

Geração de Personagens Virtuais Simulando o Processo Reprodutivo de Seres Diplóides

Autor: Roberto Cesar Cavalcante Vieira

Dissertação apresentada ao
Mestrado em Ciência da Computação
Universidade Federal do Ceará

Orientador: Creto Augusto Vidal, PhD
Co-Orientador: Joaquim Bento Cavalcante Neto, Dr

Fortaleza - Ceará – Brasil

2007

Agradecimentos

Primeiramente, à Deus pelo privilégio de poder participar do programa de Mestrado e aprofundar-me nos meus estudos. Aos meus pais, Henrique Cesar Pires Vieira e Ana Regina Cavalcante Vieira, aos quais dedico este trabalho, pois sem a educação, incentivo e apoio recebidos jamais teria chegado até aqui. Aos meus familiares e amigos pela amizade e carinho. Aos meus orientadores, Creto Vidal e Joaquim Bento, pela confiança, paciência, apoio e conhecimentos transmitidos, desde o meu ingresso no programa. Por fim, a todos que de alguma forma contribuíram para a realização deste trabalho.

Resumo

Em inúmeras aplicações de Computação Gráfica, são necessários personagens virtuais, que podem ser utilizados em animações, aplicações educativas, representação de usuários em aplicações de realidade virtual, etc. Geralmente o número de modelos disponíveis é bastante limitado. Combinações de cor do cabelo, textura da roupa e cor da pele são utilizadas para ampliar as possibilidades de seleção. Neste trabalho, a reprodução humana é simulada para produzir um número ilimitado de personagens, que herdam características dos seus dois ascendentes. As malhas dos modelos são construídas a partir de parâmetros de controle que são distribuídos como genes entre um grupo de cromossomos. Assim, a implementação consiste na distribuição das características, representadas como parâmetros de controle, sobre um número pré-especificado de pares de cromossomos dos pais; seguida pela simulação do processo de geração dos gametas do pai e da mãe, os quais são aleatoriamente combinados através de fecundação simulada. A diversidade é garantida através de três processos aleatórios: 1) a troca aleatória de segmentos durante o crossover que ocorre na prófase I da meiose; 2) o alinhamento aleatório dos cromossomos homólogos durante a metáfase I da meiose; 3) a união aleatória dos gametas masculinos e femininos durante a fecundação.

Abstract

In many Computer Graphics applications, virtual character are needed, and can be used in animations, educational softwares, as an avatar, chosen to represent an user in a virtual reality application, etc. Usually, the available models is very limited. Therefore, combinations of hair color, cloth texture, and skin color are used to increase the selection space. In this paper, human reproduction is mimicked to produce an unlimited number of characters, which inherit traits from two parents. The meshes of all models are constructed based on control parameters that are distributed as genes among a group of chromosomes. Hence, the implementation consists of a pre-selected distribution of characteristics, represented as control parameters, over a pre-determined number of chromosome pairs for both parents; followed by a simulation of the father's and mother's gametes generation; which are randomly combined in a simulated fecundation. The diversity is ensured in three random processes: 1) random exchange of segments during crossover; 2) random alignment of homologous chromosomes at metaphase I of meiosis; and 3) random union of male and female gametes during fecundation.

Índice

Agradecimentos	i
Resumo	ii
Abstract	iii
Lista de figuras	vii
Lista de tabelas	xi
Capítulo 1 - Introdução	1
1.1 - Motivação	1
1.2 - Objetivo	2
1.3 - Estrutura da dissertação	3
Capítulo 2 - Trabalhos Relacionados	4
2.1 - Introdução	4
2.2 - Geração baseada em antropometria	4
2.3 - Geração baseada em morphing 3D	8
2.4 - Geração baseada em algoritmos genéticos	14
2.5 - Considerações Finais	15
Capítulo 3 - Reprodução de Seres Diplóides	16
3.1 - Introdução	16
3.2 - Armazenagem de informações genéticas	16
3.3 - Geração de gametas de seres diplóides	20
3.4 - Fecundação	22
3.4.1 - Dominância incompleta	23
3.4.2 - Herança quantitativa	24
3.5 - Considerações Finais	25
Capítulo 4 - Geração de Personagens Virtuais Simulando o	26
Processo Reprodutivo de Seres Diplóides	
4.1 - Introdução	26
4.2 - Identificação das características genéticas	26
4.3 - Armazenagem das informações genéticas	27
4.4 - Geração de gametas	28

4.4.1 - Duplicação dos cromossomos	29
4.4.2 - Crossover	29
4.4.3 - Simulação da Metáfase I	31
4.4.4 - Simulação da Metáfase II	32
4.5 - Fecundação dos personagens virtuais	34
4.6 - Considerações Finais	36
Capítulo 5 - Geração de Malhas Faciais Controladas por Genótipo	37
5.1 Introdução	37
5.2 Considerações gerais da modelagem facial	37
5.3 Definição das Características dos Cromossomos	42
5.4 Geração de Gametas	43
5.4.1 - Duplicação dos cromossomos	44
5.4.2 - Crossover	45
5.4.3 - Simulação da Metáfase I	45
5.4.4 - Simulação da Metáfase II	46
5.5 - Geração da prole	47
5.6 - Considerações Finais	49
Capítulo 6 - Estudos de Casos: Geração de Malhas Faciais	51
6.1 – Introdução	51
6.2 - Estudo de caso I	51
6.2.1 - Geração dos gametas	52
6.2.2 - Geração da prole	53
6.3 - Estudo de caso II	56
6.3.1 - Geração dos gametas	57
6.3.2 - Geração da prole	58
6.4 - Estudo de caso III	61
6.4.1 - Geração dos gametas	61
6.4.2 - Geração da prole	61
6.5 - Considerações Finais	65
Capítulo 7 - Conclusões	66

7.1 - Principais contribuições	66
7.2 - Trabalhos Futuros	67
Referências Bibliográficas	68

Lista de Figuras

Figura 2.1: Landmarks faciais.	4
Figura 2.2: Tipos de medidas antropométricas.	5
Figura 2.3: Avatares gerados com o sistema criado por De Carlo.	6
Figura 2.4: Sistema de influência de medidas utilizado por De Carlo.	6
Figura 2.5: Modelo base construído com superfície B-Spline.	7
Figura 2.6: Modelo de camadas anatômicas utilizado para animação.	7
Figura 2.7: Modelo com malha triangular, simulando o processo de crescimento.	8
Figura 2.8: Animação do modelo com diferentes idades.	8
Figura 2.9: Processo utilizado por Blanz e Vetter para a geração de novos modelos.	9
Figura 2.10: Alguns resultados da combinação dos modelos.	9
Figura 2.11: Sistema de parametrização gerando modelos a partir da combinação de outros.	10
Figura 2.12: Combinação de duas faces.	10
Figura 2.13: Combinação de modelos de diferentes espécies.	11
Figura 2.14: Construção do modelo completo a partir de outros obtidos por Scanner 3D.	12
Figura 2.15: (a) Modelo base, (b) e (c) Correção do modelo obtido por Scanner 3D para geração de outros modelos por morphing.	12
Figura 2.16: Variação de peso e altura a partir de um modelo original.	13
Figura 2.17: Processo utilizado por Seo e Thalmann para a geração de novos modelos.	13
Figura 2.18: Variação de peso e altura a partir de um modelo original.	14
Figura 2.19: Faces utilizadas para a simulação.	15
Figura 2.20: Faces resultantes da combinação das fotos iniciais com seus respectivos pesos.	15
Figura 3.1: Ilustração de um cromossomo isolado.	17
Figura 3.2: Distribuição de genes em um cromossomo (Amabis & Martho, 1995).	18
Figura 3.3: Cruzamento entre <i>Drosophilas</i> (Amabis & Martho, 1995).	19
Figura 3.4: Etapas do processo de divisão celular meiótico.	20
Figura 3.5: Crossover com 2 e com 1 pontos de permuta de material genético.	21

Figura 3.6: Ilustração de possíveis agrupamentos de cromossomos possibilitados pela segregação independente (Amabis & Martho, 1995).	22
Figura 3.7: Exemplo de dominância incompleta (Amabis & Martho, 1995).	23
Figura 3.8: Exemplo de herança quantitativa (Amabis & Martho, 1995).	24
Figura 4.1: Identificação de landmarks na face e no corpo humano.	26
Figura 4.2: Preparação para o Crossover:(a) Cromossomos homólogos; (b) Cromossomos homólogos duplicados emparelhados.	29
Figura 4.3: Crossover: (a) Cromossomos homólogos duplicados emparelhados;(b) Cromátides homólogas 1 com dois pontos de corte e cromátides homólogas 2 com um ponto de corte.	29
Figura 4.4: Procedimento para simulação do Crossover.	30
Figura 4.5: Procedimento para simulação da Metáfase I.	31
Figura 4.6: Alinhamento dos cromossomos na Metáfase I.	32
Figura 4.7: Alinhamento dos cromossomos na Metáfase II.	32
Figura 4.8: Procedimento para simulação da Metáfase II.	33
Figura 4.9: Procedimento para simulação da Fecundação Única.	34
Figura 4.10: Seleção de um gameta masculino e um gameta feminino para a simulação da fecundação.	35
Figura 4.11: Procedimento para simulação das Fecundações Possíveis.	35
Figura 4.12: Combinação dos 4 gametas masculinos com os 4 gametas femininos, gerando 16 possibilidades de fecundação.	36
Figura 5.1: Continuidade controlada: 4 patches de Bézier.	37
Figura 5.2: Operações de adjacência: ponto e aresta.	38
Figura 5.3: Alguns Landmarks Antropométricos da face.	39
Figura 5.4: Malha base do nariz: ajuste frontal e lateral.	39
Figura 5.5: Face base modelada com patches de Bézier.	40
Figura 5.6: Construção de novos modelos utilizando fotos como referência, sistema de picking e eixos auxiliares (destacado com um círculo).	40
Figura 5.7: Diferentes formatos do nariz, modelados pelo sistema desenvolvido.	41
Figura 5.8: Alterando características utilizando sistema de barras de rolagem.	41
Figura 5.9: Genes baseados em curvatura e medida.	42

Figura 5.10: Distribuição dos genes nos Cromossomos.	43
Figura 5.11: Geração de quatro gametas por interação da simulação.	43
Figura 5.12: Representação da fecundação.	48
Figura 5.13: Zonas de influência dos genes.	48
Figura 5.14: Pontos de fronteira das zonas de influência dos genes.	49
Figura 6.1: Malhas faciais (a) paterna e (b) materna.	51
Figura 6.2: Faces renderizadas de oito descendentes.	53
Figura 6.3: Face gerada a partir da combinação de gametas: G1xG6.	53
Figura 6.4: Face gerada a partir da combinação de gametas: G2xG7.	54
Figura 6.5: Face gerada a partir da combinação de gametas: G3xG5.	54
Figura 6.6: Face gerada a partir da combinação de gametas: G4xG8.	54
Figura 6.7: Face gerada a partir da combinação de gametas: G1xG5.	55
Figura 6.8: Face gerada a partir da combinação de gametas: G2xG8.	55
Figura 6.9: Face gerada a partir da combinação de gametas: G3xG6.	55
Figura 6.10: Face gerada a partir da combinação de gametas: G4xG7.	56
Figura 6.11: Malhas faciais (a) paterna e (b) materna.	56
Figura 6.12: Face gerada a partir da combinação de gametas: G1xG6.	58
Figura 6.13: Face gerada a partir da combinação de gametas: G4xG8.	58
Figura 6.14: Face gerada a partir da combinação de gametas: G1xG5.	59
Figura 6.15: Face gerada a partir da combinação de gametas: G1xG7.	59
Figura 6.16: Face gerada a partir da combinação de gametas: G1xG8.	59
Figura 6.17: Face gerada a partir da combinação de gametas: G2xG5.	60
Figura 6.18: Face gerada a partir da combinação de gametas: G2xG6.	60
Figura 6.19: Face gerada a partir da combinação de gametas: G3xG8.	60
Figura 6.20: Malhas faciais (a) paterna e (b) materna.	61
Figura 6.21: Face gerada a partir da combinação de gametas: G1xG6.	62
Figura 6.22: Face gerada a partir da combinação de gametas: G2xG7.	62
Figura 6.23: Face gerada a partir da combinação de gametas: G4xG8.	62
Figura 6.24: Face gerada a partir da combinação de gametas: G1xG5.	63
Figura 6.25: Face gerada a partir da combinação de gametas: G3xG6.	63
Figura 6.26: Face gerada a partir da combinação de gametas: G4xG7.	63

Figura 6.27: Faces geradas a partir da combinação de gametas com pesos gerados aleatoriamente. 64

Lista de Tabelas

Tabela 5.1: Medidas utilizadas no estudo de caso (baseadas em Landmarks).	42
Tabela 5.2: Gametas gerados na simulação do estudo de caso.	47
Tabela 5.3: Atuação dos genes em relação às zonas de influência.	49
Tabela 6.1: Gametas gerados na simulação do estudo de caso.	52
Tabela 6.2: Gametas gerados na simulação do estudo de caso.	57

Capítulo I

Introdução

1.1 Motivação

O grande desenvolvimento da computação gráfica e da realidade virtual nos últimos anos contribuiu bastante para o surgimento de várias aplicações nas áreas de entretenimento, animação, educação, treinamento, simulação, etc. O avanço dessas tecnologias exige cada vez mais realismo e interatividade em seus ambientes virtuais, além de rapidez no seu desenvolvimento. Um dos grandes problemas atuais na construção dessas aplicações consiste em tornar algumas tarefas automáticas ou com menos interferência humana, reduzindo o tempo e custo de desenvolvimento.

Uma dessas tarefas que exige muito tempo e talento artístico é a concepção e modelagem de personagens virtuais. Em determinadas aplicações, é necessário uma grande quantidade de tais entidades. Seja em animações, jogos ou qualquer aplicação de computação gráfica, é interessante que cada uma dessas entidades sejam dotadas de uma identidade física própria, para que possam ser diferenciados dos demais modelos.

Em inúmeras aplicações de realidade virtual em rede, há necessidade de povoar o ambiente virtual com grande quantidade de personagens. Alguns destes personagens, chamados de avatares, os quais são escolhidos e controlados pelos participantes, representam os mesmos no ambiente virtual. Outros avatares são controlados pelo sistema e desempenham papéis específicos no ambiente (estes avatares são por vezes chamados simulóides).

Seria ideal que a variabilidade de características desses personagens fosse próxima da variabilidade encontrada nos agrupamentos humanos. No entanto, a tarefa de desenvolver modelos virtuais é onerosa, e, por conseguinte, a maioria dos sistemas oferece poucas opções de características corporais distintas, permitindo apenas que o usuário componha seu personagens através da seleção de tipo de cabelo, cor de pele, tipo de vestimenta e algumas poucas opções conseguidas com aplicação de transformações de escala.

O problema tratado neste trabalho pode ser formulado da seguinte maneira: **“É possível tornar o problema de criação de modelos de personagens virtuais, automático e ao mesmo tempo assegurar grande variabilidade?”**.

1.2 Objetivo

A solução proposta neste trabalho para o problema de geração automática de personagens virtuais com garantia de variabilidade é ilustrada na Figura 1.1 e pode ser resumida aos seguintes passos:

1. Identificação das características descritivas do personagem a serem usadas em sua construção;
2. Associação das características identificadas no passo 1 a genes de seres diplóides;
3. Distribuição dos genes em cromossomos homólogos, devendo-se definir o número de cromossomos e o número de genes por cromossomo;
4. Definir os cromossomos de um modelo Pai e de um modelo Mãe a partir das definições do passo 3;
5. Simular o processo de geração dos gametas paternos e maternos;
6. Simular o processo de fecundação.

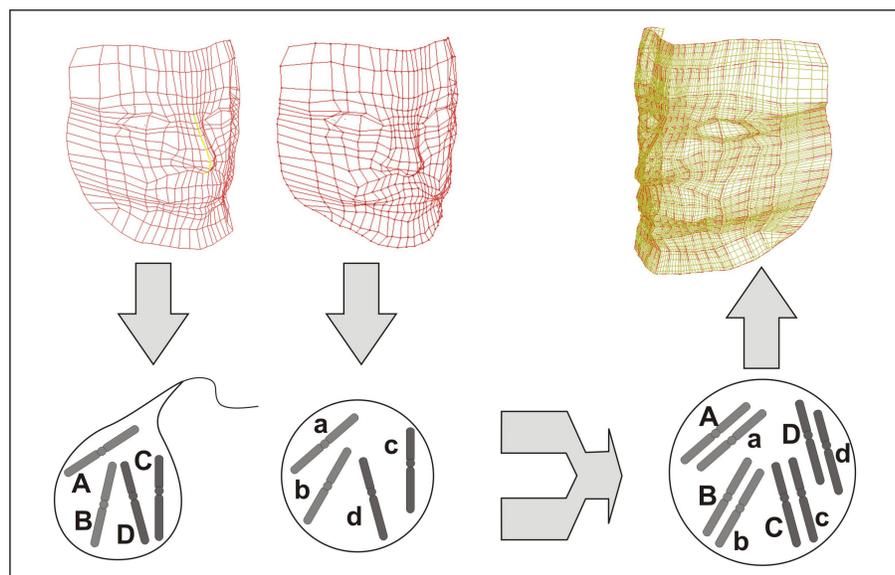


Figura 1.1: Processo de geração de personagens por reprodução simulada.

A solução proposta garante o automatismo da geração dos personagens descendentes que são construídos a partir dos parâmetros de controle especificados nos cromossomos. Garante também a diversidade através de três processos aleatórios: 1) a troca aleatória de segmentos durante o crossover que ocorre na prófase I da meiose; 2) o alinhamento aleatório

dos cromossomos homólogos durante a metáfase I da meiose; e 3) a união aleatória dos gametas masculinos e femininos durante a fecundação.

1.3 Estrutura da dissertação

Os capítulos restantes estão estruturados da seguinte maneira. No Capítulo 2, apresentam-se as propostas de solução encontradas na literatura. No Capítulo 3, é feita uma breve exposição dos conceitos da biologia da reprodução de seres diplóides utilizados na solução proposta neste trabalho. No Capítulo 4, mapeiam-se os conceitos apresentados no Capítulo 3 para o processo de geração de personagens virtuais por reprodução simulada. No Capítulo 5, apresenta-se o sistema utilizado para modelagem e manipulação dos personagens, define-se as características a serem utilizadas no estudo de caso, com a sua distribuição nos cromossomos e o sistema de combinação e adaptação das características ao modelo, gerando os descendentes. No Capítulo 6, são apresentados estudos de casos ilustrando o processo geral descrito no Capítulo 4 focalizando o processo na geração de faces de personagens virtuais. No Capítulo 7, apresentam-se as conclusões e trabalhos futuros.

Capítulo II

Trabalhos Relacionados

2.1 Introdução

Em determinadas aplicações de realidade virtual e jogos, há necessidade de uma grande quantidade de personagens virtuais. Porém, a geração manual desses personagens exige muito tempo e talento artístico. No caso específico de personagens virtuais humanos, a complexidade da anatomia dificulta a geração de modelos realistas e naturais (Noh & Neumann, 1998). Neste capítulo, são apresentados os principais trabalhos que abordam a geração automática de personagens virtuais tridimensionais, visando, principalmente, a obtenção de diversidade. Os trabalhos estão agrupados de acordo com as seguintes técnicas utilizadas: técnicas baseadas em Antropometria, técnicas de Morphing 3D e técnicas baseadas em Algoritmos Genéticos.

2.2 Geração baseada em antropometria

Antropometria é a ciência que estuda as medidas do corpo humano. Para realizar medidas faciais, por exemplo, ela usa pontos bem definidos da face, chamados *Landmarks* (figuras 2.1 e 2.2).

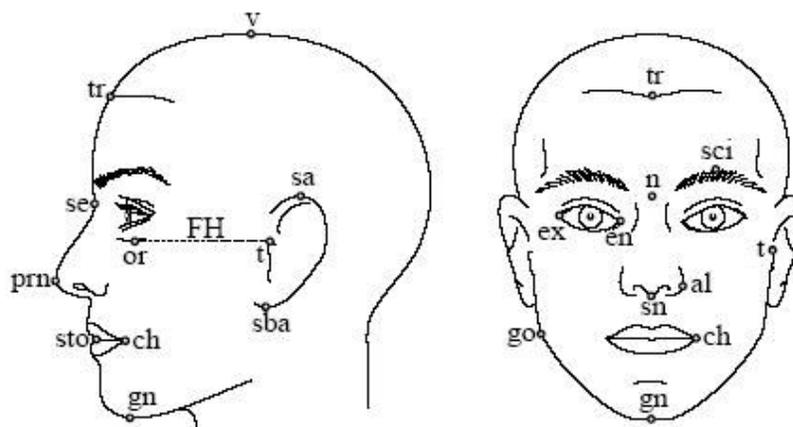


Figura 2.1: Landmarks faciais.

Os cinco tipos de medidas faciais definidos a partir dos *Landmarks* mostrados na Figura 2.1 são:

- Menor distância entre duas *landmarks* (ex:en-ex da Figura 2.1);
- Distância axial entre duas *landmarks* (ex:v-tr da Figura 2.1);
- Distância geodésica entre duas *landmarks* (ex:ch-t da Figura 2.1);
- Ângulo de inclinação de uma *landmark* em relação a um dos eixos de coordenadas (ex: inclinação da orelha em relação ao eixo vertical da Figura 2.2); e
- Ângulo entre pontos (ex: ângulo do queixo da Figura 2.2).

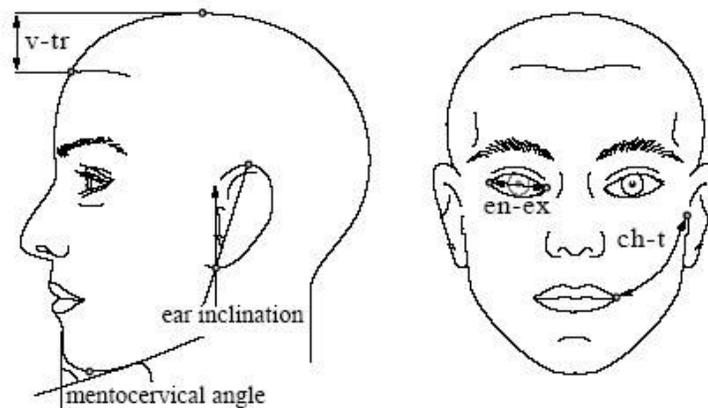


Figura 2.2: Tipos de medidas antropométricas.

Medidas da face humana de diferentes localidades do mundo têm sido coletadas ao longo das últimas décadas, resultando em um banco de dados fornecendo as características predominantes de indivíduos de diferentes etnias, idade e sexo.

Através da utilização de bases de dados como essas, podem-se simular as possíveis variações faciais em um modelo 3D. Algumas medidas iniciais também podem ser atribuídas a um modelo 3D, para que, com base nas estatísticas das proporções, as possíveis variações de medidas dependentes sejam analisadas.

Métodos baseados em antropometria normalmente utilizam os landmarks antropométricos, para modelar personagens e animar esses modelos. Alguns trabalhos utilizam informações antropométricas para validar seus modelos (Blanz & Vetter, 1999).

Em 1998, DeCarlo e seus co-autores (DeCarlo et al., 1998) descreveram um sistema que gera automaticamente modelos de faces (Figura 2.3) para a construção de avatares a serem

utilizados em aplicações de realidade virtual. Esse trabalho foi um dos pioneiros na utilização de técnicas antropométricas (Noh & Neumann,1998) para a geração de faces, e serviu de inspiração para vários outros trabalhos. A metodologia consiste nos seguintes passos: 1) definição de um modelo base que respeita as medidas antropométricas estabelecidas; 2) geração de perturbações aleatórias nessas medidas, dentro de limites de variações definidos pelas estatísticas antropométricas. Com esses dois passos, uma série enorme de variantes do modelo base pode ser gerada (Figura 2.3).



Figura 2.3: Avatares gerados com o sistema criado por De Carlo.

É importante observar que as medidas antropométricas não são independentes (Figura 2.4). Para uma determinada medida, temos um intervalo de possíveis medidas influenciadas pelas anteriores, por este motivo, as características são geradas dentro de intervalos de proporção pré-definidos. Assim, por exemplo, com a definição da medida zy-zy mostrada na Figura 2.4, existem intervalos de proporção para as medidas eu-eu, t-t, ex-ex, n-sn e n-sto. Caso essas dependências não sejam respeitadas, o modelo gerado pode ser desfigurado considerando o espaço definido pela antropometria.

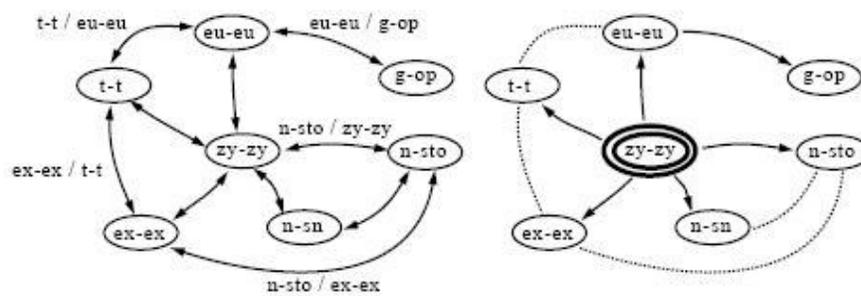


Figura 2.4: Sistema de influência de medidas utilizado por De Carlo.

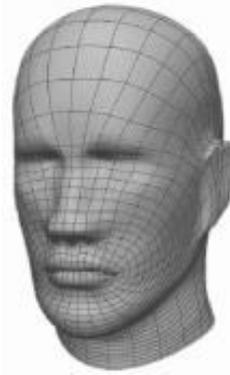


Figura 2.5: Modelo base construído com superfície B-Spline.

O modelo da Figura 2.5 foi usado como base para gerar as faces mostradas na Figura 2.3. Ele foi construído com uma única superfície B-Spline, partindo de uma forma cilíndrica aberta no topo e na base. Essas extremidades correspondem, respectivamente, à boca e ao pescoço. As medidas antropométricas e os *landmarks* descrevem a superfície paramétrica $Q(u,v)$.

A metodologia de De Carlo permite gerar uma grande quantidade de avatares com aparências faciais distintas, porém os modelos gerados são bastante simplificados e são construídos de forma aleatória, não permitindo associações de hereditariedade.

