

Reconocimiento de Objetos en Imágenes a través de Matching de Descriptores ASIFT mediante un enfoque estadístico *A Contrario* y *MAC-RANSAC*

Manuel López

14 de Marzo de 2012

OBJETIVO

Se desea implementar un algoritmo de detección múltiple de objetos en imágenes a través del matcheo y agrupación de características.

Etapas:

- Determinación de características
- Determinación de correspondencias (Matching)
- Agrupación de características (Detección múltiple)

OBJETIVO

Se desea implementar un algoritmo de detección múltiple de objetos en imágenes a través del matcheo y agrupación de características.

Etapas:

- Determinación de características
- Determinación de correspondencias (Matching)
- Agrupación de características (Detección múltiple)

OBJETIVO

Se desea implementar un algoritmo de detección múltiple de objetos en imágenes a través del matcheo y agrupación de características.

Etapas:

- Determinación de características
- Determinación de correspondencias (Matching)
- Agrupación de características (Detección múltiple)

OBJETIVO

Se desea implementar un algoritmo de detección múltiple de objetos en imágenes a través del matcheo y agrupación de características.

Etapas:

- Determinación de características
- Determinación de correspondencias (Matching)
- Agrupación de características (Detección múltiple)

OBJETIVO

Se desea implementar un algoritmo de detección múltiple de objetos en imágenes a través del matcheo y agrupación de características.

Etapas:

- Determinación de características
- Determinación de correspondencias (Matching)
- Agrupación de características (Detección múltiple)

DETERMINACIÓN DE CARACTERÍSTICAS

Se modela la transformación asociada dos imágenes de un mismo objeto como una transformación afín.

Se desea determinar puntos invariantes ante dichas transformaciones. Las características deberán tener ser invariantes ante los 6 parámetros asociados a una transformación afín:

- 2 parámetros de traslación
- 1 parámetro de rotación
- 2 parámetros asociados a la “posición” de la cámara

DETERMINACIÓN DE CARACTERÍSTICAS

Se modela la transformación asociada dos imágenes de un mismo objeto como una transformación afín.

Se desea determinar puntos invariantes ante dichas transformaciones. Las características deberán tener ser invariantes ante los 6 parámetros asociados a una transformación afín:

- 2 parámetros de traslación
- 1 parámetro de rotación
- 2 parámetros asociados a la "posición" de la cámara

DETERMINACIÓN DE CARACTERÍSTICAS

Se modela la transformación asociada dos imágenes de un mismo objeto como una transformación afín.

Se desea determinar puntos invariantes ante dichas transformaciones. Las características deberán tener ser invariantes ante los 6 parámetros asociados a una transformación afín:

- 2 parámetros de traslación
- 1 parámetro de rotación
- 2 parámetros asociados a la “posición” de la cámara

DETERMINACIÓN DE CARACTERÍSTICAS

Se modela la transformación asociada dos imágenes de un mismo objeto como una transformación afín.

Se desea determinar puntos invariantes ante dichas transformaciones. Las características deberán tener ser invariantes ante los 6 parámetros asociados a una transformación afín:

- 2 parámetros de traslación
- 1 parámetro de rotación
- 2 parámetros asociados a la “posición” de la cámara

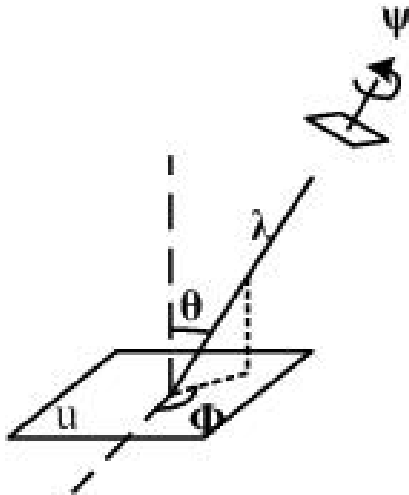
DETERMINACIÓN DE CARACTERÍSTICAS

Se modela la transformación asociada dos imágenes de un mismo objeto como una transformación afín.

Se desea determinar puntos invariantes ante dichas transformaciones. Las características deberán tener ser invariantes ante los 6 parámetros asociados a una transformación afín:

- 2 parámetros de traslación
- 1 parámetro de rotación
- 2 parámetros asociados a la “posición” de la cámara

DETERMINACIÓN DE CARACTERÍSTICAS



DETERMINACIÓN DE CARACTERÍSTICAS

Para determinar las características se utiliza ASIFT.

ASIFT se basa en SIFT para ello.

SIFT cubre 4 de los 6 parámetros de una transformación afín (rotación y traslación).

- Descriptores SIFT: compuestos de histogramas circulares de direcciones de gradientes en torno a un punto de interés.

ASIFT simula variaciones en los parámetros asociados a la posición de la cámara y aplica SIFT para cubrir así los 6 parámetros.

Una vez determinadas las características claves de ambas imágenes es necesario establecer correspondencias entre ellas (matching)

DETERMINACIÓN DE CARACTERÍSTICAS

Para determinar las características se utiliza ASIFT.

ASIFT se basa en SIFT para ello.

SIFT cubre 4 de los 6 parámetros de una transformación afín (rotación y traslación).

- Descriptores SIFT: compuestos de histogramas circulares de direcciones de gradientes en torno a un punto de interés.

ASIFT simula variaciones en los parámetros asociados a la posición de la cámara y aplica SIFT para cubrir así los 6 parámetros.

Una vez determinadas las características claves de ambas imágenes es necesario establecer correspondencias entre ellas (matching)

DETERMINACIÓN DE CARACTERÍSTICAS

Para determinar las características se utiliza ASIFT.

ASIFT se basa en SIFT para ello.

SIFT cubre 4 de los 6 parámetros de una transformación afín (rotación y traslación).

- Descriptores SIFT: compuestos de histogramas circulares de direcciones de gradientes en torno a un punto de interés.

ASIFT simula variaciones en los parámetros asociados a la posición de la cámara y aplica SIFT para cubrir así los 6 parámetros.

Una vez determinadas las características claves de ambas imágenes es necesario establecer correspondencias entre ellas (matching)

DETERMINACIÓN DE CARACTERÍSTICAS

Para determinar las características se utiliza ASIFT.

ASIFT se basa en SIFT para ello.

SIFT cubre 4 de los 6 parámetros de una transformación afín (rotación y traslación).

- Descriptores SIFT: compuestos de histogramas circulares de direcciones de gradientes en torno a un punto de interés.

ASIFT simula variaciones en los parámetros asociados a la posición de la cámara y aplica SIFT para cubrir así los 6 parámetros.

Una vez determinadas las características claves de ambas imágenes es necesario establecer correspondencias entre ellas (matching)

DETERMINACIÓN DE CARACTERÍSTICAS

Para determinar las características se utiliza ASIFT.

