

Segmentation par l'exemple de modèles 3D rigides

Esma Elghoul
Inria Paris-Rocquencourt
Domaine de Voluceau
78153 LE CHESNAY Cedex
esma.elghoul@inria.fr

Anne Verroust-Blondet
Inria Paris-Rocquencourt
Domaine de Voluceau
78153 LE CHESNAY Cedex
anne.verroust@inria.fr

Mohamed Chaouch
CEA LIST DIASI
CEA SACLAY – NANO INNOV
91191 Gif Sur Yvette Cedex
mohamed.chaouch@cea.fr

Résumé

Dans cet article, 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 d'alignement qui met en correspondance les parties significatives des modèles et nous développons une nouvelle approche basée sur les marches aléatoires pour transférer une segmentation cohérente du modèle exemple vers le modèle cible. Cette méthode est rapide et entièrement automatique. Nous montrons l'efficacité de notre approche sur différentes classes de modèles rigides.

Mots clefs

Segmentation 3D, alignement 3D, marches aléatoires.

1 Introduction

Segmenter un modèle polyédrique 3D consiste à partitionner la surface de l'objet en un ensemble de régions, appelées segments dans la suite. Les études comparatives sur les techniques de segmentation de maillage 3D [1, 2, 3, 4] différencient les approches géométriques de celles axées sur la sémantique. Nous voulons retenir l'information sémantique durant la segmentation d'un modèle. Notre but est de résoudre le problème consistant 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. Dans cet article, nous proposons une nouvelle approche, dédiée aux modèles rigides, pour calculer 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. Des techniques d'apprentissage ont été utilisées pour la segmentation de maillages 3D. L'approche de Benhabiles et al. [5] est consacrée à l'apprentissage des frontières des segments. Cependant, elle ne calcule pas toujours des segmentations cohérentes à l'intérieur d'une classe d'objets. D'autres approches sont dédiées à la *co-segmentation* ou la segmentation simultanée et similaire d'une famille de modèles 3D [6, 7, 8, 9, 10]. Ceci 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 [7, 8, 9] les segments ne sont pas forcément connexes (les quatre pieds d'une chaise correspondent au même segment, par exemple), ce qui n'est pas ce que nous cherchons à obtenir. Toutefois, [6] 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 calcule un alignement rigide approximatif des modèles et la *co-segmentation* non supervisée d'un ensemble d'objets est effectuée via la résolution d'un problème de partitionnement de graphe.

Notre approche est basée sur deux hypothèses clés :

[H1] Nous supposons que la segmentation exemple décompose le modèle en des parties significatives qui auraient pu être produites par un algorithme de segmentation par les marches aléatoires [11] : ces segments auraient pu être calculés par [11] à partir d'un ensemble de *pseudo* germes bien choisis sur le maillage 3D. Le choix de l'algorithme des marches aléatoires a été motivé par les évaluations de [3]. Celles-ci montrent que les segmentations construites par les utilisateurs sont plus proches des segmentations produites par les marches aléatoires que des segmentations obtenues en utilisant l'algorithme des K-moyennes [12].

[H2] Dans le cas des modèles rigides, on remarque que les modèles appartenant à la même classe peuvent être alignés de façon à préserver l'alignement de leurs parties significatives. 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. Comme notre objectif est de reproduire la segmentation désirée sur le modèle cible, il est nécessaire que le processus de segmentation soit flexible. Pour ce faire, nous utilisons une approche dérivée de la méthode de segmentation par les marches aléatoires [11], transformant ainsi le problème de transfert de segmentation du modèle exemple au modèle cible en un problème de localisation des faces germes sur le modèle cible. Pour effectuer cette localisation, nous introduisons une méthode qui aligne chaque modèle d'une

même classe sur un modèle exemple issu de cette classe. Nous nous sommes limités ici aux objets rigides pour lesquels l'hypothèse [H2] est adaptée : les objets articulés présentant une grande variabilité ont été traités d'une manière différente en utilisant des squelettes [13].

2 Méthode

Dans la suite de l'article, 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 . Les grandes lignes de l'algorithme sont les suivantes (illustrées dans la Figure 1) :

- Tout d'abord, chaque maillage M_T de \mathcal{C} est aligné avec M_E afin que les distances entre les parties significatives de M_E et M_T soient minimisées (cf. section 3).

