et la longueur moyenne des arêtes du maillage est e_{moy} . Cette fonction de capacité assure la création des frontières le long d'arêtes courtes et concaves. Le potentiel d'interaction \mathcal{V} est généralement utilisé pour pénaliser les paires d'étiquettes différentes $(L_f, L_{f'})$. Soient ϕ et ψ les désignations respectives des étiquettes L_f et $L_{f'}$. Dans l'algorithme α - β *swap*, $\mathcal{V}(\phi, \psi)$ doit vérifier les propriétés d'une semi-métrie, à savoir,

$$\begin{cases} \mathcal{V}(\phi, \psi) \geq 0 \\ \mathcal{V}(\phi, \psi) = \mathcal{V}(\psi, \phi) \\ \mathcal{V}(\phi, \psi) = 0 \Leftrightarrow \phi = \psi \end{cases} \quad (4.8)$$

Pour un simple lissage de contours, on pourrait définir \mathcal{V} comme dans le modèle standard de Potts en utilisant l'impulsion unitaire de Dirac δ tel que :

$$\mathcal{V}_\delta(\phi, \psi) = \delta(\phi \neq \psi) \quad (4.9)$$

Dans ce cas, les paires d'étiquettes différentes sont pénalisées uniformément. L'algorithme α -*expansion* [BVZ01] serait plus adapté avec ce choix de fonction de potentiel. En effet, le α -*expansion* est un algorithme de coupe de graphe connu pour sa bonne performance et devance le α - β *swap* en terme de rapidité. Cependant, il requiert que \mathcal{V} soit une métrique et non une semi-métrie, i.e. \mathcal{V} doit vérifier l'inégalité triangulaire en plus des propriétés citées ci-avant, comme c'est le cas pour \mathcal{V}_δ . De plus, en utilisant \mathcal{V}_δ , l'algorithme de coupe de graphe décale de peu les frontières. Il produit

des coupes lisses dans le voisinage proche des coupes initiales (voir figure 4.5(c)). Par conséquent, il est très efficace quand les graphes d'adjacence \mathcal{G}_T et \mathcal{G}_E des segments de M_T et M_E sont similaires.

Lorsque le graphe d'adjacence \mathcal{G}_T est différent de \mathcal{G}_E , la distribution des frontières doit être modifiée et des décalages plus importants sont nécessaires pour retrouver un graphe d'adjacence de segments correct. Pour prendre en considération ces contraintes, nous avons établi une nouvelle définition du potentiel \mathcal{V} :

$$\mathcal{V}(\phi, \psi) = \begin{cases} 0 & \text{si } \phi = \psi \\ 1 & \text{si } \phi \neq \psi \text{ et } \mathcal{A}(S_T^\phi, S_T^\psi) = \mathcal{A}(S_E^\phi, S_E^\psi) \\ u_1 > 1 & \text{si } \phi \neq \psi, \mathcal{A}(S_T^\phi, S_T^\psi) = 1 \text{ et } \mathcal{A}(S_E^\phi, S_E^\psi) = 0 \\ u_2 < 1 & \text{si } \phi \neq \psi, \mathcal{A}(S_T^\phi, S_T^\psi) = 0 \text{ et } \mathcal{A}(S_E^\phi, S_E^\psi) = 1 \end{cases} \quad (4.10)$$

où, pour une paire de segments (S^ϕ, S^ψ) , \mathcal{A} est la fonction indicatrice de l'ensemble des couples de segments adjacents d'une segmentation \mathcal{S} :

$$\mathcal{A}(S^\phi, S^\psi) = \begin{cases} 1 & \text{si } S^\phi \text{ et } S^\psi \text{ sont adjacents dans la segmentation } \mathcal{S} \\ 0 & \text{si } S^\phi \text{ et } S^\psi \text{ ne sont pas adjacents dans la segmentation } \mathcal{S} \end{cases} \quad (4.11)$$

Il est à noter que la valeur de u_1 est choisie élevée pour pénaliser lourdement une coupe entre des segments qui sont adjacents dans la segmentation S_T calculée par marches aléatoires, alors que ces segments devraient être non-connectés selon le graphe d'adjacence \mathcal{G}_E . Inversement, la valeur u_2 est petite pour favoriser la création d'une coupe (donc d'une adjacence) entre deux segments de S_T isolés qui normalement devraient être adjacents selon \mathcal{G}_E .

Cette nouvelle définition de \mathcal{V} adoptée obéit aux propriétés d'une semi-métrique mais pas à celles d'une métrique. Étant donnée que la minimisation de l'énergie $\mathcal{E}(\mathcal{L})$ est un problème NP-complet, l'algorithme α - β *swap* est l'outil efficace pour approximer sa solution. Les valeurs de u_1 et u_2 ont été déterminées expérimentalement : les valeurs $u_1 = 5$ et $u_2 = 1/5$ donnent de bons résultats de segmentation sur les ensembles de modèles évalués. En conclusion, ce dernier processus améliore non seulement la qualité des frontières, mais aussi rectifie, tant que possible, les adjacences incohérentes des segments de M_T (voir les exemples sur la figure 4.5).

4.5 Expériences et résultats

Les objets manufacturés utilisées dans nos évaluations proviennent de deux bases de données : la base COSEG [WAvK⁺12], pour les classes de coupes et de fers à repasser, et la base de segmentation de Princeton (PSB) [CGF09] pour les avions, les chaises et les tables. Dans le cas de la base COSEG, chaque modèle est fourni avec sa segmentation vérité-terrain. Il a donc été utilisé comme modèle segmenté exemple pour tous les modèles de sa classe. La base de segmentation de Princeton est différente : chaque modèle a été segmenté par plusieurs utilisateurs. Ces segmentations peuvent être incohérentes entre elles et diffèrent par leur style et/ou leur nombre de segments. Nous avons donc choisi le nombre de segments et le style qui sont les plus typiques pour chaque catégorie d'objets. Puis nous avons sélectionné, pour chaque modèle, la segmentation vérité-terrain de la base PSB qui possède le même style et le nombre de segments choisis.

Nous avons aussi modifié manuellement les étiquettes associées aux segments pour obtenir la cohérence requise entre les segmentations exemples à l'intérieur d'une même classe d'objets. Lors de l'application des approches multi-germes et mono-germe, chaque modèle prend le rôle de l'exemple M_E une fois pour tous les modèles de sa classe. La figure 4.9 montre quelques résultats de transfert de segmentation en utilisant notre approche pour différentes classes de modèles 3D. Pour les ensembles de chaises, différents modèles exemples sont montrés avec différents styles de segmentations exemplaires.

L'annexe A décrit en détail le protocole d'évaluation et les métriques qui sont utilisées à la fois pour l'approche de segmentation des modèles rigides et celle des modèles articulés.

4.5.1 Résultats multi-germes VS mono-germes

Evaluation qualitative : multi-germes VS mono-germe

Pour certains modèles comme ceux présentés en (c) et (e) de la figure 4.4, les frontières des segments ne sont pas forcément toutes situées dans des zones de forte concavité. Ceci peut conduire à une propagation incorrecte de la segmentation quand un seul germe est associé au segment. Pour les ailes de l'avion (c) segmenté par le modèle (a) avec une approche de transfert mono-germe, les germes sont situés sous les ailes et seul le côté proche des fortes concavités est détecté. Placer des germes du côté des frontières les moins concaves permet d'améliorer nettement le résultat de la segmentation et de retrouver les correspondances entre les parties segmentées

des modèles cibles et du modèle exemple. D'autres exemples d'amélioration de la segmentation avec l'approche multi-germes sont présentés dans la figure 4.4 (e) et (f). Les différentes segmentations de l'avion présentées en (b) montrent l'intérêt de l'utilisation des plans locaux \mathcal{P}_i pour positionner le second germe.

Il est à noter que nous avons expérimenté la segmentation par l'exemple avec plus de deux germes par région sur le modèle cible. Dans l'intention d'assurer la connectivité des segments cibles, nous avons calculé le plus court chemin entre les deux faces germes opposées déjà localisées, puis nous avons défini la bande de faces traversées par ce chemin comme une bande de faces germes. Mis à part que cela ralentisse le processus précédant le calcul des segments, prendre cette bande de faces germes peut induire en erreur. Par exemple, cette bande rajoutera de la complexité dans le cas où l'un des deux premiers germes serait mal placé. Plus encore, dans la partie centrale de l'objet, le plus court chemin entre les deux germes opposées a de grandes probabilités de longer les frontières des segments voisins, et même de passer à travers ces segments. Nous nous sommes donc limités à deux germes par région car leur positionnement reste maîtrisable pour les objets rigides.

Evaluation quantitative : multi-germes après amélioration des frontières VS mono-germe

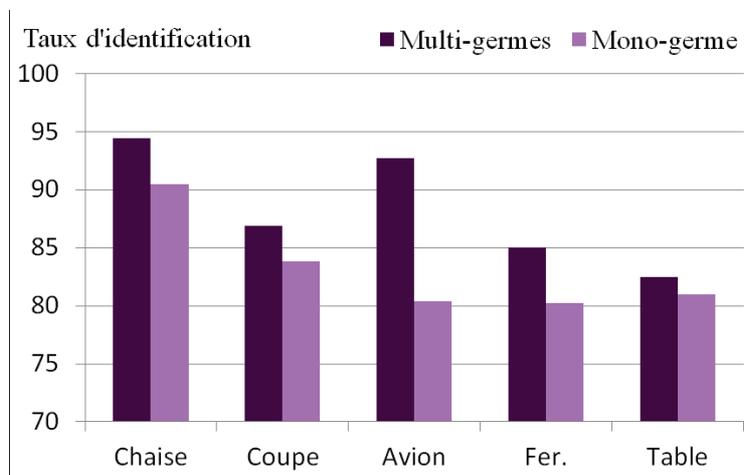


FIGURE 4.6 – Comparaison entre l'approche multi-germes après amélioration des frontières et l'approche mono-germe à travers les scores (%) du taux d'identification (Recognition Rate) évalués pour différentes classes de modèles 3D rigides.

Les scores du taux d'identification [KHS10] (cf. section 2.6.2 et annexe ?) sont reportés pour les différentes catégories dans la figure 4.6. Cette mesure calcule le pour-

	Indice de Rand (RI)			Ecart de coupe (CD)		
	2-G APRÈS AF	2-G AVANT AF	1-G	2-G APRÈS AF	2-G AVANT AF	1-G
Chaise 8S	3.3	3.2	3.5	9.2	9.8	13.8
Chaise 6S	6.9	7.0	8.9	18	17.9	20.3
Coupe	12.3	13.4	18.0	21.2	25.3	56.1
Avion	7.3	8.8	19.2	8.8	10.3	21.6
Fer.	16.5	17.9	21.5	15.9	16.8	22.0
Table	8.4	9.1	13.5	17	16.3	22.3

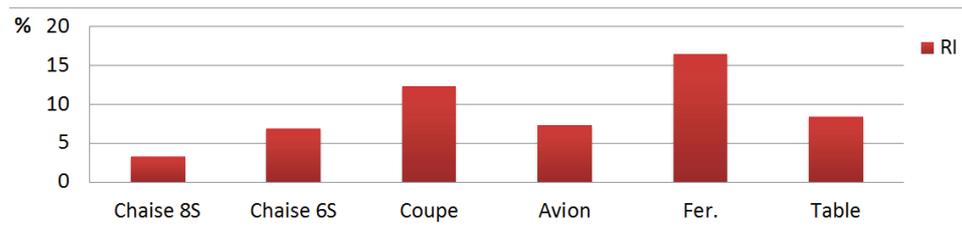
TABLE 4.1 – Comparaison des segmentations multi-germes (2-G) après et avant l’amélioration des frontières (AF) et des segmentations mono-germes (1-G), toujours par rapport aux segmentations vérité-terrain. Chaise 8S (resp., Chaise 6S) correspond à l’utilisation de segmentations vérité-terrain à 8 segments (resp., 6 segments) dans la classe des chaises. Les résultats sont meilleurs quand l’indice de Rand et de l’Ecart de coupe sont plus faibles .

centage de la surface du maillage identiquement étiquetés dans deux segmentations du même modèle : la segmentation créée par transfert et la segmentation vérité-terrain. L’histogramme montre que l’approche multi-germes obtient les meilleurs scores sur l’ensemble des classes par rapport à l’approche mono-germe. L’apport du multi-germes et de l’amélioration des frontières dans le processus de segmentation par l’exemple est confirmé dans le tableau 4.1. Ici deux métriques mesurent les erreurs de segmentation : l’écart de coupe CD et l’indice de Rand RI proposées dans le benchmark PSB [CGF09]. Encore une fois, les segmentations produites par notre approche de transfert obtiennent de meilleurs résultats que les segmentations mono-germes.

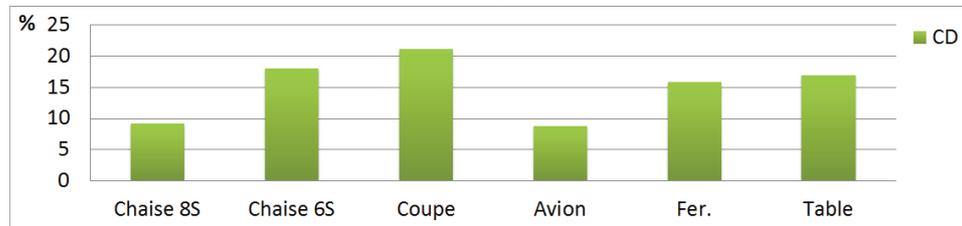
Evaluation quantitative de la segmentation par l’approche retenue

Les six métriques incluant RI, CD, HD, GCE et LCE du benchmark PSB [CGF09] et AEI proposée par Liu et al. [LTBZ13] sont adoptées pour évaluer les segmentations calculées par notre approche multi-germes comprenant le processus d’amélioration des frontières. Comme ces métriques calculent des erreurs de types différents (voir le tableau 2.6.2 et l’annexe A), nous présentons sur différents histogrammes dans la figure 4.7 les scores obtenus en pourcentage pour chaque catégorie d’objets.

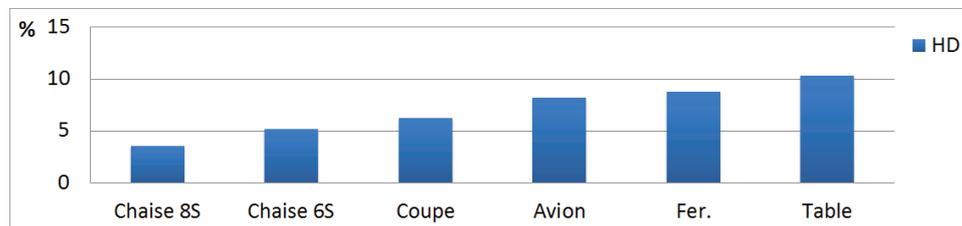
Remarquons que le classement des catégories selon les scores varie d’une métrique à une autre, par exemple, en observant les histogrammes obtenus par CD, une métrique basée sur la comparaison des frontières des segments, et ceux obtenus par HD, une métrique basée sur la comparaison des régions segmentées. Cependant, les



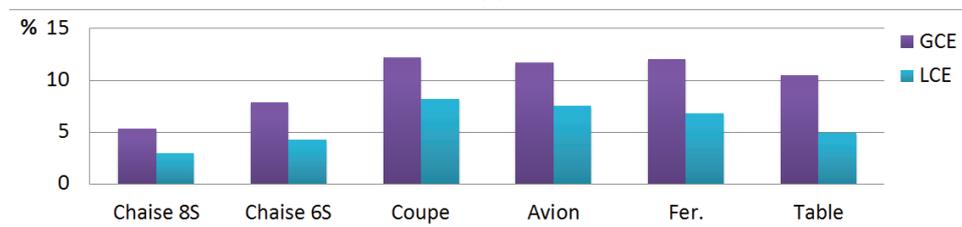
(a)



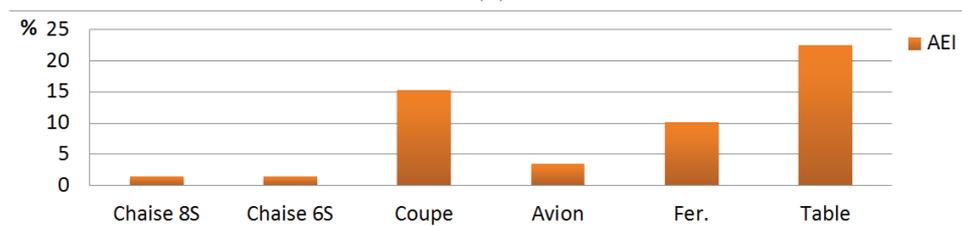
(b)



(c)



(d)



(e)

FIGURE 4.7 – Évaluation quantitative de la qualité des segmentations produites par notre approche en utilisant les métriques d'erreurs du PSB [CGF09] (de (a) à (d)) et évaluation de la stabilité des résultats avec la métrique AEI de Liu et al. [LTBZ13] en (e). Chaise 8S (resp., Chaise 6S) correspond à à l'utilisation de segmentations vérité-terrain à 8 segments (resp., à 6 segments) dans la classe des chaises.

histogrammes montrent que les ensembles de chaises et d'avions du benchmark PSB obtiennent globalement les meilleurs résultats de segmentation par notre approche. Plus précisément, pour la catégorie des chaises, les scores indiquent que les segmentations en huit parties significatives sont mieux adaptées que les segmentations en six parties significatives.

D'autre part, la forme de la courbe de AEI (incrément d'entropie adaptatif) confirme le pouvoir discriminant de cette métrique. Celle-ci est pertinente pour l'évaluation de notre approche car elle mesure la cohérence de l'ensemble des segmentations générées pour le même modèle à partir de différents modèles exemples appartenant à la même classe et segmentés de façon similaire. Une erreur élevée obtenue pour un modèle cible indique que les résultats de sa segmentation ne sont pas stables et que le modèle concerné présente un cas complexe pour être segmenté par certains modèles de sa classe. En revanche, une faible erreur indique que les segmentations calculées du modèle sont stables et que celui-ci peut être segmenté correctement par la majorité des modèles de sa classe. D'ailleurs, l'AEI génère les erreurs les plus basses dans les classes où notre approche produit les meilleurs résultats (les scores sont aussi en concordance avec les résultats visuels).

Sur l'ensemble des classes évaluées, les scores d'erreurs obtenus par les différentes métriques sont de l'ordre de 10% et pour certaines classes, les scores sont inférieurs à 5%. Ceci indique que notre approche est bien utile pour créer des segmentations par l'exemple cohérentes à l'intérieur d'une classe d'objets.