ASIFT se basa en SIFT para ello.

SIFT cubre 4 de los 6 parámetros de una transformación afín (rotación y traslación).

- Descriptores SIFT: compuestos de histogramas circulares de direcciones de gradientes en torno a un punto de interés.

ASIFT simula variaciones en los parámetros asociados a la posición de la cámara y aplica SIFT para cubrir así los 6 parámetros.

Una vez determinadas las características claves de ambas imágenes es necesario establecer correspondencias entre ellas (matching)

DETERMINACIÓN DE CARACTERÍSTICAS

Para determinar las características se utiliza ASIFT.

ASIFT se basa en SIFT para ello.

SIFT cubre 4 de los 6 parámetros de una transformación afín (rotación y traslación).

- Descriptores SIFT: compuestos de histogramas circulares de direcciones de gradientes en torno a un punto de interés.

ASIFT simula variaciones en los parámetros asociados a la posición de la cámara y aplica SIFT para cubrir así los 6 parámetros.

Una vez determinadas las características claves de ambas imágenes es necesario establecer correspondencias entre ellas (matching)

DETERMINACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

Se busca establecer si existe una correspondencia entre dos descriptores dados.

Dos aspectos claves a tener en cuenta:

- Elección de la métrica
- Criterio de matcheo

DETERMINACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

Se busca establecer si existe una correspondencia entre dos descriptores dados.

Dos aspectos claves a tener en cuenta:

- Elección de la métrica
- Criterio de matcheo

DETERMINACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

Se busca establecer si existe una correspondencia entre dos descriptores dados.

Dos aspectos claves a tener en cuenta:

- Elección de la métrica
- Criterio de matcheo

DETERMINACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

Se busca establecer si existe una correspondencia entre dos descriptores dados.

Dos aspectos claves a tener en cuenta:

- Elección de la métrica
- Criterio de matcheo

DETERMINACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

Se plantea, en primer lugar, una distancia entre histogramas:

$$CEMD(f, g) = \min_{k \in \{1 \dots N\}} \|F_k - G_k\|_1$$

- Robusta frente a cuantización de bins
- Tiene en cuenta relación entre bins

A partir de ella se define una distancia robusta entre descriptores:

$$D_{CEMD} = \sum_{m=1}^N CEMD(f, g)$$

DETERMINACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

Se plantea, en primer lugar, una distancia entre histogramas:

$$CEMD(f, g) = \min_{k \in \{1 \dots N\}} \|F_k - G_k\|_1$$

- Robusta frente a cuantización de bins
- Tiene en cuenta relación entre bins

A partir de ella se define una distancia robusta entre descriptores:

$$D_{CEMD} = \sum_{m=1}^N CEMD(f, g)$$

DETERMINACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

Se plantea, en primer lugar, una distancia entre histogramas:

$$CEMD(f, g) = \min_{k \in \{1 \dots N\}} \|F_k - G_k\|_1$$

- Robusta frente a cuantización de bins
- Tiene en cuenta relación entre bins

A partir de ella se define una distancia robusta entre descriptores:

$$D_{CEMD} = \sum_{m=1}^N CEMD(f, g)$$

DETERMINACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

Se plantea, en primer lugar, una distancia entre histogramas:

$$CEMD(f, g) = \min_{k \in \{1 \dots N\}} \|F_k - G_k\|_1$$

- Robusta frente a cuantización de bins
- Tiene en cuenta relación entre bins

A partir de ella se define una distancia robusta entre descriptores:

$$D_{CEMD} = \sum_{m=1}^N CEMD(f, g)$$

DETERMINACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

Se plantea, en primer lugar, una distancia entre histogramas:

$$CEMD(f, g) = \min_{k \in \{1 \dots N\}} \|F_k - G_k\|_1$$

- Robusta frente a cuantización de bins
- Tiene en cuenta relación entre bins

A partir de ella se define una distancia robusta entre descriptores:

$$D_{CEMD} = \sum_{m=1}^N CEMD(f, g)$$

DETERMINACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

El matcheo de características se hace por un enfoque A Contrario.

- Se modela la probabilidad de un match por azar bajo una hipótesis de independencia entre descriptores
- Se buscan aquellos matches con baja probabilidad de suceder por azar

El enfoque anterior permite limitar la cantidad de falsas detecciones.

Modelar la probabilidad de un match falso por azar resulta más sencillo que modelar la probabilidad de un match correcto

Para cada descriptor se computa una distancia mínima. Si otro descriptor está a menos de esa distancia, deben ser matcheados.

DETERMINACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

El matcheo de características se hace por un enfoque A Contrario.

- Se modela la probabilidad de un match por azar bajo una hipótesis de independencia entre descriptores
- Se buscan aquellos matches con baja probabilidad de suceder por azar

El enfoque anterior permite limitar la cantidad de falsas detecciones.

Modelar la probabilidad de un match falso por azar resulta más sencillo que modelar la probabilidad de un match correcto

Para cada descriptor se computa una distancia mínima. Si otro descriptor está a menos de esa distancia, deben ser matcheados.

DETERMINACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

El matcheo de características se hace por un enfoque A Contrario.

- Se modela la probabilidad de un match por azar bajo una hipótesis de independencia entre descriptores
- Se buscan aquellos matches con baja probabilidad de suceder por azar

El enfoque anterior permite limitar la cantidad de falsas detecciones.

Modelar la probabilidad de un match falso por azar resulta más sencillo que modelar la probabilidad de un match correcto

Para cada descriptor se computa una distancia mínima. Si otro descriptor está a menos de esa distancia, deben ser matcheados.

DETERMINACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

El matcheo de características se hace por un enfoque A Contrario.

- Se modela la probabilidad de un match por azar bajo una hipótesis de independencia entre descriptores
- Se buscan aquellos matches con baja probabilidad de suceder por azar

El enfoque anterior permite limitar la cantidad de falsas detecciones.

Modelar la probabilidad de un match falso por azar resulta más sencillo que modelar la probabilidad de un match correcto

Para cada descriptor se computa una distancia mínima. Si otro descriptor está a menos de esa distancia, deben ser matcheados.

DETERMINACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

El matcheo de características se hace por un enfoque A Contrario.

- Se modela la probabilidad de un match por azar bajo una hipótesis de independencia entre descriptores
- Se buscan aquellos matches con baja probabilidad de suceder por azar

El enfoque anterior permite limitar la cantidad de falsas detecciones.

Modelar la probabilidad de un match falso por azar resulta más sencillo que modelar la probabilidad de un match correcto

Para cada descriptor se computa una distancia mínima. Si otro descriptor está a menos de esa distancia, deben ser matcheados.

DETERMINACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

El matcheo de características se hace por un enfoque A Contrario.

- Se modela la probabilidad de un match por azar bajo una hipótesis de independencia entre descriptores
- Se buscan aquellos matches con baja probabilidad de suceder por azar

El enfoque anterior permite limitar la cantidad de falsas detecciones.

Modelar la probabilidad de un match falso por azar resulta más sencillo que modelar la probabilidad de un match correcto

Para cada descriptor se computa una distancia mínima. Si otro descriptor está a menos de esa distancia, deben ser matcheados.

DETERMINACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

La probabilidad de un match por azar está dada por:

$$\mathbb{P}(D(a^i, b) \leq \delta | \mathbf{H}_0^i) = \int_{-\infty}^{\delta} \prod_{m=1}^M p_m^i(x) dx$$

dónde p_m^i es la densidad de probabilidad de la función $d(a_m^i, b_m)$ y se estima a partir de la base de datos.

Un match se considera correcto si su probabilidad de aparición bajo la hipótesis nula es baja, con lo cual podemos hallar umbrales para determinar la distancia mínima entre descriptores que matchean:

$$\delta_i(\epsilon) = \arg \max_{\delta} \left\{ \mathbb{P}(D(a^i, b) \leq \delta | \mathbf{H}_0^i) \leq \frac{\epsilon}{N_q N_c} \right\}$$

DETERMINACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

La probabilidad de un match por azar está dada por:

$$\mathbb{P}(D(a^i, b) \leq \delta | \mathbf{H}_0^i) = \int_{-\infty}^{\delta} *_{m=1}^M p_m^i(x) dx$$

dónde p_m^i es la densidad de probabilidad de la función $d(a_m^i, b_m)$ y se estima a partir de la base de datos.

Un match se considera correcto si su probabilidad de aparición bajo la hipótesis nula es baja, con lo cual podemos hallar umbrales para determinar la distancia mínima entre descriptores que matchean:

$$\delta_i(\epsilon) = \arg \max_{\delta} \left\{ \mathbb{P}(D(a^i, b) \leq \delta | \mathbf{H}_0^i) \leq \frac{\epsilon}{N_q N_c} \right\}$$

DETERMINACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

La probabilidad de un match por azar está dada por:

$$\mathbb{P}(D(a^i, b) \leq \delta | \mathbf{H}_0^i) = \int_{-\infty}^{\delta} *_{m=1}^M p_m^i(x) dx$$

dónde p_m^i es la densidad de probabilidad de la función $d(a_m^i, b_m)$ y se estima a partir de la base de datos.

Un match se considera correcto si su probabilidad de aparición bajo la hipótesis nula es baja, con lo cual podemos hallar umbrales para determinar la distancia mínima entre descriptores que matchean:

$$\delta_i(\epsilon) = \arg \max_{\delta} \left\{ \mathbb{P}(D(a^i, b) \leq \delta | \mathbf{H}_0^i) \leq \frac{\epsilon}{N_q N_c} \right\}$$

DETERMINACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

La probabilidad de un match por azar está dada por:

$$\mathbb{P}(D(a^i, b) \leq \delta | \mathbf{H}_0^i) = \int_{-\infty}^{\delta} *_{m=1}^M p_m^i(x) dx$$

dónde p_m^i es la densidad de probabilidad de la función $d(a_m^i, b_m)$ y se estima a partir de la base de datos.

Un match se considera correcto si su probabilidad de aparición bajo la hipótesis nula es baja, con lo cual podemos hallar umbrales para determinar la distancia mínima entre descriptores que matchean:

$$\delta_i(\epsilon) = \arg \max_{\delta} \left\{ \mathbb{P}(D(a^i, b) \leq \delta | \mathbf{H}_0^i) \leq \frac{\epsilon}{N_q N_c} \right\}$$

DETERMINACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

La probabilidad de un match por azar está dada por:

$$\mathbb{P}(D(a^i, b) \leq \delta | \mathbf{H}_0^i) = \int_{-\infty}^{\delta} *_{m=1}^M p_m^i(x) dx$$

dónde p_m^i es la densidad de probabilidad de la función $d(a_m^i, b_m)$ y se estima a partir de la base de datos.

Un match se considera correcto si su probabilidad de aparición bajo la hipótesis nula es baja, con lo cual podemos hallar umbrales para determinar la distancia mínima entre descriptores que matchean:

$$\delta_i(\epsilon) = \arg \max_{\delta} \left\{ \mathbb{P}(D(a^i, b) \leq \delta | \mathbf{H}_0^i) \leq \frac{\epsilon}{N_q N_c} \right\}$$

DETERMINACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

La probabilidad de un match por azar está dada por:

$$\mathbb{P}(D(a^i, b) \leq \delta | \mathbf{H}_0^i) = \int_{-\infty}^{\delta} *_{m=1}^M p_m^i(x) dx$$

dónde p_m^i es la densidad de probabilidad de la función $d(a_m^i, b_m)$ y se estima a partir de la base de datos.

Un match se considera correcto si su probabilidad de aparición bajo la hipótesis nula es baja, con lo cual podemos hallar umbrales para determinar la distancia mínima entre descriptores que matchean:

$$\delta_i(\epsilon) = \arg \max_{\delta} \left\{ \mathbb{P}(D(a^i, b) \leq \delta | \mathbf{H}_0^i) \leq \frac{\epsilon}{N_q N_c} \right\}$$

DETERMINACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

El enfoque anterior resulta robusto frente a diversidad tanto en la base de datos como dentro de cada imagen de la misma.

Se computan umbrales adaptivos que tienen en cuenta la complejidad y diversidad de la base de datos, de ahí la robustez del algoritmo.

En contraposición, se debe recorrer la base de datos en forma exhaustiva, lo cual se traduce en un alto costo computacional

Una vez que se han establecido las correspondencias pueden detectarse múltiples objetos o múltiples instancias de un objeto agrupando dichas correspondencias.

DETERMINACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

El enfoque anterior resulta robusto frente a diversidad tanto en la base de datos como dentro de cada imagen de la misma. Se computan umbrales adaptivos que tienen en cuenta la complejidad y diversidad de la base de datos, de ahí la robustez del algoritmo.

En contraposición, se debe recorrer la base de datos en forma exhaustiva, lo cual se traduce en un alto costo computacional

Una vez que se han establecido las correspondencias pueden detectarse múltiples objetos o múltiples instancias de un objeto agrupando dichas correspondencias.

DETERMINACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

El enfoque anterior resulta robusto frente a diversidad tanto en la base de datos como dentro de cada imagen de la misma. Se computan umbrales adaptivos que tienen en cuenta la complejidad y diversidad de la base de datos, de ahí la robustez del algoritmo.