- 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 5). Pour rendre le transfert de segmentation plus robuste, plusieurs germes sont associés à chaque segment candidat sur M_T . L'algorithme de base des marches aléatoires qui construit la segmentation de M_T a été étendu à cet effet (cf. section 4). Les améliorations apportées par notre approche multi-germes et les résultats de transfert de segmentation sont présentés dans la section 6, Les contributions de cet article sont les suivantes :

- Une méthode simple pour aligner deux modèles 3D appartenant à une même classe de modèles rigides est présentée. La méthode associe les parties fonctionnelles des deux modèles 3D entre elles.

- Un algorithme robuste et automatique localisant les germes sur le modèle cible est proposé. 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.

- La méthode des marches aléatoires est étendue pour permettre une initialisation de la segmentation avec plusieurs germes par segment.

3 Alignement

Le modèle exemple M_E et un modèle M_T appartenant à \mathcal{C} sont donnés dans une position et une orientation arbitraires. 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 [14] qui produit des alignements cohérents à l'intérieur d'une même classe d'objets rigides. Ces trois axes sont donnés dans un ordre et une orientation arbitraires et correspondent à 48 repères différents. Ce nombre est réduit à 24 quand on se limite aux repères orthonormés directs.

- Les orientations et l'ordre des axes d'alignement sont fixés dans la deuxième étape. Pour ce faire, on utilise 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 quart de tour et/ou à une réflexion près). On choisit un repère orthonormé direct associé à M_E , (O, X, Y, Z) , construit à partir des trois axes d'alignement obtenus dans la première étape, et on calcule les silhouettes calculées à partir des projections de M_E sur les trois faces orthogonales à \vec{OX} , \vec{OY} et \vec{OZ} du cube englobant M_E . On compare 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 repère qui aligne M_T avec M_E correspond au triplet de contours qui minimise l'erreur calculée par l'ICP. A la fin de ce processus, 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 . Ici notre but est différent de [15] qui calculent la rotation pour aligner au mieux deux modèles 3D. Cette dernière étape d'alignement 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 appliqué sur 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.

4 Marches aléatoires étendues aux germes multiples

Considérons un maillage triangulaire M , variété de dimension 2 constituée de $m + N$ faces et $s_1...s_N$ des faces de M représentant les germes. L'algorithme des marches aléatoires [11] construit une partition de 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 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 M , i.e., $P^i(f_l) > P^j(f_l)$ pour $j \neq i$. Les probabilités P^i introduites dans [11] 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 :

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

où $f_{l,j}$, $j = 1..3$ sont les trois faces adjacentes à f_l et $p_{l,j}$ sont les probabilités de traversée introduites dans l'équation (6) de [11]. 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

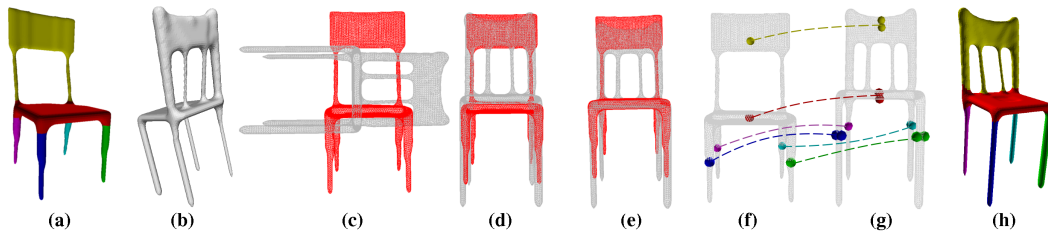


Figure 1 – Le processus de segmentation. (a) : le modèle exemple segmenté M_E ; (b) : le modèle cible M_T ; (c), (d) et (e) : les trois étapes de l'alignement; (f) : localisation des pseudo germes sur M_E ; (g) : les germes multiples sur M_T et (h) : la segmentation résultante sur M_T .

[11], on se ramène à N systèmes linéaires indépendants qui peuvent être écrits sous forme matricielle :

$$A_{m \times m} P^i = B^i \quad (2)$$

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 . Les N systèmes linéaires forment un système linéaire creux, ce qui permet de calculer rapidement les $P^i(f_l)$ et la segmentation de M .

Ce schéma est étendu pour permettre l'introduction de plusieurs germes par segment. Supposons que l'on désire associer deux faces germes s_i^1 et s_i^2 par 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 s_i^1 ou s_i^2 . Les probabilités des faces germes sont définies par :

$$\begin{cases} P^i(s_i^j) = 1 & \text{pour } j \in \{1, 2\} \\ P^i(s_k^j) = 0 & \text{pour } j \in \{1, 2\} \text{ et } k \neq i \end{cases} \quad (3)$$

En modifiant l'équation 2, l'écriture matricielle des N systèmes linéaires devient :

$$A_{m' \times m'} P^i = B^i \quad (4)$$

Notons que la matrice $A_{m' \times m'}$ contient toujours quatre valeurs non nulles au plus par ligne et que B^i peut contenir jusqu'à six valeurs non nulles qui correspondent aux faces adjacentes à s_i^1 ou à s_i^2 .