Em 2002, Kähler e seus co-autores (Kähler et al., 2002) propuseram um modelo genérico com camadas anatômicas (pele, músculo e osso) associadas a landmarks antropométricos. Com um algoritmo que utiliza técnicas de deformação é possível adaptar o modelo genérico a dados obtidos por escanerização 3D. Ao invés de gerar novos indivíduos a partir do modelo adaptado, o objetivo principal do trabalho é realizar animações em tempo real usando os músculos faciais e as propriedades de elasticidade da pele (Figura 2.6).

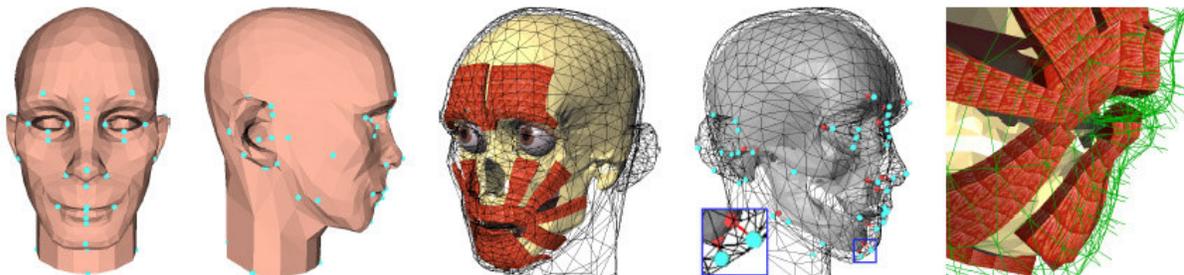


Figura 2.6: Modelo de camadas anatômicas utilizado para animação.

Um outro objetivo do trabalho foi o de simular as alterações faciais de um indivíduo em diferentes fases da vida (Figura 2.7). Para isso, foram usados métodos de adaptação e deformação em malhas triangulares (Figura 2.7) combinados com informações de medidas antropométricas de indivíduos de diferentes idades (Figura 2.8).

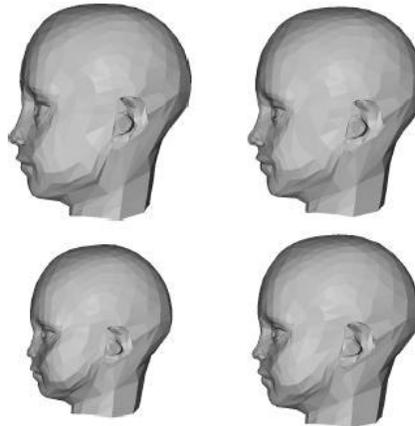


Figura 2.7: Modelo com malha triangular, simulando o processo de crescimento.



Figura 2.8: Animação do modelo com diferentes idades.

2.3 Geração baseada em morphing 3D

As técnicas de morphing 2D e 3D consistem em realizar metamorfoses entre duas imagens ou entre dois modelos 3D. Para isso, é necessário estabelecer correspondências entre os modelos, o que, muitas vezes, exige trabalho manual intenso e dificulta sua automatização.

Em 1999, Blanz e Vetter (Blanz & Vetter, 1999) desenvolveram um método para síntese de faces tridimensionais através de técnicas de morphing, a qual consiste em realizar

metamorfoses entre modelos 3D, obtendo um modelo com aparência intermediária dos modelos originais (Figura 2.9). Os modelos originais são gerados a partir de fotografias ou obtidos por Scanner 3D, para a geração de modelos baseados em malhas poligonais.

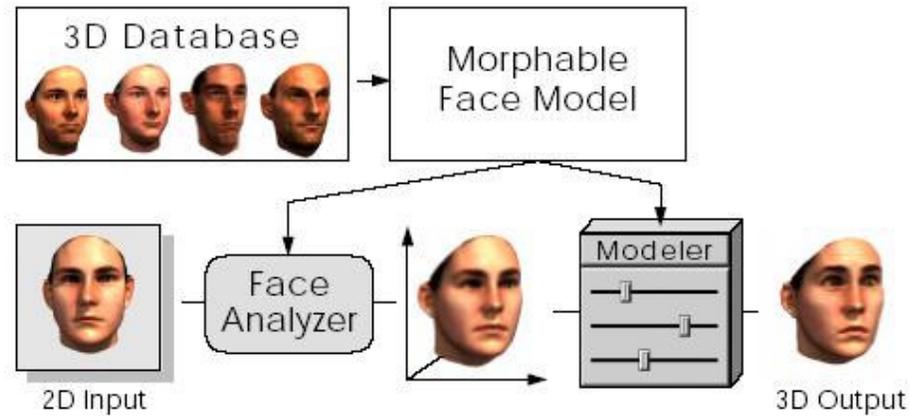


Figura 2.9: Processo utilizado por Blanz e Vetter para a geração de novos modelos.

Na Figura 2.10, novas faces são obtidas, a partir de um conjunto de faces iniciais, por meio de interpolações lineares dos parâmetros que definem suas formas e das texturas que definem sua coloração. Os parâmetros e as estatísticas antropométricas são levadas em consideração.

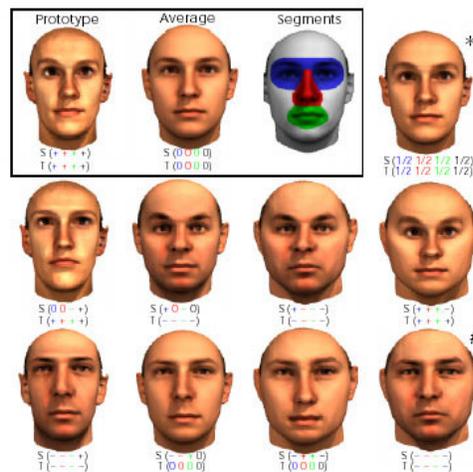


Figura 2.10: Alguns resultados da combinação dos modelos.

A correspondência precisa entre pontos (ponta do nariz, cantos do olho, etc.) é fundamental para a técnica de Morphing e para a obtenção de modelos intermediários coerentes. Essa é uma das principais dificuldades do processo.

Para demonstrar sua técnica, Blanz e Vetter construíram uma base de dados com 200 faces obtidas por scanner 3D (100 faces masculinas e 100 faces femininas) utilizando uma representação cilíndrica, $r(h,\theta)$, com 512 ângulos e 512 curvas de nível. As cores de cada ponto também foram armazenadas em RGB ($R(h,\theta)$, $G(h,\theta)$, $B(h,\theta)$). Os modelos resultantes possuem aproximadamente 70.000 pontos. Por utilizar um grande volume de dados, o tempo médio de processamento para estabelecer as correspondências para gerar uma face, a partir de uma imagem é de aproximadamente 50 minutos.

Em 2001, Praun e seus co-autores (Praun et al., 2001) utilizaram uma técnica para estabelecer uma parametrização entre um grupo de modelos (Figura 2.11).

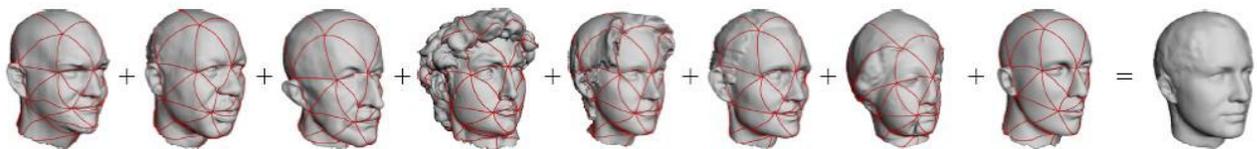


Figura 2.11: Sistema de parametrização gerando modelos a partir da combinação de outros.

Essa técnica permite estabelecer correspondências geométricas globais entre os modelos, para posteriormente combiná-los utilizando morphing (Figura 2.12), ou para transferir texturas de um modelo para outro.

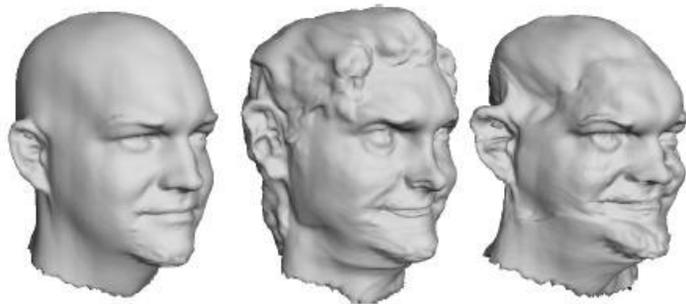


Figura 2.12: Combinação de duas faces.

Dado um domínio e um grupo de modelos com diferentes características, é traçado uma rede de curvas, topologicamente equivalentes às conexões do domínio base (Figura 2.13), em cada malha do conjunto. Para este método, não é necessário que os modelos sejam parecidos geometricamente. Com a identificação das partes associadas a cada modelo, é possível combiná-los, mantendo as conexões das curvas de forma suave e coerente.

Em seu trabalho, Praun, combinou malhas de modelos de animais de espécies diferentes (cavalo, vaca, humano), especificando porcentagens de influência no modelo resultante, obtendo malhas aproximadas a partir desses pesos (Figura 2.13).

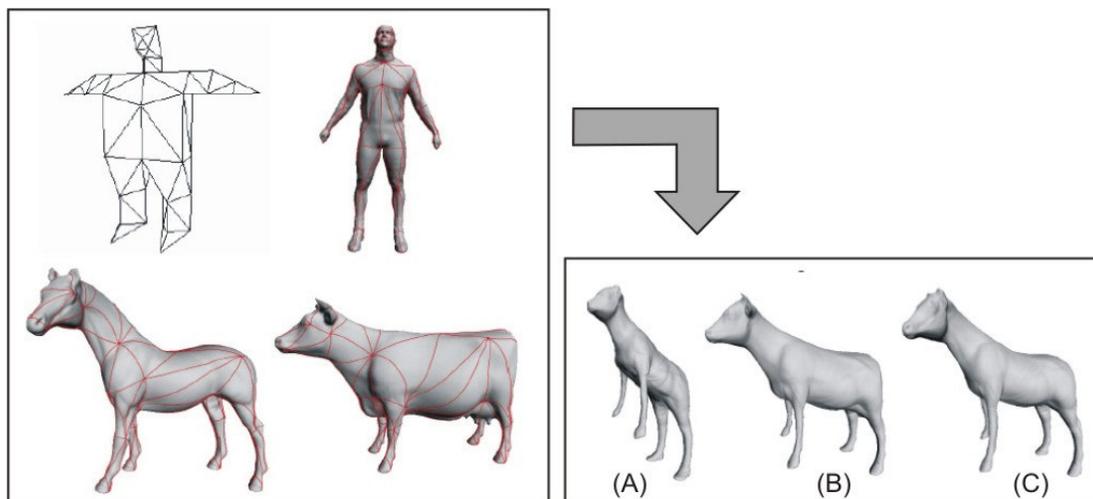


Figura 2.13: Combinação de modelos de diferentes espécies. (a) 50% Humano, 25% Cavalo e 25% Vaca; (b) 25% Humano, 50% Vaca e 25% Cavalo; (c) 25% Humano, 25% Vaca e 50% Cavalo.

Em 2003, Allen e seus co-autores (Allen et al., 2003), baseando-se no trabalho de Blanz e Vetter, expandiram a técnica para o corpo humano inteiro, utilizando parametrização. Os modelos escanezados, utilizados no trabalho, foram obtidos a partir do *Civilian American and European Surface Anthropometry Resource Project* (CAESAR), que possui um banco de milhares de modelos de voluntários entre 18 e 45 anos dos Estados Unidos e Europa. Foram utilizados modelos de 125 homens e 125 mulheres com variações de altura, peso e etnia, com malhas que possuem entre 250.000 e 350.000 triângulos com informações de cores por vértice.

O uso de *scanners* 3D, às vezes, gera modelos incompletos, com imperfeições ou com ruídos. Esses problemas precisam ser corrigidos, o que requer grande esforço computacional (Figura 2.14).

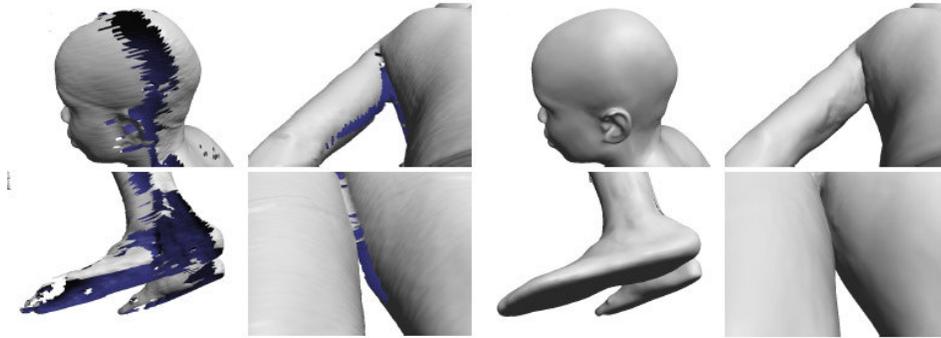


Figura 2.14: Construção do modelo completo a partir de outros obtidos por Scanner 3D.

Um outro fato complicador para a técnica de morphing é que os modelos do banco de dados, embora possuam a mesma estrutura, apresentam grandes variações no formato corporal e nas correspondências entre pontos (Figura 2.15).

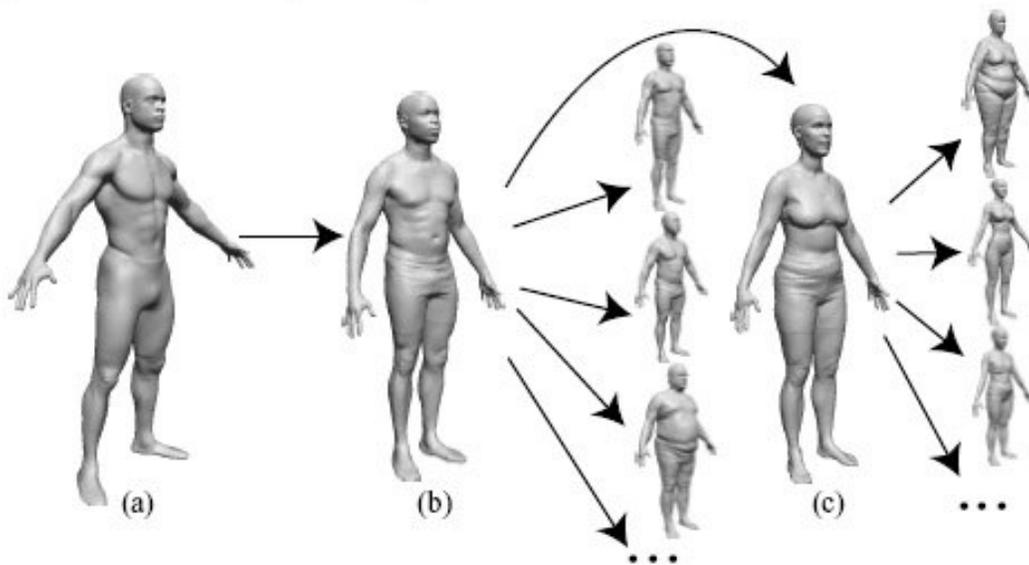


Figura 2.15: (a) Modelo base, (b) e (c) Correção do modelo obtido por Scanner 3D para geração de outros modelos por morphing.

Estudando as características das malhas do banco, Allen e seus co-autores conseguiram gerar novos modelos modificando atributos, como altura e peso (Figura 2.16), também conseguiram transferir controles de animação entre os modelos gerados.

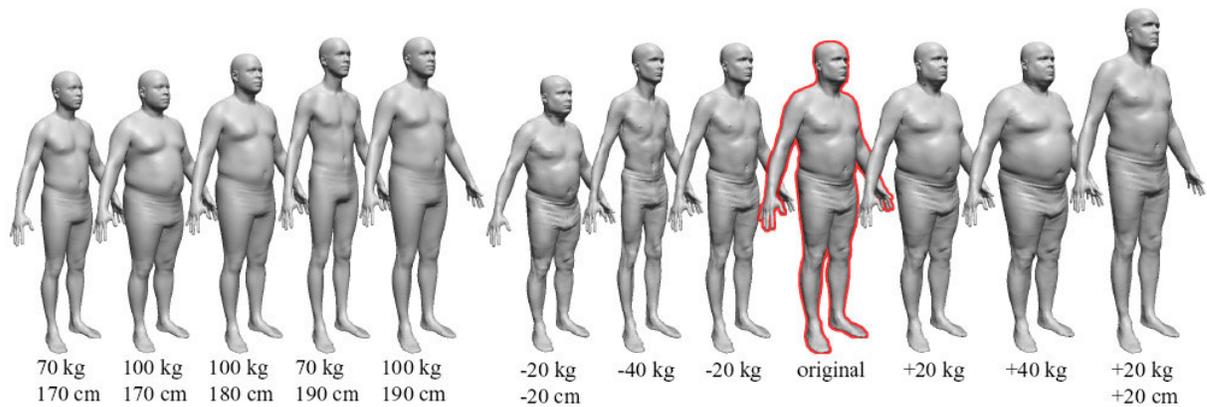


Figura 2.16: Variação de peso e altura a partir de um modelo original.

Em 2003, Seo e Thalmann (Seo & Thalmann, 2003), usando patches de Bézier, desenvolveram um modelo base que se adapta aos dados obtidos por *scanners* 3D (figuras 2.17 e 2.18) para gerar novos personagens. Os dados utilizados para guiar a adaptação do modelo base e gerar um novo modelo são oriundos da combinação de medidas de modelos disponíveis em uma base de dados corporais e da entrada de parâmetros pré-definidos (Figura 2.17).

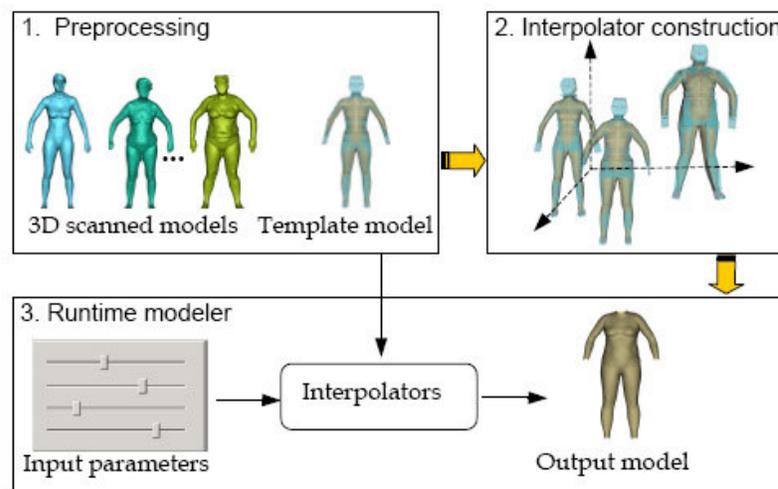


Figura 2.17: Processo utilizado por Seo e Thalmann para a geração de novos modelos.

Existem várias vantagens para essa abordagem. Encontrando os parâmetros apropriados para o modelo adaptável, os modelos passam a ter a mesma topologia, com o mesmo número de vértices e as mesmas relações hierárquicas. Com uma topologia predeterminada, é possível descrever a forma do objeto vetorialmente, podendo alterar o nível

de detalhes do mesmo de forma simplificada. Também é possível extrair informações e manipular a superfície de forma mais eficiente. Caso fosse utilizado o modelo de malha poligonal obtido a partir de scanner 3D, como fez Allen e seus co-autores, seria necessário reconstruir as imperfeições e partes incompletas, elevando o custo computacional do método, tanto para a construção do modelo, como para manipulação posterior para animação.

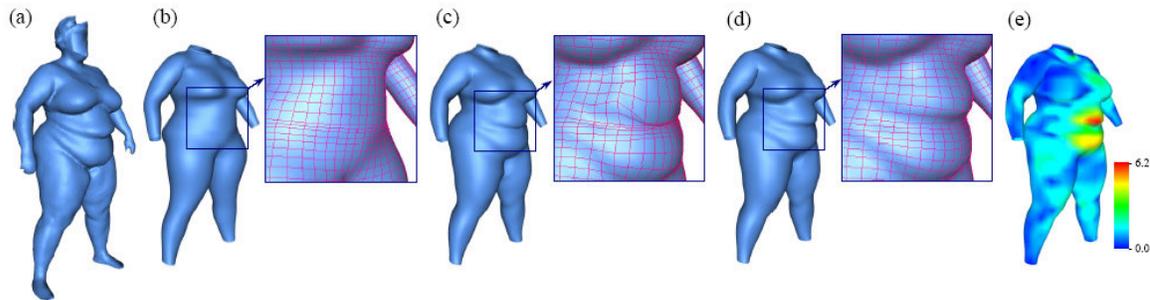


Figura 2.18: Variação de peso e altura a partir de um modelo original.

2.4 Geração baseada em algoritmos genéticos

A técnica de algoritmos genéticos, usada para diversos fins na ciência da computação, se inspira nas teorias da evolução da biologia, utilizando conceitos de hereditariedade, mutação, seleção natural e recombinação. Assim, dada uma população inicial de informações, são feitas combinações dos seus cromossomos, na busca de soluções aproximadas melhores para o problema. A cada geração é feita uma avaliação com a seleção de indivíduos mais apropriados para as interações seguintes, formando novas populações. Esse processo é realizado até que se chegue a um resultado satisfatório. Normalmente essa técnica é utilizada para convergir um grupo de dados para uma solução otimizada.

Em 1999, Hancock e seus co-autores (Hancock & Frowd, 1999) desenvolveram um sistema para geração de imagens de alta qualidade pela recombinação aleatória (usando algoritmos genéticos) de componentes faciais relevantes visando gerar faces parecidas com uma face alvo. Uma aplicação prática para o sistema, é a geração de uma imagem de um suspeito de um crime a partir da descrição de uma testemunha.

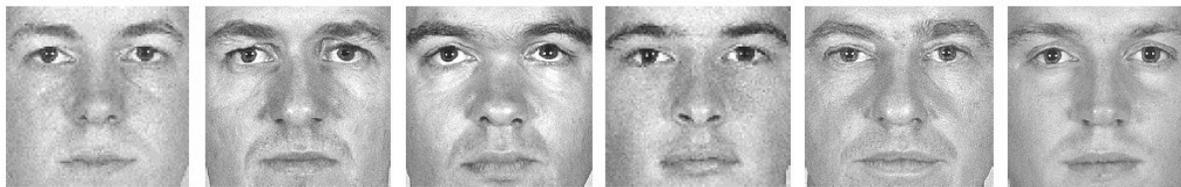


Figura 2.19: Faces utilizadas para a simulação.

Partindo de um conjunto inicial de faces (Figura 2.19), são atribuídos pesos a cada face, de acordo com a sua semelhança com o alvo a ser atingido. Com todas as fotos devidamente associadas de acordo com as técnicas de morphing (associação de pontos, como: cantos dos olhos, boca, etc.), foi possível gerar um conjunto de faces resultantes (Figura 2.20), que podem ser recombinadas, com a atribuição de novos pesos, até atingir o grau de semelhança desejado.



Figura 2.20: Faces resultantes da combinação das fotos iniciais com seus respectivos pesos.

2.5 Considerações Finais

Existem diversas técnicas para a geração de novos modelos a partir da combinação de modelos existentes. Nesta seção, os trabalhos foram divididos em técnicas baseadas em antropometria, morphing e algoritmos genéticos, apesar de em determinados momentos uma técnica fazer uso de outra, como foi visto na descrição dos trabalhos. O método proposto nesta dissertação usa informações da Antropometria, para a construção do modelo tridimensional e manipulação do mesmo. São feitas combinações de informações dos modelos materno e paterno para a geração dos modelos descendentes, usando conceitos semelhantes ao de algoritmos genéticos. No entanto, diferentemente da técnica de algoritmos genéticos, que tem como objetivo convergir para uma solução desejada, a técnica proposta neste trabalho almeja a diversidade a partir de ancestrais. No Capítulo 3, são apresentados os conceitos biológicos da reprodução de seres diplóides.

Capítulo III

Reprodução de Seres Diplóides

3.1 Introdução

A hereditariedade pode ser conceituada como o fenômeno que justifica as semelhanças entre ascendentes e descendentes. As leis da hereditariedade que revolucionaram a Biologia e tornaram-se a base da Genética Moderna foram descobertas por um monge austríaco — Gregor Mendel. Mendel descobriu um princípio genético fundamental: a existência de características como as cores das flores que, segundo ele, é devida a um par de unidades elementares de hereditariedade, hoje conhecidas como genes.

Do resultado de suas observações, Mendel formulou suas três teorias básicas, conhecidas como Leis de Mendel:

- Primeira Lei de Mendel (princípio da segregação dos caracteres) – as células sexuais femininas ou masculinas devem conter apenas um fator para cada característica transmitida;
- Segunda Lei de Mendel (princípio da transferência dos caracteres) – cada característica hereditária é transmitida independentemente das demais;
- Terceira Lei de Mendel (conceitos da dominância) – os seres híbridos apresentam um caráter dominante que encobre segundo determinadas proporções o chamado caráter recessivo.

Neste capítulo será descrito o processo biológico da reprodução dos seres diplóides, passando pelos conceitos de armazenamento das informações genéticas, geração de gametas e fecundação.

3.2 Armazenagem de informações genéticas

As características genéticas dos seres vivos estão codificadas nos cromossomos (Figura 3.1). Um cromossomo é uma longa molécula de DNA associada a moléculas de histonas, um tipo especial de proteína. Nos seres chamados diplóides, o número total de características genéticas é distribuído em n subconjuntos, cada subconjunto é armazenado em um par de cromossomos, cromossomos homólogos (um cromossomo registrando as características

oriundas do pai e o outro as características oriundas da mãe). Cada característica armazenada em um cromossomo é chamada gene (na verdade o gene está associado à produção de uma proteína específica). Genes correspondentes nos cromossomos homólogos (genes que ocupam a mesma posição no cromossomo) são chamados de genes alelos.

