

Image Stitching

EDBV WS 2014/2015: AG_B4

J. Sebastian Kirchner (0926076)

Hanna Huber (0925230)

Patrick Wahrmann (1327120)

Ernad Sehic (1227865)

Nikolaus Leopold (1327344)

7. Januar 2015

1 Gewählte Problemstellung

(1-1,5 Seiten)

entspricht dem (aktualisierten) Konzept

1.1 Ziel

Das Ziel ist es zwei Bilder mit überlappenden Bildbereichen (also gleiche Szene mit horizontal verschobener Kamera) anhand von in beiden Bildern vorhandenen Bildmerkmalen (Interest Points) zu einem Bildmosaik zusammenzufügen, sodass die zusammengehörenden Interest Points übereinanderliegen.

1.2 Eingabe

Als Eingabedaten werden zwei Bilddateien im Format JPEG oder PNG, die die unten beschriebenen Voraussetzungen erfüllen, verwendet.

1.3 Ausgabe

Das Ergebnis ist ein Bildmosaik im selben Format wie die Eingabebilder, das aus Transformation der Einzelbilder entsteht, sodass die gemeinsamen Merkmale übereinstimmen.

1.4 Voraussetzungen und Bedingungen

Der Einfachheit halber werden folgende Eigenschaften der Eingabebilder vorausgesetzt:

- Die Bilder sind Abbildungen der gleichen Szene, die nur horizontal versetzt sind
- Es müssen überlappende Bereiche in den Bildern vorhanden sein, die kontrastreiche Interest Points aufweisen
- Die Belichtungsverhältnisse müssen in beiden Bildern möglichst gleich sein (ähnliche Zeit, Ausrichtung bezüglich der Lichtquelle, gleiche Kamera!)
- Perspektivische Verzerrungen sollten möglichst vermieden werden, indem entfernte Motive verwendet werden und die Brennweite möglichst hoch gewählt wird.
- Möglichst anorganische Strukturen mit klaren Umrissen als zentrales Motiv (Bäume etc. nur am Rande)
- Keine beweglichen Objekte, durch die Interest Points verdeckt werden könnten.
- Die Bildauflösung sollte ungefähr bei 500×500 Pixel liegen (Nur grober Richtwert, Seitenverhältnisse können selbstverständlich abweichen!). Eine zu hohe Auflösung kann zu deutlich längerer Rechenzeit und möglicherweise schlechteren Ergebnissen führen. Bilder zu geringer Auflösung können unter Umständen nicht richtig zusammengesetzt werden.

1.5 Methodik

Der folgende Verfahrensablauf wurde implementiert:

- Die Bilder werden eingelesen.
- Dann wird eine Bildpyramide (Difference of Gaussian, kurz DoG) für SIFT aufgebaut, mittels wiederholt ausgeführtem Gauss-Filter und Downsampling.
- Mithilfe der Bildpyramide werden Extrempunkte gefunden (Minima und Maxima der DoG Bilder).

- Unpassende Extrempunkte (geringer Kontrast, Kanten) werden entfernt, die verbleibenden Extrema sind die gesuchten Keypoints.
- Für Rotationsinvarianz werden die Keypoint-Umgebungsorientierungen bestimmt.
- In der Folge werden mittels SIFT die Keypoint-Deskriptoren erstellt.
- Korrespondierende Keypoints werden gefunden und zu Merkmalspaaren zusammengefasst.
- Mittels RANSAC (Random Sample Consensus) wird die homographische Transformationsmatrix ermittelt, mit der die Bilder so überandergelegt werden, dass die korrespondierenden Keypoints übereinstimmen.

Weiters wurde ein GUI implementiert.

1.6 Evaluierungsfragen

- Werden sinnvolle Merkmale gefunden?
- Werden übereinstimmende Bildpaare gefunden?
- Werden die Bilder korrekt zusammengefügt?
- Hat die Auflösung der Eingabebilder einen merklichen Einfluss auf das Ergebnis?
- Welche Bilddaten / Szenen sind ungünstig für den Erfolg des Verfahrens?
- Ist das GUI intuitiv aufgebaut?