Le processus peut être adapté, si besoin, pour associer n'importe quel nombre de faces germes par segment. Cependant, comme la complexité d'un système linéaire creux dépend du nombre d'éléments non nuls, le nombre total de germes devrait être limité pour éviter de ralentir le calcul de la segmentation. Une stratégie pour le placement des germes additionnels est nécessaire (cf section 5), pour garantir la connectivité de chaque région produite par l'approche multi-germes.

5 Segmentation du modèle cible

Une fois les deux modèles M_T et M_E alignés, le calcul des faces germes de M_T utilise une localisation grossière des faces germes associées aux segments de M_E .

5.1 Localisation des pseudo-germes de M_E

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. En général, l'algorithme des marches aléatoires est robuste vis-à-vis des petits déplacements des germes. Cependant, positionner un germe dans la région centrale du segment permet d'éviter les zones concaves des bords. Soit c_i le centre de gravité du segment S_E^i . On considère que le pseudo-germe de S_E^i correspond à une des faces de S_E^i les plus proches de c_i .

5.2 Placement des germes et segmentation du modèle cible

Un couple de germes associé à chaque segment à calculer est sélectionné pour effectuer le transfert de la segmentation du modèle M_E sur M_T . En effet, les approches mono-germes peuvent échouer quand les frontières des segments exemples ne sont pas situées sur des zones concaves. De plus, elles peuvent créer des segments incorrects quand le germe est positionné dans une concavité.

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 :

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

La sélection du deuxième germe est plus délicate. En effet, une sélection incorrecte peut affecter la connectivité du segment, assurée a priori par l'unicité du germe. Pour guider le placement de la deuxième face germe, nous utilisons les plans principaux locaux calculés par une analyse en composantes principales continues (ACPC) [16] effectuée sur le segment exemple S_E^i . Elle fournit une description de l'alignement local de S_E^i via trois vecteurs principaux locaux $\vec{n}_{i,1}$, $\vec{n}_{i,2}$ et $\vec{n}_{i,3}$. 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 ($\mathcal{P}_{i,k} = (c_i, \vec{n}_{i,k})$ avec $k = 1..3$). Il vérifie : (i) \mathcal{P}_i contient c_i , (ii) \mathcal{P}_i est normal à l'un des vecteurs $\vec{n}_{i,k}$ 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 (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 2 (b)). Quand les trois conditions ne sont pas satisfaites, 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

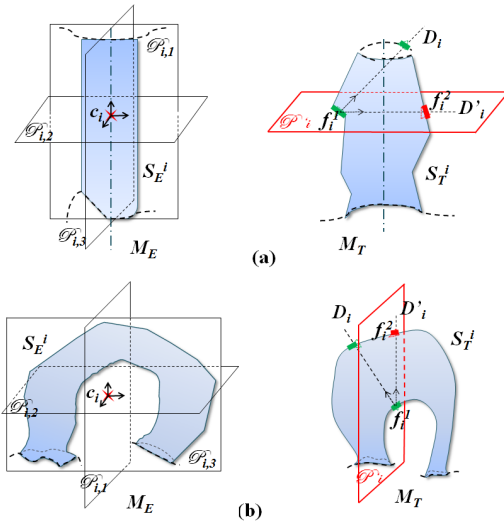


Figure 2 – Localisation des germes sur M_T .

sa sélection dans la zone centrale de la région du segment cible. 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 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 intersecte D'_i (cf. Figure 2). La face f_i^2 appartient normalement à la même partie du modèle, mais est opposée à f_i^1 . Une fois les $2N$ faces germes f_i^1 et f_i^2 , $1 \leq i \leq N$, calculées, la méthode multi-germes de segmentation par les marches aléatoires décrite dans la section 4 est utilisée pour construire la segmentation de M_T .

6 Expériences et résultats

Deux bases de données ont été utilisées dans nos évaluations : la base COSEG [17], pour les ensembles de coupes et de fers à repasser, et la base de segmentation de Princeton (PSB) [3] pour les ensembles d'avions, de chaises et de 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 sur 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 fixé 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 montre quelques résultats de transfert de segmentation par

l'approche multi-germes pour différentes classes de modèles 3D. Différents styles de segmentation exemples ont été utilisés pour segmenter les chaises.