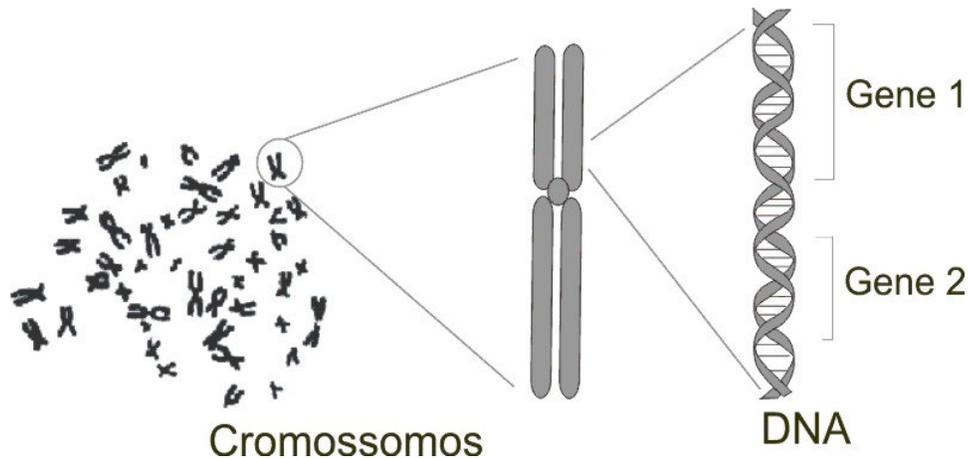


Figura 3.1: Ilustração de um cromossomo isolado.

O lugar certo, invariável, de cada gene num cromossomo, recebe o nome de locus ou loci. Um gene para a cor do corpo da mosca *Drosophila* nunca ocupa o locus do gene para a cor dos olhos e nunca forma com esse um par. Portanto não é seu alelo. Um gene para cor do corpo só pode ser alelo de outro gene para cor do corpo (Figura 3.2).

Estudos realizados com a mosca *Drosophila melanogaster* contribuíram bastante para decifrar os princípios fundamentais da genética. Isso se deve aos seguintes fatos:

- A *Drosophila* é de fácil criação;
- Possui um ciclo de vida curto;
- Existem mutantes conhecidas (modificações na cor do olho, na forma da asa, na cor do corpo, etc.) e isoladas em laboratório;
- A *Drosophila* possui apenas quatro cromossomos, facilitando a localização dos genes; e
- A produção de novas gerações ocorre a cada duas semanas, o que facilita os testes de cruzamentos.

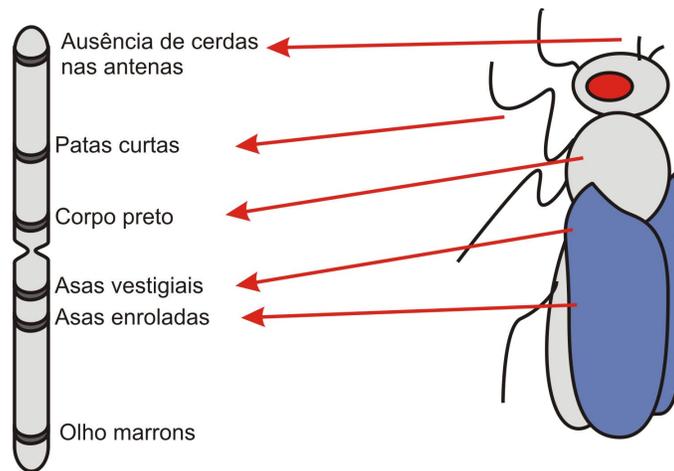


Figura 3.2: Distribuição de genes em um cromossomo (Amabis & Martho, 1995).

A constituição genética de um indivíduo é o seu genótipo. Ele é representado por letras conforme as convenções:

- A letra que designa a manifestação dominante deve ser a mesma que designa a manifestação recessiva;
- A manifestação dominante é representada por uma letra maiúscula e a recessiva por uma letra minúscula;
- A letra preferível deve ser a inicial da manifestação recessiva. Ex: nas drosophilas, a cor do corpo preta é recessiva, representamos o gene para a cor do corpo cinza por P e gene para a cor preta por p; as asas vestigiais (curtas e não desenvolvidas) originam-se de um gene recessivo, representado por v e o gene dominante para asas longas por V.

Dessa forma, uma drosophila cinza pode ser homocigótica (PP) ou heterocigótica (Pp). Mas a preta tem forçosamente de ser pp (Figura 3.3).

A manifestação observável do genótipo é o que se chama fenótipo. Essa manifestação pode ser morfológica, fisiológica ou comportamental. Também fazem parte do fenótipo características microscópicas e de natureza bioquímica, que necessitam de testes para a sua identificação.

Características fenotípicas visíveis são, por exemplo, a cor de uma flor, a cor dos olhos de uma pessoa, a textura do cabelo, etc.; já o tipo sanguíneo e a seqüência de aminoácidos de uma proteína são características fenotípicas reveladas apenas mediante testes especiais.

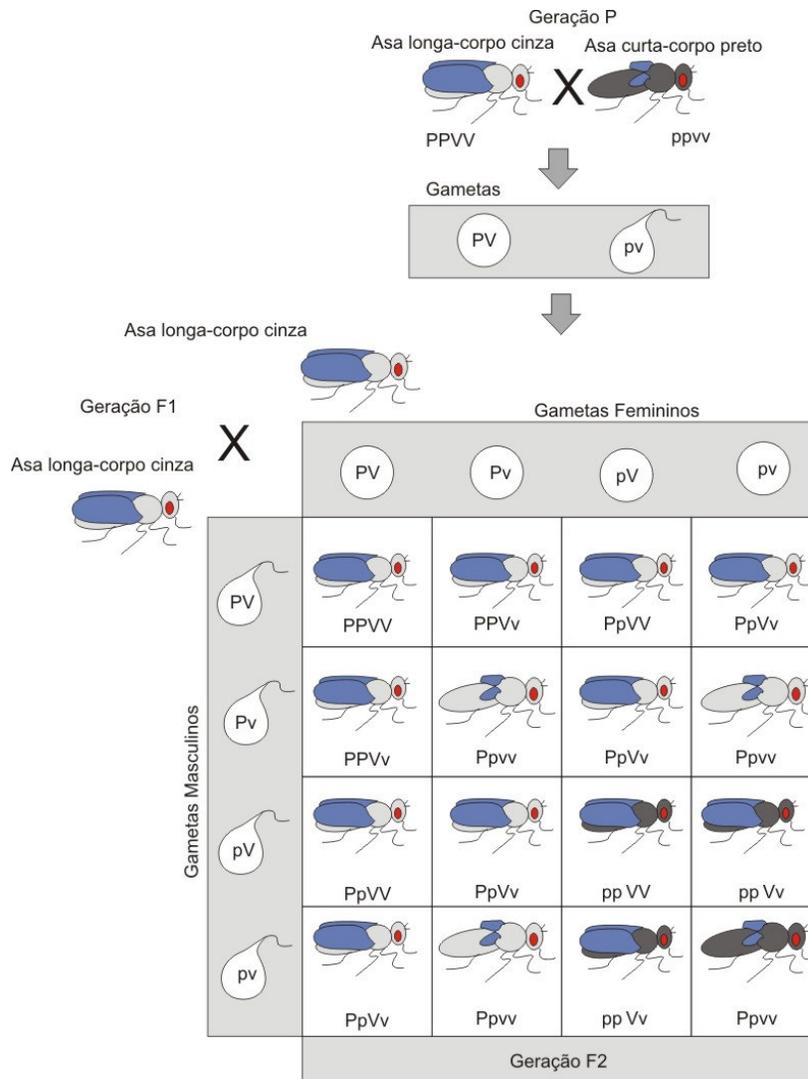


Figura 3.3: Cruzamento entre Drosophilas (Amabis & Martho, 1995).

O fenótipo de um indivíduo sofre transformações com o passar do tempo, à medida que ele envelhece. Fatores ambientais também podem alterar o fenótipo de um indivíduo.

Todas as células de um ser diplóide adulto originam-se de uma única célula, o óvulo fecundado. Essa célula-ovo ou zigoto, por meio de divisões celulares sucessivas, propicia a formação de organismos complexos, dotados de bilhões de células. Essas inúmeras células podem ser agrupadas de duas maneiras diferentes: as células somáticas (com 2n cromossomos), que em conjunto formam o corpo do indivíduo, e os gametas (com n cromossomos), destinados à perpetuação da espécie. Nos seres humanos, as células somáticas possuem 23 pares de cromossomos (2n = 46 cromossomos) e os gametas (óvulos e espermatozóides) possuem 23 cromossomos (n = 23 cromossomos).

3.3 Geração de gametas de seres diplóides

Células somáticas especializadas chamadas células germinativas sofrem um processo de divisão celular especial chamado meiose que resulta em gametas. Através da meiose, uma célula germinativa gera quatro gametas (células haplóides). A meiose ocorre em oito fases distintas, precedida de uma fase de duplicação dos cromossomos chamada Intérfase: Prófase I, Metáfase I, Anáfase I, Telófase I, Prófase II, Metáfase II, Anáfase II, Telófase II (Figure 3.4). A Figura 3.4 ilustra o processo de geração de gametas a partir de uma célula com dois cromossomos heterozigotos. Em algumas dessas fases ocorrem processos de natureza aleatória que são responsáveis pela diversidade dos descendentes.

No primeiro desses processos aleatórios, conhecido como permutação ou crossing over, o qual ocorre na Prófase I, pedaços correspondentes de alguns dos cromossomos homólogos duplicados são trocados entre si. Assim o novo par de cromossomos homólogos duplicados já é diferente do par duplicado da célula original (Figura 3.5).

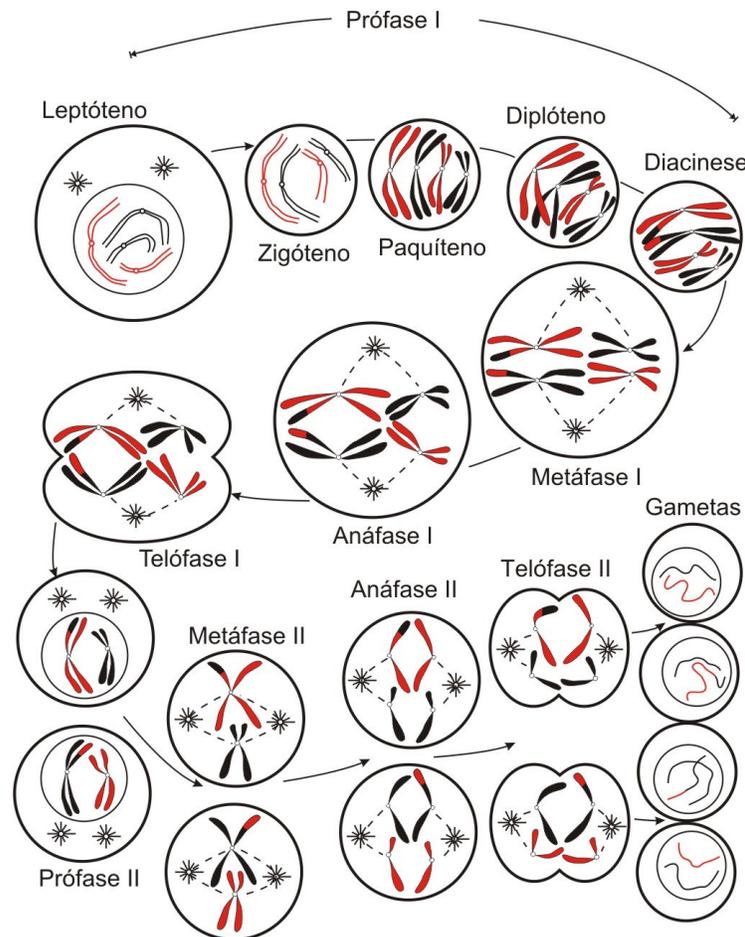


figura 3.4: Etapas do processo de divisão celular meiótico.

A aleatoriedade do crossover se deve tanto ao fato de que os tamanhos e os números de pedaços trocados em um par de cromossomos homólogos não são determinísticos, quanto ao fato de que não é determinístico em quais dos n pares de cromossomos homólogos o crossover ocorrerá, ou se ocorrerá. Com base em cruzamentos teste, é possível estimar a frequência de recombinação entre dois genes, assim como a distância entre eles, pois a frequência de recombinação é diretamente proporcional à distância entre os genes.

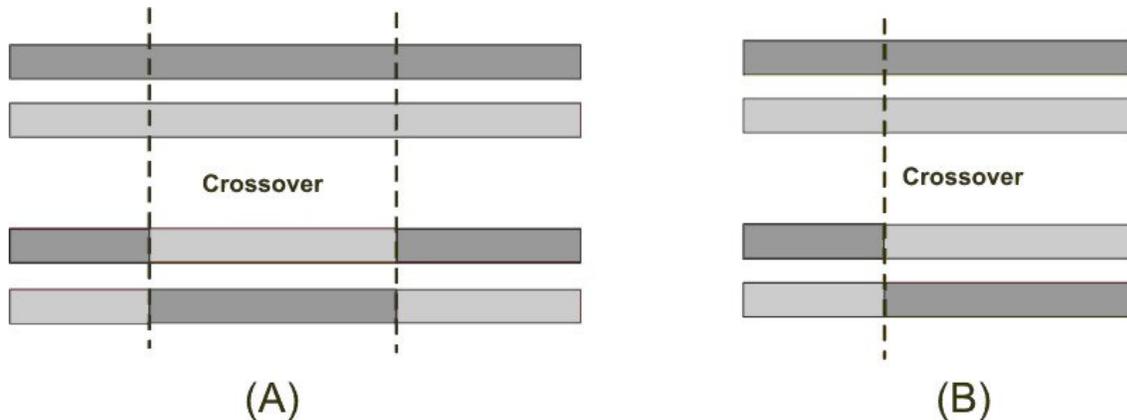


Figura 3.5: Crossover com 2 (A) e com 1 (B) pontos de permuta de material genético.

No segundo desses processos aleatórios, que ocorre tanto na Metáfase I quanto na Metáfase II, durante o alinhamento dos n pares de cromossomos homólogos, não é determinístico quais são os n cromossomos que ficarão em uma célula e quais os n cromossomos que ficarão na outra célula após a divisão celular (vide Figura 3.4).

Em síntese, para a geração dos gametas, cada cromossomo separa-se do seu homólogo, formando células haplóides. Esse processo leva a um fenômeno chamado segregação independente dos homólogos. Isso significa que a geração dos gametas ocorre por uma combinação independente dos cromossomos homólogos, possibilitando a geração de uma variedade enorme de gametas.

A lei da herança ou lei da segregação independente (segunda lei de Mendel), define que os fatores para duas ou mais características segregam-se, distribuindo-se de forma independente para os gametas, onde se combinam ao acaso (durante a Metáfase I e II da meiose). Desta forma, cromossomos homólogos de origem materna e paterna podem combinar-se livremente, levando à segregação independente de genes situados em cromossomos distintos, como ilustra a figura 3.6.

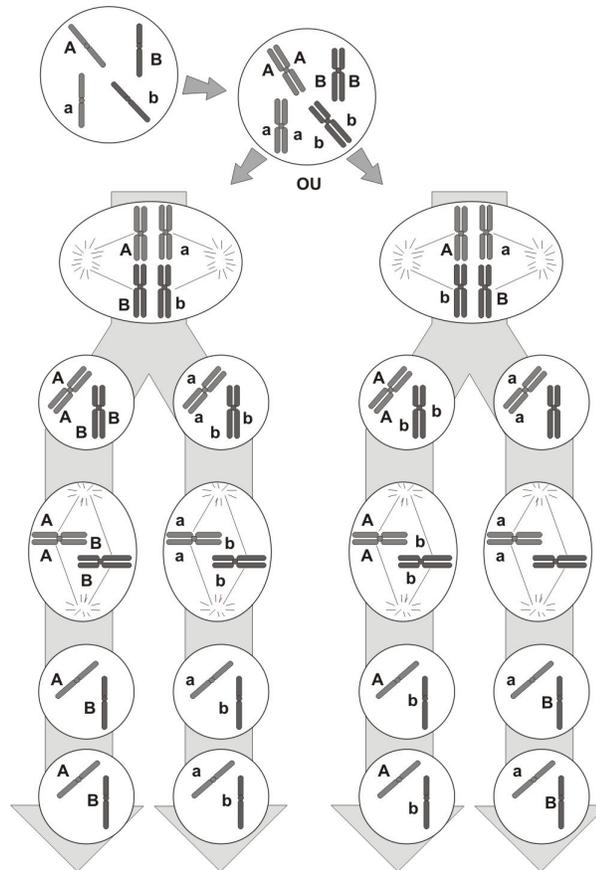


Figura 3.6: Ilustração de possíveis agrupamentos de cromossomos possibilitados pela segregação independente (Amabis & Martho, 1995).

No processo de divisão celular de uma célula duplo-heterozigota $AaBb$ (Figura 3.6), com o par de alelos Aa situados em cromossomos diferentes do par Bb , podem ocorrer dois casos durante a Metáfase I:

- O homólogo portador do gene dominante A pode ligar-se ao mesmo pólo do gene dominante B e o gene recessivo a , ao recessivo b , gerando gametas homocigotos AB e ab .
- O homólogo portador do gene dominante A pode ligar-se ao mesmo pólo do gene recessivo b e o gene recessivo a , ao dominante B , gerando gametas heterocigotos Ab e aB .

3.4 Fecundação

Cada gameta gerado por dois indivíduos diplóides, possui apenas um dos alelos de cada gene. A fecundação faz com que os alelos dos gametas se reúnam para formar um ser

diplóide. A combinação de alelos poderá ocorrer por dominância, por recessividade, dominância incompleta ou por herança quantitativa. No caso de heterozigotos, o gene dominante, levará a um fenótipo da sua característica, apesar de também possuir um gene recessivo. Existem casos onde a situação de dominância e recessividade não ocorre por completo, são os casos de dominância incompleta, onde os indivíduos heterozigotos apresentam características intermediárias entre os fenótipos dos homozigotos. Os casos onde uma característica é influenciada por mais de um gene são chamados de herança quantitativa.

3.4.1 Dominância incompleta

A dominância incompleta ocorre quando a combinação dos genes de um heterozigoto gera fenótipos intermediários e distintos dos homozigotos. Assim, por exemplo, plantas boca-de-leão homozigóticas com flor branca pura e com flor vermelha pura podem ser combinadas para formar uma planta heterozigótica com flores cor-de-rosa (Figura 3.7). Em animais, esse tipo de dominância também pode ocorrer. No caso da plumagem de algumas raças de galinha, o cruzamento entre galinhas puras, com plumagem branca e galinhas puras com plumagem preta, pode gerar descendentes com plumagem azulada.

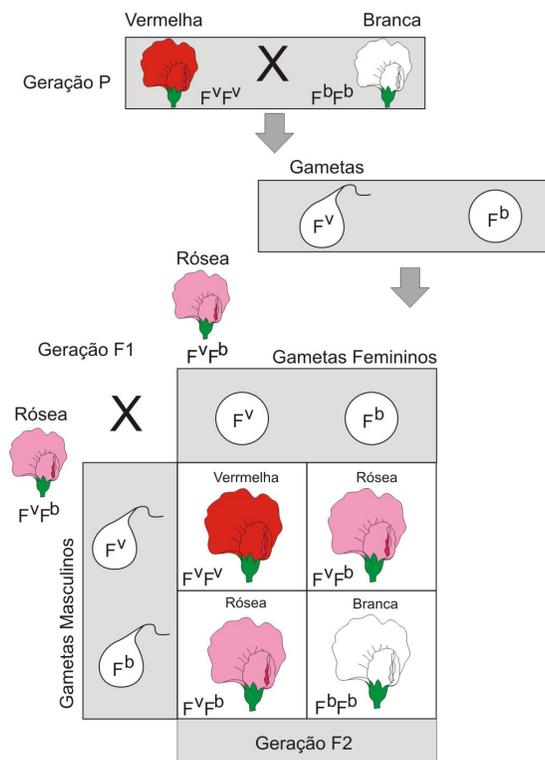


Figura 3.7: Exemplo de dominância incompleta (Amabis & Martho, 1995).

3.4.2 Herança quantitativa

Características como altura, peso, cor, etc., são resultados do efeito cumulativo de muitos genes, cada um com contribuição própria para o fenótipo. O tipo de herança, onde participam dois ou mais genes, com ou sem segregação independente, é denominada herança quantitativa ou poligênica.

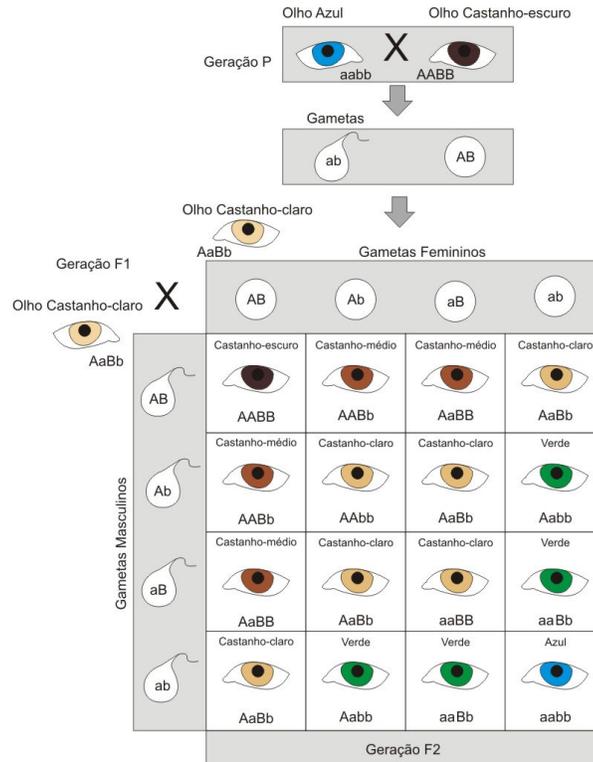


Figura 3.8: Exemplo de herança quantitativa (Amabis & Martho, 1995).

O caráter cor da pele, na espécie humana, segue a herança quantitativa e parece ser controlada por dois pares de alelos, Pp e Ss , que se segregam independentemente. Os alelos representados pelas letras maiúsculas P e S determinam a produção de grande quantidade de melanina nas células da pele, enquanto os representados pelas letras minúsculas (p e s) determinam uma menor produção de melanina. Desta forma, pessoas com genótipo $PPSS$ possuem pele mais escura, as com genótipo $ppss$ possuem peles mais claras e os heterozigotos possuem cores intermediárias.

A cor da íris do olho humano segue a mesma regra da cor da pele, podendo variar entre as cores: azul, verde, algumas tonalidades de castanho, até ao quase negro. A Figura 3.8 mostra um quadro correspondente à combinação de gametas gerados por homozigotos de olhos azuis e olhos castanho-escuros.

3.5 Considerações Finais

Com os conceitos abordados é possível entender por que existe uma grande variabilidade de combinações de características nas espécies. Particularmente nos seres humanos, dificilmente encontram-se indivíduos com várias características físicas muito parecidas (quase idênticas), salvo os casos de gêmeos univitelinos. Por este motivo, a abordagem proposta nesta dissertação se baseia nesses processos biológicos, para simular o processo de geração de personagens virtuais. Com essa abordagem, é possível garantir grande variabilidade de modelos, principalmente quando se aumenta o número de características combinadas. Nos próximos capítulos são definidas as etapas do processo geral da simulação da reprodução dos seres diplóides, para em seguida demonstrar a aplicação dos fatores genéticos no modelo tridimensional.

Capítulo IV

Geração de Personagens Virtuais Simulando o Processo Reprodutivo de Seres Diplóides

4.1 Introdução

Neste capítulo, os passos descritos na Seção 1.2, para solução do problema de geração automática de personagens virtuais com garantia de variabilidade, são descritos à luz dos processos biológicos apresentados no Capítulo 3. Será discutido como é feita a identificação das características genéticas (Seção 4.2) e como estas são armazenadas (Seção 4.3) para depois serem gerados os gametas (Seção 4.4) que se unirão para construir um novo personagem a partir da combinação das informações genéticas dos seus ascendentes, através da fecundação (Seção 4.5). Alguns dos detalhes de implementação desse processo são deixados para o Capítulo 5, onde será apresentado o sistema utilizado para a modelagem geométrica e como este será afetado pelas características genéticas.

4.2 Identificação das características genéticas

De acordo com as estimativas do projeto genoma, a estrutura do corpo humano e todos os seus processos internos são especificados a partir das informações armazenadas em um conjunto de 30.000 a 40.000 genes (há controvérsias sobre o número exato). Obviamente, todas as informações genéticas dos seres diplóides descrevem processos bioquímicos que levam ao desenvolvimento, em várias fases, de um ser adulto.

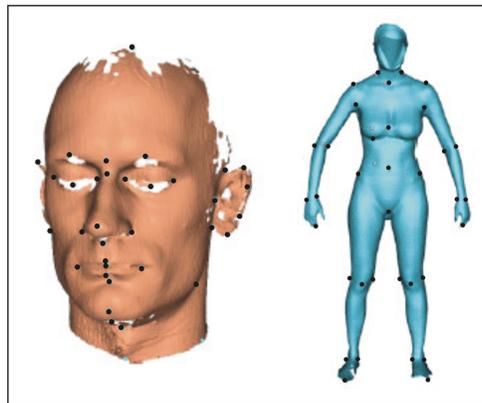


Figura 4.1: Identificação de landmarks na face e no corpo humano.

Aqui, o que se propõe é identificar características externas (Figura 4.1) do personagem virtual tais como: altura, forma e tamanho dos membros, largura dos ombros, forma e tamanho da cabeça, forma dos olhos, forma e tamanho do nariz, da boca, das orelhas, do queixo, e assim por diante; que serão usadas na construção desse personagem virtual. Cada uma dessas características pode ser vista como informação escalar de alto-nível, que controla uma subestrutura hierárquica que constrói parte do personagem (não foi identificado na literatura nenhum trabalho que trate desse assunto).

Assim, o conjunto de características e as estruturas de construção associadas formam o paralelo com a estrutura de informação e construção representada pelos genes dos seres diplóides. Isso corresponde aos dois primeiros passos do processo: 1) Identificação das características descritivas do personagem a serem usadas em sua construção; e 2) Associação dessas características a genes de seres diplóides. Detalhes dessa fase são mostrados no Capítulo 5.