En contraposición, se debe recorrer la base de datos en forma exhaustiva, lo cual se traduce en un alto costo computacional

Una vez que se han establecido las correspondencias pueden detectarse múltiples objetos o múltiples instancias de un objeto agrupando dichas correspondencias.

DETERMINACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

El enfoque anterior resulta robusto frente a diversidad tanto en la base de datos como dentro de cada imagen de la misma. Se computan umbrales adaptivos que tienen en cuenta la complejidad y diversidad de la base de datos, de ahí la robustez del algoritmo.

En contraposición, se debe recorrer la base de datos en forma exhaustiva, lo cual se traduce en un alto costo computacional

Una vez que se han establecido las correspondencias pueden detectarse múltiples objetos o múltiples instancias de un objeto agrupando dichas correspondencias.

AGRUPACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

A partir de las distintas correspondencias se estiman transformaciones y se agrupan las correspondencias coherentes con ellas.

Cada transformación determina una única ocurrencia de un objeto.

De esta forma detecto los distintos objetos y sus distintas ocurrencias dentro de la imagen.

Se utiliza MAC-RANSAC: un enfoque de RANSAC secuencial *A Contrario* para la detección de múltiples objetos.

AGRUPACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

A partir de las distintas correspondencias se estiman transformaciones y se agrupan las correspondencias coherentes con ellas.

Cada transformación determina una única ocurrencia de un objeto.

De esta forma detecto los distintos objetos y sus distintas ocurrencias dentro de la imagen.

Se utiliza MAC-RANSAC: un enfoque de RANSAC secuencial *A Contrario* para la detección de múltiples objetos.

AGRUPACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

A partir de las distintas correspondencias se estiman transformaciones y se agrupan las correspondencias coherentes con ellas.

Cada transformación determina una única ocurrencia de un objeto.

De esta forma detecto los distintos objetos y sus distintas ocurrencias dentro de la imagen.

Se utiliza MAC-RANSAC: un enfoque de RANSAC secuencial *A Contrario* para la detección de múltiples objetos.

AGRUPACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

A partir de las distintas correspondencias se estiman transformaciones y se agrupan las correspondencias coherentes con ellas.

Cada transformación determina una única ocurrencia de un objeto.

De esta forma detecto los distintos objetos y sus distintas ocurrencias dentro de la imagen.

Se utiliza MAC-RANSAC: un enfoque de RANSAC secuencial *A Contrario* para la detección de múltiples objetos.

AGRUPACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

MAC-RANSAC se basa en RANSAC (RANdom SAmple Consensus).

La idea detrás de esta variedad de algoritmo es estimar una transformación mediante muestreo aleatorio de las correspondencias y luego analizar que tan bien describe dicha transformación a las mismas.

Para determinar que tan bien una transformación describe a un conjunto se utiliza, nuevamente, un enfoque a contrario.

AGRUPACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

MAC-RANSAC se basa en RANSAC (RANdom SAmple Consensus).

La idea detrás de esta variedad de algoritmo es estimar una transformación mediante muestreo aleatorio de las correspondencias y luego analizar que tan bien describe dicha transformación a las mismas.

Para determinar que tan bien una transformación describe a un conjunto se utiliza, nuevamente, un enfoque a contrario.

AGRUPACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

MAC-RANSAC se basa en RANSAC (RANdom SAmple Consensus).

La idea detrás de esta variedad de algoritmo es estimar una transformación mediante muestreo aleatorio de las correspondencias y luego analizar que tan bien describe dicha transformación a las mismas.

Para determinar que tan bien una transformación describe a un conjunto se utiliza, nuevamente, un enfoque a contrario.

AGRUPACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

MAC-RANSAC se basa en RANSAC (RANdom SAmple Consensus).

La idea detrás de esta variedad de algoritmo es estimar una transformación mediante muestreo aleatorio de las correspondencias y luego analizar que tan bien describe dicha transformación a las mismas.

Para determinar que tan bien una transformación describe a un conjunto se utiliza, nuevamente, un enfoque a contrario.

AGRUPACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

MAC-RANSAC muestrea los puntos necesarios para estimar una transformación afín en forma aleatoria y estima dicha transformación.

A cada punto restante del conjunto de correspondencias se le asigna una calificación en base a la rigidez del punto:

$$\alpha(S, T_{S'}) = \max_{(m, m') \in S} \max \left(\frac{\pi}{A'} d(T_{S'} m, m')^2, \frac{\pi}{A} d(m, T_{S'}^{-1} m')^2 \right)$$

donde A y A' son las áreas de las imágenes I e I' respectivamente.

Esta calificación da una medida de la adecuación del conjunto a la transformación.

AGRUPACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

MAC-RANSAC muestrea los puntos necesarios para estimar una transformación afín en forma aleatoria y estima dicha transformación.

A cada punto restante del conjunto de correspondencias se le asigna una calificación en base a la rigidez del punto:

$$\alpha(S, T_{S'}) = \max_{(m, m') \in S} \max \left(\frac{\pi}{A'} d(T_{S'} m, m')^2, \frac{\pi}{A} d(m, T_{S'}^{-1} m')^2 \right)$$

donde A y A' son las áreas de las imágenes I e I' respectivamente.

Esta calificación da una medida de la adecuación del conjunto a la transformación.

AGRUPACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

MAC-RANSAC muestrea los puntos necesarios para estimar una transformación afín en forma aleatoria y estima dicha transformación.

A cada punto restante del conjunto de correspondencias se le asigna una calificación en base a la rigidez del punto:

$$\alpha(S, T_{S'}) = \max_{(m, m') \in S} \max \left(\frac{\pi}{A'} d(T_{S'} m, m')^2, \frac{\pi}{A} d(m, T_{S'}^{-1} m')^2 \right)$$

donde A y A' son las áreas de las imágenes I e I' respectivamente.

Esta calificación da una medida de la adecuación del conjunto a la transformación.

AGRUPACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

MAC-RANSAC muestrea los puntos necesarios para estimar una transformación afín en forma aleatoria y estima dicha transformación.

A cada punto restante del conjunto de correspondencias se le asigna una calificación en base a la rigidez del punto:

$$\alpha(S, T_{S'}) = \max_{(m, m') \in S} \max \left(\frac{\pi}{A'} d(T_{S'} m, m')^2, \frac{\pi}{A} d(m, T_{S'}^{-1} m')^2 \right)$$

donde A y A' son las áreas de las imágenes I e I' respectivamente.

Esta calificación da una medida de la adecuación del conjunto a la transformación.

AGRUPACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

Nuevamente, para el enfoque *A Contrario* se parte de una hipótesis nula de independencia entre correspondencias.