4.5.2 Comparaison avec l'état de l'art

Une comparaison avec d'autres méthodes de segmentation individuelle est présentée dans la figure 4.8. L'indice de Rand est calculé cette fois vis-à-vis de toutes les segmentations manuelles des classes concernées du PSB [CGF09]. Les classes de coupes et de fers à repasser de la base COSEG [WAvK⁺12] n'y figurent pas car leurs scores ne sont pas disponibles pour les méthodes comparées. Les scores de la méthode des marches aléatoires de Lai et al. [LHMR09], du diamètre de forme [SSCO08] et des coupes randomisées [GF08], méthode la plus performante dans le PSB [CGF09], sont présentés. Notre approche obtient des résultats supérieurs à toutes ces méthodes. Ce résultat confirme que l'utilisation d'un modèle exemple permet d'améliorer le résultat de la segmentation individuelle et de créer des segmentations significatives et cohérentes. Par ailleurs, nos scores sur les modèles rigides sont similaires à ceux obtenus par Kalogerakis et al. [KHS10] avec 3 modèles d'apprentissage et ceux de l'approche non-supervisée de Huang et al. [HKG11] avec la condition "JointAll" dans laquelle

ils ont obtenu leurs meilleurs scores.

Pour effectuer une comparaison directe avec l'approche supervisée de Kalogerakis et al. [KHS10], nous avons attribué les mêmes étiquettes aux parties ayant des fonctions similaires (i.e. une seule étiquette pour les quatre pieds d'une chaise) dans nos segmentations exemples. Puis, nous avons effectué le transfert de segmentation pour les modèles des trois classes évaluées du PSB (20 segmentations obtenues pour chaque modèle). Le tableau 4.2 fournit les taux d'identification moyens obtenus par notre approche en utilisant ces modèles exemples et ceux obtenus par Kalogerakis et al. [KHS10] avec 3 modèles par ensemble d'apprentissage. Ici aussi, les deux approches sont comparables sur les trois classes. Notons, cependant, que dans la méthode [KHS10], plus les modèles d'apprentissage sont nombreux, meilleurs sont les résultats. Par conséquent, une telle approche supervisée serait plus avantageuse pour des ensembles vastes de formes et moins adaptée pour des ensembles plus petits, pour lesquels notre méthode a été prouvée efficace et efficiente.

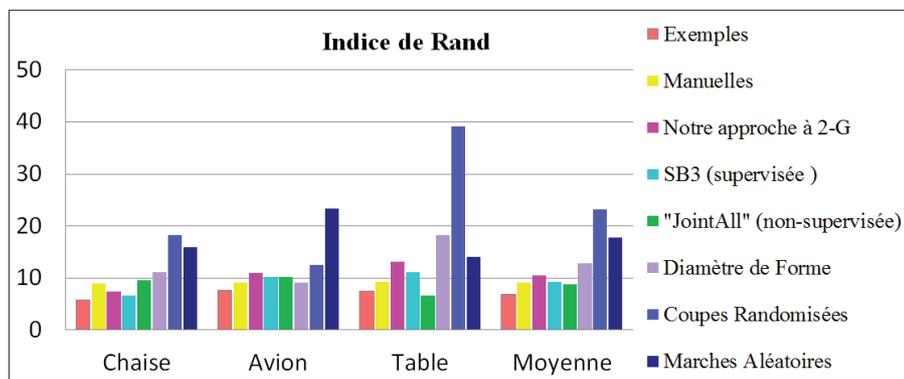


FIGURE 4.8 – Scores de l'erreur de segmentation donnée par l'indice de Rand. les termes "Exemples", "SB3" et "JointAll" correspondent respectivement à nos modèles exemples pré-segmentés, à l'approche supervisée [KHS10] avec 3 modèles d'apprentissage et à l'approche non-supervisée [HKG11] dans la condition "JointAll" retournant les meilleurs scores. Un faible indice de Rand indique une forte similarité avec les segmentations manuelles.

	Taux d'identification			
	Chaise	Avion	Table	Moyenne
SB3 [KHS10]	97.1	91.2	99.0	95.7
2-G	96.2	92.8	91.7	93.5

TABLE 4.2 – Scores (%) du taux d'identification sur 3 classes ; Comparaison avec l'approche supervisée de Kalogerakis et al. : SB3 correspond au scores du tableau 1 dans [KHS10] avec 3 modèles utilisés chaque fois pour l'apprentissage.

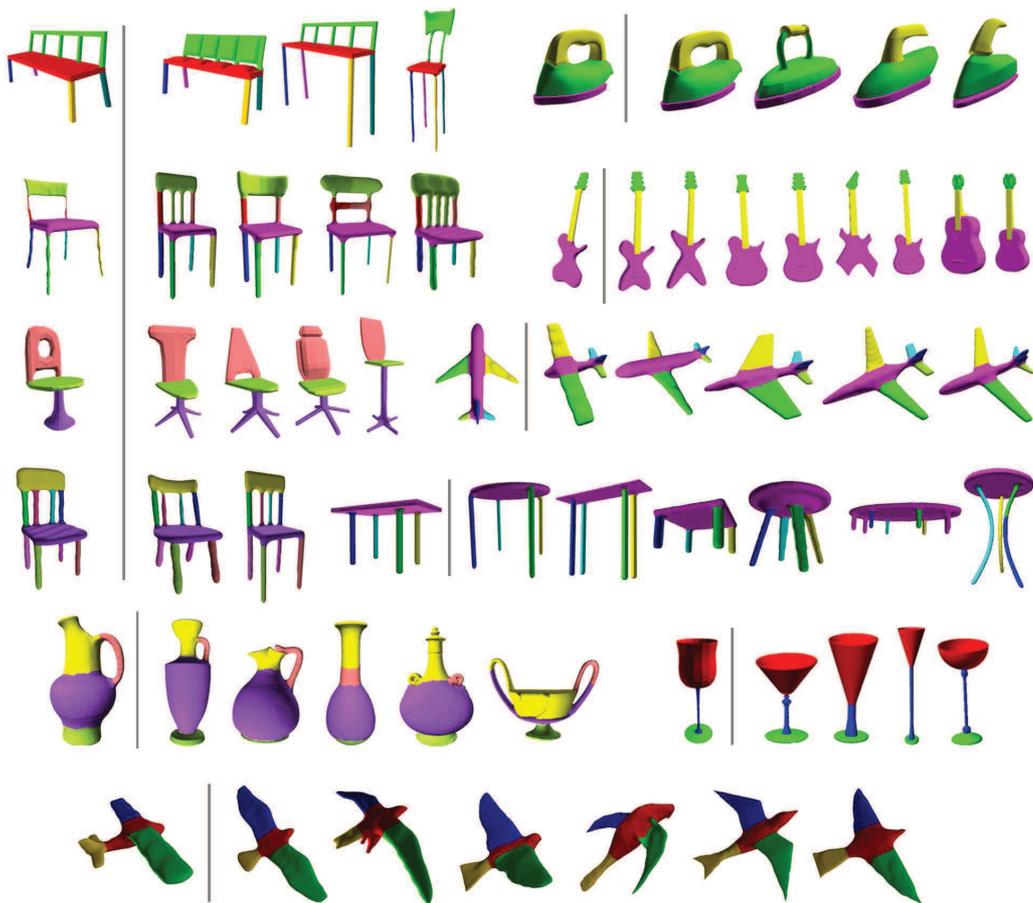


FIGURE 4.9 – Résultats de segmentation par transfert présentés pour une variété de modèles exemples. M_E est à gauche de la ligne verticale et les modèles segmentés à sa droite. Nous avons obtenu de bons résultats, même en modifiant le style de segmentation comme montré pour les ensembles de chaises.

Examinons les résultats de segmentation sur les chaises de la figure 4.9. Comme les auteurs de [GF09] ne présentent pas les évaluations chiffrées de leur méthode, seule une comparaison visuelle nous est possible. L'exemple segmenté de la deuxième ligne correspond à l'une des quatre chaises formant l'ensemble d'apprentissage de la méthode de Kalogerakis et al. figurant dans la figure 3 de [KHS10]. Les segments créés par notre approche sur les mêmes modèles cibles ressemblent aux leurs (chaises (a) de la figure 3 de [KHS10]) et sont visuellement meilleurs que ceux obtenus par [GF09] (chaises (c) de la figure 3 de [KHS10]), où les frontières ne sont pas toujours correctement détectées. La dernière ligne de la figure 4.9 montre que notre méthode peut fonctionner sur des objets ayant des formes et des parties très similaires, comme les avions et les oiseaux, même s'ils n'appartiennent pas à la même classe de modèles.

4.5.3 Validation de l’hypothèse [H1]

Nous considérons ici la segmentation créée pour chaque modèle en utilisant sa propre segmentation vérité-terrain. Le taux d’identification moyen obtenu sur les trois classes rigides évaluées (60 modèles) est de 96.45%. Ce score élevé confirme que l’algorithme de segmentation par les marches aléatoires peut calculer des segmentations très proches des segmentations significatives exemples, comme nous l’avions supposé dans l’hypothèse [H1] de la section 2.7.2. Ce résultat valide également notre stratégie de positionnement de germes.

4.5.4 Performance

Il a déjà été noté dans [CGF09, LHMR09] que le temps de réponse interactif est le plus grand avantage de la méthode de segmentation par les marches aléatoires. Dans notre cas, le processus global prend moins d’une minute en moyenne sur un PC Intel Core i7 2.8GHz, pour un couple de modèles composés d’environ 20K triangles et orientés arbitrairement. L’étape d’alignement, l’étape de localisation des germes et l’étape d’amélioration des frontières de segmentation durent chacune quelques secondes.

La complexité approximative de résolution du système linéaire creux est $O(m'N)$, m' étant le nombre de faces non-germes et N le nombre des segments. Nous avons utilisé un solveur itératif c++ pour systèmes creux d’équations linéaires pour calculer les probabilités des marches aléatoires. En ce qui concerne l’algorithme α - β *swap*, nous avons utilisé l’implémentation fournie par l’ensemble des travaux [BVZ01, KZ04, BK04]. Les paramètres de contrôle impliqués dans le calcul des probabilités, l’erreur de convergence et l’algorithme α - β *swap* ont été réglés une seule fois pour toutes pour nos expériences. Nous en concluons que notre approche ne dépend réellement que du modèle exemple, et qu’elle réalise le meilleur temps d’exécution comparée aux approches existantes, e.g., le processus d’apprentissage hors ligne requis pour les modèles pré-étiquetés de [KHS10] peut durer des heures et la segmentation en-ligne d’un seul maillage peut prendre quelques minutes.

4.5.5 Limitations

Notre méthode étant basée sur une hypothèse de bon alignement, il est important d’obtenir un alignement satisfaisant des objets pour bien positionner les germes sur les régions cibles. En outre, lorsqu’une classe présente une grande variabilité des formes, comme la classe des vases de la figure 4.9, l’utilisation d’un seul modèle pour

segmenter les autres de manière cohérente peut s'avérer insuffisante. D'autre part, notre méthode, dans sa version automatique, calcule toujours le même nombre de segments que l'exemple et ne détecte pas les segments aberrants sur les modèles cibles (voir les segmentations des tables les plus à droite dans la figure 4.9).

Enfin, rappelons que cette méthode n'est pas adaptée aux modèles non-rigides car notre hypothèse $[H2]$ ne peut être toujours satisfaite : les objets non-rigides à l'intérieur d'une même classe de modèles peuvent présenter une grande variabilité dans leurs formes. Par conséquent, une approche basée squelette comme celle qui sera présentée dans le chapitre suivant est plus appropriée dans ce cas.

4.5.6 Extension

Pour un transfert de segmentation plus flexible, un nombre d'options sont ajoutés à notre méthode automatique. Ceux-ci consistent en des outils interactifs qui peuvent servir à l'utilisateur pour ajouter des contraintes en cas de besoin. Nous donnons à l'utilisateur la possibilité d'insérer et de supprimer des segments et le moyen de concevoir le style de la segmentation exemplaire désirée en combinant des styles existants.

L'insertion de partitions supplémentaires se fait d'abord en indiquant à l'utilisateur tous les couples de germes localisés sur le maillage cible avant de lancer l'algorithme des marches aléatoires, puis en lui permettant d'ajouter manuellement des germes sur des régions où un sur-partitionnement est nécessaire. Ces germes sont alors sauvegardés avec des indices différents de ceux des segments exemplaires. De même, nous pouvons éviter les segments superflus en indiquant les parties indésirables directement sur le modèle exemple. Ces parties seront ainsi ignorées par notre algorithme et aucun pseudo-germe ne sera localisé pour elles. Une autre alternative consisterait à supprimer simplement leurs couples de germes associées dans le modèle cible avant de calculer la segmentation. L'utilisateur peut ainsi empêcher la création de segments inappropriés sans changer le modèle exemple.

Dans certains cas, il peut être particulièrement utile de combiner l'utilisation de différents styles de segmentations. Par exemple, il n'est pas possible de créer un partitionnement pertinent de la chaise à quatre pieds à gauche de la figure 4.10 en utilisant l'exemple du tabouret tout seul. D'autre part, il est inutile d'avoir le "dos" de la chaise cible décomposé en trois régions comme dans le modèle à quatre pieds du milieu. Une combinaison bien définie par l'utilisateur entre les deux styles de segmentations exemplaires permet d'obtenir le résultat optimal. Ce mélange de styles est surtout efficace lorsque les étiquettes des segments similaires sont identiques (i.e.,



FIGURE 4.10 – Utilisation combinée de deux styles de segmentations exemplaires (les deux chaises du milieu) pour obtenir le résultat souhaité sur le modèle cible (la chaise à droite).

l'"assise" en vert pour les chaises). La segmentation générée pour le modèle cible est alors plus cohérente, comme le montre la figure 4.10 à droite.

Chapitre 5

Transfert de segmentation pour les modèles 3D articulés

Ce chapitre présente notre approche de transfert de segmentation dédiée aux modèles 3D articulés (bipèdes, quadrupèdes, pieuvres, etc.). En utilisant le fait que les modèles articulés de même type possèdent la même structure topologique globale, les attributs topologiques grossiers de la forme sont exploités conjointement avec l'algorithme de segmentation. Ceci conduit à la création d'une segmentation sémantique et cohérente transférée du modèle exemple vers le modèle cible. Les résultats expérimentaux sur différents ensembles de modèles articulés sont montrés et discutés à la fin du chapitre.

5.1 Aperçu de la méthode

Nous avons supposé avec l'hypothèse [H3] que les modèles articulés issus d'une même classe ont des structures anatomiques similaires qui permettent d'identifier les correspondances entre ces modèles. Ainsi, étant donné un modèle exemple segmenté M_E , l'idée est d'extraire un graphe représentant la structure de l'objet exemple, ainsi que celle de chaque objet cible, afin de pouvoir localiser les segments à transférer sur ces objets. Les graphes calculés vont permettre d'établir des associations cohérentes entre les membres similaires composant les différents modèles. Pour un tel objectif, les graphes de Reeb semblent adaptés.

Ces graphes ont été utilisés pour segmenter les maillages 3D en parties significatives [TVD07, BDBP09] et pour l'indexation 3D par similarité partielle [TVD09]. Mais comme la segmentation souhaitée dépend de la segmentation exemple, nous ne pouvons assurer que les méthodes précédentes réussiront à transférer une segmenta-

tion cohérente d'un modèle à un autre. Cependant, pour les modèles non-rigides, le graphe de Reeb peut être utilisé de façon pertinente pour établir une correspondance entre deux formes et pour effectuer une localisation grossière des segments (une définition du graphe de Reeb est donnée dans la section 5.2). Enfin, la segmentation des modèles cibles sera calculée par l'algorithme des marches aléatoires.

Nous supposons que les hypothèses [H1] et [H3] présentées dans la section 2.7 sont vérifiées. De plus, nous supposons que les modèles sont tous dans une pose verticale (par exemple la tête en haut et les pieds en bas pour les modèles d'humains et d'animaux). La méthode de transfert de segmentation se décompose en quatre étapes :

- Mise en correspondance entre les segments du modèle exemple M_E et les parties du modèle cible M_T (cf. section 5.3). Cette étape comporte trois phases :
 - (i) un pré-traitement de M_E en calculant, à partir du graphe de Reeb, un graphe grossier $\mathcal{G}(M_E)$ et en localisant par rapport à celui-ci les segments S_E^i de M_E (cf. section 5.3.2),
 - (ii) puis, un calcul du graphe grossier $\mathcal{G}(M_T)$ pour tout maillage M_T de \mathcal{C} ,
 - (iii) et une construction d'un graphe de correspondance commun $\Upsilon(M_E, M_T)$ à partir de $\mathcal{G}(M_E)$ et $\mathcal{G}(M_T)$ (cf. section 5.3.3).
- Localisation grossière des germes sur M_T en exploitant le graphe $\Upsilon(M_E, M_T)$ (cf. section 5.4).
- Localisation plus précise des germes par filtrage des faces concaves et segmentation de M_T en utilisant l'algorithme des marches aléatoires (cf. section 3.4.2 du chapitre 3).
- Lissage des frontières des segments calculés (cf. section 5.5).

Les trois premières étapes sont illustrées par la figure 5.5 montrant les étapes d'un transfert de segmentation d'un modèle humain à un autre. Les segmentations cohérentes obtenues par notre approche pour des ensembles de modèles articulés sont présentées dans la section 5.6.

5.2 Graphe de Reeb

Le graphe de Reeb [Ree46] est une structure topologique décrivant l'évolution d'une fonction scalaire sur la surface du maillage. Soit \mathcal{M}_c une variété compacte et h une fonction réelle définie sur \mathcal{M}_c . On définit les lignes de niveau de h sur \mathcal{M}_c par les ensembles $h^{-1}(u) = \{v \in \mathcal{M}_c, h(v) = u\}$ où $u \in \mathbb{R}$. Chacun de ses ensembles, s'il existe, peut être connexe ou non. Le graphe de Reeb de h est l'espace quotient

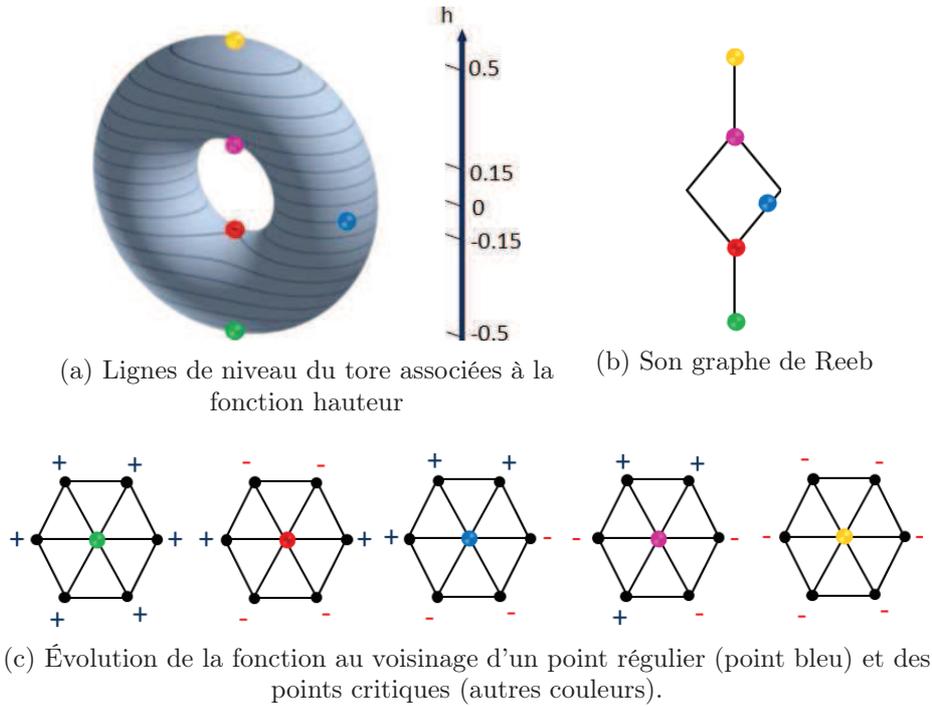


FIGURE 5.1 – Évolution des lignes de niveaux de la fonction hauteur sur un modèle de tore et construction du graphe de Reeb associé à partir de l'ensemble des points critiques.