2 Arbeitsteilung

(0,5 Seiten)

Wer hat welche Aufgaben übernommen (MATLAB-Funktionen, Abschnitt im Bericht, Evaluierung, Datenerfassung, etc.)?

Evaluierung, Datenerfassung, sowie Teile der Funktionalität und des Berichts wurden gemeinsam erarbeitet und die Implementierungsphase war von gemeinsamen Debugging geprägt. Speziell im Bereich der Schnittstellen wurde natürlich eng zusammengearbeitet.

Die folgende Tabelle zeigt die Haupt-Aufgabenbereiche, d.h. zu den genannten Themen wurden die entsprechenden Matlab-Funktionen und Abschnitte im Bericht erstellt.

Name (alphabetisch)	Tätigkeiten
Hanna Huber	Keypoint-Matching Homographische Transformation (RANSAC) Stitching (Multi-Resolution-Spline für Bildverläufe)
Sebastian Kirchner	Entfernung von Keypoints die Kanten darstellen Anzeige von Keypoints und Matching Scale-Space-Erzeugung (DoGs)
Nikolaus Leopold	Bestimmung der Keypoint-Umgebungsorientierungen Erstellung der SIFT-Deskriptoren
Ernad Sehic	Scale-Space-Erzeugung (DoGs)
Patrick Wahrmann	Bestimmung der Scale-Space-Extrempunkte Entfernung von Keypoints mit geringem Kontrast GUI

3 Methodik

Ein wesentlicher Teil des Image Stitching ist die Korrespondenzanalyse. Dabei werden für den überlappenden Bereich der Bilder jene Bildpunkte in beiden Bildern gesucht, die dasselbe Objekt darstellen. Dieses Problem wird mithilfe von merkmalsbasiertem Matching gelöst, das gegenüber regionenbasiertem Matching den Vorteil hat, dass homogene und daher irrelevante Bildbereiche nicht in die Berechnung mit einfließen. Der Aufwand wird dadurch erheblich reduziert. [5]

Die Merkmale - Interest Points oder Keypoints - werden mittels Scale Invariant Feature Transform (kurz: SIFT) [4] gefunden. Dieser Algorithmus hat den Vorteil, dass das Ergebnis unabhängig von der Skalierung oder Orientierung der Interest Points im jeweiligen Bild ist [5].

3.1 SIFT

Der SIFT-Algorithmus ist in mehrere Schritte unterteilt, in denen Skalierung, Position und Orientierung der Interest Points ermittelt wird. Abschließend muss jeder Punkt eindeutig beschrieben werden, um die Korrespondenzanalyse zu ermöglichen.

3.1.1 Bildpyramiden

Um die Skalierungsinvarianz zu garantieren, ist eine Multiskalenanalyse der Bilder notwendig. Im Zuge dessen wird eine Bildpyramide aufgebaut, bestehend aus 4 Oktaven mit jeweils 5 Frequenzstufen. Von Oktave zu Oktave wird die Auflösung des Bildes halbiert und innerhalb der Oktaven wird iterativ gefiltert.

Ausgehend von dieser Bildpyramide werden nun pro Oktave 4 DoG-Bilder erstellt indem sukzessive die Differenz der gefilterten Bilder berechnet wird.

3.1.2 Position der Interest Points

Interest Points stellen besonders markante, in einer lokalen Umgebung möglichst einzigartige Bildpunkte dar. Punkte, an denen sich im DoG-Bild ein lokales Minimum oder Maximum befindet, sind somit gute Kandidaten für Interest Points. Die Extrema werden in jeder Oktave der DoG-Bildpyramide gesucht. Für jedes Pixel werden dafür die umliegenden Nachbarn derselben, sowie der darüber und darunter liegenden Ebene betrachtet.

Um die Position des Extremums noch exakter - also im Subpixelbereich - zu bestimmen, wird danach noch eine Taylorapproximation durchgeführt. Extrempunkte die wenig Kontrast aufweisen oder eine Kante darstellen, werden an dieser Stelle wieder verworfen.