4.3 Armazenagem das informações genéticas

Analogamente aos seres diplóides, o total dos genes é distribuído em um conjunto de cromossomos. Nos seres humanos, por exemplo, os mais de 30.000 genes são distribuídos em 23 pares de cromossomos (vide Seção 3.4). Isto quer dizer que, se forem identificadas n características, haverá n pares de genes alelos, distribuídos em m pares de cromossomos homólogos. Assim, um dos cromossomos de um dado par de cromossomos homólogos armazena um subconjunto das n características transmitidas pelo ancestral masculino e o outro cromossomo homólogo do par armazena o mesmo subconjunto de características, porém de origem materna.

É importante salientar que não é necessário impor nenhuma restrição de distribuição homogênea ou aproximadamente homogênea. Portanto, considerando-se C o conjunto de pares

c_i de cromossomos homólogos,

$$C = \{c_1, c_2, \dots, c_m\} \quad (4.1)$$

onde um dado par c_i é representado por

$$c_i(c_i^M, c_i^F) \quad (4.2)$$

em que os cromossomos homólogos c_i^M e c_i^F oriundos dos ancestrais masculino e feminino respectivamente são seqüências de genes,

$$\begin{aligned}c_i^M &= \{g_{i1}^M, g_{i2}^M, \Lambda, g_{ini}^M\} \\c_i^F &= \{g_{i1}^F, g_{i2}^F, \Lambda, g_{ini}^F\},\end{aligned}\tag{4.3}$$

o número n_i de genes em cada cromossomo deve obedecer à relação

$$n = \sum_{i=1}^m n_i.\tag{4.4}$$

A escolha do número m de pares de cromossomos homólogos tem influência direta na variabilidade dos descendentes, pois contribui para o aumento de possibilidades de combinações durante a Metáfase I e II da meiose (vide Seção 4.4).

A organização das características genéticas na estrutura representada pelas equações de (4.1) a (4.4) correspondem ao passo 3 do processo proposto. O passo 4 do processo nada mais é do que instanciar os elementos dessa estrutura (equações (4.1) a (4.3)) para os personagens geradores (Masculino e Feminino).

4.4 Geração de gametas

Instanciadas as estruturas de informação genética dos personagens geradores, o processo de geração dos gametas é aplicado a cada uma dessas estruturas para obter os gametas do personagem masculino e o do feminino (passo 5). Esse processo é feito pela simulação da meiose. É evidente que, na simulação computacional, não há necessidade de reproduzir todos os processos que ocorrem de forma seqüencial e que, para efeito de estudo, são divididos em oito fases (vide Seção 3.5). Por exemplo, não é preciso simular a deterioração da membrana nuclear, nem a criação de centríolos e microtúbulos, nem o processo de separação que ocorre na Anáfase, nem de outros processos de restauração de membranas. A simulação deve se concentrar nos processos meióticos (ou pré-meióticos) descritos a seguir.

4.4.1 Duplicação dos cromossomos

Assume-se que a Interfase já ocorreu e que, portanto, todo cromossomo está duplicado. Ou seja, no início do processo, há $4m$ cromossomos. Assim, cada par de cromossomos homólogos é transformado em quatro cromossomos (idênticos dois a dois – vide equação (5)). O cromossomo original e sua réplica (chamada de cromátide irmã) estão emparelhados com o cromossomo homólogo original e sua cromátide irmã (vide Figura 4.2).

$${}^d c_i (c_i^M c_i^M, c_i^F c_i^F) \quad (4.5)$$

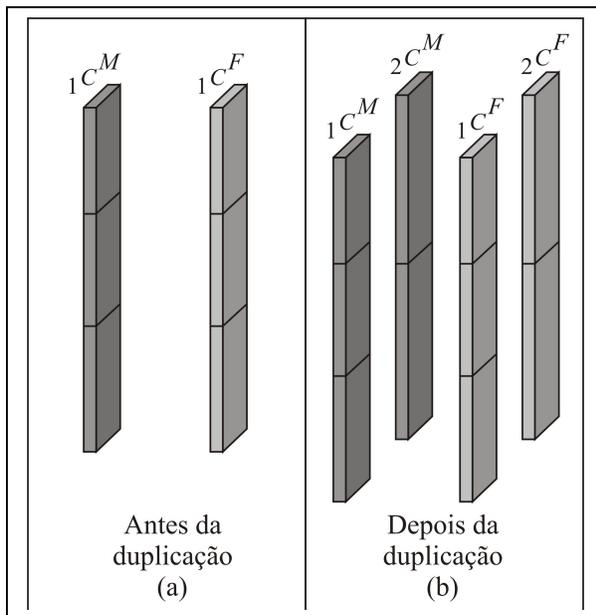


Figura 4.2: Preparação para o Crossover:
(a) Cromossomos homólogos;
(b) Cromossomos homólogos duplicados emparelhados.

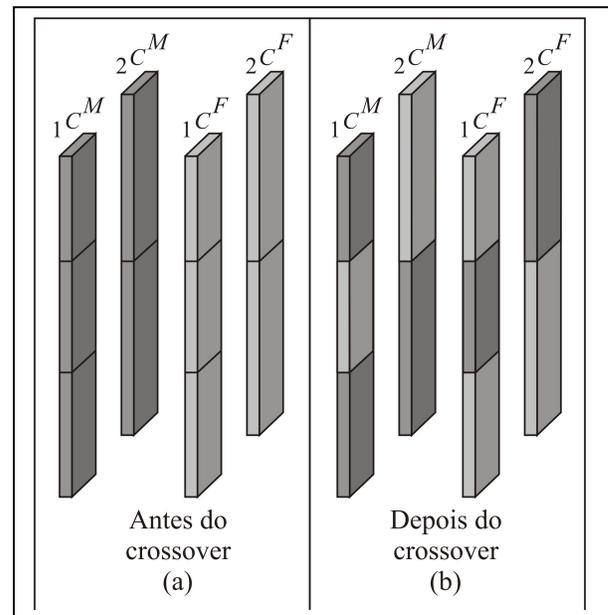


Figura 4.3: Crossover:
(a) Cromossomos homólogos duplicados emparelhados;
(b) Cromátides homólogas 1 com dois pontos de corte e cromátides homólogas 2 com um ponto de corte.

4.4.2 Crossover

Essa configuração duplicada e emparelhada é a base para a simulação das trocas de pedaços entre os cromossomos homólogos. Esse processo (vide Figura 4.3) é chamado de crossover e ocorre na Prófase I. Se não houver nenhuma troca de pedaços, as cromátides irmãs permanecerão idênticas. Entretanto, se houver crossover, todos os quatro cromossomos que formavam dois pares idênticos agora são distintos.

Para fins de simulação do crossover, em um par de cromossomos duplicados ${}^d C_i (C_i^M C_i^M, C_i^F C_i^F)$, cada cromossomo C_i^M troca genes com seu homólogo C_i^F (Figura 4.3).

Assim, se os cromossomos do par i tiverem n_i genes, o número de trocas possíveis é dado por

$$\sum_{k=0}^{n_i} \binom{n_i}{k} = 2^{n_i} . \quad (4.6)$$

Porém, como os cromossomos que efetuaram trocas de genes são complementares, o número de pares distintos que podem ser gerados pela troca de genes é 2^{n_i-1} . Assim, após o crossover, a estrutura do cromossomo duplicado é dada por

$${}^d C_i ({}_1 C_i^M \quad {}_2 C_i^M, \quad {}_1 C_i^F \quad {}_2 C_i^F) \quad (4.7)$$

onde os pares $({}_1 C_i^M, {}_1 C_i^F)$ e $({}_2 C_i^M, {}_2 C_i^F)$ pertencem ao universo de 2^{n_i-1} pares possíveis.

O procedimento para simulação computacional do Crossover está ilustrado na Figura 4.4.

```

Procedimento Crossover;
Início
  para todo cromossomo  ${}^d C_i$  faça

    para todo gene  $g_{i,j}$  faça

      Início
        // Crossover entre as cromátides homólogas I
        ocorrência_de_crossover ← randon(10);
        Se ocorrência_de_crossover > probabilidade_de_crossover então
          Troca genes cromátides homólogas I;
        // Crossover entre as cromátides homólogas II
        ocorrência_de_crossover ← randon(10);
        Se ocorrência_de_crossover > probabilidade_de_crossover então
          Troca genes cromátides homólogas II;
      Fim;
    Fim;
  Fim;

```

Figura 4.4: Procedimento para simulação do Crossover.

4.4.3 Simulação da Metáfase I

Após a simulação do crossover, os m pares de cromossomos duplicados (vide equação (4.7)) são alinhados (Metáfase I). Para essa simulação, é conveniente reescrever a equação (4.7) como

$${}^d C_i ({}^d C_i^M, {}^d C_i^F). \quad (4.8)$$

Considerando-se a aleatoriedade de distribuição dos pares em relação à estrutura básica de alinhamento dos m pares de cromossomos, ilustrada na Figura 4.6, onde os m cromossomos ${}^d C_i^M$ estão de um lado e os m cromossomos ${}^d C_i^F$ estão do outro lado do plano pontilhado que representa a divisão celular, as duas células geradas no final desse processo (vide Figura 4.5), que se completa na Telófase I, pertencem a um universo de 2^{m-1} pares distintos de células.

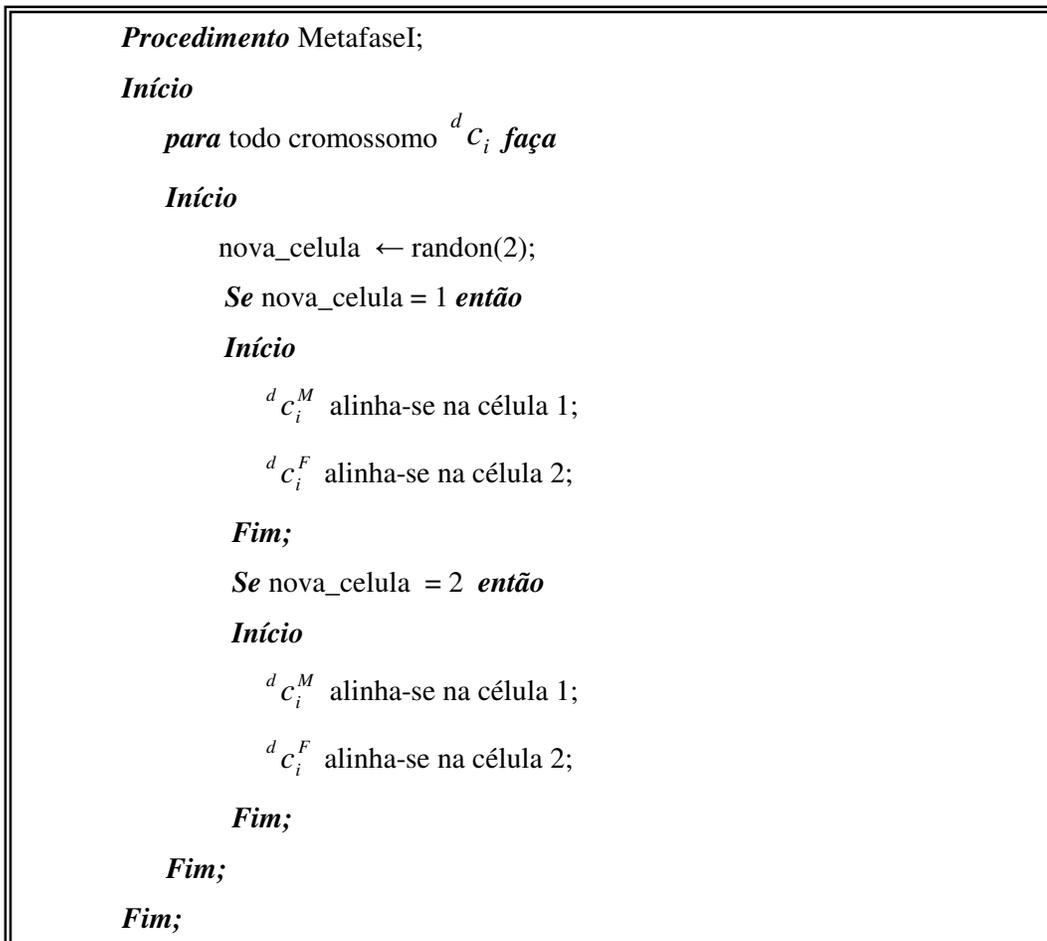


Figura 4.5: Procedimento para simulação da Metáfase I.

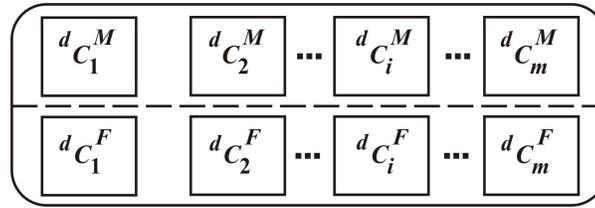


Figura 4.6: Alinhamento dos cromossomos na Metáfase I.

4.4.4 Simulação da Metáfase II

As duas células geradas ao final da Telófase I são divididas mais uma vez e geram quatro gametas. Na simulação da fase II, apenas a Metáfase II precisa ser tratada. Em cada uma das duas células geradas na Fase I da meiose, há um conjunto de m pares de cromátides irmãs que foram modificadas durante o processo de crossover (não são mais idênticas), isto é, o i -ésimo par pode ser $({}_1c_i^M \ {}_2c_i^M)$ ou $({}_1c_i^F \ {}_2c_i^F)$. Na Metáfase II, esses m pares serão alinhados para serem, em seguida, separados em duas novas células. O processo (vide Figura 4.8) de simulação é idêntico ao da Metáfase I e a aleatoriedade do alinhamento está ilustrada na Figura 4.7.

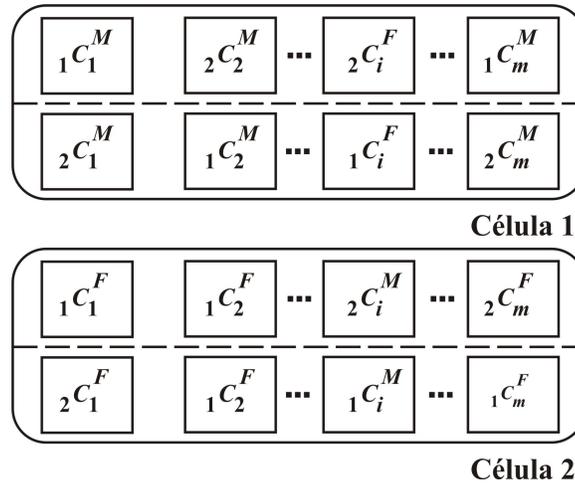


Figura 4.7: Alinhamento dos cromossomos na Metáfase II.

Mais uma vez, o novo par de células geradas a partir da Célula 1 (Figura 4.7) pertence a um universo de 2^{m-1} pares distintos. Analogamente, o novo par de células geradas a partir da Célula 2 (Figura 4.7) pertence a um diferente universo de 2^{m-1} pares distintos.

As quatro células geradas são gametas. Cada uma delas tem m cromossomos (células haplóides) ao invés de m pares de cromossomos como nas células somáticas diplóides.

```
Procedimento MetafaseII;  
Início  
  // Divisão da Célula I gerando dois gametas  
  para todo cromossomo  $c_i$  da célula I faça  
    Início  
      nova_celula ← randon(2);  
      Se nova_celula = 1 então  
        Início  
           ${}_1c_i$  alinha-se na célula 1.1;  
           ${}_2c_i$  alinha-se na célula 1.2;  
        Fim;  
      Se nova_celula = 2 então  
        Início  
           ${}_1c_i$  alinha-se na célula 1.2;  
           ${}_2c_i$  alinha-se na célula 1.1;  
        Fim;  
      Fim;  
    // Divisão da Célula II gerando dois gametas  
    para todo cromossomo  $c_i$  da célula II faça  
      Início  
        nova_celula ← randon(2);  
        Se nova_celula = 1 então  
          Início  
             ${}_1c_i$  alinha-se na célula 2.1;  
             ${}_2c_i$  alinha-se na célula 2.2;  
          Fim;  
        Se nova_celula = 2 então  
          Início  
             ${}_1c_i$  alinha-se na célula 2.2;  
             ${}_2c_i$  alinha-se na célula 2.1;  
          Fim;  
        Fim;  
      // Fim do processo, tendo como resultado quatro gametas  
    Fim;
```

Figura 4.8: Procedimento para simulação da Metáfase II.

4.5 Fecundação dos personagens virtuais

O processo de geração de gametas da Seção 4.4 é aplicado à estrutura genética do personagem gerador masculino e também à estrutura genética do personagem gerador feminino. Os quatro gametas gerados aleatoriamente para cada um dos modelos geradores podem ser utilizados para gerar uma única fecundação (Figura 4.9 e 4.10), o que ocorre na realidade, ou podem se unir em dezesseis combinações possíveis (Figura 4.11 e 4.12). As características genéticas desses descendentes pertencem a um universo de probabilidades que incorpora a aleatoriedade dos crossovers dos m pares duplicados de cromossomos, e a aleatoriedade dos alinhamentos da Metáfase I e II dos ancestrais. Nos seres humanos isso corresponde a um universo de 10^{600} (Starr & Taggart, 1995).

```
Procedimento Fecundação_Única;  
Início  
  //Seleção do gameta masculino  
  gameta_masculino ← randon(4);  
  //Seleção do gameta feminino  
  gameta_feminino ← randon(4);  
  
  para todo cromossomo  $C_i$  faça  
    para todo gene  $g_{i,j}$  faça  
      Início  
        /* Para os estudos de caso utilizou-se um sistema de pesos  
           para simular o conceito de Dominância Incompleta */  
        Combinar_Genes(  $g_{ij}^M, g_{ij}^F$  );  
        Adaptar_Malha ( );  
      Fim;  
    Fim;  
Fim;
```

Figura 4.9: Procedimento para simulação da Fecundação Única.

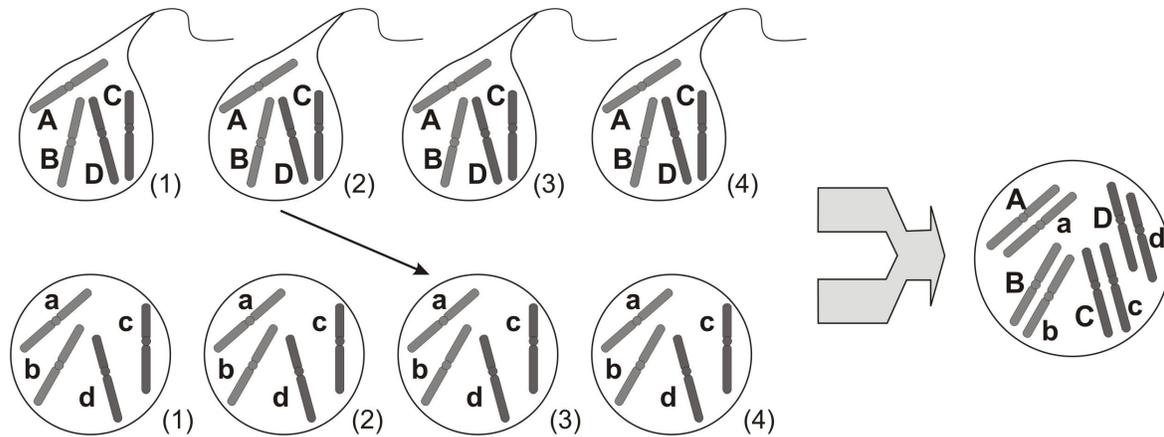


Figura 4.10: Seleção de um gameta masculino e um gameta feminino para a simulação da fecundação.

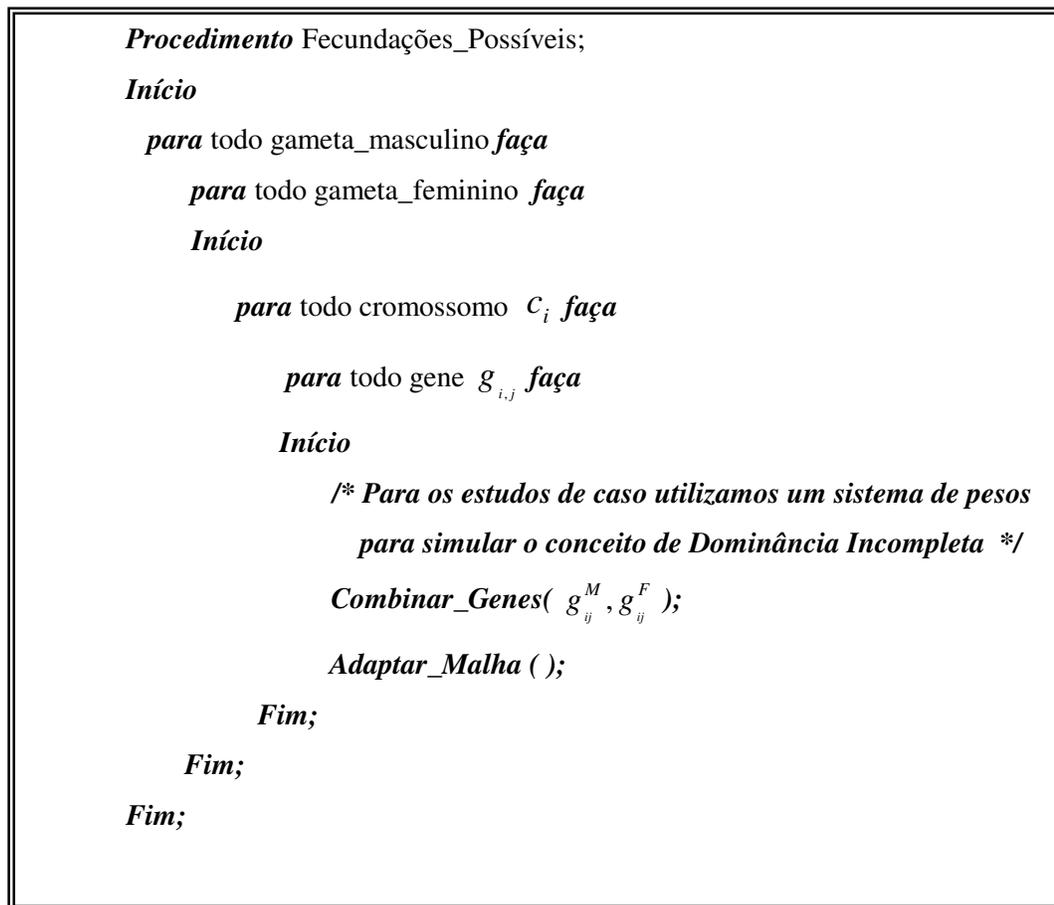


Figura 4.11: Procedimento para simulação das Fecundações Possíveis.

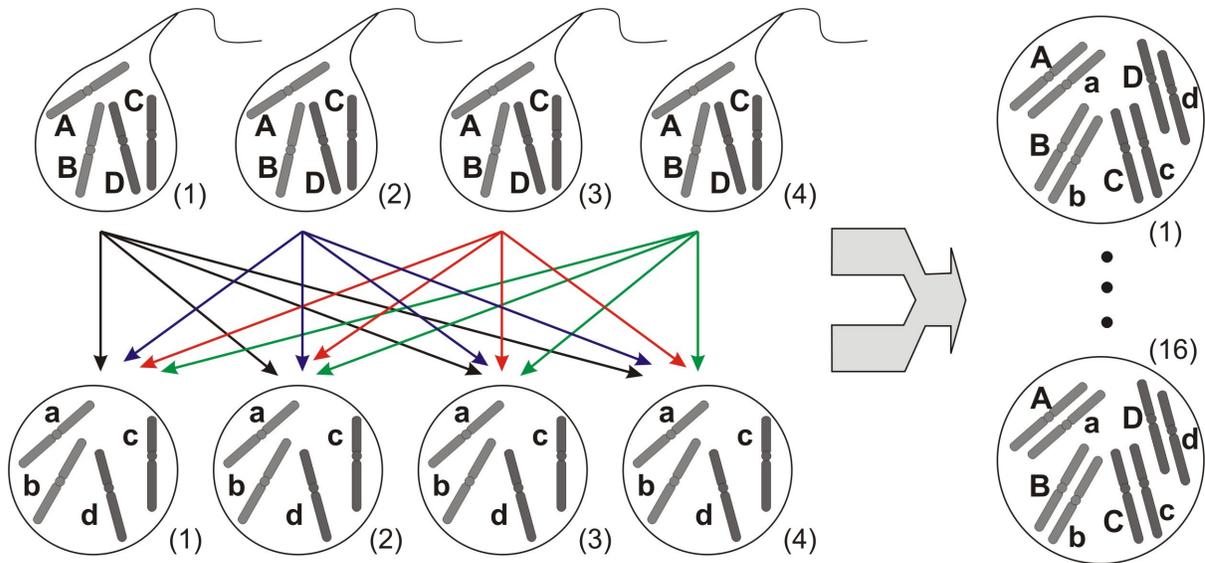


Figura 4.12: Combinação dos 4 gametas masculinos com os 4 gametas femininos, gerando 16 possibilidades de fecundação.

4.6 Considerações Finais

Após a combinação, o novo conjunto de informações genéticas é usado para construir o corpo dos personagens descendente. Com o processo descrito, é possível garantir grande variabilidade de combinações de características para os novos modelos gerados, assim como ocorre no processo biológico real, que terão partes mais semelhantes ao modelo paterno e outras ao modelo materno. O processo de aplicação das informações genéticas para gerar o novo modelo é ilustrado no estudo de caso do Capítulo 5.

Capítulo V

Geração de Malhas Faciais Controladas por Genótipo

5.1 Introdução

Neste capítulo, é descrito o processo geral, apresentado no Capítulo 4, aplicado à geração de faces da prole de dois personagens geradores. A utilização da aplicação em faces foi feita para a demonstração em estudos de caso realizados no Capítulo 6, mas o mesmo processo pode ser feito para outras partes do corpo, ou até mesmo para o corpo inteiro. Primeiramente, são definidos os aspectos gerais da modelagem facial (Seção 5.2), mostrando como foram elaborados os modelos e como manipulá-los, para em seguida definir as características que serão distribuídas em cromossomos (Seção 5.3) para simular a geração de gametas (Seção 5.4) e posteriormente combinar as características dos personagens geradores, gerando a prole (Seção 5.5).