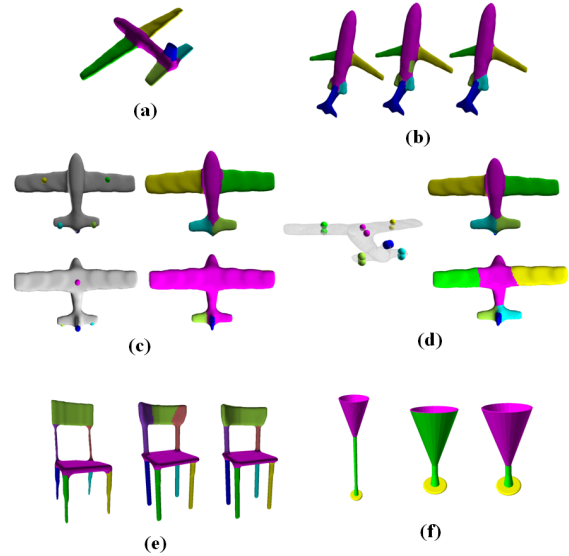


Figure 3 – Améliorations apportées par l'approche multi-germes. (a) l'avion utilisé comme segmentation exemple ; (c) segmentation mono-germe d'un avion cible montrée sur deux vues opposées ; (d) meilleure détection des bords des ailes en utilisant des couples de germes ; (b) de gauche à droite : mono-germe, multi-germes sans plans \mathcal{P}_i et multi-germes en utilisant les plans \mathcal{P}_i ; (e) et (f), à gauche : M_E , au milieu : segmentation mono-germe de M_T , à droite : segmentation multi-germes.

Résultats multi-germes VS mono-germes Pour certains modèles comme ceux présentés en (c) et (e) de la Figure 3, les frontières des segments ne sont pas forcément toutes situées dans des zones de forte concavité. Ceci peut mener 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 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 montrés dans la Figure 3 (e)

	T. Identification		Indice de Rand		Ecart de Coupe	
	2-G	1-G	2-G	1-G	2-G	1-G
Chaise	94.6	90.4	3.2	3.5	9.8	13.8
Coupe	90.2	83.8	13.4	18.0	25.3	56.1
Avion	90.0	80.3	8.8	19.2	10.3	21.6
Fer.	83.6	80.2	17.9	21.5	16.8	22.0
Table	84.1	81.9	9.1	13.5	16.3	22.3

Tableau 1 – Comparaison des segmentations multi-germes (2-G) et mono-germes (1-G) par rapport aux segmentations vérités-terrains. Les résultats sont meilleurs quand l'Indice de Rand et de l'Ecart de Coupe sont plus faibles .

