LAB3 結報

(一) merge.py 程式碼說明:

程式碼主要分成兩大部分,步驟一負責將人體骨架進行合併,而步驟二則會將合併後的骨架進行篩選,只留下較完整且可信的數據。

- a. 合併重疊骨架
 - 1. num skeletons表示骨架的數量
 - 2. 用雙重迴圈來逐一檢查每對骨架是否有重疊的部分。
 - For i in range(num skeletons): 外層迴圈選取一個骨架i。
 - for j in range(i + 1, num_skeletons): 內層迴圈檢查骨架i後面的骨架i,避免重複比較。
 - 3. 如果骨架i或j被標記為已刪除(即subset[x,-1] == -1),則跳過該骨架。
 - 4. common_parts檢查這兩個骨架是否有共同的部位(座標相同),如果有,則認為這些部位是重複的。
 - 5. 如果骨架i和骨架i有重疊部位,我們做以下操作:
 - 用np.maximum取兩者座標的最大值更新subset[i,:-2],這樣 我們可以保留最可靠的座標。
 - 把骨架j的總分和部位數量加到骨架i上,更新它的「總分」和 「部位數量」。
 - 將骨架j標記為 -1,表示它已經被合併,不再需要獨立存在。
 - 6. 最後,我們將標記為 -1 的骨架刪除,只保留合併後的骨架。
- b. 刪除不符合要求的骨架
 - 1. parts num: 計算骨架中的部位數量(例如有幾個部位是有效的)。
 - 2. total score: 計算骨架的總分數。
 - 3. avg_score: 我們用總分數除以部位數量,得到每個部位的平均分數。如果某骨架的部位少於min_num_body_parts或者平均分數小於min_score,它就會被標記為不合格。
 - 4. 我們將不合格的骨架添加到delete_idx列表中,然後利用np.delete一次性把它們刪除。

最終輸出會將篩選後的骨架集合顯示出來,以方便我檢查剩下的骨架是否符合我們的要求。

(二) output subset 結果

Output1:

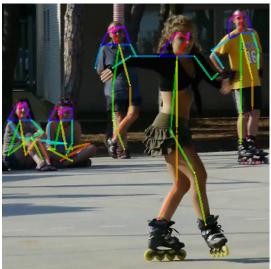
最終的 s						
骨架 0:	[0.	1.	2.	3.	4.	5.
6.	7.	8.	9.	10.	11.	
12.	13.	14.	15.	17.	18.	
41.1386	306 38.	1				

Output2:

Outputz.					
最終的 subset:		4.5	4.0		
骨架 0: [3.	8.	13.	18.	24.	28.
33. 37.	44.	47.	52.	5	59.
62. 67.	73.	78.	83.	3	37 .
44.87914342 40.]				
骨架 1: [0.	5.	10.	15.	21.	25.
30. 35.	40.		50 .	55 .	
60. –1.	70.	-1.	80.	85.	
38.3965891 32.]				
骨架 2: [2.	7.	12.	16.	20.	27.
32. 36.	42.	49.	54.		57.
64. 69.	72.	77.	82.	-	-1.
37.66937214 34.]				
骨架 3: [1.	6.	11.	17.	-1.	26.
31. –1.	41.	46.	51.	5	56.
61. 65.	71.	76.	81.	8	36.
42.08062637 34.]				
骨架 4: [4.	9.	14.	19.	24.	29.
34. 39.	43.	48.	53.	5	58.
63. 68.	74.	79.	84.		38.
45.56413941 40.]				

(三)兩張圖生成結果截圖





左圖為 output1.png,右圖為 output2.png

(四)過程中遇到的問題及解決方法

在這次作業中,最具挑戰的部分是要讀懂所有重要的程式碼檔,並深入理解整個人體姿態估計的運作過程。每個函式的作用、在流程中如何運用,以及其輸入輸出和陣列的意義,都需要逐一釐清。我會和同學們一起討論,交流彼此的理解,這樣在理解每個函式在各部分中的作用後,撰寫merge.py時便輕鬆不少,讓我能更順利地掌握程式邏輯。經過這樣的討論和思考,面對程式碼中的細節更游刃有餘,也更確信自己對人體姿態估計的理解。