\mathcal{M}_c / \sim , où \sim est la relation d'équivalence définie par :

$$(v_i, h(v_i)) \sim (v_j, h(v_j)) \quad \text{si et seulement si} \quad \begin{cases} h(v_i) = h(v_j) \\ \text{et } v_i \text{ et } v_j \text{ appartiennent à la même} \\ \text{composante connexe de } h^{-1}(h(v_i)) \end{cases} \quad (5.1)$$

Cette relation d'équivalence identifie les points appartenant à la même composante connexe d'une ligne de niveau de h . Par exemple, dans la figure 5.1a, h est la fonction hauteur. Pour un réel $u \in [-0.5, -0.15 \cup] 0.15, 0.5]$, la ligne de niveau correspondant à $h^{-1}(u)$ est connexe, et pour $u \in [-0.15, 0.15]$, $h^{-1}(u)$ correspond à deux composantes connexes séparées. Les changements topologiques dans les lignes de niveau se produisent au niveau des points critiques, points où le gradient de la fonction h s'annule. Plus particulièrement, la bifurcation et la jonction se produisent au niveau de points assimilés à des points-selles (points rouge et rose sur la figure 5.1). Les autres points critiques correspondent à un minimum ou à un maximum global (points vert et jaune sur la figure 5.1a), mais peuvent correspondre pour d'autres modèles à des minima ou des maxima locaux.

D'une manière générale, le graphe de Reeb d'une fonction scalaire h associée à un maillage triangulaire 2-variété \mathcal{M} est le graphe $R(\mathcal{M}, h)$ dont les nœuds sont les points critiques de h et dont les arêtes représentent les composantes connexes reliant ces points critiques (voir figure 5.1b). La figure 5.1c montre, pour le cas discret avec des sommets de valence 6, des exemples de configurations des voisinages directs des points critiques et d'un point régulier extraits du maillage du tore, relativement à la fonction hauteur. Si v désigne le sommet central et v_i l'un de ses sommets voisins, le signe (+) sur v_i signifie que $h(v_i) > h(v)$ et le signe (-) signifie que $h(v_i) < h(v)$ (voir [BGSF08] pour une définition plus formelle et une étude plus approfondie des graphes de Reeb).

Le nombre de cycles du graphe dépend de \mathcal{M}_c et non de la fonction h : un tore aura toujours un graphe de Reeb contenant un cycle. Par contre, la structure du graphe (nombre d'embranchement, etc.) varie selon la fonction h choisie. La définition de cette fonction doit satisfaire au moins les propriétés d'invariance aux transformations affines et isométriques, pour nous permettre de traiter les modèles articulés non nécessairement alignés de manière cohérente. Différents types de fonctions ont été introduits dans la littérature. L'utilisation de la fonction hauteur montrée dans la figure 5.1 a été proposée par Shinagawa et al. [SKK91]. Cependant cette fonction ne respecte pas les propriétés d'invariance par rotation de l'objet. Lazarus et Verroust [LV99] introduisent une nouvelle définition de h qui associe à chaque sommet du maillage la distance géodésique à un point source sélectionné par l'utilisateur. Comme la distance géodésique caractérise intrinsèquement le modèle, la fonction est invariante aux transformations géométriques et elle est robuste vis-à-vis des variations de pose du modèle.

Toutefois, afin d'éviter l'instabilité due à la sélection non automatique du point source dans [LV99], de nouvelles définitions basées sur les points caractéristiques du modèle ont été proposées. Ces points caractéristiques sont calculés généralement de façon déterministe. Ils correspondent typiquement à des extrema locaux de la fonction scalaire et visuellement aux extrémités des composants saillants du modèle. Dans cette catégorie de méthodes, citons la définition proposée par Ni et al. [NGH04] qui définissent h comme la fonction harmonique, solution de l'équation de Laplace $\Delta h = 0$ avec des conditions aux limites de Dirichlet spécifiées uniquement pour l'ensemble des points caractéristiques du maillage. Tierny et al. [TVD06] associent à chaque sommet sa distance géodésique minimale vers l'ensemble des points caractéristiques. Cette définition de la fonction permet la construction de graphes de Reeb invariants qui ont été exploités ultérieurement pour la segmentation en parties signi-

ficatives [TVD07] et pour l’indexation par similarité partielle [TVD09]. Khoury et al. [KVD12] proposent d’utiliser les distances spectrales et obtiennent une fonction stable et robuste même par rapport à de petits changements topologiques.

Dans le cadre du transfert de segmentation, nous employons les graphes de Reeb dans le seul objectif d’établir les correspondances entre les composants principaux des modèles 3D. Les segmentations ciblées dépendent de la segmentation exemple fournie qui ne suit pas forcément le partitionnement sous-jacent du graphe de Reeb. Le processus de segmentation par les marches aléatoires est plus flexible pour reproduire la segmentation désirée sur les modèles cibles. Nous avons donc choisi d’utiliser la simple distance géodésique à un point source sélectionné sur le maillage [LV99]. Pour la majorité des modèles articulés testés, le point source v_{source} doit être situé sur la tête du modèle (cf. figure 5.2a). La fonction h est alors calculée durant un processus de balayage du maillage \mathcal{M} par l’algorithme de Dijkstra en partant du sommet v_{source} avec $h(v_{source}) = 0$ (cf figure 5.2b). A la fin, l’algorithme affecte à chaque sommet visité du maillage la distance du plus court chemin le reliant au point source. Par rapport à notre objectif, cet algorithme fournit une approximation suffisante de la distance géodésique et aboutit à la construction du graphe $R(\mathcal{M}, h)$. Celui-ci décompose le maillage 3D en des parties connexes. Chaque partie correspond aux composantes connexes contiguës des lignes de niveaux situées entre deux points critiques définissant une arête de $R(\mathcal{M}, h)$. Pendant le processus de balayage, pour chaque face de \mathcal{M} , la ligne de niveau sur laquelle elle se trouve est estimée en moyennant les valeurs de h affectées à ses trois sommets. La face est ensuite étiquetée relativement à l’arête associée à sa ligne de niveau dans $R(\mathcal{M}, h)$.

5.3 Mise en correspondance entre les modèles exemple et cible

Pour obtenir une décomposition du modèle cible M_T similaire à celle donnée sur le modèle exemple M_E , la mise en correspondance nécessite, pour chaque modèle, l’extraction de ses principaux attributs topologiques qui sont souvent similaires pour des modèles de même classe \mathcal{C} . Ainsi, notre approche suppose en première étape d’identifier la structure globale de chaque forme grâce au graphe de Reeb pour déduire la structuration des composants les plus saillants du modèle. La similarité des structures globales des modèles d’une même classe est exploitée dans une deuxième étape pour construire un graphe commun fournissant une représentation unifiée de M_E et M_T et permettant l’appariement des parties significatives homologues.

5.3.1 Détermination de la structure globale d'un maillage

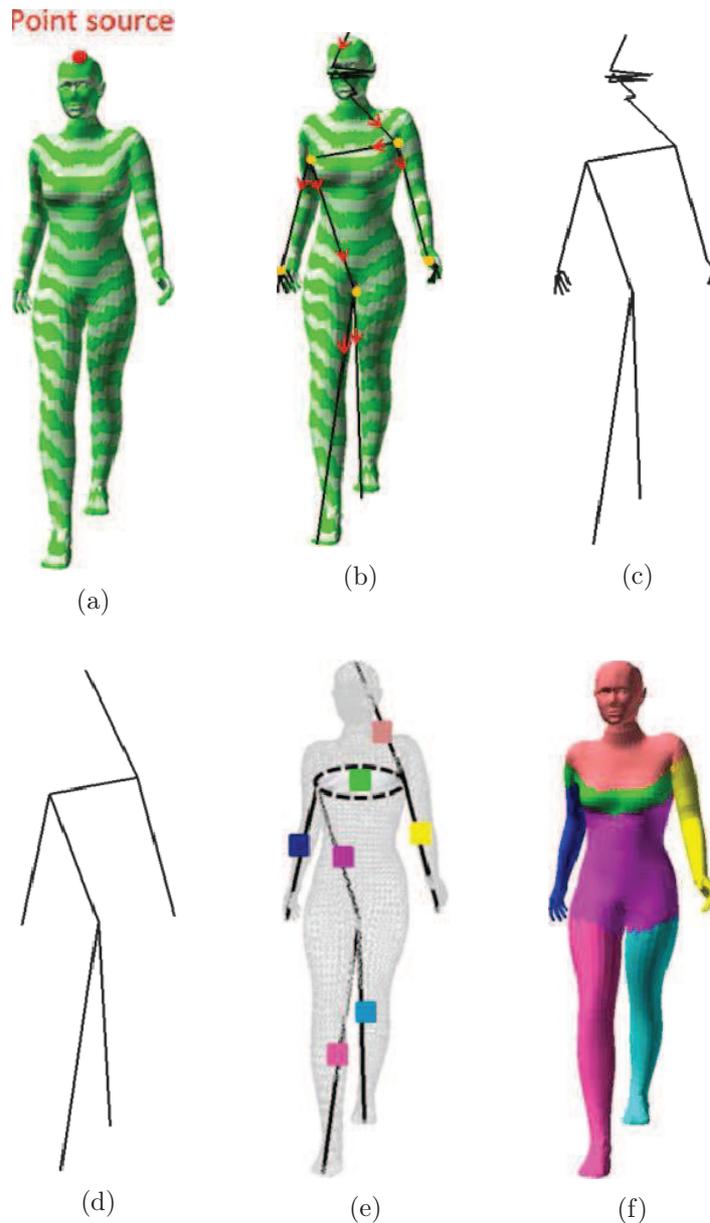


FIGURE 5.2 – Construction du graphe grossier du modèle à partir de son graphe de Reeb. (a) Lignes de niveau calculées en utilisant la distance du plus court chemin à un point source sélectionné sur la tête du modèle humain. (b) Construction du graphe du Reeb en reliant les points critiques. (c) Graphe de Reeb non filtré. (d) Élimination des petites arêtes externes non désirées, la structure symétrique du modèle ne ressort pas encore avec ce nouveau graphe. (e) Graphe $\Gamma(\mathcal{M})$ obtenu après le filtrage de l'arête interne au niveau du buste. (f) Partitionnement grossier $P_{low}(\mathcal{M}, h)$ associé à $\Gamma(\mathcal{M})$.

La structure globale $\Gamma(\mathcal{M})$ est calculée pour chaque modèle \mathcal{M} de \mathcal{C} que ce mo-

dèle joue le rôle de M_E ou de M_T . Le graphe de Reeb $R(\mathcal{M}, h)$ fournit normalement une approximation de la structure globale de la forme. Cependant, comme cela a été noté dans des travaux précédents [ZMT05, AHLD07], $R(\mathcal{M}, h)$ peut contenir plusieurs extrema locaux voisins ou points-selles superflus sur des régions où la surface est presque plate. De plus, le graphe peut présenter quelques arêtes internes parallèles aux lignes de niveau, qui corrompent la symétrie topologique recherchée dans $R(\mathcal{M}, h)$ (cf. figure 5.2c). Par conséquent, le graphe dans son état brut ne présente pas correctement la topologie de la forme et ne reflète pas ses symétries malgré le fait que les modèles étudiés se caractérisent typiquement par des morphologies symétriques.

Pour remédier aux défauts de $R(\mathcal{M}, h)$, nous utilisons le mécanisme de filtrage de graphe de Aujey et al. [AHLD07]. Le filtrage de graphe a été introduit par Aujey et al. [AHLD07] dans un contexte différent : la construction d'un squelette harmonique pour l'animation de personnages. Les arêtes topologiquement insignifiantes ou superflues sont éliminées pour obtenir le graphe grossier $\Gamma(\mathcal{M})$ représentant la structure globale de \mathcal{M} . Nous suivons une procédure similaire à la leur pour détecter l'axe de symétrie de $\Gamma(\mathcal{M})$ qui sera utilisé dans une étape ultérieure.

Soit ϑ_i et ϑ_j deux nœuds adjacents formant une arête de $R(\mathcal{M}, h)$. On introduit des poids $w(\vartheta_i, \vartheta_j)$ que l'on associe aux arêtes du graphe. Ces poids vont servir à identifier les arêtes qui seront éliminées dans le processus de filtrage. $w(\vartheta_i, \vartheta_j)$ est défini par :

$$w(\vartheta_i, \vartheta_j) = \frac{|h(\vartheta_j) - h(\vartheta_i)|}{\left| \max_{\vartheta \in \Gamma(\mathcal{M})} h(\vartheta) - \min_{\vartheta \in \Gamma(\mathcal{M})} h(\vartheta) \right|} \quad (5.2)$$

Les arêtes de $R(\mathcal{M}, h)$ sont d'abord ordonnées par ordre de poids croissant puis deux seuils τ_1 et τ_2 sont introduits pour identifier deux types d'arêtes à supprimer.

Le premier type concerne les petites arêtes externes possédant un poids inférieur à τ_1 . Ces arêtes doivent être enlevées une à une dans l'ordre croissant de leurs poids pour éviter de supprimer plus qu'il n'en faut [AHLD07] (cf. figure 5.3). Leurs nœuds sont supprimés et les étiquettes des faces de \mathcal{M} associées à ces arêtes sont mises à jour (cf. figure 5.2d et 5.2f).

Le graphe obtenu est traité une deuxième fois pour éliminer les arêtes internes qui ont des poids inférieurs à τ_2 . Pour ce deuxième type d'arêtes, les extrémités sont fusionnées en un seul nœud marqué comme nœud de "fusion". Les étiquettes des faces de \mathcal{M} associées à ces arêtes sont inchangées mais elles sont désormais associées aux nœuds de "fusion" : ces étiquettes ne peuvent pas être remplacées par celles des arêtes voisines car la partie de surface correspondant à l'arête interne superflue se situe généralement au niveau d'une jonction entre deux parties fonctionnelles et il est

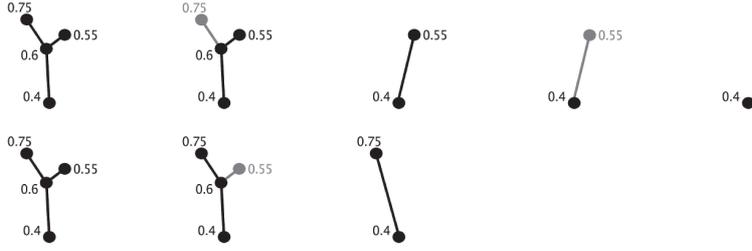


FIGURE 5.3 – Filtrage des petites arêtes externes en prenant $\tau_1 = 0.18$. En haut, sans trier au préalable par poids croissant : le filtrage réduit le graphe à un nœud. En bas, en triant : il reste une arête. Figure extraite de [AHL07].

donc difficile de décider à quelle partie ces faces doivent être associées. Ceci conduit à un partitionnement de bas niveau de la surface, noté $P_{low}(\mathcal{M}, h)$, avec une étiquette attribuée à chaque partie de la surface (cf. figure 5.2e).

Nous obtenons ainsi un graphe $\Gamma(\mathcal{M})$ où les symétries topologiques sont rétablies. La figure 5.4 illustre l'évolution de la fonction h en échelle colorimétrique pour un échantillon de modèles articulés et montre leurs graphes grossiers $\Gamma(\mathcal{M})$ encore simplifiés (sur cette figure seulement) en supposant que les arêtes internes du deuxième type sont radicalement éliminées.

5.3.2 Localisation des segments du modèle exemple par rapport à sa structure

Soit $\Gamma(M_E)$ le graphe obtenu pour le modèle exemple M_E . Chaque segment S_E^i de la segmentation exemple de M_E est une sous-partie connexe du maillage. Comme nous considérons que cette segmentation correspond à une décomposition en parties significatives, elle est fortement corrélée au partitionnement de la surface $P_{low}(M_E, h)$ donné par $\Gamma(M_E)$: S_E^i est composé en grande partie par des faces qui possèdent la même étiquette l_i correspondant à la région $M_E^{l_i}$ générée par le partitionnement grossier $P_{low}(M_E, h)$. Cette étiquette l_i correspond à une arête ou un nœud de "fusion" de $\Gamma(M_E)$ dont la région $M_E^{l_i}$ possède la plus grande intersection avec le segment S_E^i . D'autre part, l'étiquetage des faces de S_E^i par rapport à la segmentation exemple se fait simplement en leur affectant l'indice i du segment.