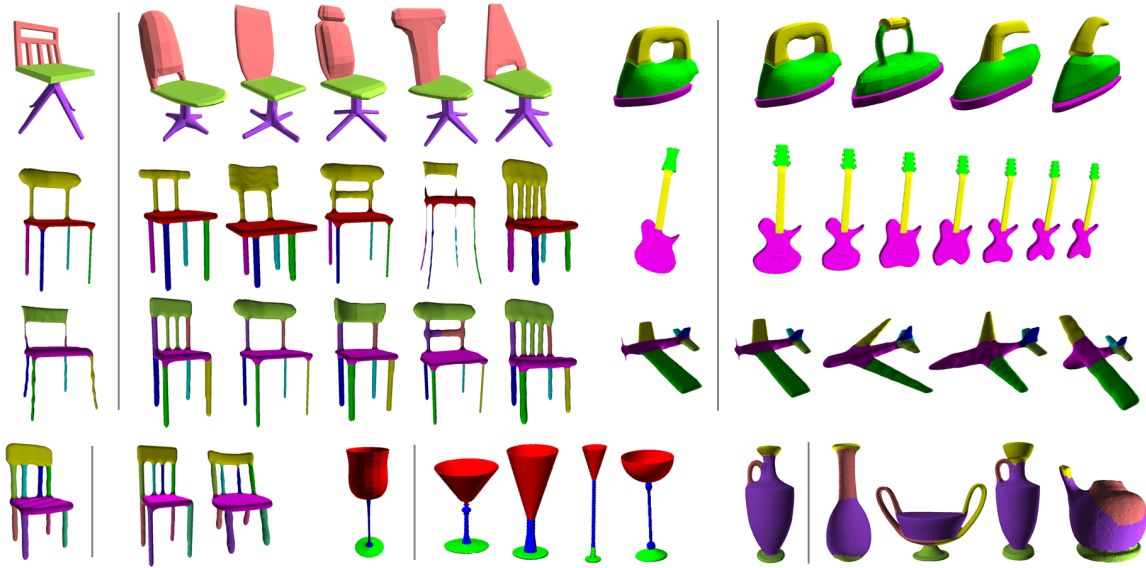


Figure 4 – Exemples de résultats de segmentation par transfert. M_E est à gauche de la ligne verticale et les modèles segmentés à sa droite. Nous avons obtenus de bons résultats sur les différents styles de segmentation proposés pour les chaises.

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.

Les scores du taux d’identification, défini dans [8], sont rapportés pour les différentes catégories dans le tableau 1. Cette mesure donne le pourcentage de l’aire de la surface du maillage identiquement étiquetée pour deux segmentations du même modèle : la segmentation créée par transfert et la segmentation vérité-terrain. Le même tableau rapporte les scores de deux métriques d’évaluation proposées dans [3], l’écart de coupes (*Cut Discrepancy*) et l’indice de Rand (*Rand Index*). L’approche multi-germes obtient de meilleurs scores que l’approche mono-germe sur l’ensemble des classes.

Comparaison avec l’état de l’art Une comparaison avec d’autres méthodes de segmentation individuelle est présentée dans le tableau 2. L’indice de Rand est calculé cette fois vis-à-vis de toutes les segmentations manuelles des classes concernées du PSB [3]. Les scores de la méthode des marches aléatoires de Lai et al. [11], du diamètre de forme [7] et des coupes randomisées [18], méthode la plus performante dans [3], 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 sont similaires à ceux obtenus par Huang et al. [10] et par Kalogerakis et al. [8] avec 3 modèles d’apprentissage. Pour effectuer une comparaison directe avec l’approche supervisée de Kalogerakis et al. [8], 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. Cette modification concerne les trois classes du PSB évaluées. Le tableau 2 fournit les taux d’identification

moyens obtenus par notre approche en utilisant ces modèles exemples et ceux obtenus par Kalogerakis et al. [8] avec 3 modèles par ensemble d’apprentissage. Ici aussi, les deux approches sont comparables sur les trois classes. Notons, cependant, que la méthode supervisée [8] est très coûteuse en temps dans sa phase d’apprentissage.

Examinons les résultats de segmentation sur les chaises de la Figure 4. Les auteurs de [6] ne présentant pas les évaluations chiffrées de leur méthode, seule une comparaison visuelle nous est possible. L’exemple segmenté de la troisième 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 [8]. Les segments créés par notre approche sur les mêmes modèles cibles ressemblent aux leurs (chaises (a) de la Figure 3 de [8]) et sont visuellement meilleurs que ceux obtenus par [6] (chaises (c) de la Figure 3 de [8]), où les frontières ne sont pas toujours correctement détectées.

Performance Il a déjà été noté dans [3, 11] que la méthode de segmentation par les marches aléatoires a un temps de réponse interactif. 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.

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, 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

T. Identification				
	Chaise	Avion	Table	Moyenne
SB3	97.1	91.2	99.0	95.7
2-G	96.0	90.0	86.7	90.9

Objet	Ex	Manuelles	2-G	SB3	"JointAll"	Diam Forme	Coupes Rand	Marches AI
Chair	~10	~10	~10	~15	~15	~15	~15	~15
Airplane	~10	~10	~10	~15	~15	~15	~15	~15
Table	~10	~10	~10	~40	~15	~15	~15	~15
Average	~10	~10	~10	~15	~15	~15	~15	~15

Tableau 2 – Scores des taux d'identification et d'indice de Rand; Ex sont les scores de nos modèles exemples; 2-G, SB3 et 'JointAll' correspondent respectivement à notre méthode, à l'approche supervisée [8] avec 3 modèles d'apprentissage et à l'approche non-supervisée de [10] dans la condition JointAll retournant les meilleurs scores. Un faible indice de Rand indique une forte similarité avec les segmentations manuelles.

aberrants sur les modèles cibles. Pour obtenir un transfert de segmentation plus flexible, nous avons ajouté des outils interactifs, donnant à l'utilisateur la possibilité d'insérer ou d'ignorer des segments sur M_E et le moyen de concevoir le style de la segmentation cible en combinant des styles existants. Sachant que la plupart des objets manufacturés sont fortement symétriques, il serait intéressant d'examiner les symétries des formes pour prévoir le nombre de segments à reproduire sur la cible.