Bajo esta hipótesis, un conjunto S se considera bien explicado por una transformación $T_{S'}$ si es poco probable observar en ellos una rigidez pequeña.

Formalmente, la probabilidad de observar en S una rigidez menor que un valor dado α está acotada:

$$P_{\mathbb{H}_0} [\alpha(S, T_{S'}) \leq \alpha] \leq \alpha^{\#S}$$

AGRUPACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

Nuevamente, para el enfoque *A Contrario* se parte de una hipótesis nula de independencia entre correspondencias.

Bajo esta hipótesis, un conjunto S se considera bien explicado por una transformación $T_{S'}$ si es poco probable observar en ellos una rigidez pequeña.

Formalmente, la probabilidad de observar en S una rigidez menor que un valor dado α está acotada:

$$P_{\mathbb{H}_0} [\alpha(S, T_{S'}) \leq \alpha] \leq \alpha^{\#S}$$

AGRUPACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

Nuevamente, para el enfoque *A Contrario* se parte de una hipótesis nula de independencia entre correspondencias.

Bajo esta hipótesis, un conjunto S se considera bien explicado por una transformación $T_{S'}$ si es poco probable observar en ellos una rigidez pequeña.

Formalmente, la probabilidad de observar en S una rigidez menor que un valor dado α está acotada:

$$P_{\mathbb{H}_0} [\alpha(S, T_{S'}) \leq \alpha] \leq \alpha^{\#S}$$

AGRUPACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

Nuevamente, para el enfoque *A Contrario* se parte de una hipótesis nula de independencia entre correspondencias.

Bajo esta hipótesis, un conjunto S se considera bien explicado por una transformación $T_{S'}$ si es poco probable observar en ellos una rigidez pequeña.

Formalmente, la probabilidad de observar en S una rigidez menor que un valor dado α está acotada:

$$P_{\mathbb{H}_0} [\alpha(S, T_{S'}) \leq \alpha] \leq \alpha^{\#S}$$

AGRUPACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

A partir de las rigideces de un conjunto de puntos con respecto a una transformación se puede dar una calificación global de adecuación al conjunto.

Para un conjunto bien definido por $T_{S'}$, la probabilidad de que la rigidez sea baja deberá estar acotada.

Al acotar la calificación global del conjunto estamos estableciendo cotas adaptivas para la rigidez de los puntos del mismo.

$$NFA(S, S') = (N - n) \binom{N}{K} \binom{N - K}{n} ((\alpha(S, T_{S'}))^K \leq \epsilon$$

AGRUPACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

A partir de las rigideces de un conjunto de puntos con respecto a una transformación se puede dar una calificación global de adecuación al conjunto.

Para un conjunto bien definido por $T_{S'}$, la probabilidad de que la rigidez sea baja deberá estar acotada.

Al acotar la calificación global del conjunto estamos estableciendo cotas adaptivas para la rigidez de los puntos del mismo.

$$NFA(S, S') = (N - n) \binom{N}{K} \binom{N - K}{n} ((\alpha(S, T_{S'}))^K \leq \epsilon$$

AGRUPACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

A partir de las rigideces de un conjunto de puntos con respecto a una transformación se puede dar una calificación global de adecuación al conjunto.

Para un conjunto bien definido por $T_{S'}$, la probabilidad de que la rigidez sea baja deberá estar acotada.

Al acotar la calificación global del conjunto estamos estableciendo cotas adaptivas para la rigidez de los puntos del mismo.

$$NFA(S, S') = (N - n) \binom{N}{K} \binom{N - K}{n} ((\alpha(S, T_{S'}))^K \leq \epsilon$$

AGRUPACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

A partir de las rigideces de un conjunto de puntos con respecto a una transformación se puede dar una calificación global de adecuación al conjunto.

Para un conjunto bien definido por $T_{S'}$, la probabilidad de que la rigidez sea baja deberá estar acotada.

Al acotar la calificación global del conjunto estamos estableciendo cotas adaptivas para la rigidez de los puntos del mismo.

$$NFA(S, S') = (N - n) \binom{N}{K} \binom{N - K}{n} ((\alpha(S, T_{S'}))^K \leq \epsilon$$

AGRUPACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

A partir de las consideraciones anteriores, se busca el mayor conjunto que mimimice NFA.

En cada iteración se estima una transformación y se califica a cada punto según su rigidez

A partir de ello, para cada K , cada conjunto de tamaño K que minimice NFA se forma con K los puntos de menor rigidez. El proceso de armado y testeo de conjunto termina cuando se encuentra un conjunto que verifique $NFA < 1$.

De esta forma, se logran cotas adaptivas para la rigidez, para cada conjunto testeado, sin necesidad de información previa acerca de los conjuntos.

Esto da al algoritmo robustez y adaptividad frente a cambios en la complejidad del conjunto de correspondencias a agrupar.

AGRUPACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

A partir de las consideraciones anteriores, se busca el mayor conjunto que mimimice NFA.

En cada iteración se estima una transformación y se califica a cada punto según su rigidez

A partir de ello, para cada K , cada conjunto de tamaño K que minimice NFA se forma con K los puntos de menor rigidez. El proceso de armado y testeo de conjunto termina cuando se encuentra un conjunto que verifique $NFA < 1$.

De esta forma, se logran cotas adaptivas para la rigidez, para cada conjunto testeado, sin necesidad de información previa acerca de los conjuntos.

Esto da al algoritmo robustez y adaptividad frente a cambios en la complejidad del conjunto de correspondencias a agrupar.

AGRUPACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

A partir de las consideraciones anteriores, se busca el mayor conjunto que mimimice NFA.

En cada iteración se estima una transformación y se califica a cada punto según su rigidez

A partir de ello, para cada K , cada conjunto de tamaño K que minimice NFA se forma con K los puntos de menor rigidez.

El proceso de armado y testeo de conjunto termina cuando se encuentra un conjunto que verifique $NFA < 1$.

De esta forma, se logran cotas adaptivas para la rigidez, para cada conjunto testeado, sin necesidad de información previa acerca de los conjuntos.

Esto da al algoritmo robustez y adaptividad frente a cambios en la complejidad del conjunto de correspondencias a agrupar.

AGRUPACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

A partir de las consideraciones anteriores, se busca el mayor conjunto que mimimice NFA.

En cada iteración se estima una transformación y se califica a cada punto según su rigidez

A partir de ello, para cada K , cada conjunto de tamaño K que minimice NFA se forma con K los puntos de menor rigidez. El proceso de armado y testeo de conjunto termina cuando se encuentra un conjunto que verifique $NFA < 1$.

De esta forma, se logran cotas adaptivas para la rigidez, para cada conjunto testeado, sin necesidad de información previa acerca de los conjuntos.