Soit h_i la moyenne des valeurs de $h(v)$ des sommets appartenant au voisinage du centre de gravité c_E^i des faces composant le segment S_E^i (voir l'équation 4.1 pour la définition du centre de gravité du segment). On définit la paramétrisation des segments de M_E induite par le graphe $\Gamma(M_E)$ et permettant de localiser les S_E^i par rapport au graphe $\Gamma(M_E)$ comme suit : à chaque segment S_E^i on associe le couple de valeurs (l_i, r^i) où r^i désigne le niveau relatif du centre de gravité c_E^i dans la partie

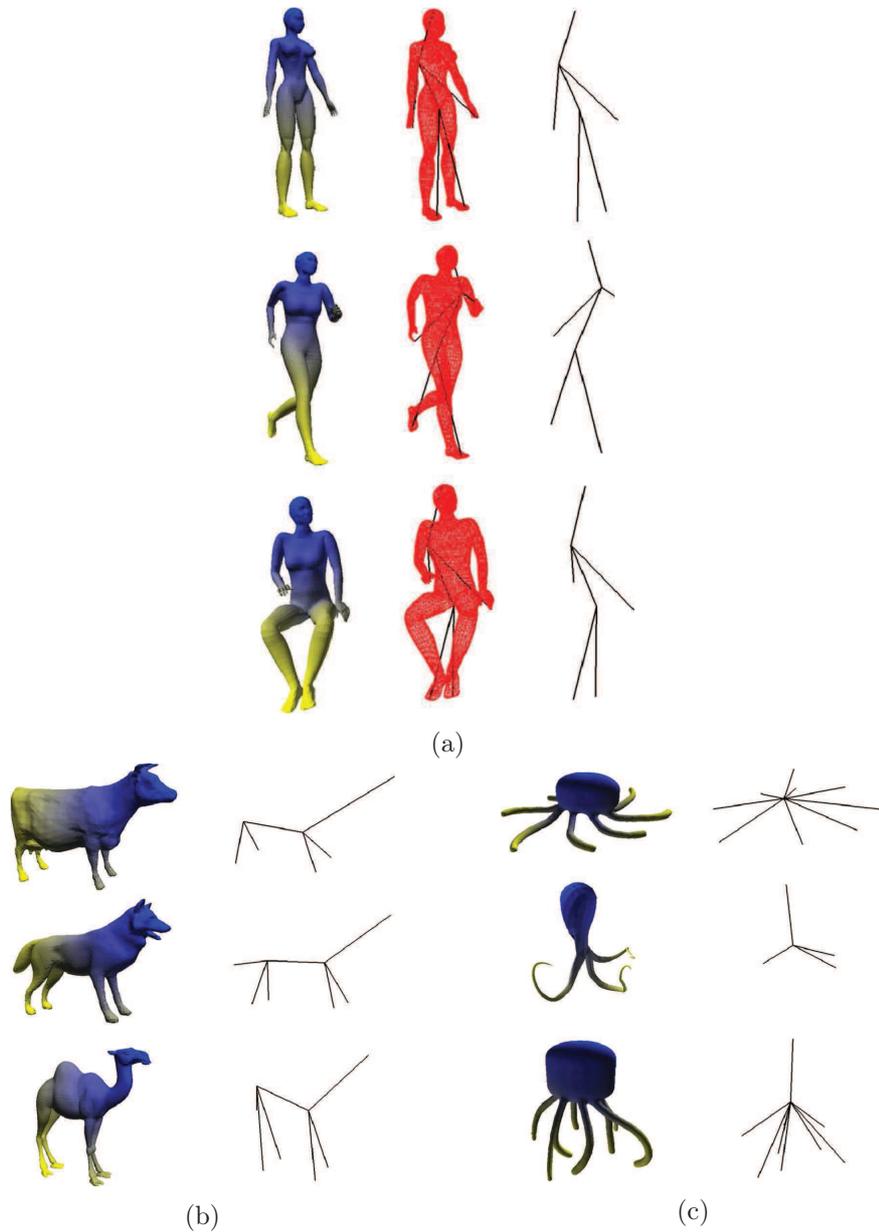


FIGURE 5.4 – Évolution de la fonction h sur des modèles articulés, illustrée par le dégradé du bleu (faces du maillage les plus proches du point source v_{source}) au jaune (faces les plus éloignées de v_{source}) et à sa droite, graphe topologique obtenu après le filtrage du graphe de Reeb associé à h . On remarque que les graphes résultants des modèles similaires présentent des structures similaires en termes de symétrie et de hiérarchie. Ici, les valeurs des seuils de filtrage sont $\tau_1 = 0.15$ et $\tau_2 = 0.2$ pour les modèles humains et les quadrupèdes, $\tau_1 = 0.15$ et $\tau_2 = 0.2$ pour les modèles de pieuvres.

$M_E^{l_i}$:

$$r^i = \frac{h_i - h_{min}(M_E^{l_i})}{h_{max}(M_E^{l_i}) - h_{min}(M_E^{l_i})}$$

avec $h_{\min}(M_E^{l_i}) = \min_{v \in M_E^{l_i}}(h(v))$ et $h_{\max}(M_E^{l_i}) = \max_{v \in M_E^{l_i}}(h(v))$.

Cette paramétrisation sera reportée par la suite sur le modèle cible en utilisant le graphe commun de correspondance.

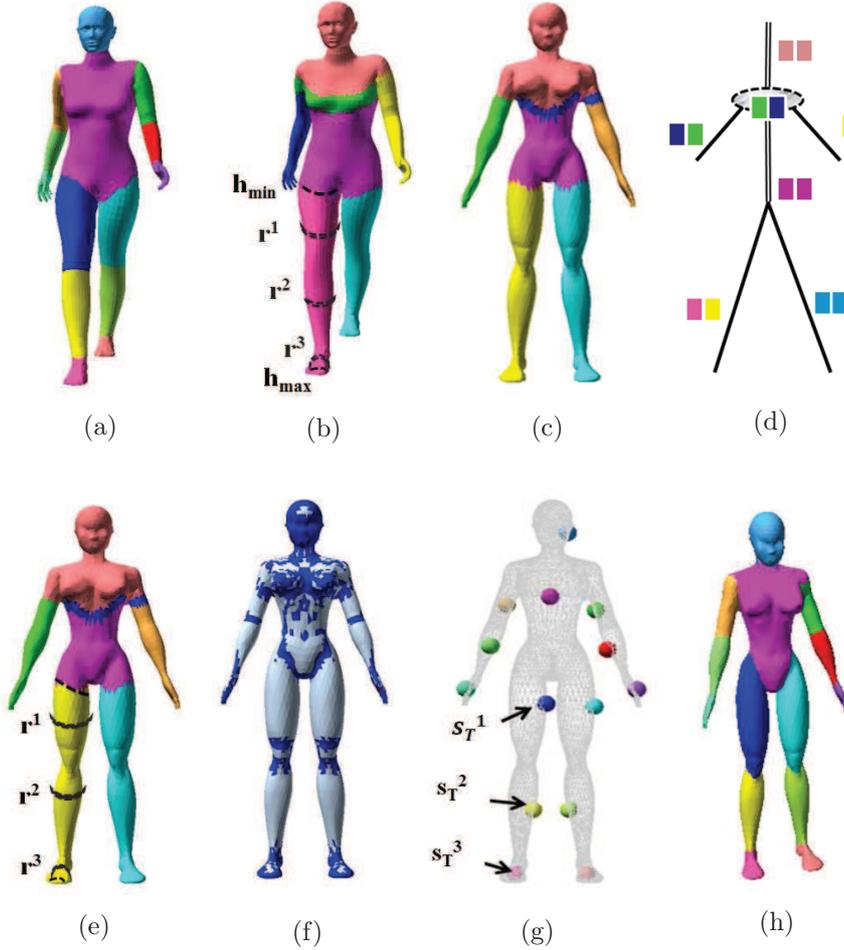


FIGURE 5.5 – Processus de transfert de segmentation. (a) Segments du modèle M_E . (b) Partitionnement grossier de $P_{low}(M_E, h)$ relatif à $\Gamma(M_E)$ et positions relatives r^i des centres des segments. (c) Partitionnement grossier $P_{low}(M_T, h)$ du modèle cible relativement à $\Gamma(M_T)$. (d) Illustration du graphe commun de correspondance $\Upsilon(M_E, M_T)$ avec les paires d'étiquettes de $P_{low}(M_E, h)$ et $P_{low}(M_T, h)$. (e) Localisation approximative des germes sur le modèle cible en utilisant (d). (f) Mesure de convexité : les zones inappropriées pour le positionnement des germes sont colorées en bleu foncé. (g) Positionnement des germes sur M_T . (h) Segmentation cohérente obtenue pour M_T en utilisant l'algorithme des marches aléatoires .

5.3.3 Construction du graphe commun de correspondance

Des appariements directs entre les parties des modèles articulés seraient difficiles à réaliser même quand les modèles sont alignés, en raison de la variation importante du nombre et des poses de leurs composants. La similarité des caractéristiques anatomiques à l'intérieur d'une même classe d'objets rend toutefois possible d'établir des associations potentielles entre la plupart des arêtes des graphes grossiers calculés pour le modèle exemple et les modèles cibles. Ces associations sont requises car, après le calcul des graphes grossiers $\Gamma(\mathcal{M})$, les étiquettes attribuées à chaque région du modèle en liaison avec sa représentation structurelle décrite par $\Gamma(\mathcal{M})$ diffèrent d'un modèle à l'autre. Ces étiquettes dépendent :

- en premier lieu des positions des noeuds de bifurcation rencontrés lors de la construction du graphe de Reeb et
- en deuxième lieu des mises à jour qui leur sont appliquées pendant le processus de filtrage.

Nous allons donc déterminer l'organisation hiérarchique des parties du modèle cible, d'un côté, et de ceux du modèle exemple, de l'autre, afin de construire un graphe commun $\Upsilon(M_E, M_T)$ qui mettra ces parties en correspondance.

Le processus commence par détecter l'axe de symétrie commun maximal entre $\Gamma(M_E)$ et $\Gamma(M_T)$ et appairer leurs arêtes respectives comme montré dans la figure 5.5d où l'axe de symétrie est représenté par un trait double. Nous utilisons pour cela les axes de symétrie que nous avons calculés pendant la construction de $\Gamma(M_E)$ et $\Gamma(M_T)$ par une approche similaire à celle de Aujey et al. [AHL07]. Les hypothèses prises en compte dans l'algorithme de détection des axes de symétries sont les suivantes :

- le noeud ϑ_0 correspondant au point source se trouve sur l'axe de symétrie ;
- le graphe $\Gamma(\mathcal{M})$ ne contient aucun cycle i.e. il peut être considéré comme un arbre ;
- les sous-arbres sont isomorphes s'ils ont le même noeud père et ont la même structure de sous-arbre.

Ces hypothèses sont la plupart du temps vérifiées pour les modèles articulés que nous traitons car le graphe $\Gamma(M)$ est généralement simple. De plus, nous nous intéressons ici à la symétrie morphologique du modèle et non à sa symétrie géométrique. La première arête de l'axe de symétrie de $\Gamma(M)$ est l'arête incidente à la racine ϑ_0 notée $\Lambda_0 = (\vartheta_0, \vartheta_1)$. Soit Λ une arête de $\Gamma(M)$ définie par les noeuds ϑ et ϑ' . L'algorithme de Aujey et al. [AHL07] calculant l'axe de symétrie de $\Gamma(M)$ procède comme suit (cf. figure 5.6) :

- $\Lambda = (\vartheta, \vartheta') \leftarrow \Lambda_0 = (\vartheta_0, \vartheta_1)$
- tant que $\Lambda \neq NULL$ faire
 - ▷ ajouter Λ à l'axe de symétrie;
 - ▷ soit $\Lambda_1 = (\vartheta', \vartheta'_1), \Lambda_2 = (\vartheta', \vartheta'_2), \dots, \Lambda_k = (\vartheta', \vartheta'_k)$ les arêtes incidentes à ϑ' , à l'exception de Λ ;
 - ▷ pour tout noeud ϑ'_i , soit T_i le sous-arbre de $\Gamma(\mathcal{M})$ dont la racine est ϑ'_i et ne contenant pas ϑ' ;
 - ▷ regrouper les T_i dans des ensembles $\Omega_1, \dots, \Omega_t$ d'arbres isomorphes, en fonction de la vérification de la dernière hypothèse;
 - ▷ si $\exists! \Omega_j$ qui contient un seul arbre T_i alors $\Lambda \leftarrow \Lambda_i = (\vartheta', \vartheta'_i)$;
 - ▷ sinon $\Lambda \leftarrow NULL$;
 - ▷ fin si
- fin tant que

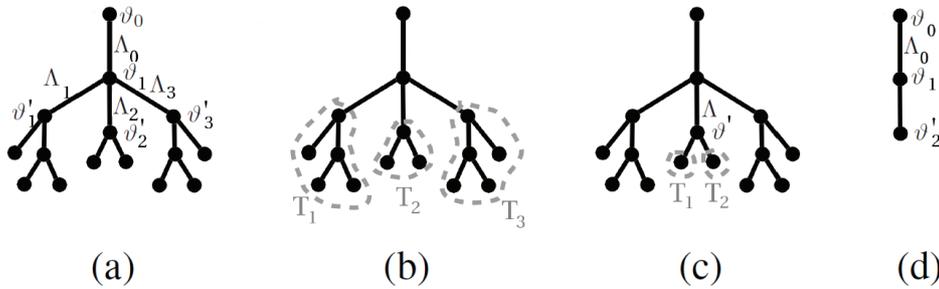


FIGURE 5.6 – Détection de l'axe de symétrie. (a) Initialisation; (b) première étape : T_1 et T_3 sont isomorphes, T_2 est le seul candidat : Λ_2 est sur l'axe de symétrie; (c) deuxième étape : T_1 et T_2 sont isomorphes et il n'y a plus de sous-arbre candidat donc l'algorithme s'arrête; (d) l'axe de symétrie détecté. Figure extraite de [AHL07].

L'axe de symétrie commun maximal entre les modèles M_E et M_T est déterminé en partant des noeuds sources des modèles et en traversant leurs axes de symétrie initiaux sans interruption. Le graphe commun $\Upsilon(M_E, M_T)$ est ensuite construit de manière hiérarchique en associant d'abord les arêtes restantes de $\Gamma(M_E)$, incidentes à l'axe de symétrie commun, avec les arêtes leur correspondant sur $\Gamma(M_T)$. Ce processus prend en considération l'ordre angulaire des arêtes autour de l'axe de symétrie au niveau des jonctions. Le graphe $\Upsilon(M_E, M_T)$ résultant établit une correspondance entre les arêtes de $\Gamma(M_E)$ et ceux de $\Gamma(M_T)$ (voir figure 5.5d).

Pour certains modèles, des arêtes supplémentaires du graphe $\Gamma(M_E)$ ou de $\Gamma(M_T)$ peuvent ne pas avoir d'arêtes correspondantes dans le graphe $\Upsilon(M_E, M_T)$ car les parties fonctionnelles leur correspondant ne sont pas présentes sur l'autre modèle. Ceci peut être le cas de la queue pour certains modèles de quadrupèdes. Comme ces

arêtes peuvent être utiles dans le processus de segmentation, elles sont sauvegardées dans des files supplémentaires respectives : $\mathcal{Q}_{ext}(M_E)|_{M_T}$ et $\mathcal{Q}_{ext}(M_T)|_{M_E}$. Le graphe commun $\Upsilon(M_E, M_T)$ sera donc utilisé non seulement pour localiser les positions appropriées des faces germes sur le modèle cible, mais aussi pour sélectionner les segments du modèle exemple qui peuvent être effectivement transférés sur le modèle cible.

5.4 Localisation des germes et segmentation du modèle cible

Une fois le graphe de correspondance obtenu et les positions relatives r^1, \dots, r^N des segments S_E^1, \dots, S_E^N estimées par rapport au éléments de $\Gamma(M_E)$, nous nous assurons que le graphe d'adjacence des segments de M_E et celui des segments de M_T seront similaires. Comme nous l'avons mentionné dans les chapitres 2.7 et 3, nous utilisons la technique des marches aléatoires pour calculer une segmentation de M_T cohérente avec la segmentation de M_E . Ainsi, pour calculer un segment S_T^i correspondant à un segment S_E^i de M_E , une face germe candidate s_T^i doit être sélectionnée sur la surface de M_T . Sa position sera déterminée en reportant les paramètres (l_i, r^i) du segment S_E^i sur le modèle M_T , et ce, en utilisant le graphe commun de correspondance $\Upsilon(M_E, M_T)$. Cependant, si l'étiquette l_i associée au segment S_E^i fait partie des étiquettes stockées dans la file supplémentaire $\mathcal{Q}_{ext}(M_E)|_{M_T}$, S_E^i ne correspond pas à un élément de $\Upsilon(M_E, M_T)$ et sera donc ignoré. Autrement dit, S_E^i a un segment correspondant dans M_T uniquement lorsque l_i correspond à un élément de $\Upsilon(M_E, M_T)$.

La sélection de la face germe s_T^i est effectuée en deux étapes. D'abord, la région de M_T pouvant contenir s_T^i est localisée de façon grossière. Pour un germe s_T^i , l'ensemble de faces candidates contient les faces :

- appartenant à la région de M_T qui possède une étiquette de $P_{low}(\mathcal{M}_T, h)$, appariée avec l_i via $\Upsilon(M_E, M_T)$ et
- situées sur un ensemble de lignes de niveau contiguës dont les valeurs relatives sont données par r^i ($r^i \pm 0.1$).

La figure 5.5e montre comment les positions relatives des segments de la jambe gauche sont transférés du modèle exemple vers le modèle cible en utilisant le graphe $\Upsilon(M_E, M_T)$. En deuxième étape, comme expliqué dans la section 3.4.2 du chapitre 3, seules les faces candidates se trouvant sur des zones suffisamment convexes sont retenues (cf. figure 5.5f). s_T^i est alors choisie parmi cet ensemble : c'est la face qui a la valeur de distance relative la plus proche de r_i (cf. figure 5.5g).

Nous identifions aussi les faces germes des parties additionnelles de M_T , lorsqu'elles existent, grâce à leurs étiquettes sauvegardées dans la file $\mathcal{Q}_{ext}(M_T)_{|M_E}$. Ces parties correspondent à des arêtes de $\Gamma(M_T)$ qui ne sont associées à aucun élément de $\Upsilon(M_E, M_T)$. Pour chacune d'elles, un segment supplémentaire est créé. Pour cela, le centre de gravité des faces de la partie est calculé (cf. équation ?) et la face qui est la plus proche de ce centre (dans le sens de la distance Euclidienne) est considérée comme une face germe. Elle est alors stockée avec un identifiant i supérieur à N .

L'algorithme des marches aléatoires est exécuté sur le modèle M_T en étant initialisé par l'ensemble des faces germes localisées. Les segments obtenus représentent bien les parties fonctionnelles du modèles et possèdent les même étiquettes des segments du modèle exemple (cf. figure 5.5h).

5.5 Lissage des frontières

L'algorithme des marches aléatoires fournit la solution globale optimale pour décomposer un modèle cible M_T de façon similaire à M_E . Cependant, trouver les coupes localement optimales peut nécessiter un processus supplémentaire comme nous l'avons fait pour les objets rigides (cf. section 4.4). Toutefois, pour les modèles articulés, les graphes d'adjacence des segments de M_T et de M_E sont généralement cohérents grâce au graphe commun de correspondance. Nous avons donc introduit un processus de lissage de frontières utilisant les propriétés géométriques locales du maillage et basé sur l'algorithme de coupe minimale/flot maximal de Boykov et Kolmogorov [BK04].

Cet algorithme est efficace en terme de résultat et de temps de calcul lorsque l'on cherche la coupe minimale dans le voisinage proche de la frontière à lisser et que l'on peut identifier rapidement les éléments du maillage appartenant à ce voisinage. Contrairement au cas des modèles rigides, l'approche suivie pour les modèles articulés permet d'identifier rapidement une zone réduite de recherche de la coupe minimale en exploitant les lignes de niveau des faces du maillage, déduites du graphe $R(\mathcal{M}, h)$. Pour cette raison, nous avons choisi d'utiliser la méthode de coupe minimale qui est en même temps plus simple, plus rapide et mieux adaptée ici que le processus d'amélioration de frontières développé pour les modèles rigides (cf. section 4.4).