5.2 Considerações gerais da modelagem facial

As malhas faciais foram construídas a partir da implementação de um sistema de modelagem baseado em BREP (Boundary Representation Models). Foram usados patches de Bézier com controles de continuidade. Esses controles tanto asseguram melhor ajuste na modelagem e quanto garantem suavidade na transição entre os patches (Figura 5.1).

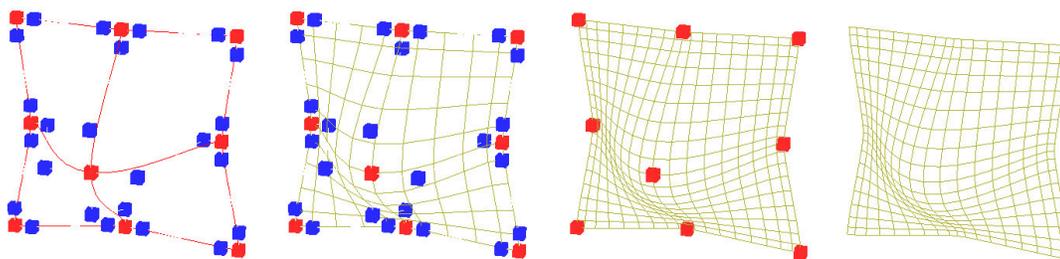


Figura 5.1: Continuidade controlada: 4 patches de Bézier.

A implementação consiste em dividir o sistema em camadas, onde na camada inferior estão a estrutura e os dados armazenados, na segunda estão os operadores que manipulam os dados e garantem a consistência dos mesmos e na terceira, abstraindo-se de todo o resto, está a modelagem e as operações de desenho. Todo esse modelo resulta em um sistema eficiente

tanto na modelagem quanto na posterior manipulação dos pontos de controle da malha de superfície.

Dentre as vantagens encontradas na implementação desse modelo, destacam-se as seguintes:

- Separação entre Geometria e Topologia;
- Facilidade de Operações Gráficas (Display);
- Fácil detecção de Adjacências; e
- Garantia de sólidos válidos com os Operadores de Euler.

A implementação permite a visualização da modelagem de diferentes formas, facilitando a construção do modelo e sua visualização. A possibilidade de exibir e ocultar os pontos de controle e a sua manipulação por picking, garantem uma grande flexibilidade de interação por meio da interface desenvolvida. A estrutura de dados subjacente permite encontrar as adjacências de vértices, arestas e faces com baixo custo computacional, o que garante grande eficiência na manipulação de pontos do modelo (Figura 5.2).

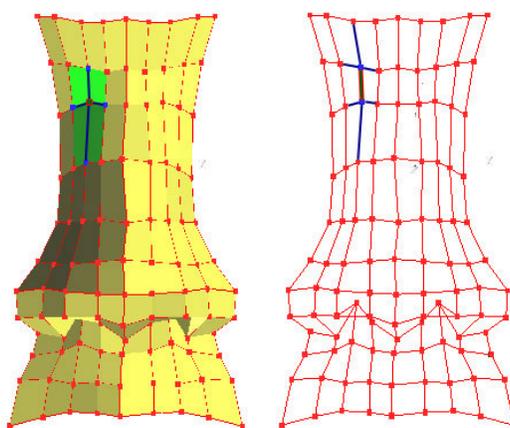


Figura 5.2: Operações de adjacência: ponto e aresta.

A construção de um modelo base foi feita a partir de fotos frontais e laterais (figuras 5.3 e 5.4), utilizando-se: operadores de Euler implementados no sistema, recursos de picking e um sistema de eixos auxiliares.

As medidas/pontos usados como características a serem distribuídas nos cromossomos são feitas a partir de landmarks faciais (Figura 5.3) definidos pela Antropometria (Kolar & Salter, 1997). Esses pontos servem de referência para a modelagem. Por exemplo, alguns

pontos de controle dos patches são posicionados de acordo com os pontos de medição, enquanto outros podem estar associados aos primeiros. Em conjunto, esses pontos permitem ajustes de medidas que respeitam as proporções e a coerência da forma.

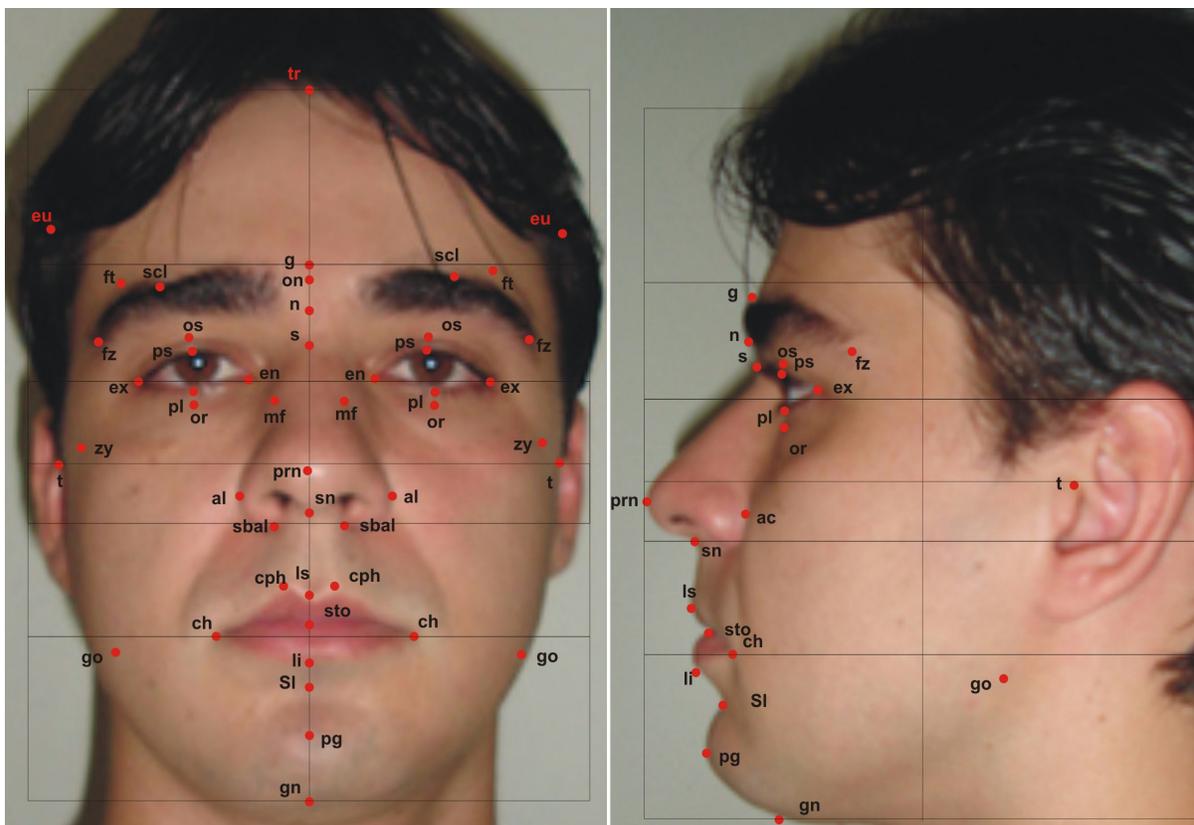


Figura 5.3: Alguns Landmarks Antropométricos da face.

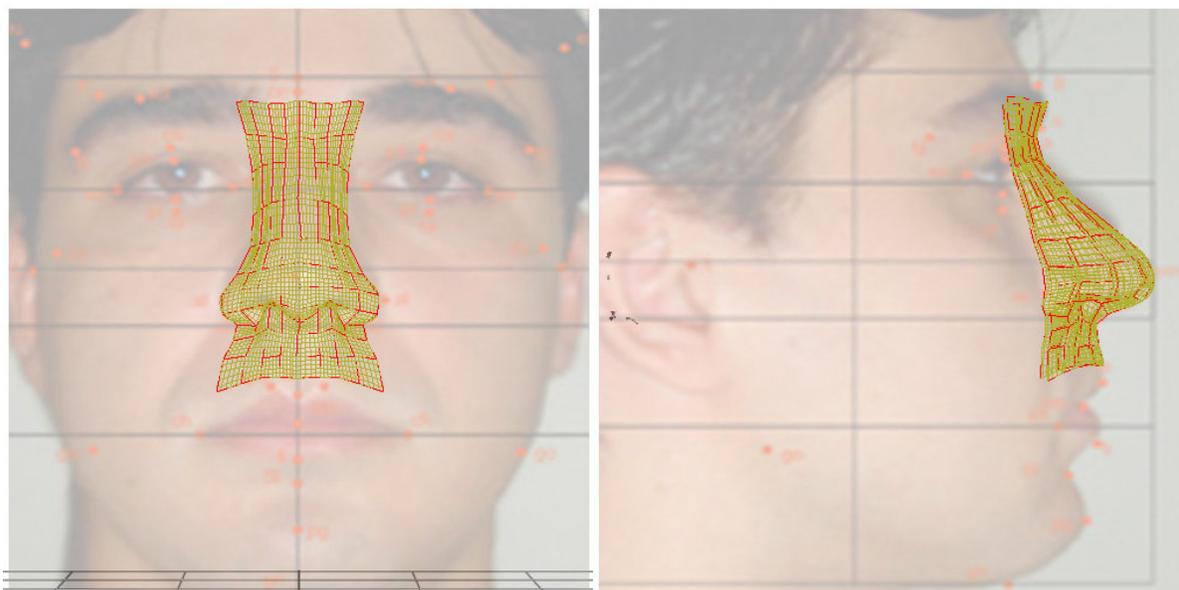


Figura 5.4: Malha base do nariz: ajuste frontal e lateral.

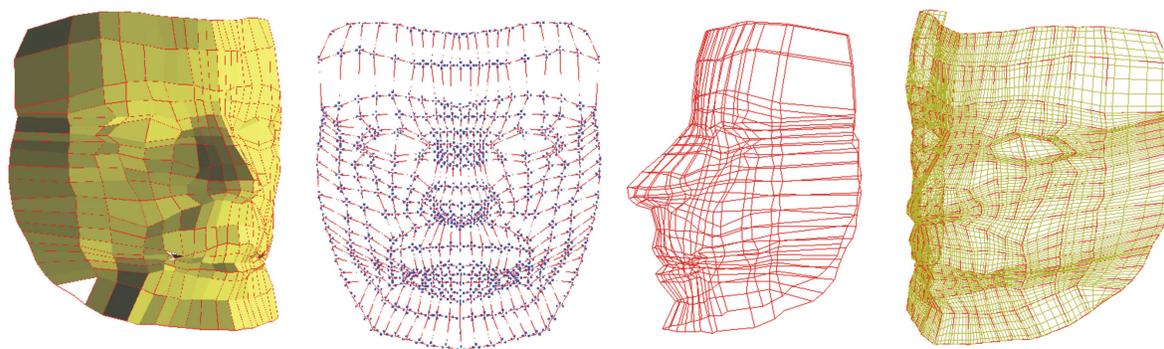


Figura 5.5: Face base modelada com patches de Bézier.

A estrutura de referência, com topologia padrão, que é ajustada às características dos personagens geradores (Figura 5.5), é constituída de 20x20 patches. Ela também serve de base para a construção das malhas da prole. A malha dos personagens geradores pode ser obtida por ajuste manual a partir de fotos (figuras 5.3, 5.4, e 5.6), mas pode também ser escolhida de um banco de dados de malhas previamente geradas. A Figura 5.7 ilustra algumas das modelagens obtidas por ajustes no modelo do nariz. A malha da prole é gerada automaticamente a partir das características registradas em seus cromossomos e informações geométricas dos seus ancestrais.

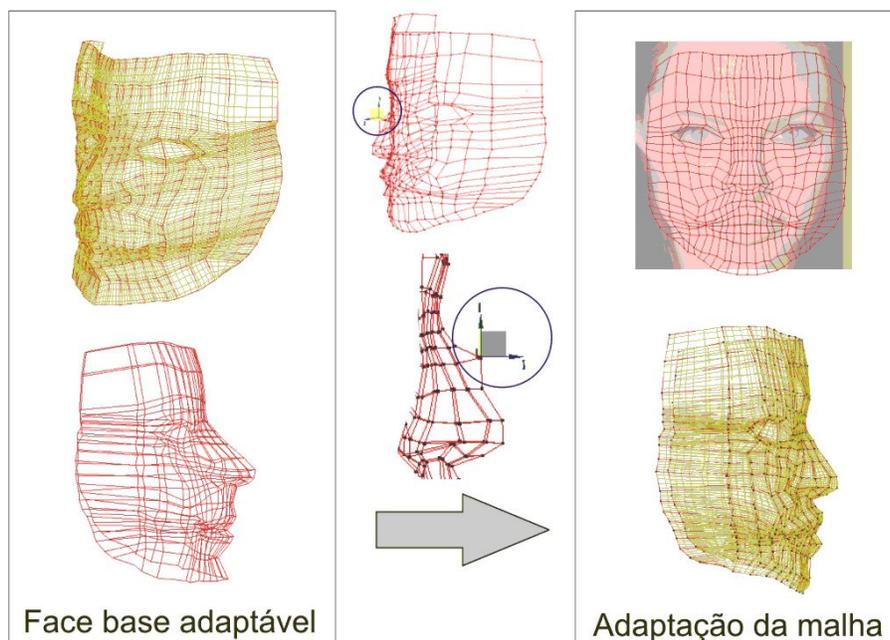


Figura 5.6: Construção de novos modelos utilizando fotos como referência, sistema de picking e eixos auxiliares (destacado com um círculo).

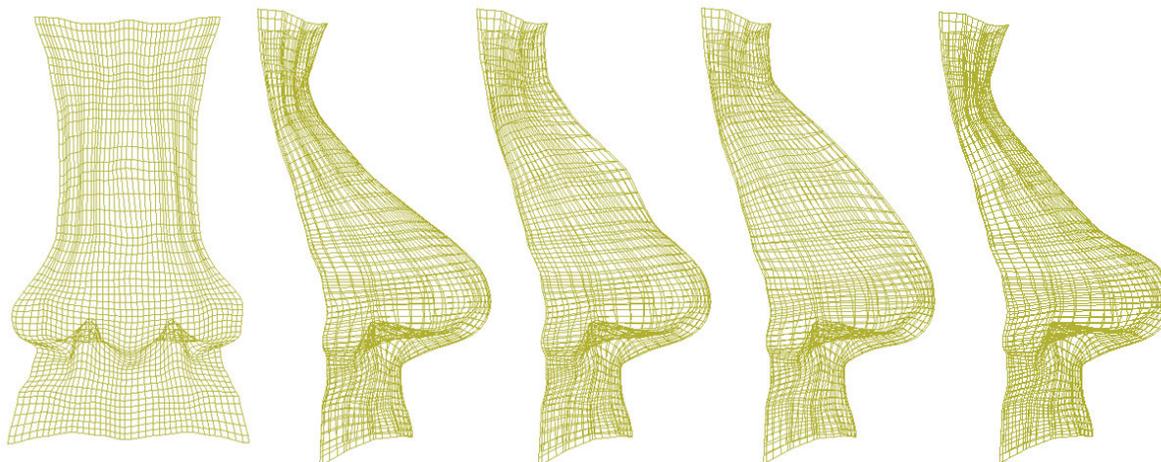


Figura 5.7: Diferentes formatos do nariz, modelados pelo sistema desenvolvido.

Modelos do banco de malhas faciais podem ser selecionados e ter suas características (curvatura do nariz, comprimento do nariz, boca, etc.) alteradas por meio de barras de rolagem (Figuras 5.8).

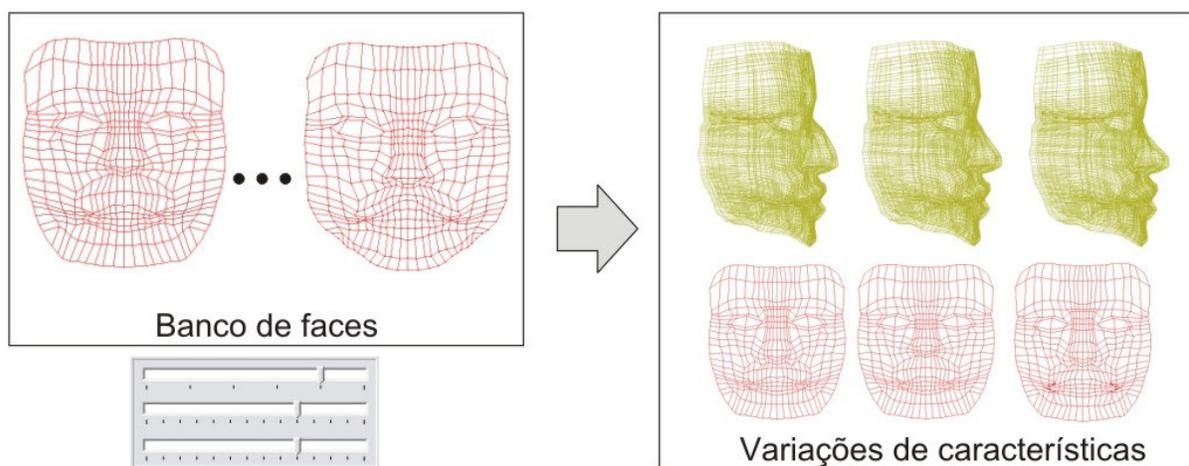


Figura 5.8: Alterando características utilizando sistema de barras de rolagem.

Alterando características ligadas a genes, pode-se simular a influência de determinados genes, variando os pesos atribuídos a cada um dos homólogos dos modelos geradores.

Após a definição das malhas do casal, é feita a distribuição de características da face em cromossomos fictícios para posterior simulação do processo reprodutivo gerando possíveis variações de heranças genéticas na face resultante.

5.3 Definição das características dos cromossomos

A partir dos Landmarks antropométricos, foram definidas nove medidas (Tabela 5.1) que foram tratadas como genes (Figura 5.9) e distribuídas em três cromossomos (Figura 5.10). Em geral uma medida pode ser composta de diferentes quantidades de pontos de controle e pode ser definida por dois ou mais landmarks. Por exemplo, os genes a, b, c, e, g e h são medidas definidas por dois landmarks enquanto que os genes d e f são definidos por três landmarks.

Tabela 5.1: Medidas utilizadas no estudo de caso (baseadas em Landmarks).

Id	Medida	Descrição
a	ex-en	Medida dos cantos dos olhos
b	ps-pl	Altura dos olhos
c	ch-ch	Medida dos cantos da boca
d	sn-prn-s	Curvatura do nariz
e	g-tr	Altura da testa
f	ls-sto-li	Curvatura labial
g	al-al	Largura do nariz
h	s-sn	Altura do nariz
i	-	Aspecto geral da Face

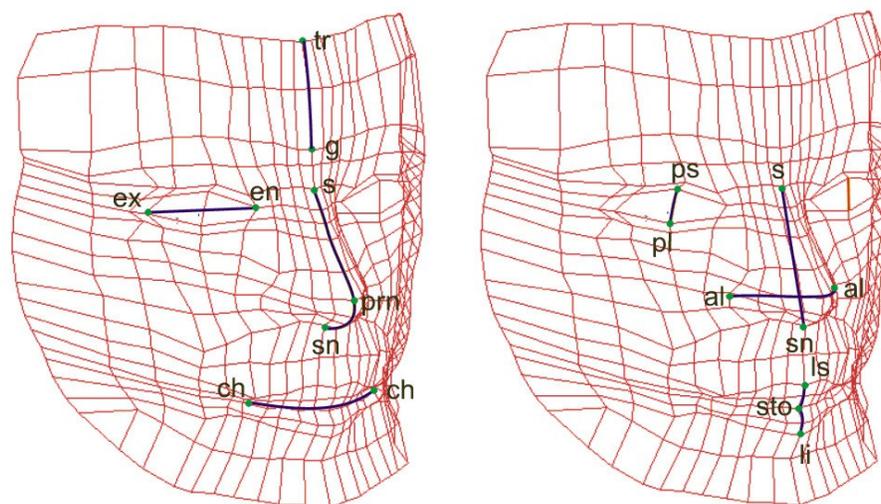


Figura 5.9: Genes baseados em curvatura e medida.

As diferentes formas de distribuição das características nos cromossomos geram resultados variados, uma vez que as características contidas em cromossomos distintos segregam-se de forma independente e genes contidos em um mesmo cromossomo podem ser permutados por crossover. O resultado da simulação também pode variar bastante se forem atribuídas probabilidades e quantidades diferentes de crossovers por cromossomo.

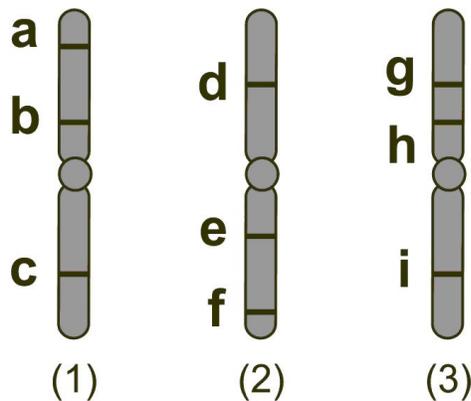


Figura 5.10: Distribuição dos genes nos Cromossomos.

5.4 Geração de gametas

Após a definição dos genes e cromossomos, é possível simular a geração de gametas dos modelos masculino e feminino (Figura 5.11). Para garantir maior variabilidade de gametas, permitiu-se a ocorrência de crossover entre todos os genes dos cromossomos homólogos.

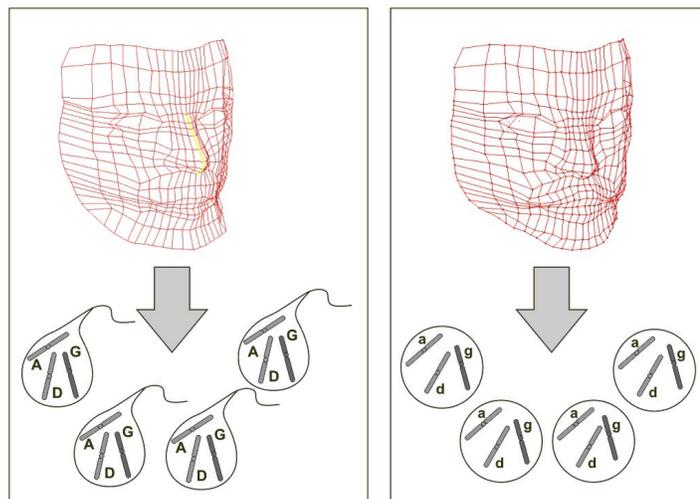


Figura 5.11: Geração de quatro gametas por interação da simulação.

O processo de geração dos gametas masculino e feminino ocorre da forma descrita na Seção 4.3. Cada gene, associado a uma característica geométrica, receberá um peso de influência para o fator materno e outro para o fator paterno. Desta forma, temos as estruturas cromossômicas:

$$C_{\text{Masculino}} = \left\{ \begin{pmatrix} a^M & a^F \\ b^M & b^F \\ c^M & c^F \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} d^M & d^F \\ e^M & e^F \\ f^M & f^F \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} g^M & g^F \\ h^M & h^F \\ i^M & i^F \end{pmatrix} \right\}$$

$$C_{\text{Feminino}} = \left\{ \begin{pmatrix} a^M & a^F \\ b^M & b^F \\ c^M & c^F \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} d^M & d^F \\ e^M & e^F \\ f^M & f^F \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} g^M & g^F \\ h^M & h^F \\ i^M & i^F \end{pmatrix} \right\}.$$

5.4.1 Duplicação dos cromossomos

Assim como descrito na Seção 4.3.1, cada par de cromossomos homólogos é transformado em quatro cromossomos (idênticos dois a dois). Os cromossomos duplicados estão emparelhados com os seus homólogos, como na representação das estruturas abaixo:

$${}^d C_{\text{Masculino}} = \left\{ \begin{pmatrix} a^M a^M & a^F a^F \\ b^M b^M & b^F b^F \\ c^M c^M & c^F c^F \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} d^M d^M & d^F d^F \\ e^M e^M & e^F e^F \\ f^M f^M & f^F f^F \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} g^M g^M & g^F g^F \\ h^M h^M & h^F h^F \\ i^M i^M & i^F i^F \end{pmatrix} \right\}$$

$${}^d C_{\text{Feminino}} = \left\{ \begin{pmatrix} a^M a^M & a^F a^F \\ b^M b^M & b^F b^F \\ c^M c^M & c^F c^F \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} d^M d^M & d^F d^F \\ e^M e^M & e^F e^F \\ f^M f^M & f^F f^F \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} g^M g^M & g^F g^F \\ h^M h^M & h^F h^F \\ i^M i^M & i^F i^F \end{pmatrix} \right\}$$

5.4.2 Crossover

Com a configuração duplicada e emparelhada dá-se início ao processo de crossover. Se não houver nenhuma troca de pedaços, as cromátides irmãs permanecerão idênticas. Entretanto, se houver crossover, todos os quatro cromossomos que formavam dois pares idênticos agora são distintos, como no exemplo abaixo:

$${}^d C_{\text{Masculino}} = \left\{ \begin{pmatrix} a^M a^F & a^F a^M \\ b^F b^M & b^M b^F \\ c^F c^M & c^M c^F \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} d^F d^M & d^M d^F \\ e^F e^F & e^M e^M \\ f^M f^M & f^F f^F \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} g^M g^F & g^F g^M \\ h^M h^M & h^F h^F \\ i^F i^F & i^M i^M \end{pmatrix} \right\}$$

$${}^d C_{\text{Feminino}} = \left\{ \begin{pmatrix} a^M a^F & a^F a^M \\ b^F b^M & b^M b^F \\ c^F c^M & c^M c^F \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} d^F d^M & d^M d^F \\ e^F e^F & e^M e^M \\ f^M f^M & f^F f^F \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} g^M g^F & g^F g^M \\ h^M h^M & h^F h^F \\ i^F i^F & i^M i^M \end{pmatrix} \right\}$$

5.4.3 Simulação da Metáfase I

Após a simulação do crossover, os pares de cromossomos duplicados são alinhados de forma aleatória, dividindo-se em duas células haplóides distintas, com o término da Metáfase I. Assim, ao final do processo, de uma célula masculina e de uma feminina resultam duas células masculinas e duas células femininas.