Esto da al algoritmo robustez y adaptividad frente a cambios en la complejidad del conjunto de correspondencias a agrupar.

AGRUPACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

A partir de las consideraciones anteriores, se busca el mayor conjunto que mimimice NFA.

En cada iteración se estima una transformación y se califica a cada punto según su rigidez

A partir de ello, para cada K , cada conjunto de tamaño K que minimice NFA se forma con K los puntos de menor rigidez. El proceso de armado y testeo de conjunto termina cuando se encuentra un conjunto que verifique $NFA < 1$.

De esta forma, se logran cotas adaptivas para la rigidez, para cada conjunto testeado, sin necesidad de información previa acerca de los conjuntos.

Esto da al algoritmo robustez y adaptividad frente a cambios en la complejidad del conjunto de correspondencias a agrupar.

AGRUPACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

A partir de las consideraciones anteriores, se busca el mayor conjunto que mimimice NFA.

En cada iteración se estima una transformación y se califica a cada punto según su rigidez

A partir de ello, para cada K , cada conjunto de tamaño K que minimice NFA se forma con K los puntos de menor rigidez. El proceso de armado y testeo de conjunto termina cuando se encuentra un conjunto que verifique $NFA < 1$.

De esta forma, se logran cotas adaptivas para la rigidez, para cada conjunto testeado, sin necesidad de información previa acerca de los conjuntos.

Esto da al algoritmo robustez y adaptividad frente a cambios en la complejidad del conjunto de correspondencias a agrupar.

AGRUPACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

El algoritmo implementado resulta robusto frente a diversos problemas de otras versiones clásicas de RANSAC:

- Detección de falsas transformaciones
- Segmentación de una transformación

Existen algunas otras limitaciones dadas por una adecuación parcial de las correspondencias a la hipótesis nula:

- Fusión de transformaciones cercanas
- Transformaciones fantasmas

El algoritmo implementado ha sido adaptado para lidiar con las mismas.

AGRUPACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

El algoritmo implementado resulta robusto frente a diversos problemas de otras versiones clásicas de RANSAC:

- Detección de falsas transformaciones
- Segmentación de una transformación

Existen algunas otras limitaciones dadas por una adecuación parcial de las correspondencias a la hipótesis nula:

- Fusión de transformaciones cercanas
- Transformaciones fantasmas

El algoritmo implementado ha sido adaptado para lidiar con las mismas.

AGRUPACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

El algoritmo implementado resulta robusto frente a diversos problemas de otras versiones clásicas de RANSAC:

- Detección de falsas transformaciones
- Segmentación de una transformación

Existen algunas otras limitaciones dadas por una adecuación parcial de las correspondencias a la hipótesis nula:

- Fusión de transformaciones cercanas
- Transformaciones fantasmas

El algoritmo implementado ha sido adaptado para lidiar con las mismas.

AGRUPACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

El algoritmo implementado resulta robusto frente a diversos problemas de otras versiones clásicas de RANSAC:

- Detección de falsas transformaciones
- Segmentación de una transformación

Existen algunas otras limitaciones dadas por una adecuación parcial de las correspondencias a la hipótesis nula:

- Fusión de transformaciones cercanas
- Transformaciones fantasmas

El algoritmo implementado ha sido adaptado para lidiar con las mismas.

AGRUPACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

El algoritmo implementado resulta robusto frente a diversos problemas de otras versiones clásicas de RANSAC:

- Detección de falsas transformaciones
- Segmentación de una transformación

Existen algunas otras limitaciones dadas por una adecuación parcial de las correspondencias a la hipótesis nula:

- Fusión de transformaciones cercanas
- Transformaciones fantasmas

El algoritmo implementado ha sido adaptado para lidiar con las mismas.

AGRUPACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

El algoritmo implementado resulta robusto frente a diversos problemas de otras versiones clásicas de RANSAC:

- Detección de falsas transformaciones
- Segmentación de una transformación

Existen algunas otras limitaciones dadas por una adecuación parcial de las correspondencias a la hipótesis nula:

- Fusión de transformaciones cercanas
- Transformaciones fantasmas

El algoritmo implementado ha sido adaptado para lidiar con las mismas.

AGRUPACIÓN DE CORRESPONDENCIAS

El algoritmo implementado resulta robusto frente a diversos problemas de otras versiones clásicas de RANSAC:

- Detección de falsas transformaciones
- Segmentación de una transformación

Existen algunas otras limitaciones dadas por una adecuación parcial de las correspondencias a la hipótesis nula:

- Fusión de transformaciones cercanas
- Transformaciones fantasmas

El algoritmo implementado ha sido adaptado para lidiar con las mismas.

ALGORITMO IMPLEMENTADO Y LIMITACIONES DEL MISMO

Presenta 3 etapas claramente diferenciadas:

- Determinación de características mediante ASIFT
- Determinación de correspondencias mediante Matching A Contrario
- Agrupación de características mediante MAC-RANSAC

Problemas y limitaciones encontrados:

- Costo computacional elevado en la etapa de matching: Limita la etapa de validación a imágenes pequeñas. Mejorable a través de diversas estrategias (utilización de otro lenguaje de programación, paralelización, etc)
- Problemas numéricos (matrices con número de condición alto): Mejorable a través de diversas estrategias
- Segmentación de transformaciones debido a una implementación propia no “avara” de MAC-RANSAC

ALGORITMO IMPLEMENTADO Y LIMITACIONES DEL MISMO

Presenta 3 etapas claramente diferenciadas:

- Determinación de características mediante ASIFT
- Determinación de correspondencias mediante Matching A Contrario
- Agrupación de características mediante MAC-RANSAC

Problemas y limitaciones encontrados:

- Costo computacional elevado en la etapa de matching: Limita la etapa de validación a imágenes pequeñas. Mejorable a través de diversas estrategias (utilización de otro lenguaje de programación, paralelización, etc)
- Problemas numéricos (matrices con número de condición alto): Mejorable a través de diversas estrategias
- Segmentación de transformaciones debido a una implementación propia no “avara” de MAC-RANSAC

ALGORITMO IMPLEMENTADO Y LIMITACIONES DEL MISMO

Presenta 3 etapas claramente diferenciadas:

- Determinación de características mediante ASIFT
- Determinación de correspondencias mediante Matching A Contrario
- Agrupación de características mediante MAC-RANSAC

Problemas y limitaciones encontrados:

- Costo computacional elevado en la etapa de matching: Limita la etapa de validación a imágenes pequeñas. Mejorable a través de diversas estrategias (utilización de otro lenguaje de programación, paralelización, etc)
- Problemas numéricos (matrices con número de condición alto): Mejorable a través de diversas estrategias
- Segmentación de transformaciones debido a una implementación propia no “avara” de MAC-RANSAC