3.1.3 Umgebungsorientierung der Keypoints

Um Rotationsinvarianz der Keypoint-Deskriptoren zu gewährleisten, wird zusätzlich zur Keypoint-Position die Richtung maximaler Änderung, also der Gradient, der Umgebung um den Keypoint gespeichert. Die einzelnen Bestandteile des Deskriptors umfassen auch einige Orientierungen, welche nun relativ zur Grundorientierung der Umgebung definiert werden können.

Um die dominante Umgebungsorientierung zu beschreiben werden innerhalb eines Fensters um den Keypoint für alle Pixel die Gradienten (als Vektoren definiert durch Magnitude und Winkel) ihrer unmittelbaren 4er-Nachbarschaft bestimmt. Diese werden dann je nach ihrer Orientierung klassifiziert (hier in 36 Teile der vollen Umdrehung von 2π radian) und die Magnituden aller Gradienten einer Klasse (bin) aufsummiert, es wird also ein Histogramm erstellt. Dabei werden die Beiträge der Magnituden nach Gauss'scher Gewichtung um den Keypoint verteilt, sodass weiter entfernte Gradienten weniger ins Gewicht fallen. Die nach Magnitude dominante Klasse definiert nun die Orientierung der Umgebung.[4]

3.1.4 Keypoint-Deskriptoren

Um die Korrespondenzanalyse zweier Keypoints unter hunderten weiteren und unter Umständen sehr ähnlichen Keypoints zu ermöglichen, muss jeder Keypoint möglichst eindeutig beschrieben sein. Die Deskriptoren durch welche die Keypoints beschrieben werden müssen aber auch eine gewisse Redundanz aufweisen, da sich korrespondierende Keypoints in anderen Bildern (hier in Aufnahmen derselben Szene mit anderen Einstellungen) in der Regel in Nuancen voneinander unterscheiden (Helligkeitsunterschiede, Verdeckungen, Verzerrungen, etc.). Neben einer gewissen Toleranz in der Korrespondenzanalyse (Matching) ist es daher wichtig, die Definition der für den Vergleich relevanten Grundstruktur in mehrere Teile aufzuspalten, die jeweils einen Beitrag zur Akzeptanzwahrscheinlichkeit des Keypoints liefern, sodass die Grundstruktur auch bei Abweichungen in einzelnen Teilen noch erkannt werden kann.

Bei SIFT werden daher die Deskriptoren durch Histogramme der Gradientenmagnituden nach 8 Orientierungsklassen (also ähnlich wie bei der

Bestimmung der Umgebungsorientierung) aus 16 4×4 -Fenstern um den Keypoint herum definiert. Das heißt für 16 Fenster gibt es jeweils 8 Klassen in denen Magnituden aufsummiert werden, die Definition eines SIFT-Deskriptors umfasst somit 128 Elemente.[4]

3.2 Matching

Nun müssen Keypoints, die denselben Interest Point beschreiben, einander zugewiesen werden. Wie bei Lowe[4] wird dazu der Nearest-Neighbor-Ansatz gewählt.

Allerdings wird statt der euklidischen Distanz der Winkel zwischen den Deskriptor-Vektoren der entsprechenden Keypoints zwischen den Vektoren minimiert, der sich mithilfe des Skalarprodukts leicht berechnen lässt. Um die Eindeutigkeit der Zuweisung zu garantieren, wird der kleinste Winkel mit dem zweitkleinsten verglichen[4]. Nur wenn deren Verhältnis unter einem Schwellwert liegt, wird die Zuweisung akzeptiert.

Zusätzlich wird überprüft, ob der Deskriptor mit minimalem Winkelabstand bereits einem zuvor betrachteten Deskriptor zugewiesen wurde. In diesem Fall wird dieser durch den aktuellen Deskriptor ersetzt.

3.3 Homographische Transformation

Um die beiden Bilder zu einem Bild zusammenzuführen, muss eine Homographie Matrix H ermittelt werden, die die Koordinaten der Bildpunkte eines Bildes in entsprechende Koordinaten im Koordinatensystem des anderen Bildes umwandelt. Dies gilt insbesondere für Keypoint-Paare, also $X_2 = H \cdot X_1$ für ein Keypoint-Paar (X_1, X_2) . H wird mithilfe des Random Sample Consensus-Algorithmus[2] berechnet.