Células Masculinas 1 e 2	
${}^d C_{\text{Masculino}} = \left\{ \begin{pmatrix} a^M a^F \\ b^F b^M \\ c^F c^M \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} d^M d^F \\ e^M e^M \\ f^F f^F \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} g^F g^M \\ h^F h^F \\ i^M i^M \end{pmatrix} \right\}$	${}^d C_{\text{Masculino}} = \left\{ \begin{pmatrix} a^F a^M \\ b^M b^F \\ c^M c^F \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} d^F d^M \\ e^F e^F \\ f^M f^M \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} g^M g^F \\ h^M h^M \\ i^F i^F \end{pmatrix} \right\}$

Células Femininas 1 e 2	
${}^d C_{\text{Feminino}} = \left\{ \begin{pmatrix} a^M a^F \\ b^F b^M \\ c^F c^M \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} d^F d^M \\ e^F e^F \\ f^M f^M \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} g^F g^M \\ h^F h^F \\ i^M i^M \end{pmatrix} \right\}$	${}^d C_{\text{Feminino}} = \left\{ \begin{pmatrix} a^F a^M \\ b^M b^F \\ c^M c^F \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} d^M d^F \\ e^M e^M \\ f^F f^F \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} g^M g^F \\ h^M h^M \\ i^F i^F \end{pmatrix} \right\}$

5.4.4 Simulação da Metáfase II

As duas células resultantes, com as cromátides irmãs já separadas, dividem-se mais uma vez e geram quatro gametas. Os pares de cromossomos serão alinhados para serem, em seguida, separados em duas novas células. O processo de alinhamento ocorre de forma aleatória, assim como na Metáfase I.

Células Masculinas 1 e 2	
${}^d C_{\text{Masculino}} = \left\{ \begin{matrix} \left(a^M a^F \\ b^F b^M \\ c^F c^M \end{matrix} \right), \left(d^M d^F \\ e^M e^M \\ f^F f^F \right), \left(g^F g^M \\ h^F h^F \\ i^M i^M \right) \right\}$	${}^d C_{\text{Masculino}} = \left\{ \begin{matrix} \left(a^F a^M \\ b^M b^F \\ c^M c^F \end{matrix} \right), \left(d^F d^M \\ e^F e^F \\ f^M f^M \right), \left(g^M g^F \\ h^M h^M \\ i^F i^F \right) \right\}$
Gametas Masculinos	
$C_{\text{Masculino}} = \left\{ \begin{matrix} \left(a^M \\ b^F \\ c^F \end{matrix} \right), \left(d^F \\ e^M \\ f^F \right), \left(g^M \\ h^F \\ i^M \right) \right\}$	$C_{\text{Masculino}} = \left\{ \begin{matrix} \left(a^F \\ b^M \\ c^M \end{matrix} \right), \left(d^F \\ e^F \\ f^M \right), \left(g^F \\ h^M \\ i^F \right) \right\}$
$C_{\text{Masculino}} = \left\{ \begin{matrix} \left(a^F \\ b^M \\ c^M \end{matrix} \right), \left(d^M \\ e^M \\ f^F \right), \left(g^F \\ h^F \\ i^M \right) \right\}$	$C_{\text{Masculino}} = \left\{ \begin{matrix} \left(a^M \\ b^F \\ c^F \end{matrix} \right), \left(d^M \\ e^F \\ f^M \right), \left(g^M \\ h^M \\ i^F \right) \right\}$

O mesmo ocorre com as células femininas, gerando quatro óvulos com seus respectivos pesos que serão aplicados às características geométricas.

Células Femininas 1 e 2	
${}^d C_{\text{Feminino}} = \left\{ \begin{matrix} \left(a^M a^F \\ b^F b^M \\ c^F c^M \end{matrix} \right), \left(d^F d^M \\ e^F e^F \\ f^M f^M \right), \left(g^F g^M \\ h^F h^F \\ i^M i^M \right) \right\}$	${}^d C_{\text{Feminino}} = \left\{ \begin{matrix} \left(a^F a^M \\ b^M b^F \\ c^M c^F \end{matrix} \right), \left(d^M d^F \\ e^M e^M \\ f^F f^F \right), \left(g^M g^F \\ h^M h^M \\ i^F i^F \right) \right\}$
Gametas Femininos	
$C_{\text{Feminino}} = \left\{ \begin{matrix} \left(a^M \\ b^F \\ c^F \end{matrix} \right), \left(d^F \\ e^M \\ f^F \right), \left(g^M \\ h^M \\ i^F \right) \right\}$	$C_{\text{Feminino}} = \left\{ \begin{matrix} \left(a^F \\ b^M \\ c^M \end{matrix} \right), \left(d^F \\ e^F \\ f^M \right), \left(g^F \\ h^F \\ i^M \right) \right\}$
$C_{\text{Feminino}} = \left\{ \begin{matrix} \left(a^F \\ b^M \\ c^M \end{matrix} \right), \left(d^M \\ e^M \\ f^F \right), \left(g^F \\ h^M \\ i^F \right) \right\}$	$C_{\text{Feminino}} = \left\{ \begin{matrix} \left(a^M \\ b^F \\ c^F \end{matrix} \right), \left(d^M \\ e^F \\ f^M \right), \left(g^M \\ h^F \\ i^M \right) \right\}$

Nos estudos de caso apresentados neste trabalho, um único processo de meiose foi executado sobre cada uma das estruturas cromossômicas, $C_{\text{Masculino}}$ e C_{Feminino} , dos avatares geradores, resultando nos oito gametas (quatro masculinos e quatro femininos) mostrados na Tabela 5.2.

Tabela 5.2: Gametas gerados na simulação do estudo de caso.

Gameta		Cromossomo 1			Cromossomo 2			Cromossomo 3		
		a	b	c	d	e	f	g	h	i
Masculino	G1	a^M	b^F	c^F	d^F	e^M	f^F	g^M	h^F	i^M
	G2	a^F	b^M	c^M	d^M	e^M	f^F	g^F	h^F	i^M
	G3	a^F	b^M	c^M	d^F	e^F	f^M	g^F	h^M	i^F
	G4	a^M	b^F	c^F	d^M	e^F	f^M	g^M	h^M	i^F
Feminino	G5	a^F	b^M	c^M	d^F	e^F	f^M	g^F	h^F	i^M
	G6	a^M	b^F	c^F	d^M	e^F	f^M	g^M	h^F	i^M
	G7	a^M	b^F	c^F	d^F	e^M	f^F	g^M	h^M	i^F
	G8	a^F	b^M	c^M	d^M	e^M	f^F	g^F	h^M	i^F

5.4 Geração da prole

Com os gametas da Tabela 5.2, podem ser geradas todas as dezesseis possibilidades de fecundação. A malha dos descendentes é, então, construída a partir da estrutura cromossômica contida nos ovos gerados e nas estruturas geométricas dos ancestrais. As características resultantes são geradas a partir da combinação de pares de genes. Neste trabalho, adotou-se combinação por dominância incompleta. Isso significa que nenhuma das características é definida como gene dominante ou recessivo. Assim, pesos são atribuídos a cada gene, de maneira que a atuação dos genes do personagem descendente será a média ponderada da atuação dos genes correspondentes dos gametas dos personagens ancestrais. Conseqüentemente, para uma dada característica, o modelo do descendente terá semelhança geométrica mais próxima do ancestral com gene de maior peso.

Como exemplo, a Figura 5.12 ilustra uma fecundação salientando apenas o gene da curvatura do nariz. Na Figura 5.12(1), tem-se o gene para a curvatura do nariz do cromossomo homólogo I com peso 1 e o gene para a curvatura do nariz do cromossomo homólogo II com peso 8. Após a fecundação, obtem-se a célula diplóide da Figura 5.12(2). O resultado da

atuação dos homólogos I e II está ilustrado nas figuras 5.12(3) e 5.12(4) onde, na combinação, os Homólogos I e II atuam com os seus respectivos pesos.

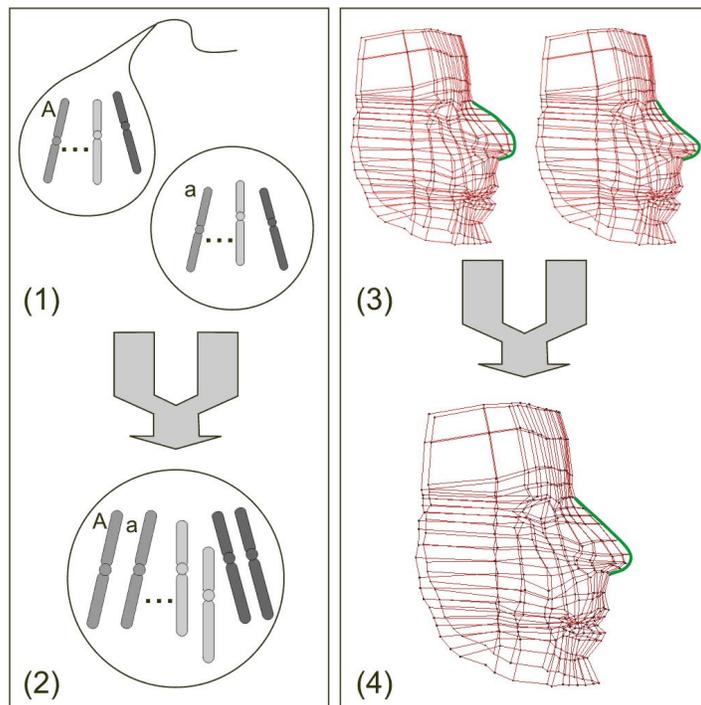


Figura 5.12: Representação da fecundação.

Aplicação dos fatores genéticos na malha facial

Com as definições dos pesos de cada gameta, é necessário ajustar a malha para a combinação das características geométricas maternas e paternas. Os genes definidos na Seção 5.3 possuem zonas de influência (Figura 5.13) e podem atuar nas coordenadas que definem largura, altura ou profundidade geométrica das malhas (Tabela 5.3).

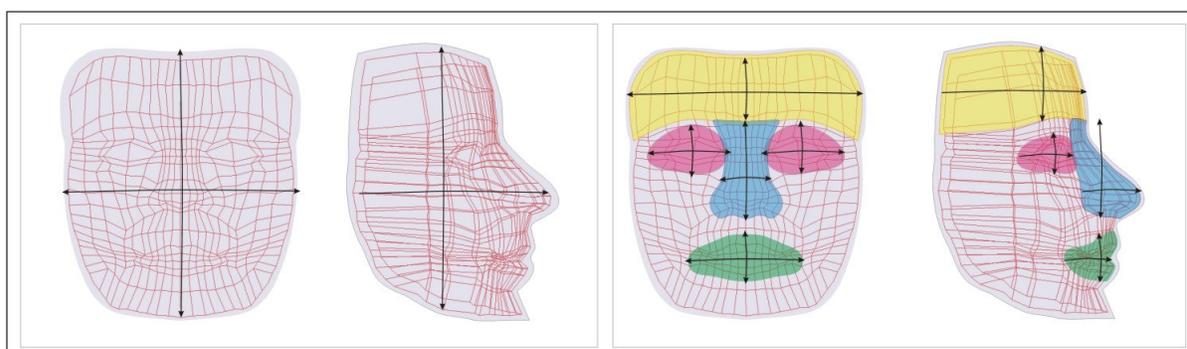
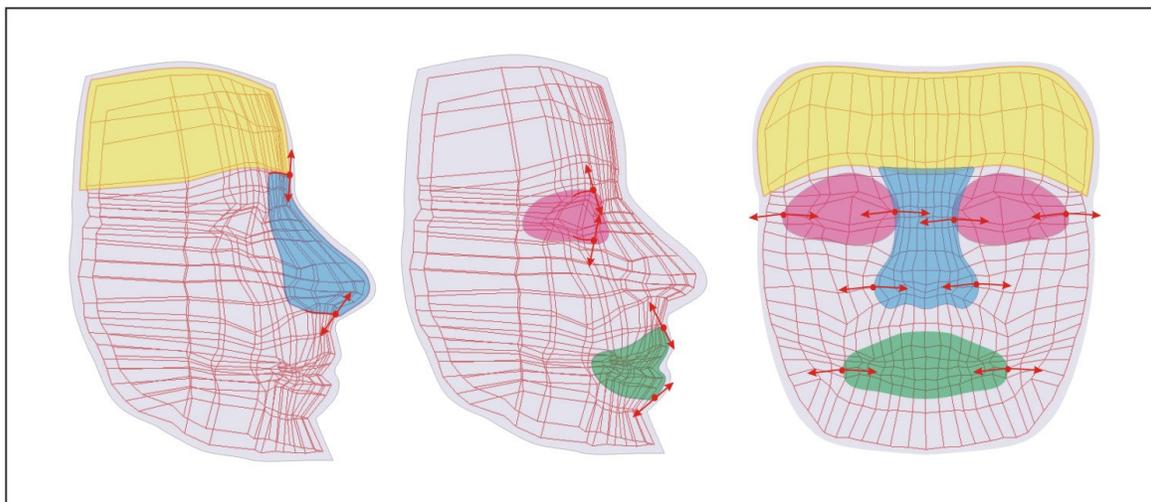


Figura 5.13: Zonas de influência dos genes.

Tabela 5.3. Atuação dos genes em relação às zonas de influência.

Id	Descrição	Atuação
a	Medida dos cantos dos olhos	Largura
b	Altura dos olhos	Altura
c	Medida dos cantos da boca	Largura
d	Curvatura do nariz	Profundidade
e	Altura da testa	Altura
f	Curvatura labial	Profundidade
g	Largura do nariz	Largura
h	Altura do nariz	Altura
i	Aspecto geral da Face	Altura e Largura

A aplicação da influência de cada gene ocorre de forma seqüencial, de acordo com a definição dos cromossomos. A cada interação, é necessário verificar os pontos de fronteira da zona de influência (Figura 5.14) do gene, para que sejam feitos ajustes de continuidade com o restante da malha.

**Figura 5.14: Pontos de fronteira das zonas de influência dos genes.**

5.5 Considerações Finais

Neste capítulo, apresentou-se o sistema usado para modelar e manipular as malhas tridimensionais, para em seguida definir a modelagem 3D baseada em pontos antropométricos. Foi feita a identificação de características a serem distribuídas em cromossomos, como genes,

e ilustrado o resultado de uma simulação de geração de gametas com as características definidas. Com os gametas, é feita a fecundação através da aplicação dos pesos às malhas maternas e paternas que são combinadas para adaptar a malha às novas características.

Com a descrição do processo geral da simulação feito no Capítulo 4, baseado nas leis da biologia apresentadas no Capítulo 3, e com o procedimento de aplicação das características genéticas no modelo geométrico, pode-se simular todo o processo, partindo-se de modelos maternos e paternos. No Capítulo 6 serão apresentados estudos de caso utilizando estes procedimentos, para ilustrar o resultado final do estudo.

Capítulo VI

Estudos de Casos: Geração de Malhas Faciais

6.1 Introdução

Os estudos de casos apresentados nesta seção simulam o processo descrito nos capítulos anteriores, através da geração das faces da prole de alguns modelos. As faces dos personagens geradores foram construídas a partir de fotografias ou imagens frontais e laterais. Os descendentes gerados em cada simulação podem ser utilizados em novas simulações, ampliando o banco de modelos e possibilidades de fecundação.

6.2 Estudo de caso I

Neste primeiro estudo de caso, foram utilizados modelos masculino e feminino (Figura 6.1) obtidos a partir de fotografias frontais e laterais. A simulação resultou na geração de oito descendentes.

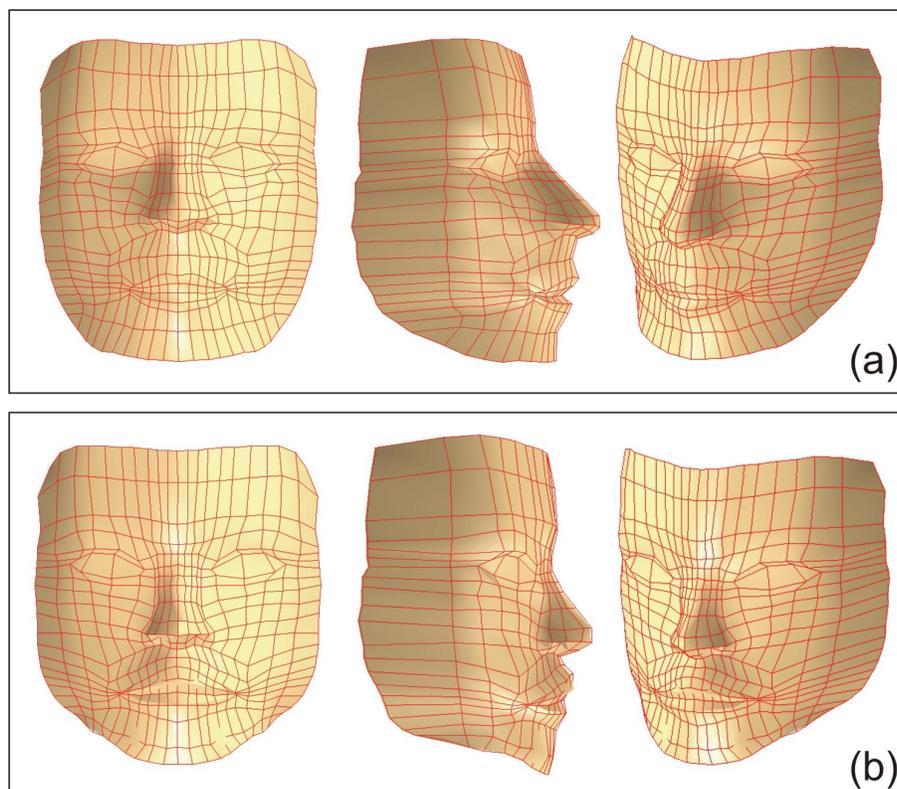


Figura 6.1: Malhas faciais (a) paterna e (b) materna.

6.2.1 Geração dos gametas

O processo de geração dos gametas ocorre da forma descrita na Seção 5.4. Para os modelos geradores masculino e feminino correspondentes às malhas mostradas na Figura 6.1, as informações armazenadas na estrutura cromossômica são dadas, respectivamente, por:

$$C_{\text{Masculino}} = \left\{ \begin{pmatrix} 9 & 4 \\ 3 & 9 \\ 1 & 7 \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} 1 & 7 \\ 8 & 2 \\ 6 & 1 \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} 2 & 9 \\ 10 & 3 \\ 10 & 2 \end{pmatrix} \right\}$$

$$C_{\text{Feminino}} = \left\{ \begin{pmatrix} 2 & 10 \\ 3 & 10 \\ 9 & 2 \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} 7 & 1 \\ 9 & 3 \\ 4 & 9 \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} 2 & 8 \\ 7 & 1 \\ 5 & 1 \end{pmatrix} \right\}.$$

Neste estudo de caso, um único processo de meiose foi executado sobre cada uma das estruturas cromossômicas, $C_{\text{Masculino}}$ e C_{Feminino} , dos modelos geradores, resultando nos oito gametas (quatro masculinos e quatro femininos) mostrados na Tabela 6.1.

Tabela 6.1: Gametas gerados na simulação do estudo de caso.

Gameta		Cromossomo 1			Cromossomo 2			Cromossomo 3		
		a	b	c	d	e	f	g	h	i
Masculino	G1	9	3	7	1	2	1	9	3	10
	G2	4	9	1	7	8	6	2	10	2
	G3	9	9	1	1	2	6	9	10	10
	G4	4	3	7	7	8	1	2	3	2
Feminino	G5	10	3	2	1	3	4	2	1	5
	G6	2	10	9	7	9	9	8	7	1
	G7	10	10	9	1	9	9	2	1	1
	G8	2	3	2	7	3	4	8	7	5

6.2.2 Geração da prole

Com os gametas da Tabela 6.1, foram geradas oito (Figura 6.2 a 6.10) possibilidades de fecundação. A malha dos descendentes é, então, construída a partir da estrutura cromossômica contida nos ovos gerados.

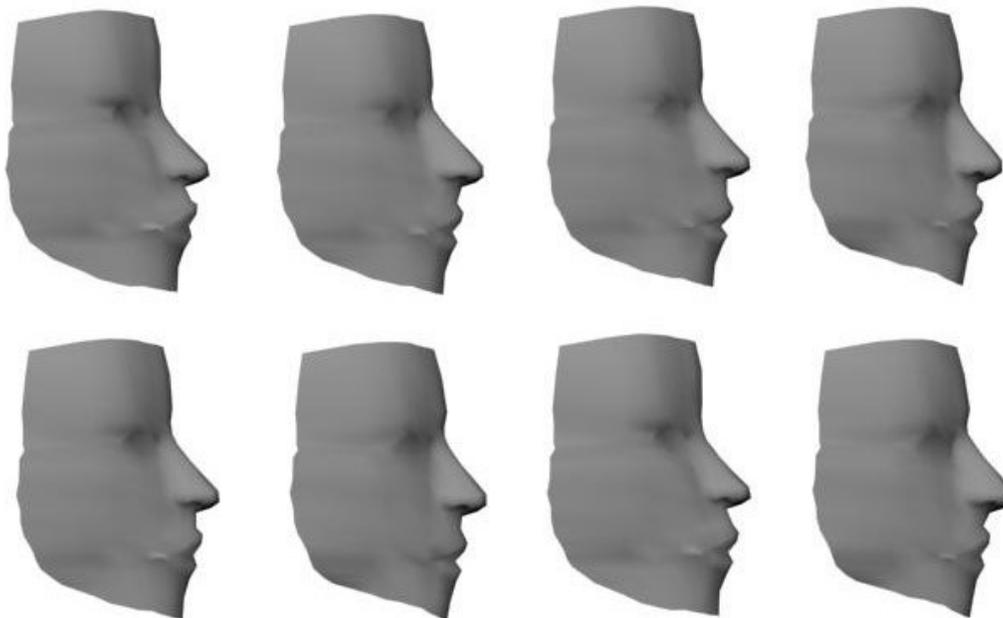


Figura 6.2: Faces renderizadas de oito descendentes.

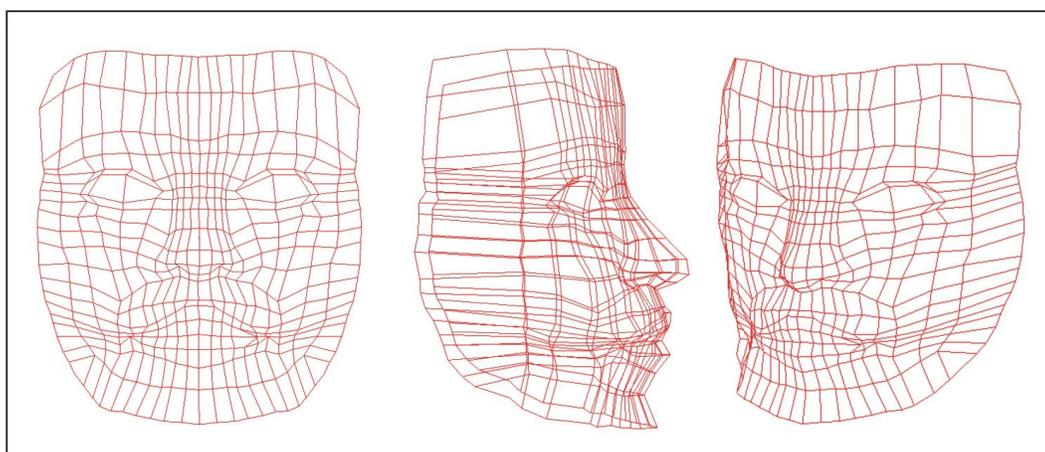


Figura 6.3: Face gerada a partir da combinação de gametas: G1xG6.

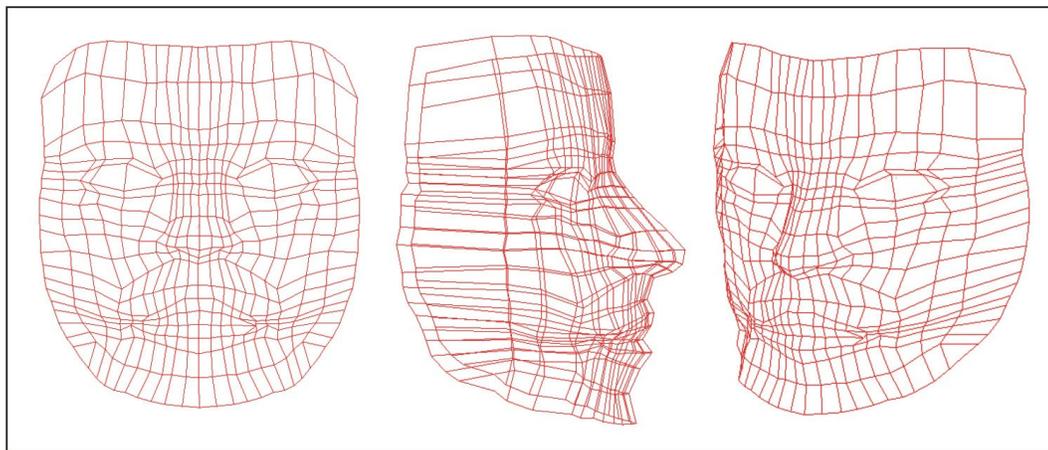


Figura 6.4: Face gerada a partir da combinação de gametas: G2xG7.

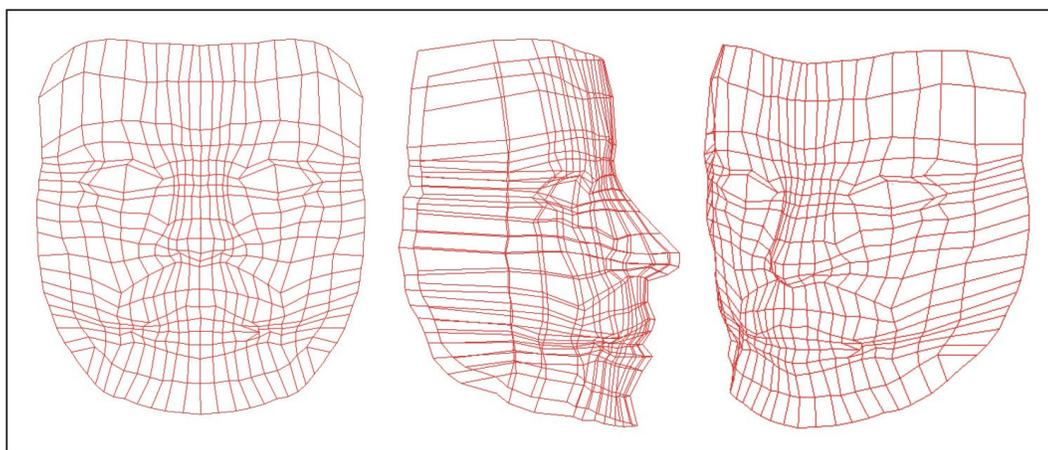


Figura 6.5: Face gerada a partir da combinação de gametas: G3xG5.