Pour le lissage d'une frontière entre deux segments S_T^i et S_T^j de M_T , nous utilisons l'algorithme de coupe minimale [BK04] pour minimiser une fonction d'énergie $\mathcal{E}_{cut}(\mathcal{L}_b)$ sur un graphe (dual) de flot non-orienté correspondant à la zone de recherche entourant la frontière. Cette zone de recherche désignée par \mathcal{Z} contient les faces f

appartenant aux segments S_T^i et S_T^j et vérifiant :

$$|h(f) - h_B(i, j)| < \sigma \quad (5.3)$$

où $h(f)$ est la moyenne des $h(v)$ telle que v est un sommet de la face f , donnant ainsi une estimation de la ligne de niveau de f , $h_B(i, j)$ est la moyenne des $h(v)$ telle que v est un sommet appartenant à la frontière entre S_T^i et S_T^j , et σ est un paramètre positif largement < 1 permettant de limiter la région de recherche de la coupe minimale aux faces et arêtes de M_T qui sont proches de la frontière à lisser. Il est à noter que les valeurs de la fonction scalaire h sont déjà normalisées par la valeur maximale de h atteinte sur le maillage.

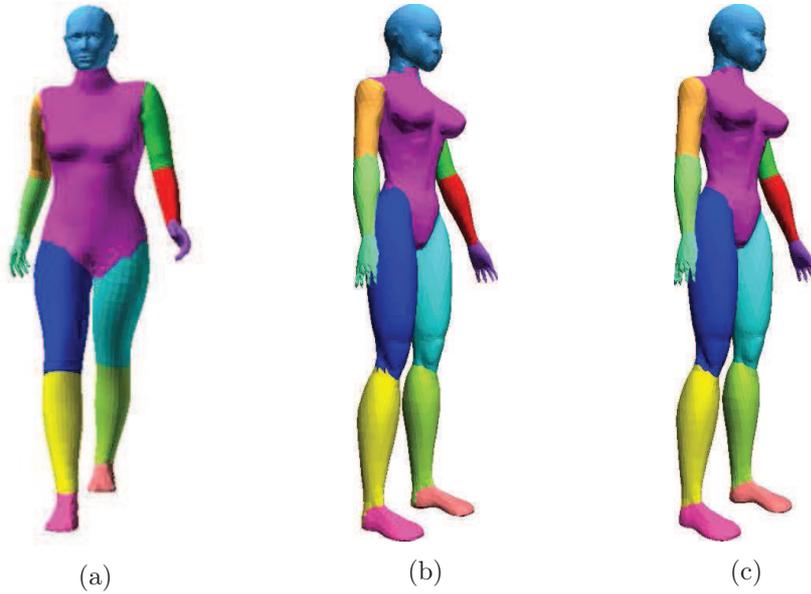


FIGURE 5.7 – Lissage des frontières. (a) Modèle exemple. (b) Segmentation par l'exemple du modèle cible avant l'application du processus de lissage. (c) Segmentation finale du modèle cible après le lissage des frontières des segments.

Soit \mathcal{L}_b le partitionnement binaire de \mathcal{Z} en deux parties qui seront étiquetées par les indices i et j correspondant aux étiquettes des segments S_T^i et S_T^j , et $\mathcal{N}_{\mathcal{Z}}$ le sous-ensemble de $\mathcal{Z} \times \mathcal{Z}$ formé par les paires de faces adjacentes (f, f') . La fonction d'énergie $\mathcal{E}_{cut}(\mathcal{L}_b)$ décrit les contraintes que nous imposons sur les propriétés de la frontière et des régions générées par le partitionnement \mathcal{L}_b . Elle est constituée d'un terme de région $\mathcal{E}_R(\mathcal{L}_b)$ et d'un terme de frontière $\mathcal{E}_B(\mathcal{L}_b)$ comme suit :

$$\mathcal{E}_{cut}(\mathcal{L}_b) = \lambda \mathcal{E}_R(\mathcal{L}_b) + \mathcal{E}_B(\mathcal{L}_b) \quad (5.4)$$

Analogiquement à la définition de l'énergie $\mathcal{E}(\mathcal{L})$ pour les modèles rigides dans l'équation 4.3, λ est un coefficient positif qui spécifie le poids de l'énergie de région $\mathcal{E}_R(\mathcal{L}_b)$ par rapport à l'énergie de frontière $\mathcal{E}_B(\mathcal{L}_b)$ (nous avons pris également $\lambda = 0.2$ pour donner une priorité plus élevée au termes représentant les propriétés de frontière). L'étiquetage binaire \mathcal{L}_b obtenu par l'algorithme de coupe minimale réattribue une étiquette $L_f \in \{i, j\}$ à chaque face f de \mathcal{Z} de telle façon que la nouvelle frontière dessinée par la coupe minimale soit lisse.

L'énergie de région $\mathcal{E}_R(\mathcal{L}_b)$ est définie par :

$$\mathcal{E}_R(\mathcal{L}_b) = \sum_{f \in \mathcal{Z}} -\log\left(\frac{P^{L_f}(f)}{P^i(f) + P^j(f)} + \varepsilon\right) \quad (5.5)$$

où les valeurs $P^{L_f}(f)$, $P^i(f)$ et $P^j(f)$ sont les probabilités déjà calculées par l'algorithme des marches aléatoires (cf. section 3.2). Avec cette définition, les germes s_T^i et s_T^j sont assimilés aux deux nœuds terminaux source et puits (sink) souvent utilisés dans le calcul de la coupe minimale [BK04].

Dans l'énergie de frontière $\mathcal{E}_B(\mathcal{L}_b)$, nous avons adopté un modèle standard où la fonction de capacité $cap(f, f')$ de l'arc entre deux faces adjacentes f et f' est considérée uniquement lorsque l'arête commune entre f et f' appartient à la coupe :

$$\mathcal{E}_B(\mathcal{L}_b) = \sum_{\{f, f'\} \in \mathcal{N}_{\mathcal{Z}}} cap(f, f') \cdot \delta(L_f \neq L_{f'}) \quad \text{et} \quad \delta(L_f \neq L_{f'}) = \begin{cases} 1 & \text{si } L_f \neq L_{f'} \\ 0 & \text{si } L_f = L_{f'} \end{cases} \quad (5.6)$$

La définition de $cap(f, f')$ est donnée par l'équation 4.6. Elle favorise la création de la coupe le long des arêtes courtes et concaves de \mathcal{Z} .

Dans ce processus de lissage, nous avons pu exploiter dans un premier temps les valeurs de la fonction scalaire h , calculées lors de la construction du graphe de Reeb, pour réduire le coût de calcul en limitant le plus possible la taille de la zone de recherche au voisinage de la frontière initiale. Nous avons introduit dans un deuxième temps les valeurs de "confiance" de segmentation fournies par les probabilités des marches aléatoires $P^i(f)$ pour définir les termes de "région" dans l'énergie de la coupe. La minimisation de l'énergie $\mathcal{E}_{cut}(\mathcal{L}_b)$ pour chacune des frontières de la segmentation cible donne lieu à de nouvelles coupes qui sont plus lisses et qui adhèrent mieux aux concavités de la forme, et ce en conservant un étiquetage cohérent entre les segments de M_T et ceux de M_E (voir figure 5.7).

5.6 Résultats

Nous avons utilisé les modèles articulés du benchmark PSB [CGF09] issus de trois classes : humain, quadrupède et pieuvre. Pour aligner les paires de modèles, nous avons appliqué un algorithme d'ACP suivi d'un algorithme d'ICP résultant en un alignement rigide similaire à celui obtenu par Golovinskiy et al. [GF09]. Pour chaque classe de modèles, les valeurs des seuils de filtrage de graphes, τ_1 et τ_2 , ont été déterminées expérimentalement pour obtenir des graphes $\Gamma(\mathcal{M})$ comparables à l'intérieur d'une même classe. Ensuite, les modèles de la classe ont été segmentés manuellement par l'utilisateur de façon cohérente : nous attribuons le même indice de segment aux parties fonctionnelles similaires. Chaque modèle jouera une fois le rôle du modèle exemple pour le reste des modèles de sa classe. Notons que notre approche est valide pour les maillages de genre $g = 0$. Par conséquent, pour les tests sur la classe des humains, nous n'avons pris en compte que 18 modèles parmi les 20 modèles disponibles, les deux autres étant des maillages de genre $g > 0$.

Le protocole d'évaluation de notre approche et les métriques utilisées sont décrits en détails dans l'annexe A et les résultats numériques sont présentés dans la section 5.6.2. La figure 5.10 montre quelques résultats de transfert de segmentation obtenus avec notre approche pour différentes classes de modèles articulés.

5.6.1 Evaluation qualitative

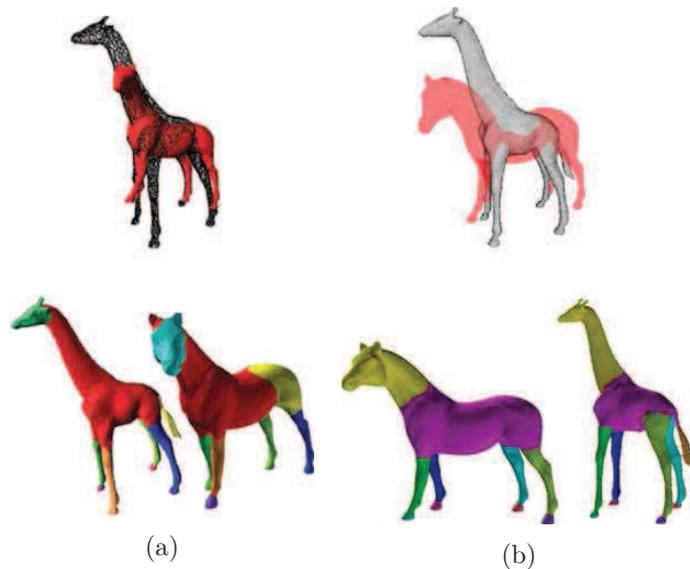


FIGURE 5.8 – Segmentations cohérentes des modèles de cheval et de girafe par l'approche de Golovinskiy et al. [GF09] (a), et par notre approche (b).

En comparant les figures 5.8a et 5.8b, nous remarquons que même lorsque l'alignement des modèles n'est pas parfait, notre méthode réussit à segmenter de façon cohérente la girafe et le taureau par rapport au cheval segmenté. Ceci est grâce à la mise en correspondance des attributs topologiques des modèles dans le processus de transfert de segmentation. La figure 5.9 montre la capacité de notre approche à décomposer les modèles en des parties significatives de façon améliorée par rapport aux méthodes de segmentation individuelle [SSCO08, LHMR09].

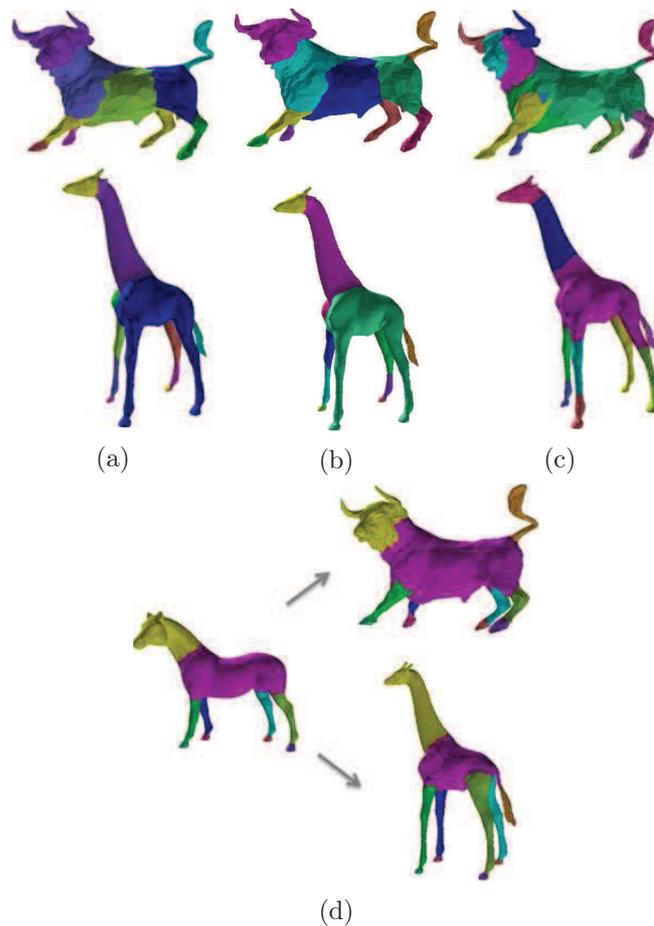


FIGURE 5.9 – Comparaison avec les méthodes de segmentations individuelles. (a) Diamètre de forme [SSCO08], (b) coupes randomisées [GF08], (c) marches aléatoires et (d) notre approche de transfert de segmentation.

De plus, notre méthode permet d'identifier les segments supplémentaires par rapport à ceux de l'exemple, e.g. les queues des quadrupèdes montrés dans les figures 5.9 et 5.10, et les tentacules des pieuvres de la quatrième ligne de la figure 5.10. Elle permet également d'éliminer les segments incohérents lorsque cela est nécessaire, par exemple dans la pieuvre à droite de la figure 5.10, où il y a moins de tentacules que dans le modèle exemple.

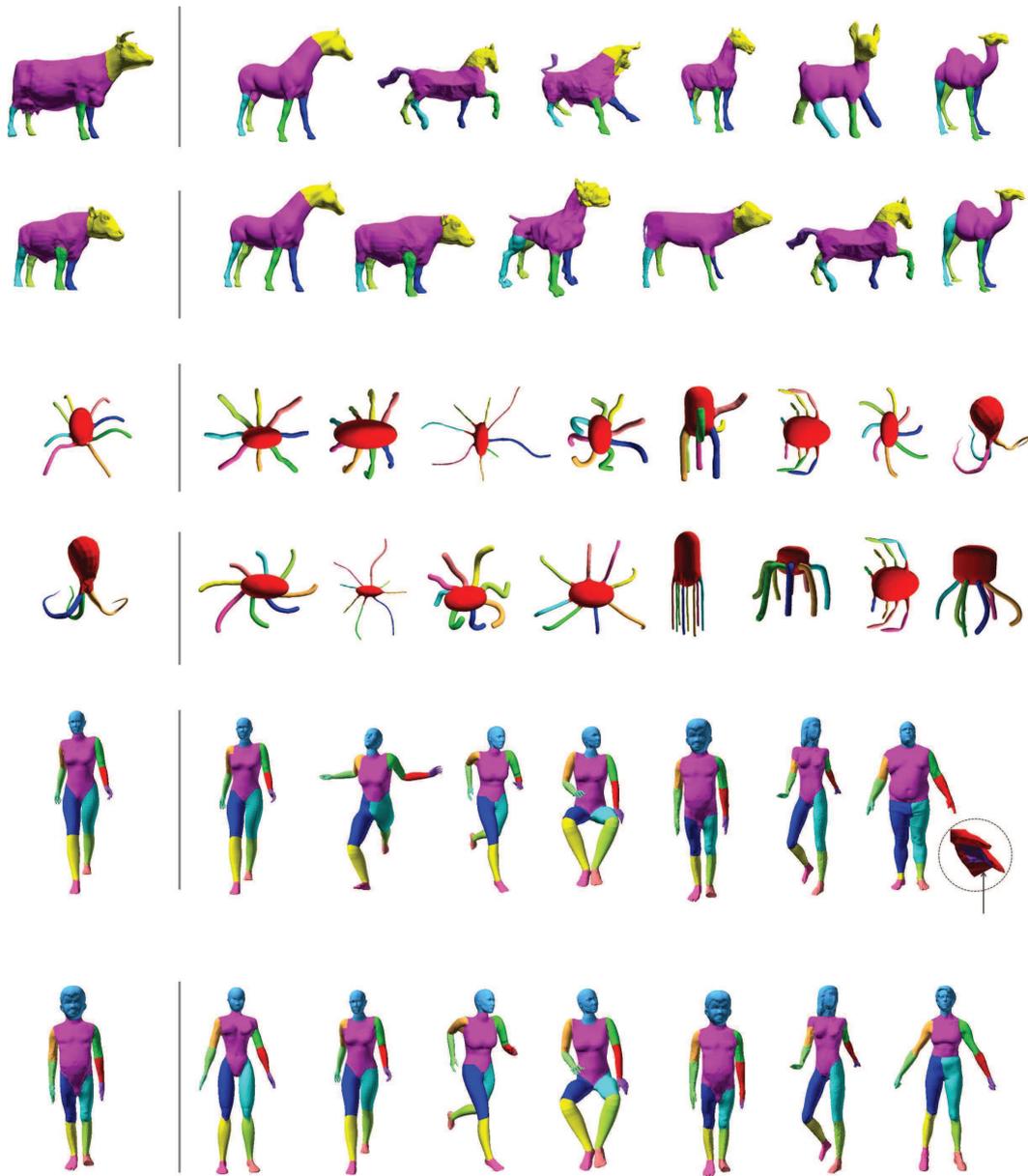


FIGURE 5.10 – Résultats de segmentation par transfert présentés pour une variété de modèles articulés. le modèle exemple M_E est à gauche de la ligne verticale et les modèles segmentés à sa droite.

En observant les segmentations d'un même modèle obtenues à partir de différents modèles exemples de la même classe (cf. figure 5.10), nous remarquons que les résultats sont similaires. Ceci s'explique par l'efficacité de la stratégie de positionnement de germes et par la robustesse de l'algorithme des marches aléatoires par rapport aux petits déplacements de germes.

D'ailleurs, pour valider l'hypothèse $[H1]$ pour les modèles articulés, nous avons

considéré la segmentation créée pour chaque modèle en utilisant sa propre segmentation vérité-terrain, comme nous l'avons fait pour les modèles rigides (cf. section 4.5.3). Le score du taux d'identification moyenné sur les trois classes évaluées de modèles articulés (58 modèles) est de 89,5%. Ce score élevé confirme la flexibilité de l'algorithme des marches aléatoires pour reproduire les segmentations fournies par l'utilisateur.

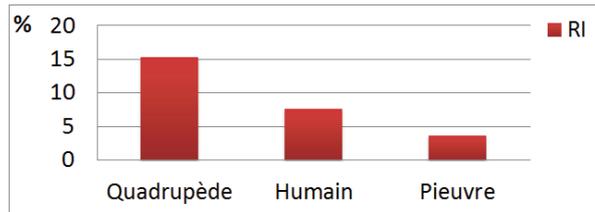
Remarquons également que les frontières des segments de la plupart des modèles suivent les contours naturels des parties. Ceci aurait été difficile à obtenir si les frontières auraient été calculées directement à travers une analyse de connectivité (ou des *constrictions*) du graphe de Reeb.