Die Information über die Koordinaten der Keypoint-Paare wird verwendet, um ein lineares Gleichungssystem aufzustellen, dessen Lösung die Koeffizienten der Matrix H liefert. Dafür werden vier Keypoint-Paare benötigt.[3]

Der RANSAC-Algorithmus wählt diese in jedem Iterationsschritt - deren Anzahl wird zuvor festgelegt - zufällig aus und berechnet die zugehörige Matrix H . Daraufhin wird die Homographie auf alle zu einem Keypoint-Paar (X_1, X_2) gehörigen Punkte X_1 angewendet. Liegt der transformierte Punkt innerhalb eines Toleranzbereichs um den Punkt X_2 , wird er als *Inlier* bezeichnet. In jedem Iterationsschritt, also für jedes H , wird die Anzahl der Inlier berechnet. Am Ende wird die Matrix mit den meisten Inliers als Homographie-Matrix gewählt.

Da eine korrekte Lösung des oben beschriebenen Gleichungssystems stark von Ursprung und Skalierung des Koordinatensystems der Bilder abhängt, werden die Koordinaten der Keypoint-Paare zuvor normalisiert. Um die endgültige Homographie-Matrix zu erhalten, wird die Matrix H am Ende noch mit den entsprechenden Transformationsmatrizen multipliziert.[2]

3.4 Image Stitching

Das Bildmosaik wird erstellt, indem das rechte Bild, imB , mithilfe der Homographie ins Koordinatensystem des linken Bildes, imA , transformiert wird. Um durch gerundete Daten entstehende Löcher zu vermeiden, wird dafür zunächst die Lage des transformierten Bildes im neuen Koordinatensystem ermittelt, indem die Ecken von imB transformiert werden. Damit kann die Größe des Bildmosaiks berechnet werden.

Nun wird imA entsprechend erweitert und eine Maske von derselben Größe erstellt, die die Region für das transformierte imB enthält. Für diese Region werden anschließend mithilfe der inversen Homographie die entsprechenden Bildwerte berechnet.

Für das naive Splining wird schließlich das Bildmosaik mittels

$$I_{Mosaik} = (1 - I_{Maske}) \cdot I_{A,erweitert} + I_{Maske} \cdot I_{B,transformiert+erweitert} \quad (1)$$

erstellt.

Für das Multiresolution Splining[1] werden von beiden (erweiterten bzw transformierten) Bildern sowie der Maske Laplacepyramiden erstellt. Dadurch wird der Frequenzbereich in einzelne Bandbreiten von einer Oktave aufgeteilt. Nun wird auf jeder Ebene j wie beim naiven Splining ein Bildmosaik zusammengesetzt:

$$I_{Mosaik,j} = (1 - G_{Maske,j}) \cdot L_{A,erweitert,j} + L_{Maske} \cdot I_{B,transformiert+erweitert,j} \quad (2)$$

Dafür werden für das linke und rechte Bild die Laplacebilder und für die Maske das Gaußbild der entsprechenden Ebene verwendet. Am Ende werden die Bilder der Mosaikpyramide schließlich zu einem Mosaik zusammengefügt.

4 Implementierung

(1-X Seiten)

Hier gebt ihr einen Überblick über eure Implementierung:

Wie habt ihr die im vorhergehenden Abschnitt vorgestellte Methodik praktisch umgesetzt? Wie werden die einzelnen Methoden kombiniert (zB. Implementierungspipeline)?

Hier ist Platz für Implementierungsdetails wie zB. gewählte Parameter. Wie startet der User das Programm? Welche Parameter hat der User zu setzen?

Auch in diesem Abschnitt können Referenzen und Zitate notwendig sein.

4.1 Aufrufen der Image-Stitching-Pipeline und Einlesen der Bilder

- gui.m
- main.m
- mainCMD.m

Die in Abschnitt 3 (Methodik) beschriebene Funktionalität ist in Matlab-Funktionen gegliedert und in main.m zur kompletten Image-Stitching-Pipeline zusammengefügt. Der Prozess wird durch mainCMD('Pfad zum linken Bild', 'Pfad zum rechten Bild', showKeypoints, showMatches, useMRS) gestartet, wobei die letzteren drei Parameter Boolean-Werte sind: showKeypoints bzw. showMatches zeigen vor dem fertigen Bild die gefundenen Keypoints sowie das Matching an. Ist useMRS gesetzt, wird der Multi-Resolution-Spline-Ansatz für das Stitching verwendet, was zu weicheren Bildverläufen/-nähten führt.

