

Aplicación Bioantropológica para manipulación de *landmarks* faciales en 2D

C.Cintas^{1,2}, M.Quinto-Sánchez¹, G.Bianchi², N.Defossé², C.Delrieux³ y R.Gonzalez-José¹

¹Centro Nacional Patagónico-CONICET.

²Departamento de Informática, Facultad de Ingeniería, Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco.

³UNS - Departamento de Ingeniería Eléctrica y Computadoras. - IIIIE - CONICET.

Resumen

La obtención de coordenadas de *landmarks* en 2 y 3D de modo automatizado y en bases de datos masivas se encuentra en un estado incipiente, a causa de las dificultades técnicas, económicas y operativas que se presentan: debe contarse con dispositivos caros, o no portátiles, capaces de tomar puntos sobre los objetos bajo estudio, y el proceso de *landmarking* suele ser hecho en forma manual por operadores entrenados, con el consiguiente costo en tiempo y riesgo de errores operativos.

En este trabajo se presenta *PopEye*, una aplicación gráfica multiplataforma desarrollada en Python v2.7 para la detección automática de *landmarks* faciales en 2D, edición de la configuración de *landmarks* a utilizar, y exportación de datos en varios formatos, entre ellos para plataformas de Morfometría Geométrica (TPS, MorphoJ), paquetes y programas estadísticos, hojas de cálculo, etc.

Palabras Clave: Procesamiento de Imágenes, Fenotipos, *landmarks*, Genética Forense, Antropología Biológica.

Contexto

El procesamiento de imágenes y video tiene actualmente gran trascendencia por la cantidad de usos científicos y tecnológicos y particularmente en la región de influencia de la

Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco existe una gran demanda de resultados relacionados con estas tecnologías.

La investigación aquí presentada surge del proyecto de investigación Procesamiento Inteligente de Imágenes, acreditado como trabajo colaborativo de los Departamentos de Informática de las Sedes Puerto Madryn y Trelew de la Facultad de Ingeniería, Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco.

Dentro del proyecto se plantean diversas casuísticas en las que se requiere el procesamiento inteligente de imágenes, basadas en situaciones específicas y donde los resultados son de aplicación directa en diferentes contextos. De aquí que se definiera, entre otras líneas de investigación y desarrollo, la Morfometría Geométrica, y el trabajo conjunto con investigadores del Centro Nacional Patagónico CENPAT-CONICET.

Introducción

La Morfometría Geométrica plantea una metodología para el análisis cualitativo de la forma de los objetos, específicamente en los organismos biológicos en general [Zelditch, 2004], [Mitteroecker and Gunz, 2009] y en humanos en particular [Slice, 2005]. Por dicha razón sus aplicaciones principales se encuentran en el análisis del registro fósil, el estudio de los cambios

alométricos [Linde and Houle, 2009], ontogenéticos [Vioarsdóttir et al., 2002], heterocrónicos, la biomecánica [Lieberman et al., 2004], la evaluación de alteraciones en el desarrollo [Klingenberg, 2002], los estudios filogenéticos [González-José et al., 2008], y las comparaciones de variación intra e interpoblacional en el contexto histórico.

La Morfometría Geométrica se basa en el análisis del tamaño y la forma de los especímenes bajo estudio a partir del desplazamiento en el espacio bi o tridimensional de una configuración de puntos anatómicos (*landmarks*) que se establecen siguiendo criterios que determinen que dichos puntos son homólogos desde el punto de vista anatómico y/o geométrico [Zelditch, 2004] a través de la muestra a estudiar (otros organismos de una misma especie, el mismo organismo en diferentes estados de desarrollo, etc.).

La obtención de coordenadas de *landmarks* en 2D y 3D se encuentra en un estado incipiente, dadas las dificultades técnicas, económicas y operativas que se plantean. Sin embargo, su aplicación tiene un potencial impacto muy significativo. Una de las posibles soluciones a este problema radica en obtener coordenadas de *landmarks* 3D a partir del uso de varias tomas fotográficas con diferentes ángulos que, mediante un ajuste fotogramétrico, permitan derivar las ubicaciones en 3D de *landmarks* redundantes (fiduciaros) observados en más de una toma 2D. Dicho procedimiento es laborioso, requiere técnicas fotogramétricas complejas, y está sujeto a errores intra observador e inter toma fotográfica.

En este proyecto se propone investigar e implementar técnicas para la reconstrucción y manipulación de estructuras bi y tridimensionales construidas a partir de los datos provistos por secuencias de fotografías, o videos, tomadas con diferentes ángulos, y su representación estructurada de manera tal que se automatice la inferencia entre datos genotípicos y fenotípicos.