5.6.2 Evaluation quantitative

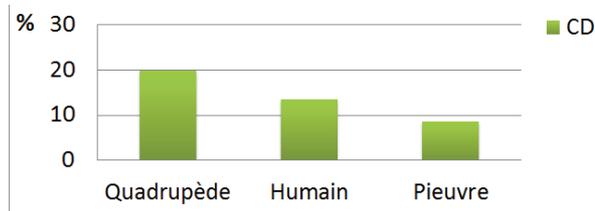
La figure 5.11 englobe les évaluations de la segmentation par l'exemple de modèles articulés en utilisant les différentes métriques que nous avons déjà employé pour évaluer l'approche dédiée au modèles rigides : RI, CD, HD, GCE et LCE du benchmark PSB [CGF09] et AEI proposée par Liu et al. [LTBZ13]. Le comportement de notre approche varie légèrement selon le type de la métrique (métrique basée contour, région, etc.), cependant, les scores sont toujours meilleurs pour la classe des pieuvres. Les modèles de cette classe issue du PSB [CGF09] sont presque tous des maillages propres favorisant la construction d'un graphe de Reeb régulier. Par contre, les modèles issus des deux autres classes (humain et quadrupède) sont parfois représentés par des maillages denses et bruités, pouvant entraver la construction du graphe de Reeb et par conséquent altérer le positionnement des germes.

Les scores de la métrique AEI, mesurant la cohérence de l'ensemble des segmentations générées par les différents modèles exemples dans une classe d'objets (voir annexe A), mettent en évidence encore une fois le pouvoir discriminant de cette métrique : les valeurs obtenues pour les classes de modèles humains et de quadrupèdes sont de l'ordre de 10%, tandis que pour la classe des pieuvres, la valeur est bien plus faible (2%). Néanmoins, toutes ces valeurs indiquent que même en diversifiant les modèles exemples, notre méthode parvient à segmenter les modèles de la classe de façon cohérente.

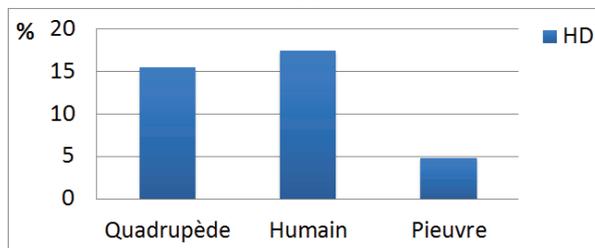
Afin de comparer notre approche avec les méthodes de segmentation et de co-segmentation les plus représentatives de l'état de l'art, nous mesurons les scores de l'indice de Rand RI vis-à-vis de toutes les segmentations manuelles des classes concernées du PSB [CGF09]. Les évaluations effectuées ici sont les mêmes que celles décrites dans la section 4.5.2. On constate d'abord que le score global obtenu par



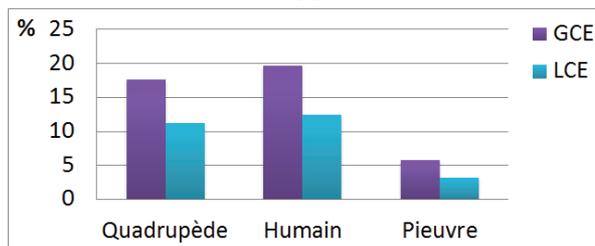
(a)



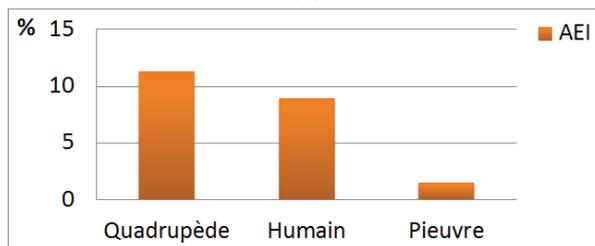
(b)



(c)



(d)



(e)

FIGURE 5.11 – Évaluation quantitative de la qualité des segmentations produites sur les modèles articulés par notre approche en utilisant les métriques d'erreurs du PSB [CGF09] (de (a) à (d)). Évaluation de la stabilité des résultats avec la métrique AEI de Liu et al. [LTBZ13] en (e).

notre approche est meilleur que les scores des méthodes de segmentation individuelle. Ceci confirme que l'utilisation de la connaissance de l'utilisateur permet de mieux décomposer les objets en leurs parties significatives.

Nous remarquons également que nos scores sur les modèles articulés, ceux de l'approche supervisée de Kalogerakis et al. [KHS10] avec 3 modèles d'apprentissage et ceux de l'approche non-supervisée de Huang et al. [HKG11] dans la condition "JointAll" sont très proches. D'autre part, en observant les scores du RI obtenus pour les segmentations vérité-terrain du PSB citecgf-b3ms-09 (en jaune), on constate qu'ils sont déjà de l'ordre de 15% pour les classes de quadrupèdes et d'humains. Ceci est du principalement à la diversité des segmentations créées manuellement pour un modèle issu de ces classes et explique les valeurs du RI obtenues par notre approche, qui sont en moyenne voisines des valeurs obtenues pour les segmentations manuelles.

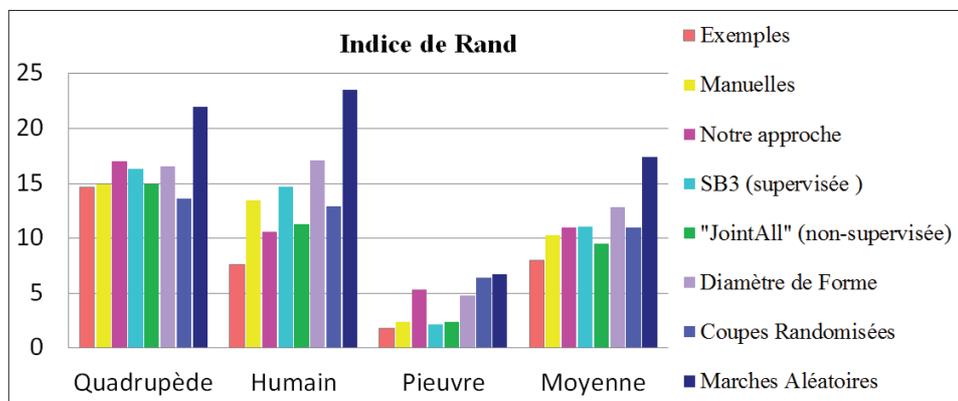


FIGURE 5.12 – Scores de l'erreur de segmentation donnée par l'indice de Rand. les termes "Exemples", "SB3" et "JointAll" correspondent respectivement à nos modèles exemples pré-segmentés, à l'approche supervisée [KHS10] avec 3 modèles d'apprentissage et à l'approche non-supervisée [HKG11] dans la condition "JointAll" retournant les meilleurs scores. Un faible indice de Rand indique une forte similarité avec les segmentations manuelles.

Pour pouvoir comparer les taux d'identification dans nos segmentations avec ceux des segmentations calculées par l'approche supervisée de Kalogerakis et al. [KHS10], nous avons attribué les mêmes étiquettes aux segments représentant des parties fonctionnelles similaires dans nos segmentations vérité-terrain, et ce, en suivant l'étiquetage de [KHS10] montré dans la figure 5.13. Puis, nous avons utilisé ces modèles exemple pour effectuer le transfert de segmentation pour les modèles des trois classes évaluées du PSB.

Rappelons que les scores du taux d'identification calculent le pourcentage des faces du maillage possédant des étiquettes identiques dans la segmentation évaluée et

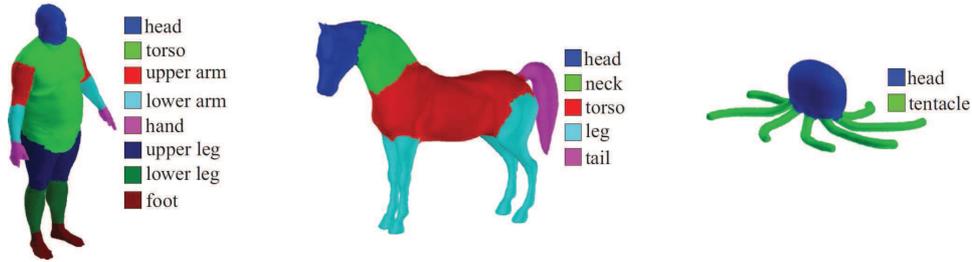


FIGURE 5.13 – Étiquetage des segments des modèles articulés par Kalogerakis et al. [KHS10]. Figure extraite de [KHS10].

la segmentation vérité-terrain du même modèle. Leurs valeurs sont reportés pour les trois classes dans la figure 5.14. Selon cette métrique, les résultats de notre approche et ceux de l’approche de segmentation supervisée de Kalogerakis et al. [KHS10] avec 3 modèles par ensemble d’apprentissage sont encore une fois assez proches. Notons cependant que le temps de réponse de notre approche est plus rapide vu qu’elle ne requiert pas une étape d’apprentissage hors-ligne.

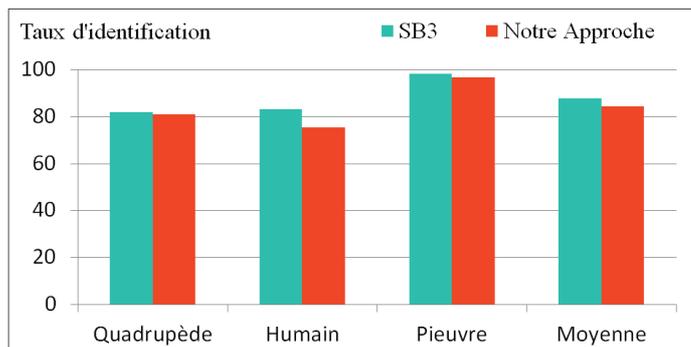


FIGURE 5.14 – Scores (%) du taux d’identification sur trois classes ; Comparaison avec l’approche supervisée de Kalogerakis et al. : SB3 correspond au scores du tableau 1 dans [KHS10] avec 3 modèles utilisés chaque fois pour l’apprentissage.

5.6.3 Limitations

Bien que les faces du maillage soient filtrées préalablement à la sélection des germes par un seuil de convexité, les germes peuvent être positionnés à l’intérieur d’une région à concavité étendue, comme le cas de la paume de la main du modèle humain montrée dans la figure 5.10. Ce modèle montre une deuxième limitation de notre algorithme, due également à un emplacement inapproprié des germes : les germes associés aux cuisses ont été positionnés au niveau des genoux car le nœud de bifurcation correspondant à l’entrejambe dans $\Gamma(M_T)$ est très bas (à cause du port

d'un short), ce qui raccourcit les segments associés aux jambes.

De plus, notre méthode suppose que les modèles sont dans une pose verticale et que les paires de modèles sont alignés par un algorithme d'ICP 3D rigide pour rapprocher les parties de leurs corps dans l'espace. Cet alignement, suivi de notre approche de mise en correspondance des graphes de structure du modèle exemple et du modèle cible, garantit de décomposer les modèles en des parties significatives de façon cohérente en terme de l'étiquetage lié à la fonctionnalité de chaque membre comme, par exemple, celui montré dans la figure 5.13. Cependant, dans le cas où l'on veut désigner les différentes parties par des étiquettes fournissant un niveau de détail plus précis (par exemple, arrière-bras gauche, arrière-bras droite, avant-bras gauche, avant-bras droite, etc.), cet alignement peut produire une segmentation du modèle cible symétrique par rapport à celle du modèle exemple. En effet, si les modèles "regardent" dans deux sens opposés, l'alignement peut échouer à les orienter de manière à ce que leurs "regards" soient dirigés dans le même sens. Par conséquent, notre algorithme mettra en correspondance les membres gauches de l'un avec les membres droites de l'autre et vice-versa.

Pour le calcul de $\Gamma(M)$, nous avons déterminé expérimentalement les seuils τ_1 et τ_2 et nous avons employé les mêmes valeurs pour les modèles appartenant à une même classe sémantique. Ces valeurs peuvent convenir à une majorité de modèles, mais peuvent être inappropriées pour certains, comme le modèle du chien dans la deuxième ligne de la figure 5.10, où la queue n'a pas été identifiée comme un segment supplémentaire en raison de l'élimination de l'arête qui lui est associée lors du processus du filtrage du graphe. Il pourrait être plus optimal de déterminer ces seuils de façon statistique pour chaque modèle séparément, en comparant les poids des arêtes formant le graphe initial. Dans un contexte d'utilisation interactive, l'utilisateur peut assister le processus du filtrage du graphe, en suivant l'évolution de ce dernier au cours de la suppression des arêtes externes dans l'ordre de poids croissant, et en choisissant à la fin le graphe avec le niveau de filtrage souhaité.

Chapitre 6

Conclusion

Ce chapitre clôture ce manuscrit en dressant un bilan des contributions et des propositions d’extensions de ce travail de thèse.

6.1 Bilan

Le but de la thèse consistait à proposer une méthode rapide de segmentation d’objets 3D en parties significatives, qui pourrait être utile pour étudier la similarité partielle entre les formes dans le contexte de l’indexation partielle et de recherche par le contenu d’objets 3D. Comme il existe un lien très fort entre la segmentation, la correspondance et la reconnaissance, les recherches récentes sur la segmentation par parties envisagent de plus en plus d’analyser conjointement les formes 3D pour favoriser une segmentation cohérente des objets similaires.

Nous avons conçu et implémenté une méthode efficace et rapide effectuant le transfert d’une segmentation d’un maillage sur un autre modèle appartenant à la même classe d’objets. Nous avons étudié en premier lieu l’algorithme des marches aléatoires, qui est l’algorithme pilier de la méthode, dans le cadre de la segmentation individuelle interactive. Contrairement aux méthodes interactives usuelles basées sur le coupage de la surface du maillage, celle-ci est basée sur la sélection des régions à travers le placement des germes associés aux segments. Nous avons obtenu des résultats intéressants qui nous ont conforté dans notre démarche.

Les algorithmes de pré-traitement des objets et les processus mettant en correspondance leurs parties fonctionnelles sont ensuite définis en fonction du type d’objet : deux approches distinctes sont proposées pour calculer la segmentation par l’exemple, la première étant dédiée aux objets de type rigide et la deuxième aux objets de type articulé. Ces approches créent des segmentations cohérentes des objets issus de la

même classe et qui sont segmentés par le même modèle exemple. Elles permettent également d’effectuer différents styles de segmentations sur un objet 3D. Du fait de sa rapidité, l’approche de transfert de segmentation est tout à fait adaptée à des applications interactives.

Les tests d’évaluation et de comparaison de nos deux approches ont été effectués sur des bases de données comprenant différentes classes d’objets segmentés manuellement. Ces évaluations ont :

- mis en évidence l’efficacité des deux approches et
- ont permis de valider les trois hypothèses [H1], [H2] et [H3] énoncées dans la section 2.7, hypothèses qui sous-tendaient notre méthode.

Nous avons également montré que notre approche produit des segmentations individuelles en concordance avec la sémantique humaine et qu’elle améliore les techniques de segmentation traitant chaque objet séparément. De plus, nos résultats sont comparables avec ceux obtenus par les méthodes de co-segmentation basées sur l’apprentissage, notre approche étant plus adaptée à un usage interactif.

6.2 Perspectives

Amélioration de la segmentation par l’exemple

Concernant notre approche dédiée aux objets rigides :

Sachant que la plupart des objets manufacturés sont fortement symétriques, pour résoudre les problèmes liés au nombre de segments dépendant toujours du modèle exemple, il serait intéressant d’examiner les symétries des formes. Une approche possible serait de comparer les symétries des modèles exemple et cible, et ce, juste après l’étape d’alignement. Ces symétries de réflexion, de rotation ou de translation peuvent être examinées localement ou globalement. Les segments incohérent pourraient être évités en détectant leur non-existence sur le modèle cible M_T et en éliminant leurs germes correspondants. Les régions n’apparaissant que sur M_T pourraient être identifiées et des germes supplémentaires pourraient être créés dans ces régions par symétrie. Nous espérons que ceci permettrait de réduire considérablement les erreurs dues aux variabilités géométriques intra-classes.

Concernant notre approche dédiée aux objets articulés :

Pour calculer le graphe de Reeb, nous avons choisi comme fonction scalaire l’approximation par l’algorithme de Dijkstra de la distance géodésique à un point source sélectionné sur la tête du personnage. Lorsque les modèles traités sont représentés

par des maillages propres, ne présentant pas des défauts de conception, les graphes construits sont corrects et simples à manipuler. Toutefois, ceci n'est pas toujours garanti quand le maillage est bruité ou non optimisé pour une telle tâche. Il pourrait être intéressant d'intégrer un pré-traitement qui vise à améliorer la qualité des maillages ou à les simplifier pour optimiser le calcul du graphe de Reeb et, par conséquent, la mise en correspondance des graphes topologiques et la localisation des germes. En perspective de ce travail, une autre alternative pour initialiser le calcul du graphe de Reeb est de détecter automatiquement les points caractéristiques de la forme [TVD06]. L'utilisation de ceux-ci pourrait être explorée avec la définition de nouvelles fonctions scalaires permettant de déceler la structure globale de chaque objet, d'établir les correspondances entre les parties et de localiser de façon plus directe les germes sur les objets cibles. De telles améliorations permettraient de mieux aborder par la suite la problématique de l'indexation partielle.

Extensions et applications

Apprentissage :

Pour une base de données d'objets hétérogènes, il serait intéressant d'intégrer une phase permettant d'identifier automatiquement le type de l'objet (rigide ou articulé) et sa catégorie, car il n'est pas toujours possible de connaître la catégorie exacte à laquelle le modèle appartient sans l'aide de l'utilisateur.

Dans la continuité de ce travail, une technique supervisée peut être explorée pour l'apprentissage des positions des germes et la co-segmentation d'un ensemble de formes similaires par la méthode des marches aléatoires.

Indexation partielle :

Certaines applications comme la modélisation de nouvelles formes par combinaison de sous-parties de formes existantes, nécessite d'indexer les objets par rapport à leur similarité partielle. Les systèmes utilisant l'indexation partielle ont pour objectif de reconnaître les objets possédant des parties similaires même quand ils sont globalement différents. L'utilisation des structures a été largement étudiée en vision pour définir des descripteurs de formes mais aussi pour proposer des descripteurs géométriques relatifs aux sous-parties du modèle. Par conséquent, la segmentation cohérente d'objets 3D, exploitée dans une approche structurale, peut être très utile pour améliorer l'indexation partielle de formes 3D.

Transfert de segmentation pour d'autres types de données :

Une orientation future possible de ce travail est de considérer le transfert de segmentation de forme dans un domaine spécifique comme l'architecture ou la biologie moléculaire. Dans ces domaines spécifiques, on doit d'abord examiner de nouveaux critères pour la segmentation puisque les critères géométriques classiques (courbure, fonction de diamètre de forme, etc.) ne s'appliquent pas. Il en est de même si l'on veut étudier le transfert de segmentation pour de nouvelles représentations de données 3D : nuages de points, données volumique, etc.. Les nouveaux critères peuvent résulter en de nouvelles formulations du problème de segmentation.

Annexes

Annexe A

Evaluation de la segmentation par l'exemple : protocole et mesures utilisées

Un même protocole a été suivi pour évaluer notre approche. Nous le décrivons ici et nous présentons les définitions théoriques des différentes métriques utilisées et mentionnées dans les sections 4.5 et 5.6.