Es ist jedoch empfohlen die grafische Oberfläche mittels Aufruf von GUI.m zu verwenden. Alle notwendigen Schritte sind in dieser erklärt.

Die grafische Oberfläche ruft die Methode main auf, in der alle weiteren Methoden der Reihe nach verwendet werden.

Für ein reibungsloses Zusammenspielen der einzelnen Komponenten sind in den Funktions-Headern die Schnittstellen definiert, also das Format der Parameter und Rückgabewerte beschrieben. Für genauere Information zu den einzelnen Funktionen sind daher diese heranzuziehen.

4.2 Bildpyramiden

- createDog.m
- createGaussPyr.m
- createLog.m

Nachdem die Bilder eingelesen wurden werden in einem ersten Schritt im Rahmen der Methode createDoG die Bildpyramiden aufgebaut, die benötigt werden um Interest Points zu finden.

4.3 Position der Interest Points

- findExtrema.m
- removeLowContrast.m
- removeEdges.m

Die generierten DoG-Bilder (Difference of Gaussians) werden daraufhin in der Funktion findExtrema auf Minima und Maxima untersucht. Dabei wird für eine effiziente Berechnung dieser auf einen kleinen Trick zurückgegriffen: Damit ein Pixel mit allen 26 direkten Nachbarn schnell verglichen werden kann, wird das gesamte Bild mithilfe der Funktion imfilter verschoben und verglichen. Die gefundenen Extrema werden in einem weiteren Schritt in der Funktion removeLowContrast dezimiert, indem alle potentiellen Keypoints an deren Stelle kein ausreichender Kontrast vorliegt, verworfen werden. Um die Qualität der verwendeten Keypoints zu verbessern, werden daraufhin in der Methode removeEdges alle Keypoints entfernt die keine Ecken darstellen, das bedeutet Kanten werden verworfen, da diese nicht eindeutig genug wären, um ein Matching zu ermöglichen.

4.4 Keypoint-Umgebungsorientierungen

- findOrientations.m

Im nächsten Schritt werden in der Methode findOrientations für alle Keypoints die Umgebungsorientierungen bestimmt, um Rotationsinvarianz zu gewährleisten. Wie bereits im Abschnitt Methodik beschrieben, werden dazu die Magnituden der Gradienten aller Pixel in einem 9x9-Fenster um den Keypoint nach ihren Orientierungen klassifiziert und die Magnituden

aller Gradienten einer Klasse aufsummiert (es wird also ein Histogramm erstellt). Dabei wird die 4er-Nachbarschaft der Pixel betrachtet. Wichtig ist, dass die Gradienten immer in jenen Scale-Space-Stufen berechnet werden, in denen der Extrempunkt (potentieller Keypoint) gefunden wurde. Um die Orientierungen zu bestimmen, wird `atan2` verwendet, da die Fallbehandlungen die bei `atan` notwendig sind, inkludiert sind. Die Magnituden werden in 36 Klassen (zu je 10°) unterteilt und summiert. Dabei werden sie mit einer um den Keypoints verteilten Gauss'schen Gewichtung versehen. Die Orientierung der dominanten Klasse wird als Umgebungsorientierung des Keypoints herangezogen, wobei einfach der Median des 10° -Intervalls gewählt wird.[4]