La implementación de esta investigación se encuentra en el marco del proyecto internacional CANDELA, Consorcio para el Análisis de la Diversidad y Evolución de LatinoAmérica¹, cuyo objetivo general es evaluar estadísticamente la

¹ www.ucl.ac.uk/candela



Figura 1: Interfaz Gráfica de *PopEye*

relación entre estimaciones genéticas individuales de ancestría y una serie de fenotipos y actitudes culturales del individuo en torno a los conceptos de raza y su percepción de su propio origen e identidad.

Líneas de Investigación y Desarrollo

Se plantea el estudio de métodos computacionales que permitan la detección automática de *landmarks* faciales en 2 y 3D que sean de interés para el Consorcio CANDELA. Se estudiarán modelos de gestión de la información para facilitar su utilización en la evaluación y descubrimiento de relaciones entre datos fenotípicos y genotípicos.

Se prevé:

1. Investigar y definir técnicas de reconstrucción y meshing en 2D y 3D basadas en *landmarks* obtenidos desde fotografías individuales, secuencias de fotografías no continuas, video y scanners 3D.
2. Implementar la toma de *landmarks* de distintos fenotipos faciales, teniendo como fuente de imágenes la base de datos de CANDELA.
3. Investigar la representación estructurada de los datos para facilitar la inferencia de relaciones entre datos genotípicos y fenotípicos.

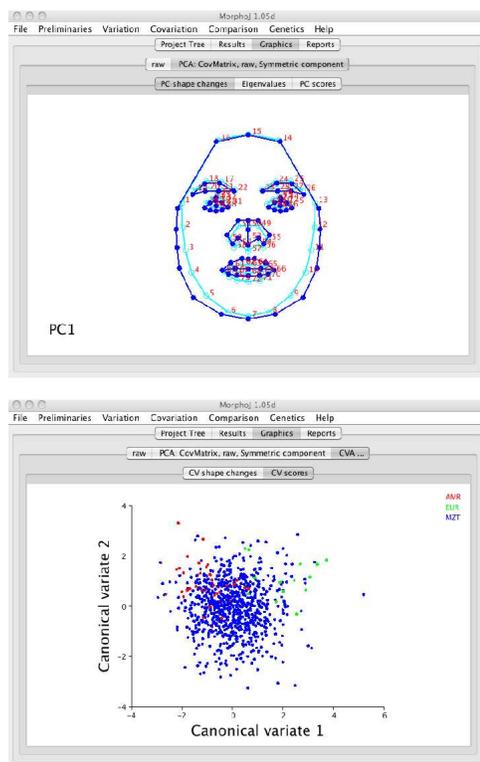


Figura 2: Salida de *PopEye* cargada en MorphoJ

Resultados

Actualmente se encuentra automatizado el *landmarking* facial en 2D de vista frontal. Para la búsqueda del rostro inicial se utiliza el detector de rostros implementado por Viola-Jones, mediante el uso de AAM (Active Appearance Models) [Cootes et al., 2001], [Cootes and Taylor, 2004].

PopEye cuenta con una interfaz gráfica de fácil manejo, realiza el *landmarking* automático, permite la selección previa de la configuración de *landmarks* sobre la cual se desea trabajar y la generación de la salida en formatos usados por software estadístico, plataformas de Morfometría Geométrica (TPS [Rohlf, 2008], MorphoJ [Klingenberg, 2011]) o planillas de hojas de cálculo.

El desarrollo de *PopEye* se realiza en Python, para la Interfaz Gráfica, Figura 1, se utilizó

PyQt², y el framework de máquinas de estado de Qt. Para el *landmarking* automático se definió un wrapper en Python de STASM [Milborrow, 2007] mediante *ctypes*³ y se utilizó Numpy⁴ [Oliphant, 2007] para la manipulación de *landmarks* y Scikit-Image⁵ para el procesamiento de imágenes.

Se realizaron pruebas en modo *batch* con 4013 imágenes, resultando 3996 procesadas exitosamente en 10.38 minutos. En la Figura 2 pueden verse estos resultados cargados en MorphoJ para su análisis. En comparación, un profesional tardaría 15984 minutos (4 minutos por imagen), asumiendo que no tomase descansos y que su concentración no disminuyera con el paso del tiempo y lo repetitivo de la tarea.

Se prevé a futuro:

1. Obtener la reconstrucción 3D a partir de varias imágenes, webcams y sensores 3D.
2. Aplicar técnicas de minería de datos para la búsqueda de las complejas asociaciones fenotípicas-genómicas, a partir de los fenotipos faciales.
3. Implementar soluciones basadas en GPGPU para reducir el tiempo de procesamiento.