ALGORITMO IMPLEMENTADO Y LIMITACIONES DEL MISMO

Presenta 3 etapas claramente diferenciadas:

- Determinación de características mediante ASIFT
- Determinación de correspondencias mediante Matching A Contrario
- Agrupación de características mediante MAC-RANSAC

Problemas y limitaciones encontrados:

- Costo computacional elevado en la etapa de matching: Limita la etapa de validación a imágenes pequeñas. Mejorable a través de diversas estrategias (utilización de otro lenguaje de programación, paralelización, etc)
- Problemas numéricos (matrices con número de condición alto): Mejorable a través de diversas estrategias
- Segmentación de transformaciones debido a una implementación propia no “avara” de MAC-RANSAC

ALGORITMO IMPLEMENTADO Y LIMITACIONES DEL MISMO

Presenta 3 etapas claramente diferenciadas:

- Determinación de características mediante ASIFT
- Determinación de correspondencias mediante Matching A Contrario
- Agrupación de características mediante MAC-RANSAC

Problemas y limitaciones encontrados:

- Costo computacional elevado en la etapa de matching: Limita la etapa de validación a imágenes pequeñas. Mejorable a través de diversas estrategias (utilización de otro lenguaje de programación, paralelización, etc)
- Problemas numéricos (matrices con número de condición alto): Mejorable a través de diversas estrategias
- Segmentación de transformaciones debido a una implementación propia no “avara” de MAC-RANSAC

ALGORITMO IMPLEMENTADO Y LIMITACIONES DEL MISMO

Presenta 3 etapas claramente diferenciadas:

- Determinación de características mediante ASIFT
- Determinación de correspondencias mediante Matching A Contrario
- Agrupación de características mediante MAC-RANSAC

Problemas y limitaciones encontrados:

- Costo computacional elevado en la etapa de matching: Limita la etapa de validación a imágenes pequeñas. Mejorable a través de diversas estrategias (utilización de otro lenguaje de programación, paralelización, etc)
- Problemas numéricos (matrices con número de condición alto): Mejorable a través de diversas estrategias
- Segmentación de transformaciones debido a una implementación propia no “avara” de MAC-RANSAC

ALGORITMO IMPLEMENTADO Y LIMITACIONES DEL MISMO

Presenta 3 etapas claramente diferenciadas:

- Determinación de características mediante ASIFT
- Determinación de correspondencias mediante Matching A Contrario
- Agrupación de características mediante MAC-RANSAC

Problemas y limitaciones encontrados:

- Costo computacional elevado en la etapa de matching: Limita la etapa de validación a imágenes pequeñas. Mejorable a través de diversas estrategias (utilización de otro lenguaje de programación, paralelización, etc)
- Problemas numéricos (matrices con número de condición alto): Mejorable a través de diversas estrategias
- Segmentación de transformaciones debido a una implementación propia no "avara" de MAC-RANSAC

ALGORITMO IMPLEMENTADO Y LIMITACIONES DEL MISMO

Presenta 3 etapas claramente diferenciadas:

- Determinación de características mediante ASIFT
- Determinación de correspondencias mediante Matching A Contrario
- Agrupación de características mediante MAC-RANSAC

Problemas y limitaciones encontrados:

- Costo computacional elevado en la etapa de matching: Limita la etapa de validación a imágenes pequeñas. Mejorable a través de diversas estrategias (utilización de otro lenguaje de programación, paralelización, etc)
- Problemas numéricos (matrices con número de condición alto): Mejorable a través de diversas estrategias
- Segmentación de transformaciones debido a una implementación propia no “avara” de MAC-RANSAC

RESULTADOS

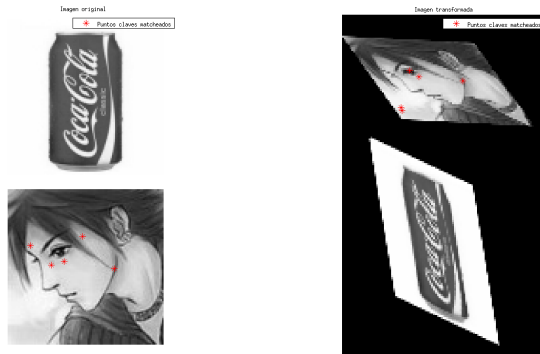


Figura: Conjunto detectado 2

RESULTADOS

A partir de las imágenes anteriores, es claro que si bien el algoritmo detecta las dos transformaciones en forma segmentada, la diferenciación entre ambas transformaciones es clara, detectándose correctamente las correspondencias pertenecientes a cada una de las dos imágenes a detectar.

RESULTADOS

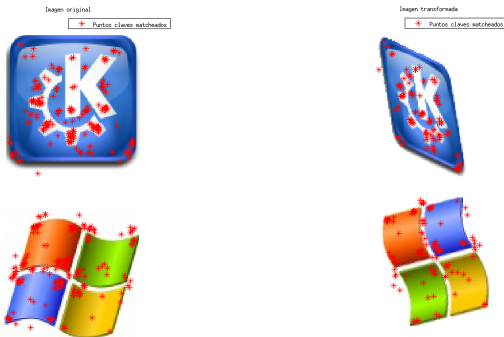


Figura: Total de puntos clave detectados

RESULTADOS

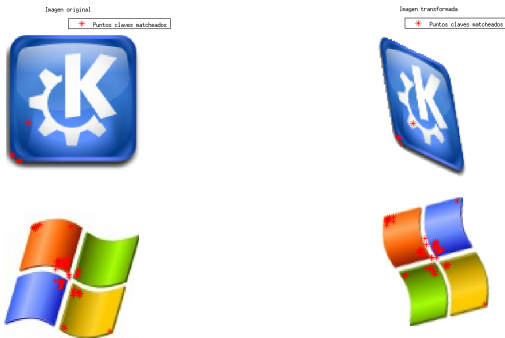


Figura: Conjunto detectado 1

RESULTADOS

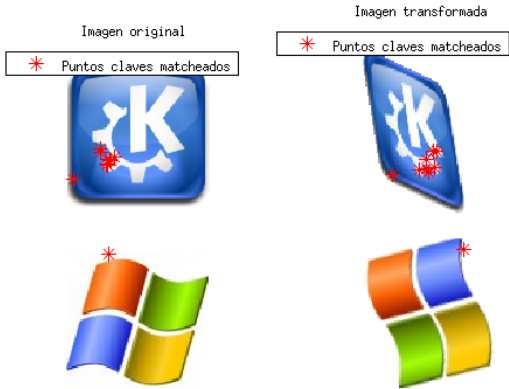


Figura: Conjunto detectado 2

RESULTADOS

De los resultados anteriores resulta claro que si bien tener un mayor nivel de diferenciación entre transformaciones muy similares resulta una característica deseable, el hecho de que una única transformación sea segmentada en varios conjuntos puede ser un inconveniente importante, sobre todo si se desea utilizar el algoritmo como parte de un sistema más complejo.