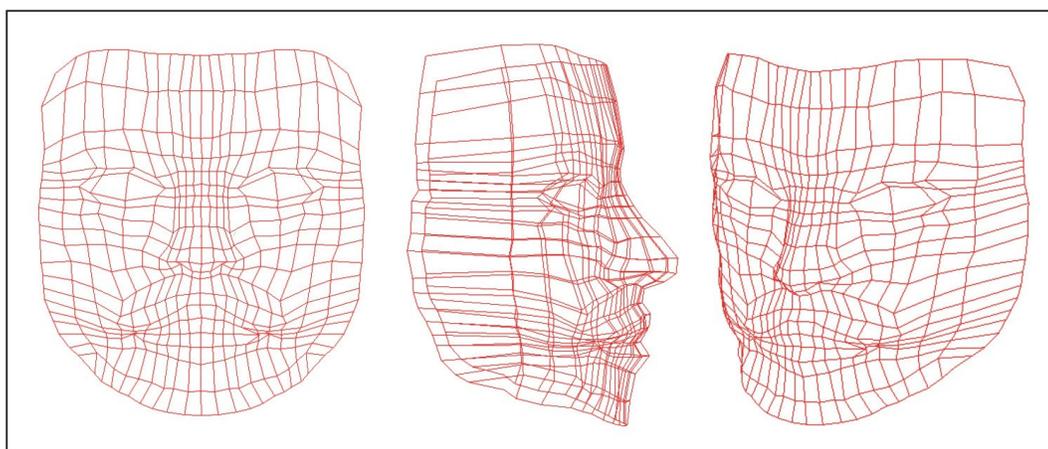


Figura 6.6: Face gerada a partir da combinação de gametas: G4xG8.

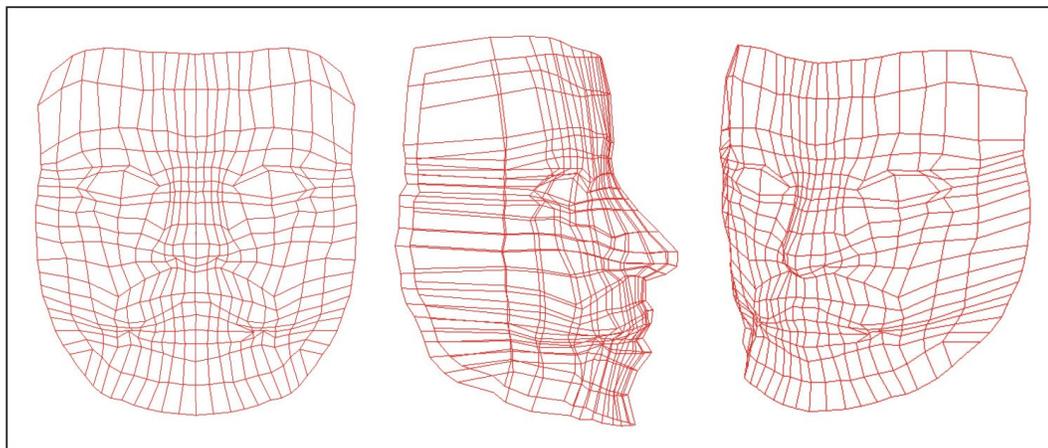


Figura 6.7: Face gerada a partir da combinação de gametas: G1xG5.

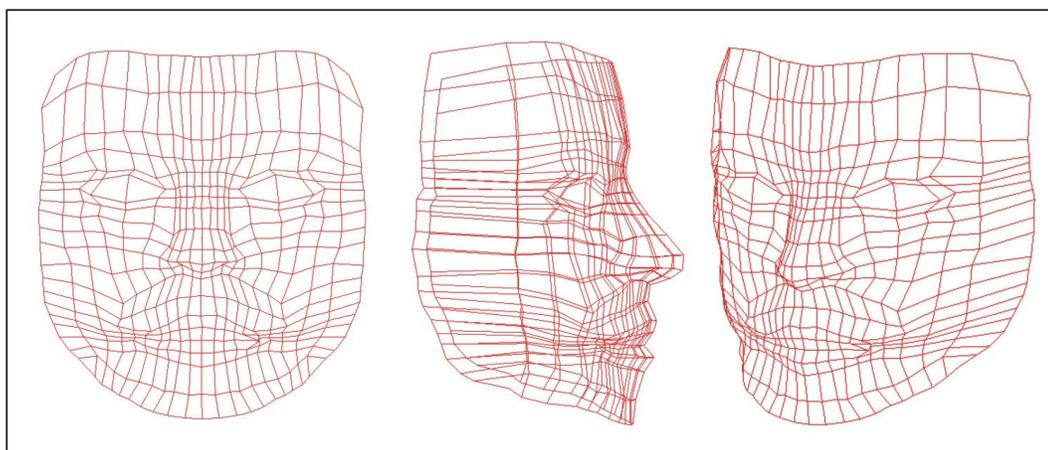


Figura 6.8: Face gerada a partir da combinação de gametas: G2xG8.

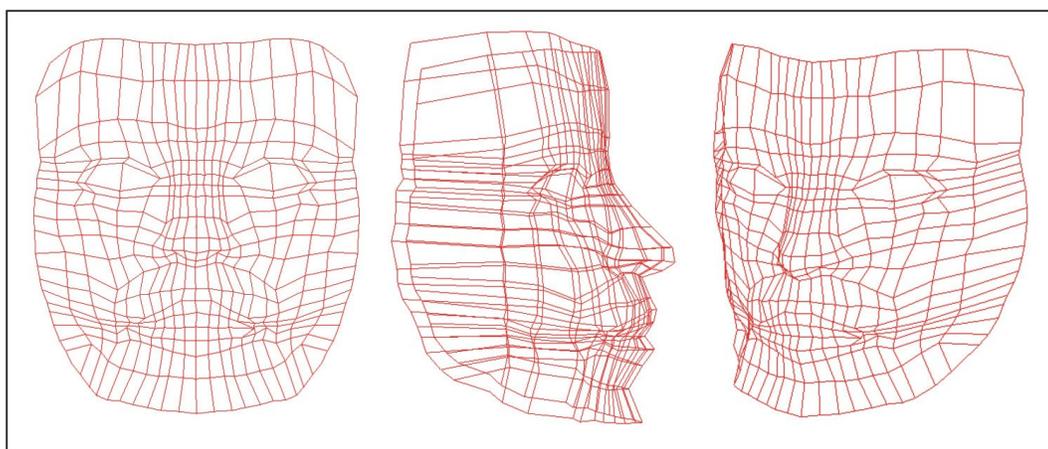


Figura 6.9: Face gerada a partir da combinação de gametas: G3xG6.

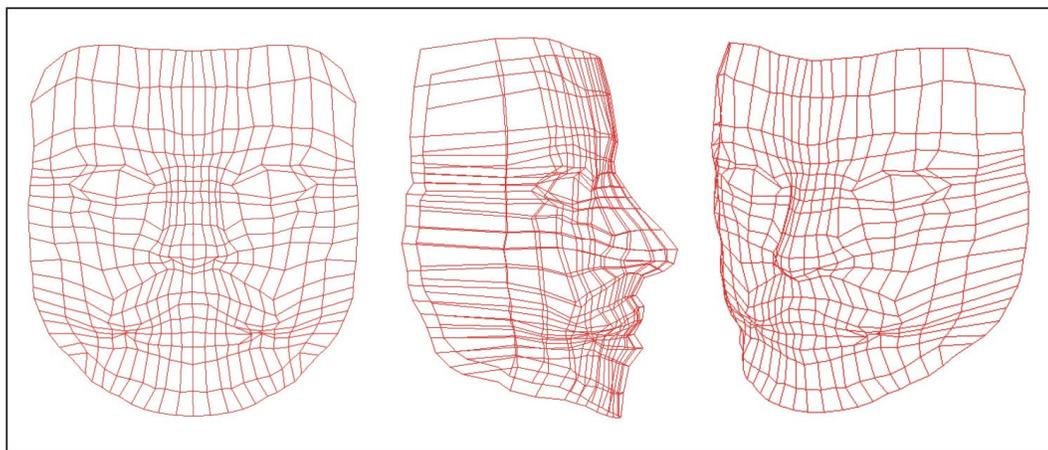


Figura 6.10: Face gerada a partir da combinação de gametas: G4xG7.

6.3 Estudo de caso II

Neste estudo de caso, foi utilizado um modelo masculino com características de um Negro e um modelo feminino com características Orientais (Figura 6.11) obtidos a partir de fotografias frontais e laterais. A simulação resultou na geração de oito descendentes.

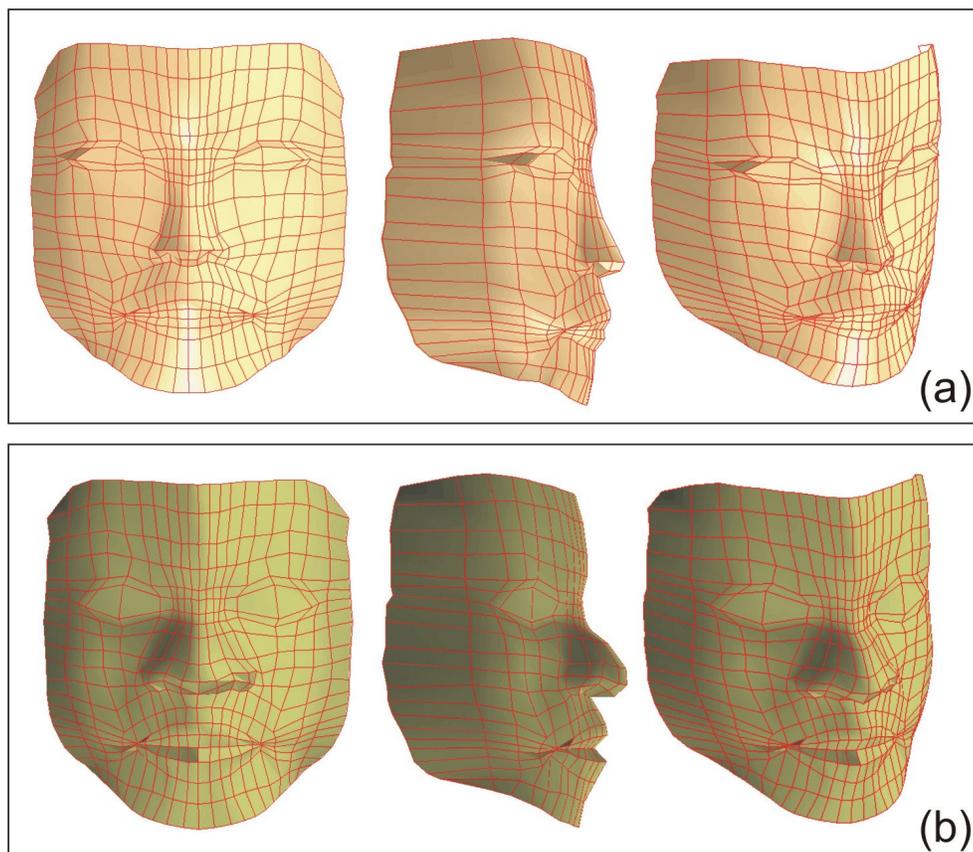


Figura 6.11: Malhas faciais (a) paterna e (b) materna.

6.3.1 Geração dos gametas

O processo de geração dos gametas ocorre da mesma forma. Para os modelos geradores masculino e feminino correspondentes às malhas mostradas na Figura 6.11, as informações armazenadas na estrutura cromossômica são dadas, respectivamente, por

$$C_{\text{Masculino}} = \left\{ \begin{pmatrix} 3 & 8 \\ 9 & 2 \\ 9 & 4 \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} 9 & 4 \\ 7 & 1 \\ 8 & 2 \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} 1 & 8 \\ 6 & 1 \\ 2 & 9 \end{pmatrix} \right\}$$

$$C_{\text{Feminino}} = \left\{ \begin{pmatrix} 9 & 2 \\ 7 & 1 \\ 3 & 8 \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} 8 & 2 \\ 2 & 9 \\ 10 & 3 \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} 7 & 2 \\ 8 & 1 \\ 8 & 3 \end{pmatrix} \right\}.$$

Neste estudo de caso, um único processo de meiose foi executado sobre cada uma das estruturas cromossômicas, $C_{\text{Masculino}}$ e C_{Feminino} , dos avatares geradores, resultando nos oito gametas (quatro masculinos e quatro femininos) mostrados na Tabela 6.2.

Tabela 6.2: Gametas gerados na simulação do estudo de caso.

Gameta		Cromossomo 1			Cromossomo 2			Cromossomo 3		
		a	b	c	d	e	f	g	h	i
Masculino	G1	8	2	9	4	7	2	8	1	2
	G2	3	2	4	4	1	8	1	6	2
	G3	3	9	4	9	7	2	1	6	9
	G4	8	9	9	9	1	8	8	1	9
Feminino	G5	2	1	3	8	9	3	7	8	3
	G6	2	7	3	2	2	3	2	1	3
	G7	9	1	8	8	2	10	7	8	8
	G8	9	7	8	2	9	10	2	1	8

6.3.2 Geração da prole

Com os gametas da Tabela 6.2, foram geradas oito (Figura 6.12 a 6.19) possibilidades de fecundação. A malha dos descendentes é, então, construída a partir da estrutura cromossômica contida nos ovos gerados.

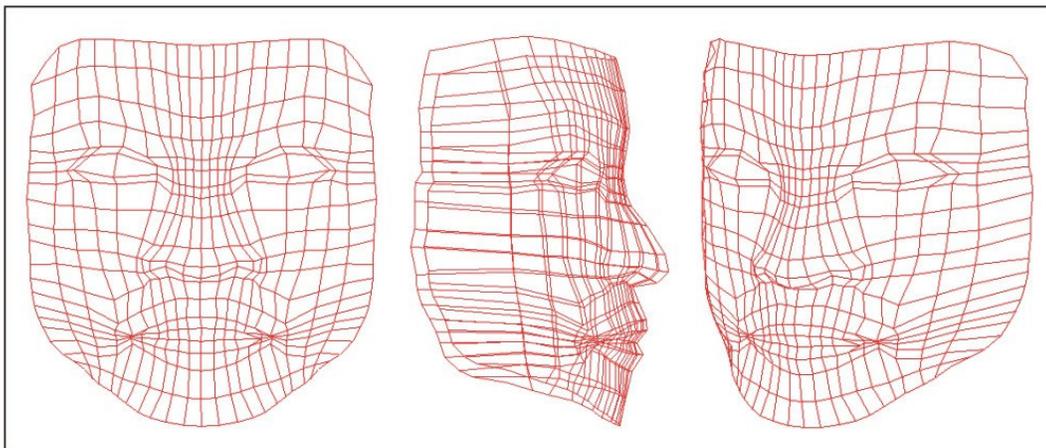


Figura 6.12: Face gerada a partir da combinação de gametas: G1xG6.

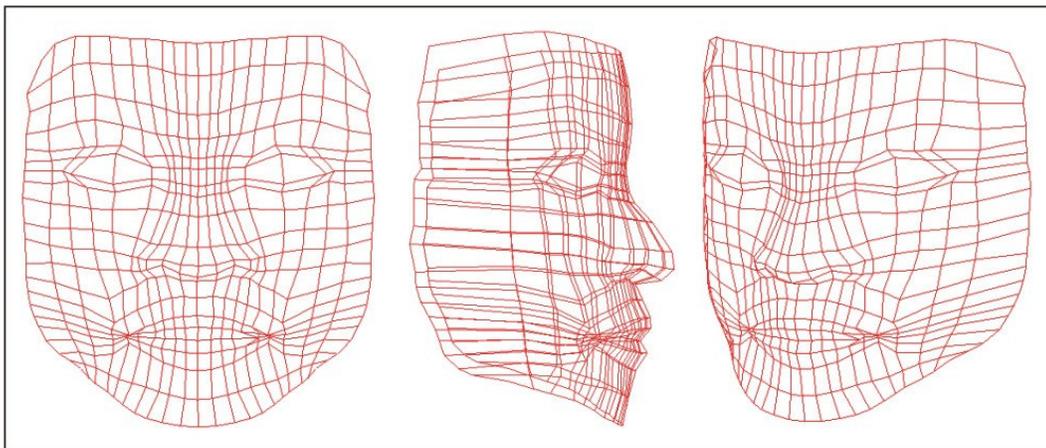


Figura 6.13: Face gerada a partir da combinação de gametas: G4xG8.

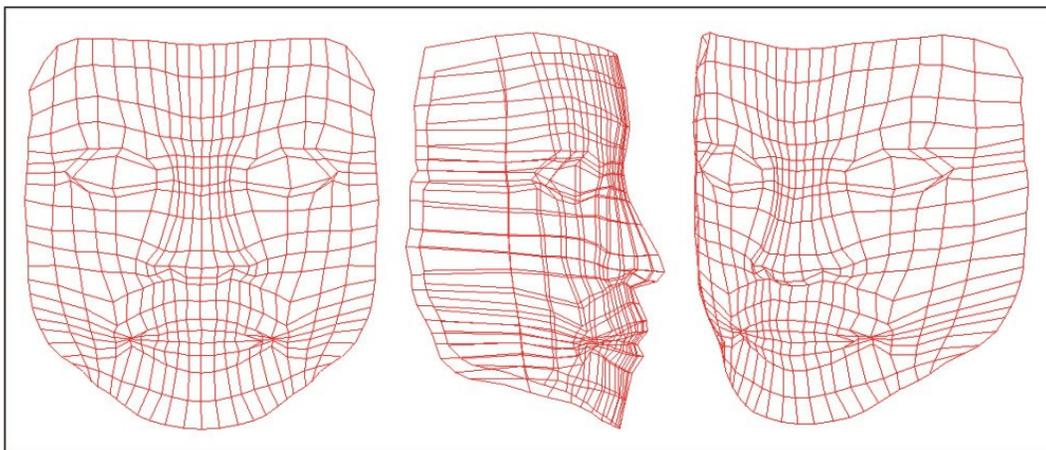


Figura 6.14: Face gerada a partir da combinação de gametas: G1xG5.

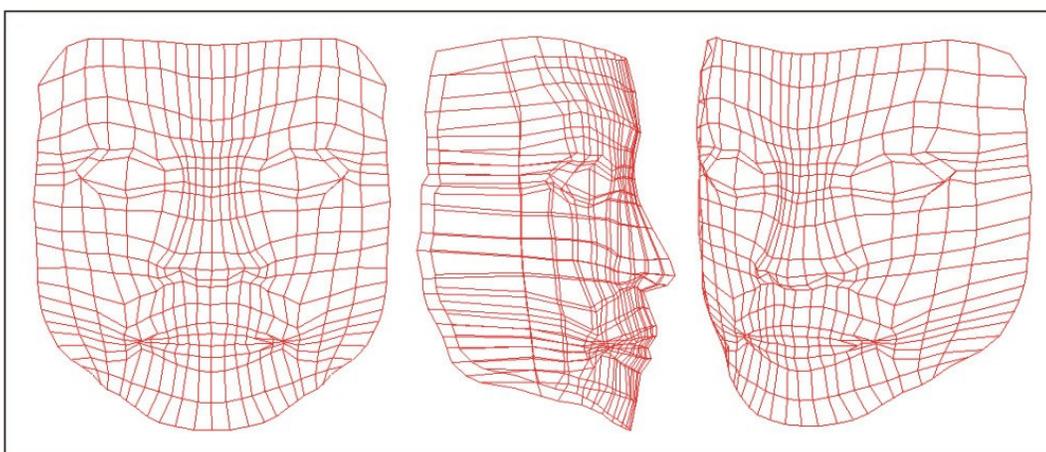


Figura 6.15: Face gerada a partir da combinação de gametas: G1xG7.

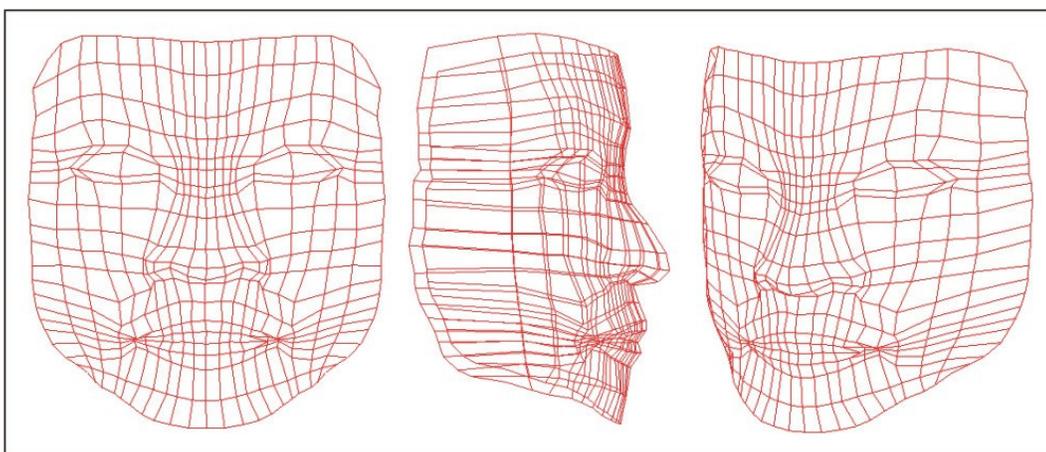


Figura 6.16: Face gerada a partir da combinação de gametas: G1xG8.

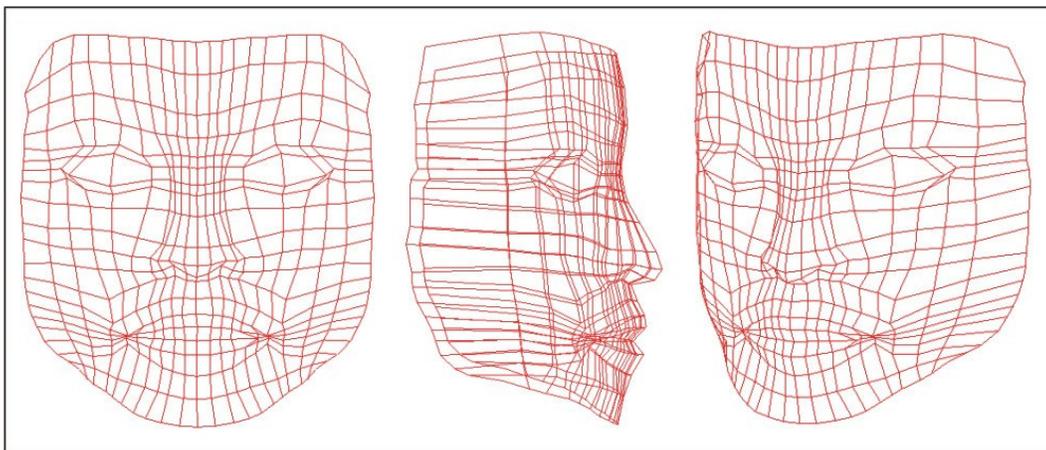


Figura 6.17: Face gerada a partir da combinação de gametas: G2xG5.

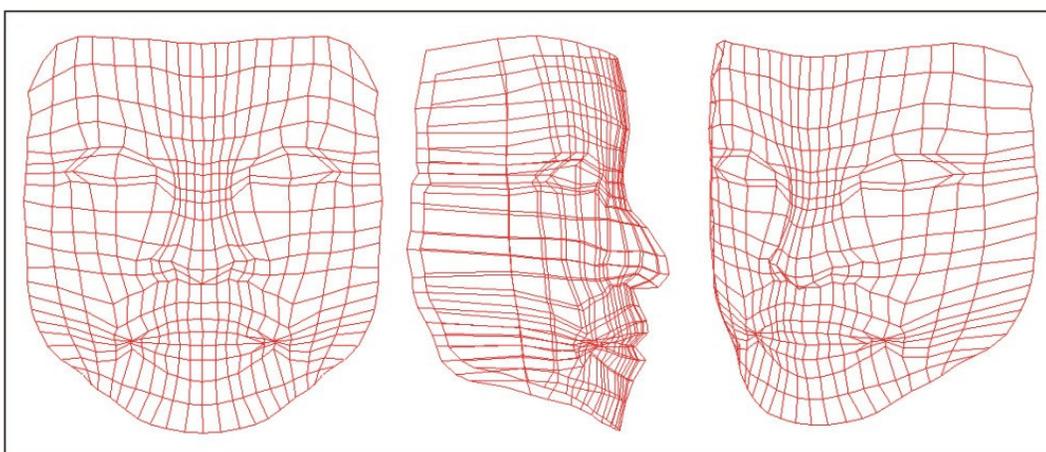


Figura 6.18: Face gerada a partir da combinação de gametas: G2xG6.

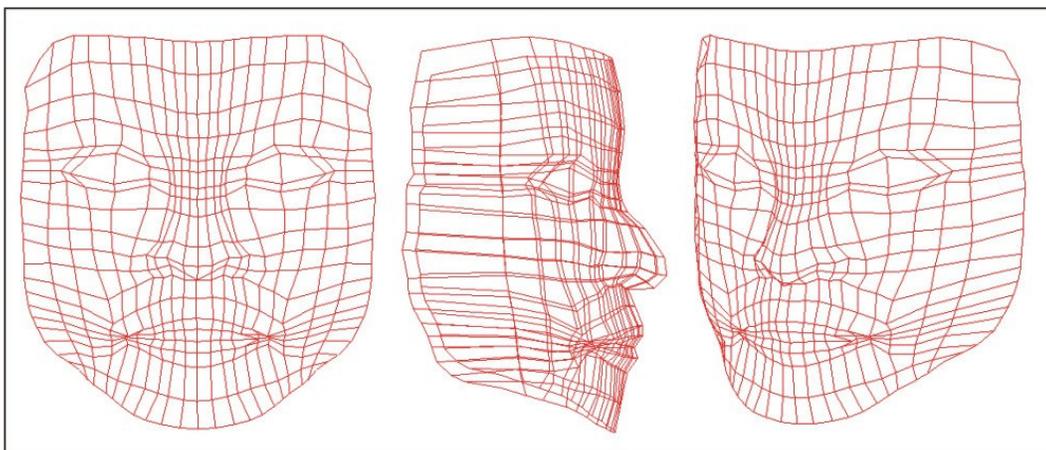


Figura 6.19: Face gerada a partir da combinação de gametas: G3xG8.