4.5 SIFT-Deskriptoren

- `createDescriptors.m`

Nun werden, wie in Methodik beschrieben, die Keypoint-Deskriptoren erstellt. Dies geschieht in der Methode `createDescriptors`, wo für 16 4×4 -Fenster um den Keypoint jeweils wie in `findOrientations` Histogramme der Gradientenmagnituden erstellt werden. Die Gauss'sche Gewichtung erfolgt dabei mit σ von 2. Die Magnituden werden in 8 Klassen aufsummiert. Im Sinne der Rotationsinvarianz werden die Orientierungen relativ zur Keypoint-Umgebungsorientierung bestimmt. Insgesamt ergibt sich somit für einen SIFT-Deskriptor ein Vektor von $16 \times 8 = 128$ Elementen. Diese werden in Folge noch normalisiert (nach euklidischer Norm), und dannach Magnituden größer als $1/5$ auf diesen Wert gesetzt, um den Einfluss von Beleuchtungsunterschieden zu vermindern, (dannach wird erneut normalisiert). Zu beachten ist noch, dass der Einfachheit halber Keypoints, die zu nah an den Bildrändern liegen (so dass die Fenster über den Rand hinausgehen würden), nicht berücksichtigt werden.

4.6 Keypoint-Matching

- `matchKeypoints.m`

Aufgabe dieser Funktion ist es, Keypointpaare mit minimalem Winkelabstand zu finden. Dieser lässt sich leicht aus dem Skalarprodukt der beiden Vektoren ermitteln. Dafür wird über die Liste der Keypoints des ersten Bildes iteriert. Jeder Keypoint wird dabei durch den entsprechenden Zeilenindex in den Positions- und Deskriptormatrizen dargestellt.

Für jeden Deskriptor des ersten Bildes können die entsprechenden Skalarprodukte für alle Deskriptoren des zweiten Bildes mittels einer einzigen Vektor-Matrix-Multiplikation berechnet werden. Der Vektor der zugehörigen Winkel wird daraufhin sortiert, der kleinste gewählt und der entsprechende Deskriptor des zweiten Bildes identifiziert und dessen Index abgespeichert. Die entsprechende Variable *matchInd* hat die Form $matchInd(Index_{KeypointinBild1}) = Index_{KeypointinBild2}$. Auch der Winkelabstand wird abgespeichert.

Als Schwellwert für den Vergleich zwischen kleinstem und zweitkleinstem Winkelabstand wird der Wert 0.6 von Weyand[6] übernommen.

Falls $Index_{KeypointinBild2}$ bereits in *matchInd* abgespeichert wurde, werden die Winkelabstände verglichen. Ist der aktuelle Wert kleiner, wird $Index_{KeypointinBild2}$ an früherer Stelle durch 0 ersetzt.

Am Ende werden die Positionen der zugeordneten Paare $matchInd(Index_{KeypointinBild1} \neq 0)$ zurückgegeben.

4.7 Homographische Transformation

- findHomography.m
- fitSample.m
- normalizeSample.m
- normalizationMatrix.m

In findHomography.m ist der RANSAC-Algorithmus implementiert. Der von Weyand[6] empfohlenen Anzahl an Iterationen, $10 \cdot 2^{AnzahlMatches}$, wurde eine obere Schranke von 10^5 Iterationen hinzugefügt.

Das mittels *datasample* ausgewählte Sample von Matches wird mittels normalizeSample.m normalisiert. normalizeSample.m verwendet dabei die Transformationsmatrizen, die mithilfe von normalizationMatrix.m berechnet werden. Anschließend berechnet fitSample.m die entsprechende Homographie Matrix *H*.

Nun wird *H* in findHomographie auf alle Keypointpaare angewendet und die Inliers werden gezählt. Dabei wird die euklidische Distanz zwischen dem transformierten Punkt und dem zweiten Punkt des Keypointpaares berechnet. Als Schwellwert wird hierbei der Wert 0.02 verwendet. Gegenbenfalls wird die bis zu diesem Punkt beste Matrix *Hbest* durch die aktuelle ersetzt. Am Ende wird *Hbest* zurückgegeben.

4.8 Stitching

- `stitchImages.m`
- `multiResSpline.m`
- `replicateEdge.m`

Zunächst werden die Koordinaten der Eckpunkte des rechten Bildes mithilfe der Homographie-Matrix $HBtoA$ ins Koordinatensystem des linken Bildes transformiert. Dadurch kann die Lage des Bildes und somit die Größe des Bildmosaiks bestimmt werden. Liegt das rechte Bild an manchen Stellen oberhalb des linken Bildes, ist zusätzlich eine Verschiebung in den positiven Koordinatenbereich nötig.

