Annual Spring Conference of KIPS

거리 특성을 이용한 다면체 간의 정렬

구민정[1], 정상훈[2], 김구진[1,3]
[1]경북대학교 컴퓨터학부, [2]경북대학교 소프트웨어기술연구소, [3]교신저자

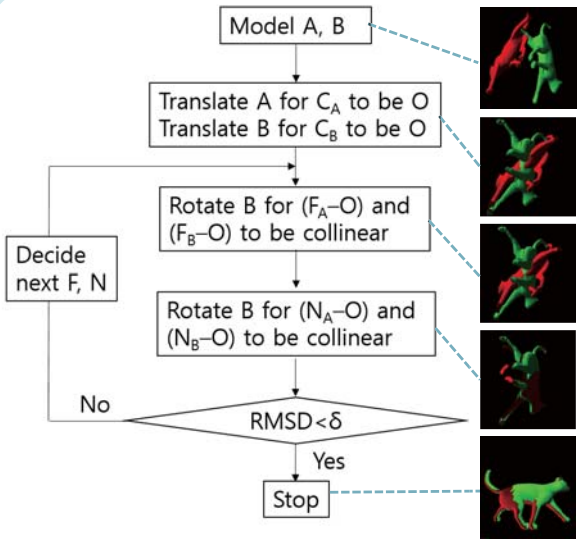
서론

- CAD 모델과 3D 프린트 출력물의 형상 비교 및 출력물의 표면 결함 발견이 중요함
- 두 모델의 형상 비교를 위해 정렬이 필요함
- 효율적으로 정렬하는 알고리즘을 제안함
  - 두 모델의 정렬 ➡ 각 모델마다 결정한 세 점의 정렬

정렬 시 사용할 reference point 선택

- 모델의 특징을 반영하는 총 3개의 point를 선택
  - 모델의 weighted centroid (C)
  - weighted centroid로부터 가장 먼 거리의 point (F)
  - weighted centroid로부터 가장 가까운 거리의 point (N)

거리 특성을 이용한 정렬 알고리즘



정렬 결과 평가

- 두 모델 간의 RMSD(Root Mean Squared Distance) [1] 값을 통해 평가함
- RMSD 값이 낮을수록 정렬의 정확도가 높음
- $RMSD = \sqrt{\frac{\sum d_i^2}{n}}$
  - d_i : 최소 거리를 가지는 i번째 point pair 사이의 거리
  - n : 두 모델 사이의 point pair 수

이 논문은 정부(과학기술정보통신부)의 재원으로 한국연구재단의 지원을 받아 수행된 연구임 (NRF-2020R1A2C1008912).

FPFH & SAC-IA 알고리즘과 실험 결과 비교

- FPFH & SAC-IA(Sample Consensus Initial Alignment) [2] : FPFH(Fast Point Feature Histograms)를 이용하여 2개의 data set의 초기 정렬을 빠르게 찾기 위한 알고리즘
- 본 논문의 알고리즘은 정렬의 기준으로 잡는 모델에 따라 계산 시간의 차이가 많이 날 수 있음
- SAC-IA와 본 논문에서 제안한 알고리즘 모두 iteration은 최대 1000회까지 수행함
- 본 논문에서 제안한 알고리즘의 threshold 값은 10으로 설정

Test models	실행 결과		계산 시간(s)		RMSD	
	Our algorithm	FPFH SAC-IA	Our algorithm	FPFH SAC-IA	Our algorithm	FPFH SAC-IA
Cat			20.687	50.355	7.771	14.810
Bone-plate1			2.685	3.461	0.571	128.627
Bone-plate2			4.471	8.924	1.013	3.111

- 대부분의 실험 data에서 본 논문에서 제시한 알고리즘이 FPFH SAC-IA 알고리즘보다 계산 시간이 짧고, RMSD 값이 낮으므로 알고리즘의 성능이 더 우수하다고 말할 수 있음

결론

- 모델의 표면 점이 갖는 거리 특성을 이용하여 두 모델을 정렬하는 알고리즘을 제안함
- 모델에 대해 전처리과정 없이 정렬이 가능함
- 각 iteration마다 3개의 reference point만을 선택하여 정렬
- FPFH를 이용한 SAC-IA 알고리즘과 비교하여 계산 시간 효율성과 정확도가 높음.

참고문헌

[1] O. Carugo and S. Pongor, "A normalized root-mean-square distance for comparing protein three-dimensional structures," Protein science, 10(7), pp.1470-1473, 2001.
[2] R. B. Rusu, N. Blodow and M. Beetz, "Fast Point Feature Histograms (FPFH) for 3D registration," in Proceedings of the ICRA, pp.3212-3217, 2009.