Considérons une classe \mathcal{C} composée de m maillages triangulaires $\{\mathcal{M}_1, \dots, \mathcal{M}_m\}$. A chaque modèle \mathcal{M}_k nous avons associé une segmentation vérité-terrain \mathcal{S}_k telle que chaque segment possède une étiquette distincte et que toutes les segmentations $\{\mathcal{S}_1, \dots, \mathcal{S}_m\}$ attribuent des étiquettes identiques aux parties similaires dans les différents modèles. Il est à noter que pour nos expérimentations chaque modèle \mathcal{M}_k segmenté par \mathcal{S}_k joue une fois le rôle de l'exemple pour tous les modèles de sa classe y compris lui même. On a donc pour chaque modèle \mathcal{M}_k , $m + 1$ segmentations associées : \mathcal{S}_k et $\mathcal{S}_{k/1}, \dots, \mathcal{S}_{k/m}$ ou $\mathcal{S}_{k/i}$ correspond à la segmentation automatique du modèle \mathcal{M}_k calculée par transfert de la segmentation \mathcal{S}_i du modèle \mathcal{M}_i sur \mathcal{M}_k .

Les différentes métriques utilisées comparent la segmentation vérité-terrain d'un maillage 3D et les segmentations produites par transfert de segmentation des modèles exemples segmentés issus de la même classe de modèles.

Si l'on note $MET(\mathcal{S}_{t/k}, \mathcal{S}_t)$ l'erreur calculée par une certaine métrique MET entre une segmentation calculée $\mathcal{S}_{t/k}$ et la segmentation vérité-terrain du modèle \mathcal{M}_t , la valeur moyenne d'une métrique d'erreur MET sur toute la classe \mathcal{C} est définie par :

$$MET_{classe} = \frac{1}{(m)^2} \sum_{t=1}^m \sum_{k=1}^m MET(\mathcal{S}_{t/k}, \mathcal{S}_t) \quad (\text{A.1})$$

L'équation A.1 est valide pour toutes les métriques présentées dans la suite, excepté l'incrément d'entropie adaptatif AEI .

Dans la suite de ce chapitre, étant donnée un maillage \mathcal{M}_t , on note :

- l_i l'étiquette associée à la face f_i dans la segmentation vérité-terrain \mathcal{S}_t
- l_i^* l'étiquette calculée et associée à la face f_i dans la segmentation automatique $\mathcal{S}_{t/k}$

Taux d'identification RR [KHS10]

RR donne le pourcentage de l'aire de la surface du maillage identiquement étiquetée dans les deux segmentations.

$$RR(\mathcal{S}_{t/k}, \mathcal{S}_t) = \left(\sum_i (a_i (J(l_i, l_i^*) + 1)/2) \right) / \left(\sum_i a_i \right) \quad (\text{A.2})$$

a_i étant l'aire de la face f_i et $J(l_i, l_i^*)$ est une fonction indicatrice qui vaut 1 si $l_i = l_i^*$ et -1 sinon.

Indice de Rand RI [CGF09]

RI est une mesure non-paramétrique de similarité entre deux segmentations. Son principe est de tester pour chaque paire de faces si celles-ci sont étiquetées de la même façon dans les deux segmentations.

Soit F le nombre de faces du maillage \mathcal{M}_t .

$$RI(\mathcal{S}_{t/k}, \mathcal{S}_t) = \binom{2}{F}^{-1} \sum_i (I[(l_i^* = l_j^*) \wedge (l_i = l_j)] + I[(l_i^* \neq l_j^*) \wedge (l_i \neq l_j)]) \quad (\text{A.3})$$

où $I[Q] = 1$ si la valeur logique de Q est VRAI et $I[Q] = 0$ si la valeur logique de Q est FAUX.

Ecart de coupe CD [CGF09]

CD est une métrique basée sur les contours : elle mesure la proximité des frontières des deux segmentations.

Soient C_1 et C_2 les ensembles des points composant les frontières des segments de $\mathcal{S}_{t/k}$ et de \mathcal{S}_t respectivement. Soit $d_G(p1, C_2) = \min\{d_G(p1, p2), \forall p2 \in C_2\}$ la distance géodésique d'un point $p1 \in C_1$ à l'ensemble des coupes C_2 , et $DCD(\mathcal{S}_{t/k} \Rightarrow \mathcal{S}_t) = \min\{d_G(p1, C_2), \forall p1 \in C_1\}$ définissant l'écart de coupe directionnel.

L'erreur d'écart de coupe entre les segmentations $\mathcal{S}_{t/k}$ et \mathcal{S}_t est calculée comme suit :

$$CD(\mathcal{S}_{t/k}, \mathcal{S}_t) = \frac{DCD(\mathcal{S}_{t/k} \Rightarrow \mathcal{S}_t) + DCD(\mathcal{S}_t \Rightarrow \mathcal{S}_{t/k})}{DiamMoy} \quad (\text{A.4})$$

où $DiamMoy$ est la distance Euclidienne moyenne entre un point de la surface et le centre de gravité du maillage.

Distance de Hamming HD [CGF09]

HD est une métrique basée région qui mesure la différence globale entre les régions de deux segmentations différentes.

Soit $\mathcal{S}_{t/k}^i$ un segment généré par la segmentation $\mathcal{S}_{t/k}$ et $\mathcal{S}_t^{i_v}$ un segment de \mathcal{S}_t tel que $i_v = \underset{u}{argmax} \|\mathcal{S}_{t/k}^i \cap \mathcal{S}_t^u\|$. La distance de Hamming directionnelle est :

$$D_H(\mathcal{S}_{t/k} \Rightarrow \mathcal{S}_t) = \sum_i \|\mathcal{S}_{t/k}^i \setminus \mathcal{S}_t^{i_v}\| \quad (\text{A.5})$$

" \setminus " est l'opérateur de différence entre deux ensemble. Sachant que \mathcal{S}_t désigne la segmentation vérité-terrain, selon Chen et al. [CGF09] D_H permet de définir la distance de Hamming HD comme la moyenne entre le "missing rate" R_m et le "false alarm rate" R_f :

$$R_m(\mathcal{S}_{t/k}, \mathcal{S}_t) = \frac{D_H(\mathcal{S}_{t/k} \Rightarrow \mathcal{S}_t)}{\|\mathcal{S}\|} \quad (\text{A.6})$$

$$R_f(\mathcal{S}_{t/k}, \mathcal{S}_t) = \frac{D_H(\mathcal{S}_t \Rightarrow \mathcal{S}_{t/k})}{\|\mathcal{S}\|} \quad (\text{A.7})$$

où $\|\mathcal{S}\|$ est l'aire de la surface du maillage.

Erreurs de consistance globale et locale GCE et LCE [CGF09, BVLD09b]

GCE et LCE mesurent les erreurs de raffinement entre deux segmentations en rendant compte des similitudes et des différences hiérarchiques dans les segmentations. Notons que ces métrique ont été également proposée par Benhabiles et al. [BVLD09b] pour évaluer les méthodes attribuant les étiquettes des segments aux sommets du maillage au lieu des faces.

Nous considérons ici le calcul de la métrique pour des segmentations associant les étiquettes aux faces comme dans [CGF09]. D'abord, une erreur de raffinement local entre deux segmentations est mesurée pour toute face f_i du maillage :

$$E(\mathcal{S}_{t/k}, \mathcal{S}_t, f_i) = \frac{\|R(\mathcal{S}_{t/k}, f_i) \setminus R(\mathcal{S}_t, f_i)\|}{\|R(\mathcal{S}_{t/k}, f_i)\|} \quad (\text{A.8})$$

où $R(\mathcal{S}, f_i)$ désigne la région à laquelle appartient la face f_i dans la segmentation \mathcal{S} et " \setminus " désigne l'opérateur de différence entre deux ensembles. Soit F le nombre de

faces du maillage. Les erreurs GCE et LCE sont définies par :

$$GCE(\mathcal{S}_{t/k}, \mathcal{S}_t) = \frac{1}{F} \min \left\{ \sum_i E(\mathcal{S}_{t/k}, \mathcal{S}_t, f_i), \sum_i E(\mathcal{S}_t, \mathcal{S}_{t/k}, f_i) \right\} \quad (\text{A.9})$$

$$LCE(\mathcal{S}_{t/k}, \mathcal{S}_t) = \frac{1}{F} \sum_i \min \{ E(\mathcal{S}_{t/k}, \mathcal{S}_t, f_i), E(\mathcal{S}_t, \mathcal{S}_{t/k}, f_i) \} \quad (\text{A.10})$$

Ceci induit l'inégalité $GCE \geq LCE$: la différence entre les deux métriques est que GCE contraint tous les raffinements locaux à être dans la même direction, tandis que LCE tolère les raffinements dans les deux directions pour les différentes parties du modèle.

Incrément d'entropie adaptatif AEI [LTBZ13]

Le principe de cette métrique est de calculer l'incrément d'entropie généré par l'ajout d'une segmentation automatique d'un modèle \mathcal{M}_t à l'ensemble des segmentations vérité-terrain de \mathcal{M}_t . Rappelons cependant que, dans notre cas, la vérité-terrain créée manuellement pour un modèle \mathcal{M}_t est toujours limitée à une seule segmentation \mathcal{S}_t et que celle-ci joue une fois le rôle de la segmentation exemple à transférer aux autres modèles de la même classe.

Pour pouvoir évaluer efficacement une segmentation automatique en utilisant la métrique AEI , nous devons disposer d'un plus grand nombre de segmentations vérité-terrain du modèle. Supposons que l'on veut évaluer la segmentation automatique $\mathcal{S}_{t/k}$ calculée pour le modèle \mathcal{M}_t à partir de la segmentation exemple \mathcal{S}_k du modèle \mathcal{M}_k . Nous considérons dans ce cas que l'ensemble de segmentations vérité-terrain de \mathcal{M}_t est $\Omega_V(\mathcal{M}_t, k) = \{\mathcal{S}_t \cup \{\mathcal{S}_{t/j}, j = 1 \dots m, j \neq k\}\}$. Pour simplifier les notations, nous appelons dans ce qui suit le q^{eme} élément de $\Omega_V(\mathcal{M}_t, k)$ par Ω_V^q , $q = 1, \dots, m$ où m correspond au nombre d'éléments de l'ensemble $\Omega_V(\mathcal{M}_t, k)$, et la segmentation automatique $\mathcal{S}_{t/k}$ par \mathcal{S}_A .

L'entropie de l'ensemble des segmentations vérité-terrains $\Omega_V(\mathcal{M}_t)$ est définie par :

$$H(\Omega_V^1, \dots, \Omega_V^m) = - \sum P(\Omega_V^1, \dots, \Omega_V^m) \log(\Omega_V^1, \dots, \Omega_V^m) \quad (\text{A.11})$$

où $P(\Omega_V^1, \dots, \Omega_V^m)$ est la probabilité de superpositions (overlaps) de segments provenant des différentes segmentations $\Omega_V^1, \dots, \Omega_V^m$ et la somme indique que l'entropie est basée sur toutes les combinaisons de segments possibles.

Lorsqu'une nouvelle segmentation \mathcal{S}_A est ajoutée à l'ensemble $(\Omega_V^1, \dots, \Omega_V^m)$, l'en-

tropie augmente en vérifiant l'inégalité suivante :

$$H(\Omega_V^1, \dots, \Omega_V^m) \leq H(\Omega_V^1, \dots, \Omega_V^m, \mathcal{S}_A) \quad (\text{A.12})$$

L'incrément normalisé de l'entropie qui sera utilisé dans le calcul de AEI est défini par :

$$\Delta H = \frac{H(\Omega_V^1, \dots, \Omega_V^m, \mathcal{S}_A) - H(\Omega_V^1, \dots, \Omega_V^m) + \varepsilon}{H(\mathcal{S}_A) + \varepsilon} \quad (\text{A.13})$$

où $H(\mathcal{S}_A)$ dénote l'entropie de \mathcal{S}_A et correspond à limite supérieure de l'incrément d'entropie. Elle est calculée par :

$$H(\mathcal{S}_A) = - \sum_i \frac{\|\mathcal{S}_A^i\|}{\|\mathcal{S}\|} \log\left(\frac{\|\mathcal{S}_A^i\|}{\|\mathcal{S}\|}\right) \quad (\text{A.14})$$

avec $\|\mathcal{S}_A^i\|$ l'aire du segment \mathcal{S}_A^i et $\|\mathcal{S}\|$ l'aire de la surface du maillage.

Afin de rapprocher les plages de variation des valeurs de ΔH pour tous les types de modèles 3D (simples et complexes) et renforcer le pouvoir discriminant de la métrique, la valeur de ΔH est normalisée par une espérance adaptative $E(\Delta H)$ calculée par :

$$E(\Delta H) = \frac{1}{N_{rand}} \sum_{r=1}^{N_{rand}} \Delta H(\Omega_V^1, \dots, \Omega_V^m, \mathcal{S}_r) \quad (\text{A.15})$$

où l'ensemble $\{\mathcal{S}_r\}$ est composé de N_{rand} segmentations automatiques aléatoires possédant le même nombre de segments que les segmentations vérité-terrain. Nous avons pris $N_{rand} = m$ et nous avons utilisé l'algorithme des marches aléatoires pour générer les différentes segmentations aléatoires du modèle en générant des positions aléatoires pour les germes. Enfin, l'incrément d'entropie adaptatif est défini par :

$$AEI = \frac{\Delta H}{E(\Delta H)} \quad (\text{A.16})$$

La valeur moyenne de la métrique AEI est calculée pour une classe d'objets comme suit :

$$AEI_{classe} = \frac{1}{(m)^2} \sum_{t=1}^m \sum_{k=1}^m MET(\mathcal{S}_{t/k}, \Omega_V(\mathcal{M}_t, k)) \quad (\text{A.17})$$

Cette métrique permet donc de mesurer la cohérence de l'ensemble des segmentations générées pour le même modèle à partir de différents modèles exemples appartenant à la même classe et segmentés de façon similaire.

Annexe B

Résultats visuels de segmentation par transfert

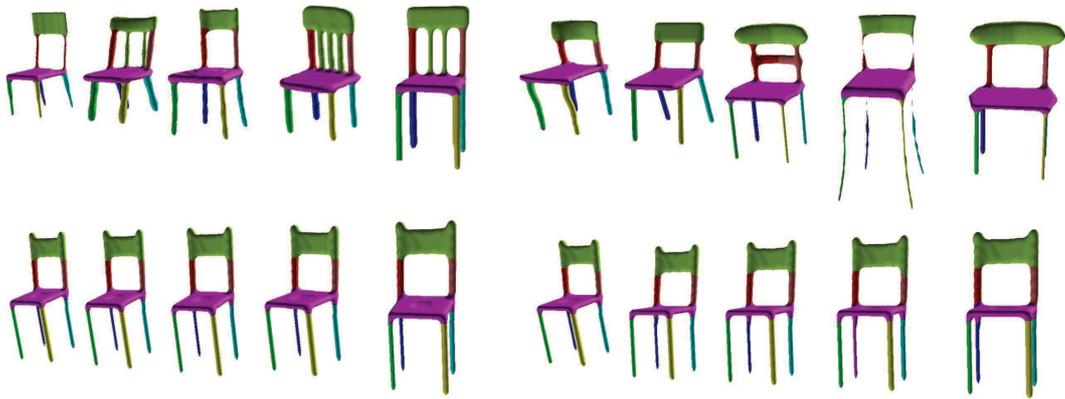
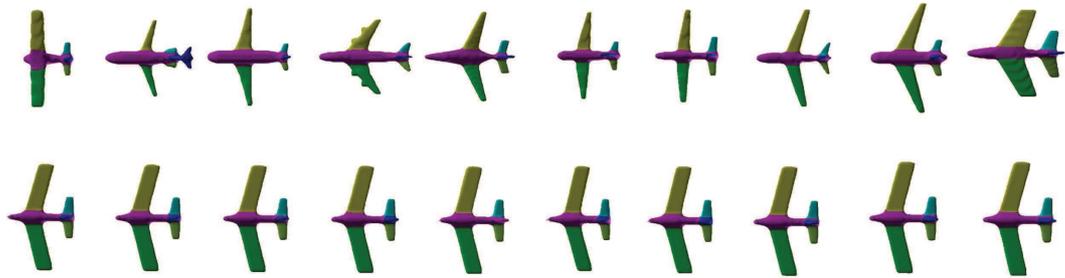
Pour compléter les évaluations quantitatives présentées en sections 4.5 et 5.6, nous avons choisi un modèle 3D par classe d'objets et nous avons calculé dix segmentations par transfert en utilisant dix modèles segmentés manuellement appartenant à la même classe.

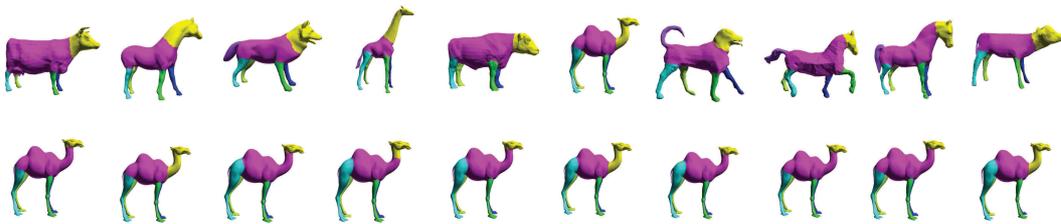
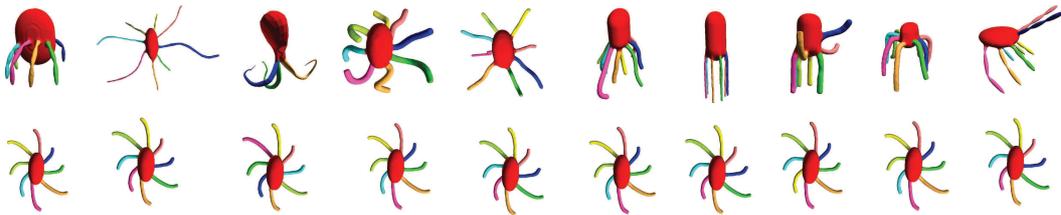
Plus précisément, pour chaque modèle cible choisi, appelé M_T par la suite, la présentation des résultats suit la même règle :

1. une première ligne montre les dix segmentations manuelles des modèles $M_1 \dots M_{10}$ choisis.
2. dans une deuxième ligne, figurent les résultats de segmentation par transfert du modèle M_T en considérant le modèle M_i comme exemple, i.e. les segmentations $\mathcal{S}_{t/1} \dots \mathcal{S}_{t/10}$.

Pour la segmentation par transfert de modèles rigides, les classes des guitares, des fers à repasser, des avions, des chaises et des tables ont été choisies. Des résultats issus des classes des humains, des pieuvres et des quadrupèdes sont présentés pour l'approche traitant des modèles articulés.