Formación de Recursos Humanos

El equipo de trabajo está formado por investigadores y becarios del grupo de investigación GIBEH (Grupo de Investigación en Biología Evolutiva Humana) de CENPAT-CONICET, dirigido por el Dr. Rolando González-José, e integrantes del proyecto de investigación Procesamiento Inteligente de Imágenes, dirigido por el Dr. Claudio Delrieux y codirigido por la Ing. Gloria Bianchi acreditado en la Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco.

²<http://www.riverbankcomputing.co.uk/software/pyqt/intro>

³<http://docs.python.org/2/library/ctypes.html>

⁴<http://www.numpy.org/>

⁵<http://scikit-image.org/>

La Lic. Celia Cintas se encuentra desarrollando su trabajo de tesis doctoral Reconstrucción y Manipulación Computacional de Estructuras 2D y 3D para Morfometría Geométrica Basada en *landmarks*: Aplicaciones al fenotipado forense de ADN, con beca de CONICET, dirigido por el Dr. Rolando González-José y codirigido por el Dr. Claudio Delrieux.

En el marco del proyecto de investigación se encuentra además en desarrollo el plan de trabajo de tesis doctoral del Lic. Cristian Pacheco, Métodos avanzados y acelerados de segmentación y fusión de información en imágenes satelitales, dirigido por el Dr. Héctor del Valle (CENPAT-CONICET) y codirigido por el Dr. Claudio Delrieux, la propuesta de tesis doctoral de la Lic. Romina Stickar, Métodos no supervisados para la evaluación de fauna silvestre utilizando imágenes de sensado remoto, dirigida por el Dr. Claudio Delrieux y la tesina de grado de una alumna avanzada de Licenciatura en Informática.

Referencias

- TF Cootes and CJ Taylor. Statistical models of appearance for computer vision. *Science and Biomedical Engineering University of Manchester*, M:175–200, 2004. doi: 10.1.1.58.1455.
- Tim F. Cootes, G. J. Edwards, and C. J. Taylor. Active appearance models. *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, 23:681–685, 2001. ISSN 01628828. doi: 10.1109/34.927467. URL <http://ieeexplore.ieee.org/lpdocs/epic03/wrapper.htm?arnumber=927467>.
- Rolando González-José, Ignacio Escapa, Walter A Neves, Rubén Cúneo, and Héctor M Pucciarelli. Cladistic analysis of continuous modularized traits provides phylogenetic signals in Homo evolution. *Nature*, 453:775–778, 2008. ISSN 0028-0836. doi: 10.1038/nature06891.
- Christian Peter Klingenberg. Morphometrics and the role of the phenotype in studies of the evolution of developmental mechanisms. In *Gene*, volume 287, pages 3–10, 2002. ISBN 0378-1119 (Print). doi: 10.1016/S0378-1119(01)00867-8.
- Christian Peter Klingenberg. MorphoJ: an integrated software package for geometric morphometrics. *Molecular ecology resources*, 11(2):353–7, March 2011. ISSN 1755-0998. doi: 10.1111/j.1755-0998.2010.02924.x. URL <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/21429143>.
- Daniel E. Lieberman, Gail E. Krovitz, Franklin W. Yates, Maureen Devlin, and Marisa St. Claire. Effects of food processing on masticatory strain and craniofacial growth in a retrognathic face. *Journal of Human Evolution*, 46:655–677, 2004. ISSN 00472484. doi: 10.1016/j.jhevol.2004.03.005.
- Kim Linde and David Houle. Inferring the Nature of Allometry from Geometric Data, 2009. ISSN 0071-3260.
- Stephen Milborrow. *Locating Facial Features with Active Shape Models*. PhD thesis, University of Cape Town, 2007.
- Philipp Mitteroecker and Philipp Gunz. *Advances in Geometric Morphometrics*, 2009. ISSN 0071-3260.
- T.E. Oliphant. Python for Scientific Computing. *Computing in Science & Engineering*, 9, 2007. ISSN 1521-9615. doi: 10.1109/MCSE.2007.58.
- F. Rohlf. tps Relative Warps, versión 1.46., 2008.
- DE Slice. Modern morphometrics. In *Modern morphometrics in physical anthropology*, pages 1–46. 2005. ISBN 0306486970. doi: 10.1007/0-387-27614-9_1. URL http://link.springer.com/chapter/10.1007/0-387-27614-9_1.
- Una Strand Vioarsdóttir, Paul O’Higgins, and Chris Stringer. A geometric morphometric study of regional differences in the ontogeny of the modern human facial skeleton. *Journal of anatomy*, 201:211–229, 2002. ISSN 0021-8782. doi: 10.1046/j.1469-7580.2002.00092.x.
- William L Fink Zelditch. Geometric Morphometrics for Biologists. *Nature Medicine*, 416:443, 2004. ISSN 00255645. doi: 10.1109/CVMP.2011.14.