CONCLUSIONES

El algoritmo de Matching A Contrario no siempre logra establecer todas las correspondencias en forma correcta, sin embargo, el desempeño del mismo resulta aceptable.

- El correcto desempeño del mismo brinda una base sólida para el próximo paso del algoritmo.

El algoritmo MAC-RANSAC implementado parece funcionar en forma adecuada.

- Sacrificar la capacidad de evitar la segmentación de transformaciones con el fin de tener una mayor capacidad de diferenciación entre transformaciones similares puede resultar una mala elección en una gran cantidad de contextos y aplicaciones.

CONCLUSIONES

El algoritmo de Matching A Contrario no siempre logra establecer todas las correspondencias en forma correcta, sin embargo, el desempeño del mismo resulta aceptable.

- El correcto desempeño del mismo brinda una base sólida para el próximo paso del algoritmo.

El algoritmo MAC-RANSAC implementado parece funcionar en forma adecuada.

- Sacrificar la capacidad de evitar la segmentación de transformaciones con el fin de tener una mayor capacidad de diferenciación entre transformaciones similares puede resultar una mala elección en una gran cantidad de contextos y aplicaciones.

CONCLUSIONES

El algoritmo de Matching A Contrario no siempre logra establecer todas las correspondencias en forma correcta, sin embargo, el desempeño del mismo resulta aceptable.

- El correcto desempeño del mismo brinda una base sólida para el próximo paso del algoritmo.

El algoritmo MAC-RANSAC implementado parece funcionar en forma adecuada.

- Sacrificar la capacidad de evitar la segmentación de transformaciones con el fin de tener una mayor capacidad de diferenciación entre transformaciones similares puede resultar una mala elección en una gran cantidad de contextos y aplicaciones.

CONCLUSIONES

El algoritmo de Matching A Contrario no siempre logra establecer todas las correspondencias en forma correcta, sin embargo, el desempeño del mismo resulta aceptable.

- El correcto desempeño del mismo brinda una base sólida para el próximo paso del algoritmo.

El algoritmo MAC-RANSAC implementado parece funcionar en forma adecuada.

- Sacrificar la capacidad de evitar la segmentación de transformaciones con el fin de tener una mayor capacidad de diferenciación entre transformaciones similares puede resultar una mala elección en una gran cantidad de contextos y aplicaciones.

POSIBLE TRABAJO A FUTURO

Si bien el algoritmo implementado funciona correctamente, el mismo no resulta demasiado aplicable en gran cantidad de contextos debido a los inconvenientes de segmentación y costo computacional que presenta.

Se plantea la posibilidad de mejorar el presente algoritmo mediante técnicas y medidas que permitan lidiar con los problemas presentados:

- Paralelización
- Utilización de otro lenguaje de programación
- Optimización y fusión de los conjuntos detectados para obtener transformaciones no segmentadas

POSIBLE TRABAJO A FUTURO

Si bien el algoritmo implementado funciona correctamente, el mismo no resulta demasiado aplicable en gran cantidad de contextos debido a los inconvenientes de segmentación y costo computacional que presenta.

Se plantea la posibilidad de mejorar el presente algoritmo mediante técnicas y medidas que permitan lidiar con los problemas presentados:

- Paralelización
- Utilización de otro lenguaje de programación
- Optimización y fusión de los conjuntos detectados para obtener transformaciones no segmentadas

POSIBLE TRABAJO A FUTURO

Si bien el algoritmo implementado funciona correctamente, el mismo no resulta demasiado aplicable en gran cantidad de contextos debido a los inconvenientes de segmentación y costo computacional que presenta.

Se plantea la posibilidad de mejorar el presente algoritmo mediante técnicas y medidas que permitan lidiar con los problemas presentados:

- Paralelización
- Utilización de otro lenguaje de programación
- Optimización y fusión de los conjuntos detectados para obtener transformaciones no segmentadas

POSIBLE TRABAJO A FUTURO

Si bien el algoritmo implementado funciona correctamente, el mismo no resulta demasiado aplicable en gran cantidad de contextos debido a los inconvenientes de segmentación y costo computacional que presenta.

Se plantea la posibilidad de mejorar el presente algoritmo mediante técnicas y medidas que permitan lidiar con los problemas presentados:

- Paralelización
- Utilización de otro lenguaje de programación
- Optimización y fusión de los conjuntos detectados para obtener transformaciones no segmentadas

POSIBLE TRABAJO A FUTURO

Si bien el algoritmo implementado funciona correctamente, el mismo no resulta demasiado aplicable en gran cantidad de contextos debido a los inconvenientes de segmentación y costo computacional que presenta.

Se plantea la posibilidad de mejorar el presente algoritmo mediante técnicas y medidas que permitan lidiar con los problemas presentados:

- Paralelización
- Utilización de otro lenguaje de programación
- Optimización y fusión de los conjuntos detectados para obtener transformaciones no segmentadas

POSIBLE TRABAJO A FUTURO

Se plantea la posibilidad de estudiar la dependencia de los resultados obtenidos en función de algunos parámetros característicos internos al algoritmo implementado.

- Resulta interesante preguntarse si introducir una cota menor a 1 para el NFA durante la etapa de matcheo resultaría en un mejor desempeño del algoritmo.

Si se desea utilizar el algoritmo implementado en alguna aplicación concreta la mejora y optimización del mismo será un paso clave y fundamental.

POSIBLE TRABAJO A FUTURO

Se plantea la posibilidad de estudiar la dependencia de los resultados obtenidos en función de algunos parámetros característicos internos al algoritmo implementado.

- Resulta interesante preguntarse si introducir una cota menor a 1 para el NFA durante la etapa de matcheo resultaría en un mejor desempeño del algoritmo.

Si se desea utilizar el algoritmo implementado en alguna aplicación concreta la mejora y optimización del mismo será un paso clave y fundamental.

POSIBLE TRABAJO A FUTURO

Se plantea la posibilidad de estudiar la dependencia de los resultados obtenidos en función de algunos parámetros característicos internos al algoritmo implementado.

- Resulta interesante preguntarse si introducir una cota menor a 1 para el NFA durante la etapa de matcheo resultaría en un mejor desempeño del algoritmo.

Si se desea utilizar el algoritmo implementado en alguna aplicación concreta la mejora y optimización del mismo será un paso clave y fundamental.

¿Preguntas?

¡Muchas gracias!