

# Počítačové videnie - SIFT, RANSAC

Ing. Viktor Kocur  
[viktor.kocur@fmph.uniba.sk](mailto:viktor.kocur@fmph.uniba.sk)

DAI FMFI UK

14.11.2018

## 1 SIFT

- Implementácia
- Zaujímavé body

## 2 Ransac

- Homografia

# Hotová implementácia

## SiftDemoV4

Kvôli patentu nie je SIFT v matlabe natívne. Naštastie môžeme použiť kód od autora, ktorý si stiahnete zo stránky.

## sift

[descripts, locs] = sift(I) - Načíta obrázok zo súboru. V image vráti načítaný obrázok, descripts je matica  $K \times 128$  so 128 deskriptormi pre každý zaujímavý bod a locs je matica  $K \times 4$  s vektorom polohy pre každý zaujívaný bod. Každý vektor polohy je tvaru: riadok, stĺpec, škála a uhol orientácie.

# Zobrazenie zaujímavých bodov

**showkeys**

`showkeys(I, locs)` - Zobrazí detekované zaujímavé body v obrázku I.

**Úloha**

Zobrazte si zaujímavé body zo 'scene.pgm' a 'box.pgm'.

**showkeys**

`match(I1, I2)` - Spáruje zaujímavé body z dvoch obrázkov.

**Úloha**

Použite match na spárovanie bodov zo 'scene.pgm' a 'box.pgm'.

# Hľadanie homografie

## Homografia - transformácia

Hľadáme transformáciu medzi rovinou na hľadanom vzore a obrázkom kde sa tento objekt nachádza.

## Ako nájsť homografiu?

Homografiu hľadáme tak, že minimalizujeme funkciu  $\sum_i res(H, \vec{x}_i, \vec{x}'_i)$ . Pre homografie platí že H je matica  $3 \times 3$ .

## Homogénne súradnice

Pre použitie matice homografie využívame tzv. homogénne súradnice. Každý bod v obraze reprezentujeme troma číslami:  $x_h, y_h, z_h$ . Pre prechod na štandardné súradnice platí  $x_s = \frac{x_h}{z_h}$  a  $y_s = \frac{y_h}{z_h}$ . V prípade že  $z_h = 0$  ide o bod v nekonečne.

# Ransac

## Implementácia

Implementáciu RANSAC-u si môžete stiahnuť zo stránky. Ak nechcete mať všetky súbory spolu so SIFT-om v jednom adresáry, môžete si zložku ransac pridať do MATLABPATH.

## Funkcia ktorú minimalizujeme

$$\sum_i \text{res}(H, \vec{x}_i, \vec{x}'_i) = \sum_i \rho(H\vec{x}_i, \vec{x}'_i) + \rho(\vec{x}_i, H^{-1}\vec{x}'_i).$$

## ransacfithomography

[H, inliers] = ransacfithomography(x1, x2, t) - Pre spárované body x1 a x2 (môžu byť aj v štandardných súradničach) a prah t (0.001 - 0.01) vráti maticu homografie H a zoznam indexov pre x1 a x2, ktoré sú spárované správne.

# Úloha

## Úprava match

Upravte funkciu match, tak aby volala RANSAC a našla homografiu. Na pôvodnom obrázku zobrazte kde sa nachádza vzor. Zeleným vykreslite inliers a červenými zobrazte ostatné.