7 Conclusion

Une méthode simple et efficace effectuant le transfert d'une segmentation d'un maillage sur un autre modèle appartenant à la même classe d'objets rigides a été présentée. Elle permet de décomposer les objets en parties significatives, améliorant ainsi les performances de la plupart des méthodes de segmentation 3D. Du fait de sa rapidité, cette approche est tout à fait adaptée à des applications interactives. Les évaluations effectuées sur différents ensembles de modèles rigides montrent l'efficacité de l'approche et valident les deux hypothèses [H1] et [H2] énoncées dans la section 1. Des évaluations utilisant les nouvelles métriques de [19] sont en cours d'achèvement.

Références

[1] M. Attene, S. Katz, M. Mortara, G. Patané, M. Spagnuolo, et A. Tal. Mesh segmentation - a comparative study. Dans *SMI*, page 7, 2006.

[2] A. Shamir. A survey on mesh segmentation techniques. *Comput. Graph. Forum*, 27(6) :1539–1556, 2008.

[3] X. Chen, A. Golovinskiy, et T.-A. Funkhouser. A benchmark for 3D mesh segmentation. *ACM Trans. Graph.*, 28(3) :73 :1–73 :12, Juillet 2009.

[4] H. Benhabiles, J.-P. Vandeborre, G. Lavoué, et M. Daoudi. A framework for the objective evaluation of segmentation algorithms using a ground-truth

of human segmented 3D-models. Dans *SMI*, pages 36–43, 2009.

[5] H. Benhabiles, G. Lavoué, J.-P. Vandeborre, et M. Daoudi. Learning boundary edges for 3D-mesh segmentation. *Comput. Graph. Forum*, 30(8) :2170–2182, 2011.

[6] A. Golovinskiy et T.-A. Funkhouser. Consistent segmentation of 3D models. *Computers & Graphics*, 33(3) :262–269, 2009.

[7] L. Shapira, A. Shamir, et D. Cohen-Or. Consistent mesh partitioning and skeletonisation using the shape diameter function. *The Visual Computer*, 24(4) :249–259, 2008.

[8] E. Kalogerakis, A. Hertzmann, et K. Singh. Learning 3D mesh segmentation and labeling. *ACM Trans. Graph.*, 29(4) :102 :1–102 :12, 2010.

[9] O. Sidi, O. van Kaick, Y. Kleiman, H. Zhang, et D. Cohen-Or. Unsupervised co-segmentation of a set of shapes via descriptor-space spectral clustering. *ACM Trans. Graph.*, 30(6) :126, 2011.

[10] Q.-X. Huang, V. Koltun, et L.-J. Guibas. Joint shape segmentation with linear programming. *ACM Trans. Graph.*, 30(6) :125, 2011.

[11] Y.-K. Lai, S.-M. Hu, R. R. Martin, et P. L. Rosin. Rapid and effective segmentation of 3D models using random walks. *Computer Aided Geometric Design*, 26(6) :665–679, 2009.

[12] S. Shlafman, A. Tal, et S. Katz. Metamorphosis of polyhedral surfaces using decomposition. *Comput. Graph. Forum*, 21(3) :219–228, 2002.

[13] E. Elghoul et A. Verroust-Blondet. A Segmentation Transfer Method for Articulated Models. Dans *Eurographics (Short Papers)*, pages 17–20, 2013.

[14] M. Chaouch et A. Verroust-Blondet. Alignment of 3D models. *Graphical Models*, 71(2) :63–76, 2009.

[15] M. Martinek et R. Grosso. Optimal rotation alignment of 3D objects using a GPU-based similarity function. *Computers & Graphics*, 33(3) :291–298, 2009.

[16] D.V. Vranic. *3D Model Retrieval*. Thèse de doctorat, U. of Leipzig, 2004.

[17] Y. Wang, S. Asafi, O. van Kaick, H. Zhang, D. Cohen-Or, et B. Chen. Active co-analysis of a set of shapes. *ACM Trans. on Graphics*, 31(6) :157 :1–157 :10, 2012.

[18] A. Golovinskiy et T.-A. Funkhouser. Randomized cuts for 3D mesh analysis. *ACM Trans. Graph.*, 27(5) :145, 2008.

[19] Z. Liu, S. Tang, S. Bu, et H. Zhang. New evaluation metrics for mesh segmentation. *Computer & Graphics*, 37 :553–564, 07 2013.