6.4 Estudo de caso III

Neste estudo de caso, foi utilizado um modelo masculino gerado a partir de imagens frontais e laterais de um personagem de desenho animado e o modelo feminino do estudo de caso I (Figura 6.20).

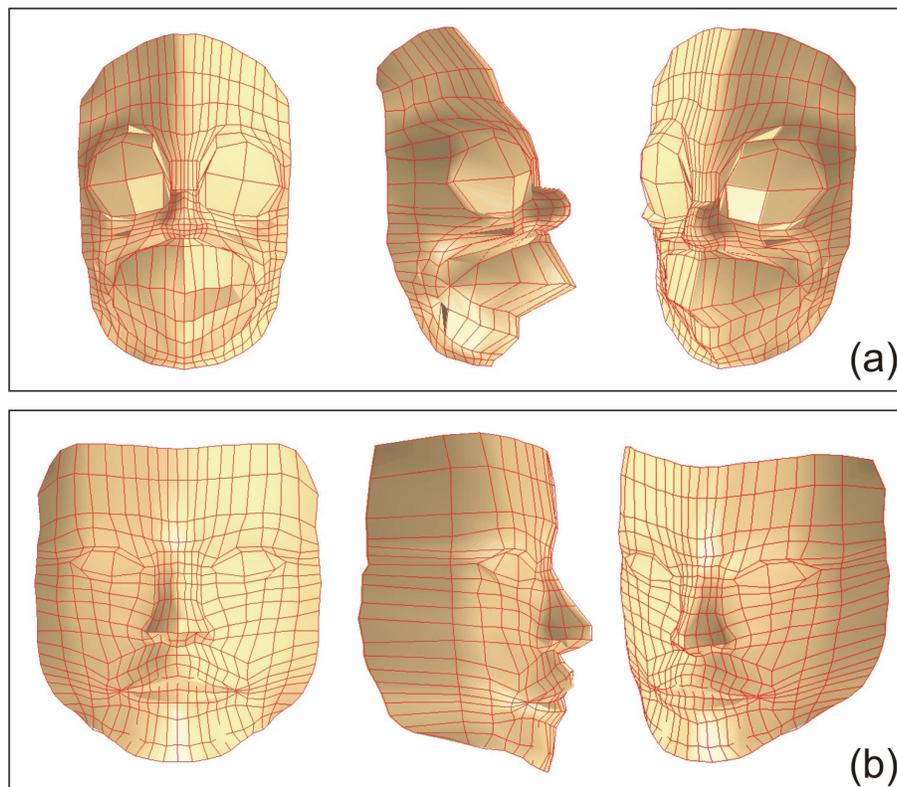


Figura 6.20: Malhas faciais (a) paterna e (b) materna.

6.4.1 Geração dos gametas

As informações armazenadas na estrutura cromossômica, para as malhas mostradas na Figura 6.20, são as mesmas do estudo de caso I. Neste estudo de caso, também foi utilizado o mesmo processo de meiose, resultando nos oito gametas mostrados na Tabela 6.1. Também foram gerados gametas com pesos aleatórios para ilustrar melhor a variabilidade de combinações (Figura 6.27).

6.4.2 Geração da Prole

Com os gametas da Tabela 6.1, foram geradas seis (Figura 6.21 a 6.26) possibilidades de fecundação. Com os gametas gerados com pesos aleatórios, foram geradas trinta e seis fecundações, ilustradas na figura 6.27.

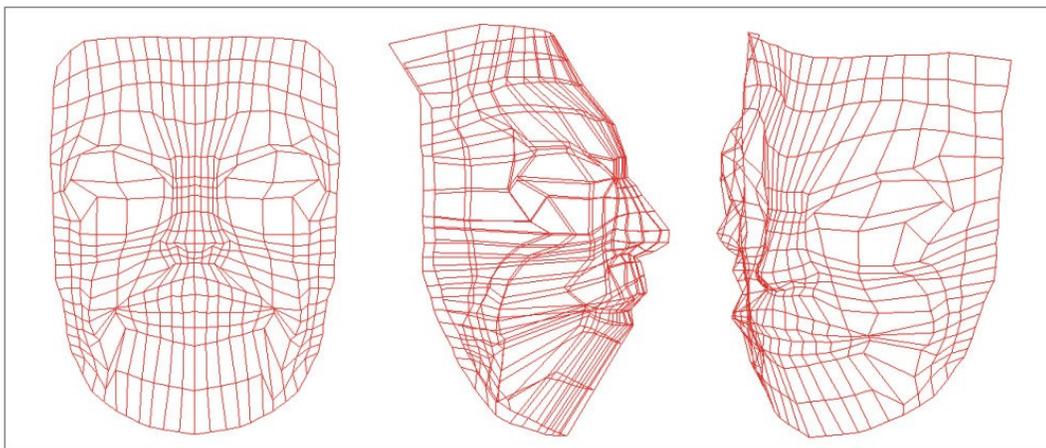


Figura 6.21: Face gerada a partir da combinação de gametas: G1xG6.

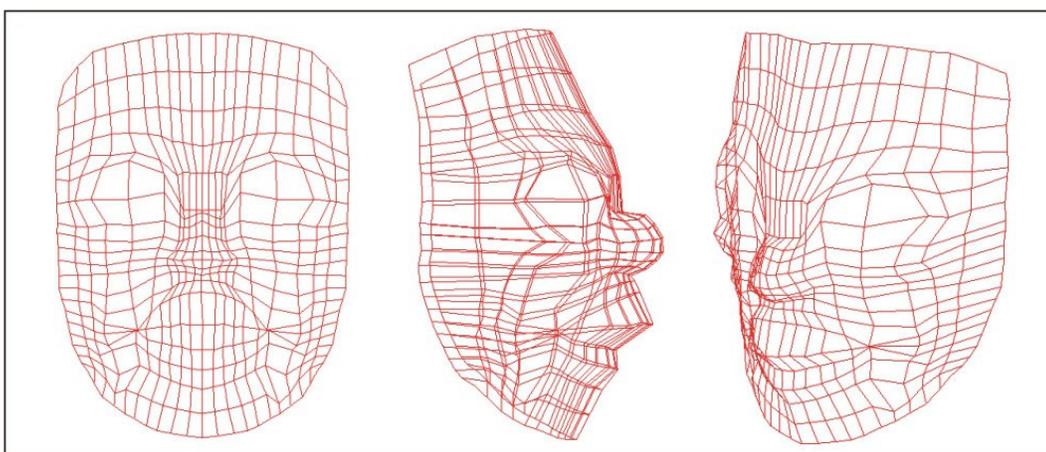


Figura 6.22: Face gerada a partir da combinação de gametas: G2xG7.

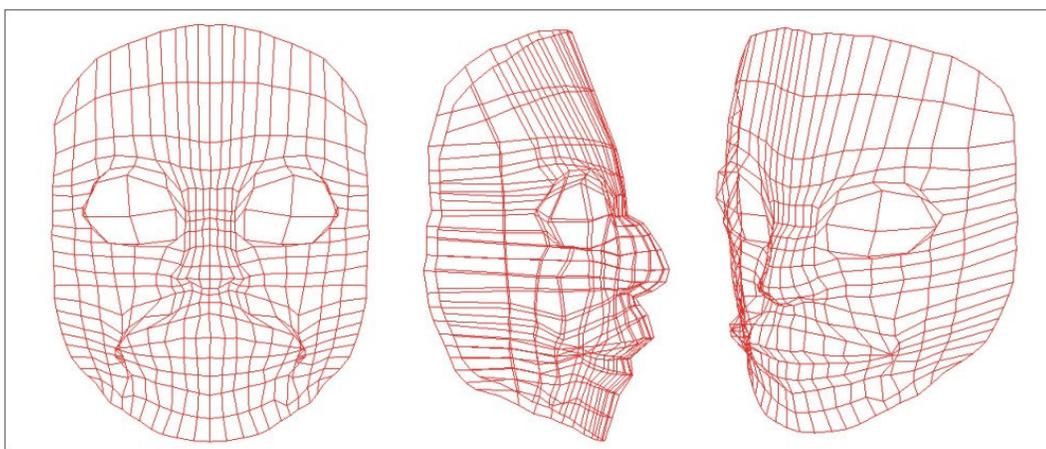


Figura 6.23: Face gerada a partir da combinação de gametas: G4xG8.

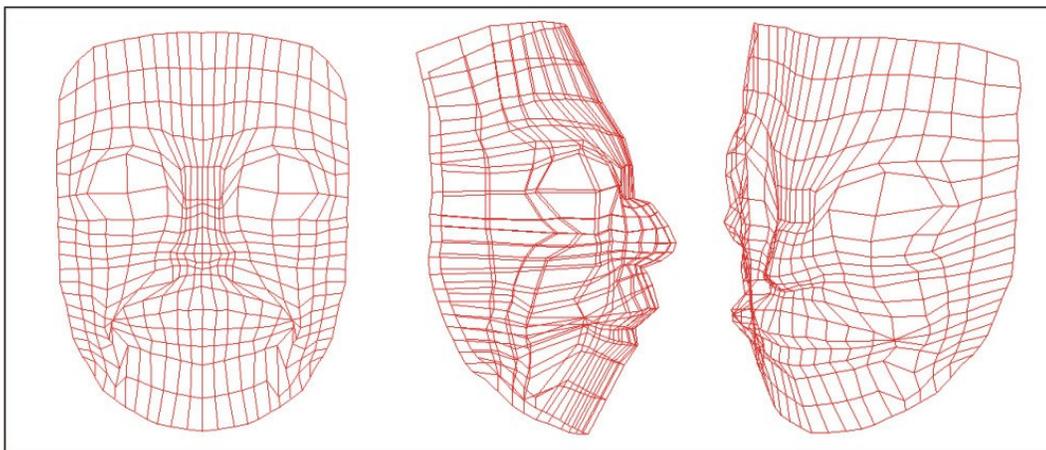


Figura 6.24: Face gerada a partir da combinação de gametas: G1xG5.

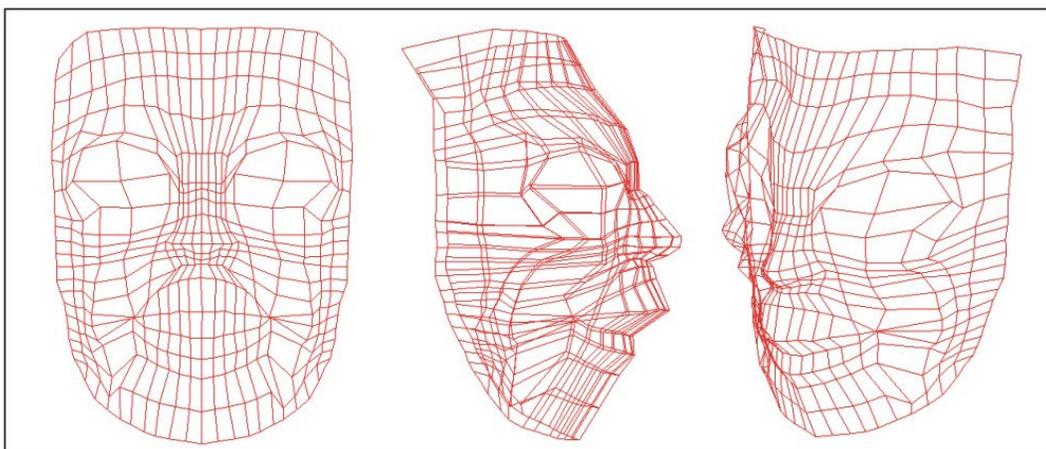


Figura 6.25: Face gerada a partir da combinação de gametas: G3xG6.

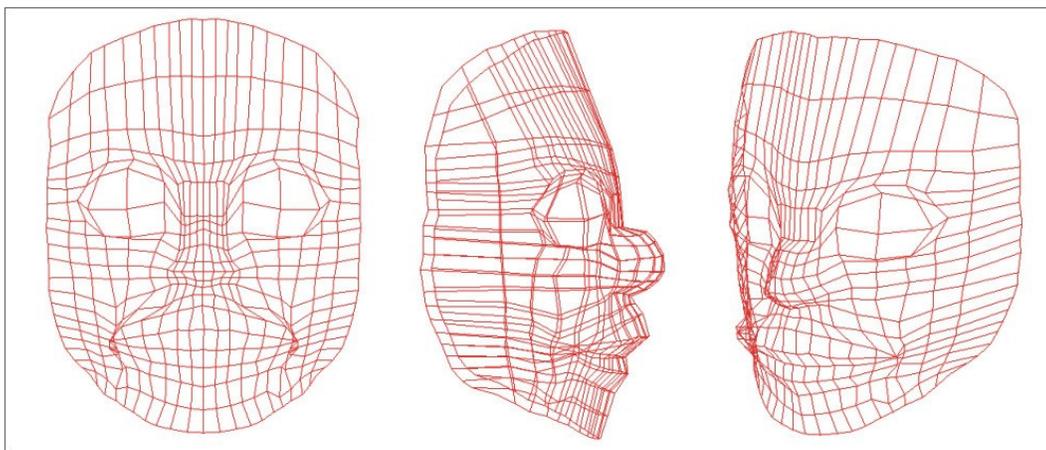


Figura 6.26: Face gerada a partir da combinação de gametas: G4xG7.

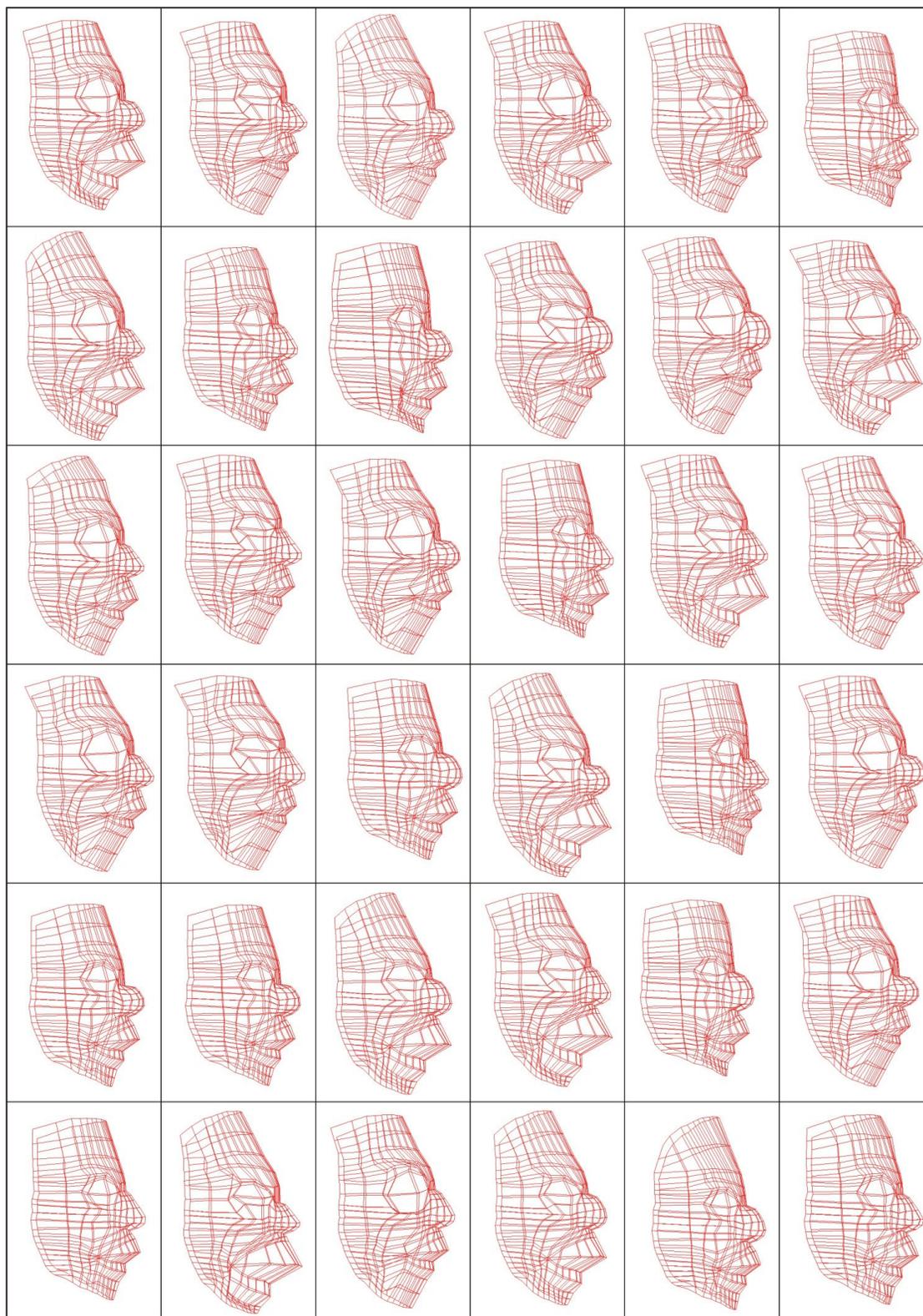


Figura 6.27: Faces geradas a partir da combinação de gametas com pesos gerados aleatoriamente.

6.5 Considerações Finais

Com os estudos de casos apresentados neste capítulo, é possível verificar algumas combinações de características de personagens, incluindo modelos com traços étnicos diferentes e modelos caricaturados de desenhos animados. É importante observar que o trabalho estuda apenas a geometria da face, apesar desta ser fortemente relacionada e identificada pela sua textura. Com o aumento do número de genes e uma modelagem mais detalhada é possível chegar a resultados ainda mais interessantes, porém, com os resultados apresentados, podemos comprovar que a utilização do processo reprodutivo de seres diplóides para a geração de personagens virtuais, garante a variabilidade necessária para a geração de modelos com características físicas próprias.

Capítulo VII

Conclusões

7.1 Principais contribuições

Este trabalho apresentou uma solução para o problema de geração automática de personagens virtuais, assegurando grande variabilidade. A solução apresentada baseou-se no automatismo e na grande variabilidade que ocorre na reprodução de seres diplóides. O processo necessita de uma descrição geométrica subjacente que se adapte segundo as informações genéticas armazenadas em uma estrutura diplóide de cromossomos artificiais. O modelo geométrico usado neste estudo foi composto pela união de patches de Bézier. O controle da adaptação do modelo usou pontos definidos por landmarks antropométricos cujos subagrupamentos definiram as características genéticas armazenadas como genes nos pares de cromossomos homólogos artificiais. Através do processo de meiose simulada, aplicado sobre a estrutura cromossômica de dois modelos geradores, gametas foram gerados para posteriormente serem usados na fecundação simulada.

Os estudos de casos apresentados simularam a fecundação de gametas gerados a partir de modelos masculinos e femininos obtidos por imagens laterais e frontais, considerando as possibilidades de combinação de modelos com características étnicas diferentes e de personagens de desenho animado. Nos dois primeiros estudos, aplicou-se o processo de meiose apenas uma vez para cada personagem gerador, resultando em quatro gametas masculinos e quatro femininos, que depois de fecundados geraram dezesseis descendentes. No terceiro estudo, também foram gerados vários modelos descendentes, a partir de várias combinações de gametas gerados com pesos aleatórios.

O processo, no entanto, é geral e pode ser aplicado ao corpo completo de um personagem. Além disso, o processo de simulação da meiose pode ser aplicado inúmeras vezes para cada personagem gerador, produzindo grande quantidade de óvulos e espermatozóides para serem fecundados aleatoriamente.

A solução proposta, em contraste com aquelas apresentadas na literatura, é mais versátil, no sentido de que, além de garantir grande variabilidade, é capaz de gerar modelos

que possuem características faciais semelhantes, simulando grupos de uma mesma família ou etnia, bem como permite o cruzamento entre indivíduos de grupos distintos.

7.2 Trabalhos Futuros

A solução proposta garante grande variabilidade de características dos modelos gerados e os resultados se mostraram bastante satisfatórios. Porém, é necessário um maior estudo nos dados relacionados a proporções, fornecidos pela antropometria, para garantir a geração de modelos válidos, mantendo as relações entre as diversas características físicas de acordo com a realidade.

Para garantir uma maior variabilidade, é importante definir um número maior de características, distribuindo-as como genes nos cromossomos. Neste trabalho foram utilizadas apenas nove características. Um maior realismo do resultado final pode ser obtido a partir da inclusão de análises de texturas (cor da pele, cabelo, olhos, etc), combinando-as como genes, da mesma forma que as características geométricas. Também é necessário um aperfeiçoamento no sistema utilizado para a modelagem e manipulação, para que seja possível ilustrar o resultado da simulação, de forma renderizada dentro do próprio sistema.

Referências Bibliográficas

(Allen et al., 2003) Allen, B., Curless, B. and Popovic, Z. *The space of human body shapes: reconstruction and parametrization from range scans*, Proceedings of ACM SIGGRAPH 2003, Computer Graphics Annual Conference Series, 27-31 July 2003, San Diego, CA, USA.

(Amabis & Martho, 1995) Amabis, J. M. and Martho, G. R. *Biologia das populações* Vol.3, 1st ed., Editora Moderna, São Paulo, São Paulo, Brasil, 1995.

(Blanz et al., 2006) Blanz, V., Albrecht, I., Haber, J. and Seidel, H.-P.: *Creating Face Models from Vague Mental Images*, Computer Graphics Forum 25(3) Eurographics 2006, pp.645-654.

(Blanz et al., 2004) Blanz, V., Scherbaum, K., Vetter, T. and Seidel, H. P. In: Cani, M.-P. and Slater, M. (Eds), *Exchanging Faces in Images*, Proceedings of EUROGRAPHICS 2004, pp. 669- 676.

(Blanz & Vetter, 1999) Blanz, V. and Vetter T. *A morphable model for the synthesis of 3D faces*, Proceedings of the 26th annual conference on Computer graphics and interactive techniques, p.187-194, July 1999.

(Bui et al., 2003) Bui, T.D., Poel, M., Heylen, D., and Nijholt, A. *Automatic Face Morphing for Transferring Facial Animation*, Computer Graphics and Imaging, Honolulu, Hawaii, USA, August 2003, pp. 19-23.

(Chan et al., 2005) Chan, M., Delmas, P., Gimel, G. and Leclercq, P., *Comparative Study of 3D Face Acquisition Techniques*. CAIP 2005: 740-747.

(Chen et al., 2004) Chen, T. and Fels, S. *Exploring gradient-based face navigation interfaces*, Proceedings of the 2004 conference on Graphics interface table of contents, Vol. 62 Pages: 65 – 72.

(DeCarlo et al., 1998) DeCarlo, D. , Metaxas, D. and Stone M., *An anthropometric face model using variational techniques*, Proceedings of the 25th annual conference on Computer graphics and interactive techniques, p.67-74, July 1998.

(Dipaola, 2002) Dipaola, S. *Facespace:a facial spatial-domain toolkit*. In Proceedings of InfoViz 2002, 49–55.

(Hancock & Frowd, 1999) Hancock, P. J. B. and Frowd, C. D. *Evolutionary generation of faces*. In Proc. of AISB, pages 93--99, 1999.

(Kähler et al., 2003) Kähler, K., Haber, J. and Seidel, H.: *Reanimating the Dead: Reconstruction of Expressive Faces from Skull Data*, ACM Transactions on Graphics (SIGGRAPH 2003 Conference Proceedings).

(Kähler et al., 2002) Kähler, K., Haber, J. , Yamauchi, H. and Seidel, H. P. *Head shop: generating animated head models with anatomical structure*, Proceedings of the 2002 ACM SIGGRAPH/Eurographics symposium on Computer animation, July 21-22, 2002, San Antonio, Texas.

(Kolar & Salter, 1997) Kolar, J. C. and Salter, E. M.: *Craniofacial Anthropometry – Practical Measurement of the Head and Face for Clinical, Surgical and Research Use*. Charles C. Thomas Publisher, Ltd. Springfield, Illinois, USA.

(Kuo et al., 2002) Kuo, C. J., Huang, R. and Lin T. *3-D Facial Model Estimation from single front-view facial image*; IEEE transactions on circuits and systems for video technology, vol 12, No.3, March, 2002.

(Narayanan & Chellappa, 2005) Narayanan, R. and Chellappa, R., *Face Verification across Age Progression*, IEEE Computer Vision and Pattern Recognition(CVPR) 2005 , vol. 2 pp 462-469.

(Noh & Neumann, 1998) Noh, J. and Neumann, U. *A Survey of facial modeling and animation techniques*, USC Technical Report 99-705, 1998.

Referências Bibliográficas

(Praun et al., 2001) Praun, E., Sweldens, W. and Schroder, P. *Consistent Mesh Parameterizations*. Proceedings of ACM SIGGRAPH 2001, Computer Graphics Annual Conference Series, 179-184.

(PushKar, 2003) PushKar, J. *Learning Controls for Blend Shape Based Realistic Facial Animation*, Eurographics, SIGGRAPH Symposium on Computer Animation, 2003 p.187-192.

(Seo & Thalmann, 2003) Seo, H. and Thalmann, N. *An automatic modeling of human bodies from sizing parameters*, Proceedings of the 2003 symposium on Interactive 3D graphics Pages: 19 – 26.

(Starr & Taggart, 1995) Starr, C. and Taggart, R. *Biology: The unity and diversity of life*, 7th ed., Wadsworth Publishing Company, Belmont, California, USA, 1995.

(Zhang et al., 2002) Zhang, Y., Prakash, E. C. and Sung, E. *Constructing a realistic face model of an individual for expression animation*, International Journal of Information Tecnology Vol.8, No.2 September , 2002.

(Zhang et al., 2004) Zhang, Y., Sim, T. and Tan, C. L., *Rapid modeling of 3D faces for animation using an efficient adaptation algorithm*, Proceedings of the 2nd international conference on Computer graphics and interactive techniques in Australasia and Southe East Asia, June 15-18, 2004, Singapore.