

**CIFED2012 (author)**[Help](#) [Sign out](#)[Overview](#) [Paper 18](#) [CIFED2012](#) [EasyChair](#)**CIFED2012 Submission 18**

\*\*\*\*\*

If you want to **change any information** about your paper or withdraw it, use links in the upper right corner.

All **reviews sent to you** can be found at the bottom of this page.

\*\*\*\*\*

[Update information](#)[Update authors](#)[Withdraw](#)**Paper 18**

**Title:** Une distance entre deux ensembles de séquences avec la contrainte de continuité

**Paper:** [PDF](#)

**Keywords:** Déformation Temporelle Dynamique  
Deux Ensembles de Séquences  
Appariement de Deux Caractères Isolés  
Distance de Hausdorff

**Topics:** Analyse de structures, Autres

**Abstract:** L'algorithme DTW (Dynamic Time Warping) est très largement utilisé pour calculer une distance entre des données en-ligne. Il permet une mise en correspondance point à point en respectant des contraintes de séquentialité pendant l'alignement entre les deux séquences correspondant aux tracés. Toutefois lorsque le tracé se présente sous la forme d'un nombre variable de traits pour lesquels le sens de chaque trait n'est pas imposé alors cet algorithme n'est plus directement utilisable. À l'inverse la distance de Hausdorff fait fi de l'ordre des points dans la séquence mais aussi de la continuité des points à l'intérieur d'un même trait, et est très sensible aux points excentrés (outliers). Dans ce papier, nous discutons de l'alignement entre deux ensembles de séquences de points avec contrainte de continuité intra-séquence, et nous proposons une mesure de distance découlant de cet alignement.

**Time:** Dec 2, 10:38 GMT

**Fax:** 0033240683048

**Address:** Site de la Chatrerie-rue Christian Pauc IRCCyN, Ploytech'Nantes Nantes 44306 France

**Authors**

first name	last name	email	country	organization	Web site	corr
Jinpeng	Li	jinpeng.li@univ-nantes.fr	France	IRCCyN (UMR CNRS 6597) - L'UNAM - Université de Nantes		✓
Harold	Mouchère	harold.mouchere@univ-nantes.fr	France	IRCCyN (UMR CNRS 6597) - L'UNAM - Université de Nantes		
Christian	Viard-Gaudin	christian.viard-gaudin@univ-nantes.fr	France	IRCCyN (UMR CNRS 6597) - L'UNAM - Université de Nantes		

**Reviews****Review 2**

**Overall rating:** **2** (accept)

Confidence: **2** (medium)  
 ADEQUATION AVEC LA CONFERENCE **5** (Excellente)  
 ORIGINALITE **4** (Bonne)  
 JUSTESSE TECHNIQUE **4** (Bonne)  
 IMPORTANCE,IMPACT **3** (Moyenne)  
 PRESENTATION,CLARTE **4** (Bonne)  
 BIBLIOGRAPHIE **4** (Bonne)

Cet article décrit une approche pour accélérer le calcul de distances entre deux séquences qui intègre des contraintes de continuité.

L'article est bien écrit, peu d'erreurs typographiques.  
 Un effort est porté dans l'introduction à la description de du contexte dans lequel se situe ce travail, ce qui est appréciable.  
 L'idée est d'utiliser une approche DWT, et de l'étendre de manière efficace à des ensembles de séquences en intégrant ces contraintes de continuités entre les séquences. Le choix des points de continuité entre les séquences utilise l'algorithme A\*, ce qui semble une bonne idée, et de plus un raffinement qui consiste à se limiter aux points frontières des segments non-utilisés encore pour l'appariement. Ce second point (section 3.2) est moins argumenté.

Review:

Une expérimentation, montrant les bons résultats de l'approche, est présentée sur quelques symboles sont effectués.

Ce travail est donc bien défini et bien expliqué. Une petite expérimentation montre la faisabilité des propositions.

Remarque :  
 - typo : partie 4.1. "du système a aligné" => "du système à aligner..."

### Review 1

Overall rating: **2** (accept)  
 Confidence: **3** (high)  
 ADEQUATION AVEC LA CONFERENCE **4** (Bonne)  
 ORIGINALITE **4** (Bonne)  
 JUSTESSE TECHNIQUE **4** (Bonne)  
 IMPORTANCE,IMPACT **4** (Bonne)  
 PRESENTATION,CLARTE **4** (Bonne)  
 BIBLIOGRAPHIE **4** (Bonne)

This paper proposes a modification of the classical DTW algorithm for sequence alignment to solve the problem of multistroke symbol matching in on-line recognition. Thus given a set of strokes, the problem of symbol recognition is stated as finding the best mapping with invariance to the stroke order and direction. The A\* algorithm is used as pruning strategy to search the best combination of sequences mapping the input to the target.

## Review :

The paper is interesting and proposes a smart solution. It would be interesting to have a more comprehensive review of the state of the art on sequence alignment to assess the proposed solution to other approaches for multisequence alignment. On the other hand, in the experimental part, there are two improvements that could be done: first a further comparative study with other methods (e.g. the ones cited in the introduction); and second, the experimentation with a larger database of symbols.