Bibliographie

- [ACH⁺13] R. Arcila, C. Cagniart, F. Hétroy, E. Boyer, and F. Dupont. Segmentation of temporal mesh sequences into rigidly moving components. *Graphical Models*, 75(1) :10 – 22, 2013.
- [AFS06] M. Attene, B. Falcidieno, and M. Spagnuolo. Hierarchical mesh segmentation based on fitting primitives. *The Visual Computer*, 22(3) :181–193, 2006.
- [AHL07] G. Aujay, F. Hétroy, F. Lazarus, and C. Depraz. Harmonic skeleton for realistic character animation. Symposium on Computer Animation '07, pages 151–160, Aire-la-Ville, Switzerland, Switzerland, 2007. Eurographics Association.
- [AKM⁺06] M. Attene, S. Katz, M. Mortara, G. Patanè, M. Spagnuolo, and A. Tal. Mesh segmentation - a comparative study. In *SMI*, page 7, 2006.
- [APPS10] A. Agathos, I. Pratikakis, S. Perantonis, and N.S. Sapidis. Protrusion-oriented 3D mesh segmentation. *The Visual Computer*, 26(1) :63–81, 2010.
- [Arc11] R. Arcila. *Séquences de Maillages : Classification et Méthodes de Segmentation*. PhD thesis, Université Claude Bernard Lyon 1, 2011.
- [ARSF09] M. Attene, F. Robbiano, M. Spagnuolo, and B. Falcidieno. Characterization of 3D shape parts for semantic annotation. *Comput. Aided Des.*, 41(10) :756–763, October 2009.
- [ATC⁺08] O. Au, C.L. Tai, H.K. Chu, D. Cohen-Or, and T.Y. Lee. Skeleton extraction by mesh contraction. *ACM Trans. Graph.*, 27(3), 2008.
- [BCG08] M. Ben-Chen and C. Gotsman. Characterizing shape using conformal factors. In *Proceedings of the 1st Eurographics Conference on 3D Object Retrieval*, EG 3DOR'08, pages 1–8. Eurographics Association, 2008.
- [BDBP09] S. Berretti, A. Del Bimbo, and P. Pala. 3D mesh decomposition using Reeb graphs. *Image Vision Comput.*, 27(10) :1540–1554, 2009.

- [Ben11] H. Benhabiles. *3D-Mesh Segmentation : Automatic Evaluation and a New Learning-Based Method*. PhD thesis, Lille 1 University - Science and Technology, 2011.
- [BGSF08] S. Biasotti, D. Giorgi, M. Spagnuolo, and B. Falcidieno. Reeb graphs for shape analysis and applications. *Theor. Comput. Sci.*, 392(1-3) :5–22, 2008.
- [Bie87] I. Biederman. Recognition-by-components : A theory of human image understanding. *Psychological Review*, 94 :115–147, 1987.
- [BK04] Y. Boykov and V. Kolmogorov. An experimental comparison of min-cut/max-flow algorithms for energy minimization in vision. *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, 26(9) :1124–1137, September 2004.
- [BLVD11] H. Benhabiles, G. Lavoué, J.-P. Vandeborre, and M. Daoudi. Learning boundary edges for 3D-mesh segmentation. *Comput. Graph. Forum*, 30(8) :2170–2182, 2011.
- [BM92] P.J. Besl and N.D. McKay. A method for registration of 3-D shapes. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 14(2) :239–256, 1992.
- [BMSF06] S. Biasotti, S. Marini, M. Spagnuolo, and B. Falcidieno. Sub-part correspondence by structural descriptors of 3D shapes. *Computer-Aided Design*, 38(9) :1002–1019, 2006.
- [BPR⁺06] M. Botsch, M. Pauly, C. Rossl, S. Bischoff, and L. Kobbelt. Geometric modeling based on triangle meshes. In *ACM SIGGRAPH 2006 Courses*, SIGGRAPH '06, New York, NY, USA, 2006. ACM.
- [BPVR11] W. Benjamin, A. Wood Polk, S.V.N. Vishwanathan, and K. Ramani. Heat walk : Robust salient segmentation of non-rigid shapes. *Computer Graphics Forum*, 30(7) :2097–2106, 2011.
- [BVLD09a] H. Benhabiles, J.-P. Vandeborre, G. Lavoué, and M. Daoudi. A framework for the objective evaluation of segmentation algorithms using a ground-truth of human segmented 3D-models. In *SMI*, pages 36–43, 2009.
- [BVLD09b] H. Benhabiles, J.P. Vandeborre, G. Lavoué, and M. Daoudi. A framework for the objective evaluation of segmentation algorithms using a ground-truth of human segmented 3D-models. In *IEEE International Conference on Shape Modeling and Applications (SMI)*, June 2009.

- [BVLD10] H. Benhabiles, J.-P. Vandeborre, G. Lavoué, and M. Daoudi. A comparative study of existing metrics for 3D-mesh segmentation evaluation. *The Visual Computer - International Journal of Computer Graphics*, 26(12) :1451–1466, December 2010.
- [BVZ01] Y. Boykov, O. Veksler, and R. Zabih. Fast approximate energy minimization via graph cuts. *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, 23(11) :1222–1239, November 2001.
- [CGF09] X. Chen, A. Golovinskiy, and T. A. Funkhouser. A benchmark for 3D mesh segmentation. *ACM Trans. Graph.*, 28(3), 2009.
- [CV09] M. Chaouch and A. Verroust-Blondet. Alignment of 3D models. *Graphical Models*, 71(2) :63–76, March 2009.
- [DS84] P.G. Doyle and J.L. Snell. *Random Walks and Electric Networks*. Mathematical Association of America, Washington, DC, 1984.
- [FKS⁺04] T. Funkhouser, M. Kazhdan, P. Shilane, P. Min, W. Kiefer, A. Tal, S. Rusinkiewicz, and D. Dobkin. Modeling by example. *ACM Transactions on Graphics (Proc. SIGGRAPH)*, August 2004.
- [GF08] A. Golovinskiy and T. Funkhouser. Randomized cuts for 3D mesh analysis. *ACM Transactions on Graphics (Proc. SIGGRAPH ASIA)*, 27(5), December 2008.
- [GF09] A. Golovinskiy and T. A. Funkhouser. Consistent segmentation of 3D models. *Computers & Graphics*, 33(3) :262–269, 2009.
- [GG04] N. Gelfand and L.J. Guibas. Shape segmentation using local slippage analysis. SGP '04, pages 214–223, New York, NY, USA, 2004. ACM.
- [GGS⁺06] L. Gorelick, M. Galun, E. Sharon, R. Basri, and A. Brandt. Shape representation and classification using the poisson equation. *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, 28(12) :1991–2005, 2006.
- [Got03] C. Gotsman. On graph partitioning, spectral analysis, and digital mesh processing. In *In Proc. Intl. Conf. Shape Modeling and Applications (2003)*, pages 165–174. IEEE Computer Society, 2003.
- [GPS89] D. Greig, B. Porteus, and H. Seheult. Exact maximum a posteriori estimation for binary images. *Journal of the Royal Statistical Society. Series B*, 51(2) :271–279, 1989.
- [Gra06] L. Grady. Random walks for image segmentation. *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, 28(11) :1768–1783, November 2006.

- [HC12] T.C. Ho and J.H. Chuang. Volume based mesh segmentation. *J. Inf. Sci. Eng.*, 28(4) :705–722, 2012.
- [HFL12] R. Hu, L. Fan, and L. Liu. Co-segmentation of 3D shapes via subspace clustering. *Comp. Graph. Forum*, 31(5) :1703–1713, August 2012.
- [HKG11] Q.X. Huang, V. Koltun, and L.J. Guibas. Joint shape segmentation with linear programming. *ACM Trans. Graph.*, 30(6) :125, 2011.
- [HR84] D.D. Hoffman and W.A. Richards. Parts of recognition. *Cognition*, 18 :65–96, 1984.
- [JTRS12] A. Jain, T. Thormählen, T. Ritschel, and H.P. Seidel. Exploring shape variations by 3D-model decomposition and part-based recombination. *Comp. Graph. Forum (Proc. Eurographics 2012)*, 31(2), 2012.
- [Kaz07] M. Kazhdan. An approximate and efficient method for optimal rotation alignment of 3D models. *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, 29(7) :1221–1229, July 2007.
- [KCKK12] E. Kalogerakis, S. Chaudhuri, D. Koller, and V. Koltun. A probabilistic model of component-based shape synthesis. *ACM Transactions on Graphics*, 31(4), 2012.
- [KHS10] E. Kalogerakis, A. Hertzmann, and K. Singh. Learning 3D mesh segmentation and labeling. *ACM Transactions on Graphics*, 29(3), 2010.
- [KJS07] V. Kraevoy, D. Julius, and A. Sheffer. Model composition from interchangeable components. pages 129–138. Pacific Graphics, 2007.
- [KLM⁺12] V. Kim, W. Li, N. Mitra, S. DiVerdi, and T. Funkhouser. Exploring collections of 3D models using fuzzy correspondences. *Transactions on Graphics (Proc. of SIGGRAPH 2012)*, 31(4), August 2012.
- [KLT05] S. Katz, G. Leifman, and A. Tal. Mesh segmentation using feature point and core extraction. *The Visual Computer*, 21(8-10) :649–658, 2005.
- [KT03] S. Katz and A. Tal. Hierarchical mesh decomposition using fuzzy clustering and cuts. *ACM Trans. Graph.*, 22(3) :954–961, 2003.
- [KVD12] R. EL Khoury, J.P. Vandeborre, and M. Daoudi. 3D mesh reeb graph computation using commute-time and diffusion distances. In SPIE, editor, *SPIE Electronic Imaging 2012 Symposium*, pages 8090–16, Burlingame, California, USA, États-Unis, January 2012. SPIE.

- [KZ04] V. Kolmogorov and R. Zabih. What energy functions can be minimized via graph cuts. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 26 :65–81, 2004.
- [LCHB12] J. Lv, X. Chen, J. Huang, and H. Bao. Semi-supervised mesh segmentation and labeling. *Comput. Graph. Forum*, 31(7-2) :2241–2248, 2012.
- [LDB05] G. Lavoué, F. Dupont, and A. Baskurt. A new CAD mesh segmentation method, based on curvature tensor analysis. *Computer-Aided Design*, 37(10) :975 – 987, 2005.
- [LHMR09] Y.-K. Lai, S.-M. Hu, R. R. Martin, and P. L. Rosin. Rapid and effective segmentation of 3D models using random walks. *Computer Aided Geometric Design*, 26(6) :665–679, 2009.
- [LKA06] J. Lien, J. Keyser, and N. Amato. Simultaneous shape decomposition and skeletonization. In *ACM Symposium on Solid and Physical Modeling (SMP’06)*, 2006.
- [Llo82] S. Lloyd. Least squares quantization in pcm. *IEEE Transactions on Information Theory*, 28 :129–137, 1982.
- [LMS13] H. Laga, M. Mortara, and M. Spagnuolo. Geometry and context for semantic correspondences and functionality recognition in man-made 3D shapes. *ACM Trans. Graph.*, 32(5) :150 :1–150 :16, October 2013.
- [LTBZ13] Z. Liu, S. Tang, S. Bu, and H. Zhang. New evaluation metrics for mesh segmentation. *Computers and Graphics (Special Issue of Shape Modeling International)*, 37(6) :553–564, 2013.
- [LV99] F. Lazarus and A. Verroust. Level set diagrams of polyhedral objects. In *Proceedings of the Fifth ACM Symposium on Solid Modeling and Applications, SMA ’99*, pages 130–140, New York, NY, USA, 1999. ACM.
- [LVB⁺12] G. Lavoué, J-P. Vandeborre, H. Benhabiles, M. Daoudi, K. Huebner, M. Mortara, and M. Spagnuolo. Shrec’12 track : 3d mesh segmentation. In *Proceedings of the 5th Eurographics Conference on 3D Object Retrieval, EG 3DOR’12*, pages 93–99, Aire-la-Ville, Switzerland, Switzerland, 2012. Eurographics Association.
- [LWTH01] X. Li, T.W. Woon, T.S. Tan, and Z. Huang. Decomposing polygon meshes for interactive applications. In *Proceedings of the 2001 Sym-*

posium on Interactive 3D Graphics, I3D '01, pages 35–42, New York, NY, USA, 2001.

- [LZ04] R. Liu and H. Zhang. Segmentation of 3D meshes through spectral clustering. In *Proc. of Pacific Graphics*, pages 298–305, 2004.
- [LZ07] R. Liu and H. Zhang. Mesh segmentation via spectral embedding and contour analysis. *Computer Graphics Forum (Special Issue of Eurographics)*, 26(3) :385–394, 2007.
- [MG09] M. Martinek and R. Grosso. Optimal rotation alignment of 3D objects using a GPU-based similarity function. *Computers & Graphics*, 33(3) :291–298, 2009.
- [MPWC12] N.J. Mitra, M. Pauly, M. Wand, and D. Ceylan. Symmetry in 3D geometry : Extraction and applications. In *EUROGRAPHICS State-of-the-art Report*, 2012.
- [MW99] A.P. Mangan and R.T. Whitaker. Partitioning 3D surface meshes using watershed segmentation. *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics*, 5(4) :308–321, October 1999.
- [MXLH13] M. Meng, J. Xia, J. Luo, and Y. He. Unsupervised co-segmentation for 3D shapes using iterative multi-label optimization. *Computer-Aided Design*, 45(2) :312–320, 2013.
- [NGH04] X. Ni, M. Garland, and J.C. Hart. Fair morse functions for extracting the topological structure of a surface mesh. In *ACM SIGGRAPH 2004 Papers*, SIGGRAPH '04, pages 613–622, New York, NY, USA, 2004. ACM.
- [QJQ08] Z. Qin, J. Jia, and J. Qin. Content based 3D model retrieval : A survey. In *CBMI*, pages 249–256. IEEE, 2008.
- [Ree46] G. Reeb. Sur les points singuliers d'une forme de pfaff complètement intégrable ou d'une fonction numérique. *Comptes Rendus Acad. Sciences*, page 222, 1946.
- [Sha08] A. Shamir. A survey on mesh segmentation techniques. *Comput. Graph. Forum*, 27(6) :1539–1556, 2008.
- [SKK91] Y. Shinagawa, T.L. Kunii, and Y.L. Kergosien. Surface coding based on morse theory. *IEEE Comput. Graph. Appl.*, 11(5) :66–78, September 1991.

- [SSCO08] L. Shapira, A. Shamir, and D. Cohen-Or. Consistent mesh partitioning and skeletonisation using the shape diameter function. *The Visual Computer*, 24(4) :249–259, 2008.
- [STK02] S. Shlafman, A. Tal, and S. Katz. Metamorphosis of polyhedral surfaces using decomposition. *Comput. Graph. Forum*, 21(3) :219–228, 2002.
- [SvKK⁺11] O. Sidi, O. van Kaick, Y. Kleiman, H. Zhang, and D. Cohen-Or. Unsupervised co-segmentation of a set of shapes via descriptor-space spectral clustering. *ACM Trans. Graph.*, 30(6) :126, 2011.
- [SWRC09] J. Shotton, J. Winn, C. Rother, and A. Criminisi. Textonboost for image understanding : Multi-class object recognition and segmentation by jointly modeling texture, layout, and context. *Int. J. Comput. Vision*, 81(1) :2–23, January 2009.
- [Tie08] J. Tierny. *Reeb Graph Based 3D Shape Modeling and Applications*. PhD thesis, University of Lille, 2008.
- [TV08] J.W. Tangelder and R.C. Veltkamp. A survey of content based 3d shape retrieval methods. *Multimedia Tools Appl.*, 39(3) :441–471, September 2008.
- [TVD06] J. Tierny, J.P. Vandeborre, and M. Daoudi. 3D mesh skeleton extraction using topological and geometrical analyses. In *14th Pacific Conference on Computer Graphics and Applications (Pacific Graphics 2006)*, page s1poster, Tapei, Taiïwan, October 2006.
- [TVD07] J. Tierny, J-P. Vandeborre, and M. Daoudi. Topology driven 3D mesh hierarchical segmentation. In *Shape Modeling International*, pages 215–220, 2007.
- [TVD09] J. Tierny, J-P. Vandeborre, and M. Daoudi. Partial 3D shape retrieval by reeb pattern unfolding. *Comput. Graph. Forum*, 28(1) :41–55, 2009.
- [TZ01] F. Prêteux T. Zaharia. Hough transform-based 3D mesh retrieval. In *Proceedings SPIE Conference 4476 on Vision Geometry X, San Diego, CA*, pages 175–185, August 2001.
- [vKTS⁺11] O. van Kaick, A. Tagliasacchi, O. Sidi, H. Zhang, D. Cohen-Or, L. Wolf, and G. Hamarneh. Prior knowledge for part correspondence. *Comput. Graph. Forum*, 30(2) :553–562, 2011.
- [vKXZ⁺13] O. van Kaick, K. Xu, H. Zhang, Y. Wang, S. Sun, A. Shamir, and D. Cohen-Or. Co-hierarchical analysis of shape structures. *ACM Trans. Graph.*, 32(4) :69 :1–69 :10, July 2013.

- [vKZHCO11] O. van Kaick, H. Zhang, G. Hamarneh, and D. Cohen-Or. A survey on shape correspondence. *Computer Graphics Forum*, 30(6) :1681–1707, 2011.
- [Vra04] D.V. Vranic. *3D Model Retrieval*. PhD thesis, University of Leipzig, 2004.
- [WAvK⁺12] Y. Wang, S. Asafi, O. van Kaick, H. Zhang, D. Cohen-Or, and B. Chen. Active co-analysis of a set of shapes. *ACM Trans. on Graphics (Proc. SIGGRAPH Asia)*, 31(6) :157 :1–157 :10, 2012.
- [WK79] H. Wechsler and M. Kidode. A random walk procedure for texture discrimination. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 1(3) :272–280, 1979.
- [WWS⁺13] Z. Wu, Y. Wang, R. Shou, B. Chen, and X. Liu. Unsupervised co-segmentation of 3D shapes via affinity aggregation spectral clustering. *Computers & Graphics*, 37(6) :628–637, 2013.
- [XLZ⁺10] K. Xu, H. Li, H. Zhang, D. Cohen-Or, Y. Xiong, and Z. Cheng. Style-content separation by anisotropic part scales. In *ACM SIGGRAPH Asia 2010 Papers*, SIGGRAPH ASIA '10, pages 184 :1–184 :10, New York, NY, USA, 2010. ACM.
- [ZH04] Y. Zhou and Z. Huang. Decomposing polygon meshes by means of critical points. In *MMM*, pages 187–195. IEEE Computer Society, 2004.
- [ZMT05] E. Zhang, K. Mischaikow, and G. Turk. Feature-based surface parameterization and texture mapping. *ACM Trans. Graph.*, 24(1) :1–27, January 2005.
- [ZPK⁺02] Y. Zhang, J.K Paik, A. Koschan, M.A. Abidi, and D.J. Gorsich. Simple and efficient algorithm for part decomposition of 3D triangulated models based on curvature analysis. In *ICIP (3)*, pages 273–276, 2002.