Als nächstes werden die Bildwerte des linken Bildes unter Verwendung der Lageinformation bzw. Verschiebung in das noch leere Bildmosaik eingetragen.

Eine weitere Matrix derselben Größe wird erstellt, die die Werte des zweiten Bildes an der entsprechenden Stelle enthalten soll. Mithilfe der (verschobenen) transformierten Eckpunkte wird eine Maske erstellt, die angibt, welche Punkte im Bildmosaik Bildwerte des rechten Bildes enthalten sollen. Um die entsprechenden Werte zu berechnen, wird diese Maske zurückverschoben und die ursprünglichen Koordinaten werden mittels $HAtob$ ermittelt. Nun können die Bildwerte in die zweite leere Matrix eingetragen werden.

Falls das endgültige Bildmosaik mittels Multiresolution-Spline zusammengefügt werden soll, wird das rechte Bild innerhalb des Mosaiks ein wenig erweitert, indem die Werte an der Kante in die entsprechende Richtung repliziert werden. Dadurch werden die Kanten, die an der Grenze zwischen Bildwerten und Nulleinträgen der Matrix entstehen, verschoben. Da das Splining mit Laplacepyramiden arbeitet, würden diese Kanten andernfalls entlang der Naht unerwünschte Effekte hervorrufen. Der Parameter *width* bestimmt das Ausmaß der Replikation und wird auf 10 (d.h. zehn Zeilen bzw. Spalten) gesetzt. Größere Werte führen zu unerwünschten Unschärfefeffekten. Sollte der Abstand zwischen Naht und Bildrand geringer sein, wird dies berücksichtigt.

Da die Maske unverändert bleibt, wird das Bild im endgültigen Mosaik nicht erweitert.

Dieses wird in `multiResSpline.m` zusammengesetzt. Dafür werden Laplacepyramiden für beide Bilder erstellt. Zusätzlich wird eine Gaußpyramide für die Maske erstellt, was die Übergänge weicher macht. Nach (2) wird das endgültige Mosaik auf jeder Ebene separat zusammengefügt.

Am Ende wird die Pyramide wiederzusammengesetzt und das Bildmosaik zurückgegeben.

Ohne Multiresolution-Spline wird das Mosaik bereits nach dem Einfügen des transformierten Bildes in das zweite leere Mosaik mittels (1) zusammengefügt.

5 Evaluierung

(2-X Seiten)

Hier stellt ihr euren Datensatz vor und beantwortet Evaluierungsfragen: z.B. Fakten zum Datensatz: Anzahl der Bilder, Größe der Bilder, Quelle des Datensatzes (falls selbst aufgenommen: Aufnahmegerät, Einstellungen,... / falls nicht selbst erstellt: Datenbank vorstellen...)

Diskussion der Evaluierungsfragen: Beantwortung der Fragen, Diskussion anhand von Beispielen, Diskussion von Grenzfällen: für welche Bilder funktioniert die Implementierung, für welche nicht? Worin unterscheiden sich diese Bilder? etc.

6 Schlusswort

(max. 1 Seite)

Hier fasst ihr Ergebnisse eures Projekt zusammen:

Welche Schlussfolgerung lässt sich ziehen? Gibt es offene Probleme? Wie lässt sich eure Lösung noch verbessern? etc.

Was für ein Abenteuer :D

Literatur

- [1] Peter J. Burt and Edward H. Adelson. A Multiresolution Spline with Application to Image Mosaics. *ACM Trans. Graph.*, 2(4):217–236, October 1983.
- [2] Elan Dubrovsky. Homography Estimation. Master’s thesis, The University of British Columbia, 2009.
- [3] David Kriegman. Homography Estimation, 2007.
- [4] David G Lowe. Distinctive image features from scale-invariant keypoints. *International journal of computer vision*, 60(2):91–110, 2004.
- [5] Robert Sablatnig and Werner Purgathofer. Einführung in Visual Computing: Skriptum zur VU, 2014.
- [6] Tobias Weyand. Sift demo. tobw.net. Accessed: 16.12.2014.