

# Chapitre 5

## Comparaison & Evaluation

### Sommaire

---

I. Introduction.....	106
II. Recalage d'images.....	107
a. Définition.....	107
b. Types de recalage.....	108
1. Recalage monomodal intra-patient.....	108
2. Recalage multimodal intra-patient.....	108
3. Recalage monomodal inter-patients.....	108
4. Recalage multimodal inter-patients.....	109
c. Structures homologues.....	109
d. Le modèle de transformation.....	110
1. Les transformations linéaires.....	110
2. Les transformations non-linéaires.....	113
e. Algorithmes de recalage.....	114
1. Algorithmes de recalage manuel.....	114
2. Algorithmes de recalage semi-automatique.....	114
3. Algorithmes de recalage automatique.....	115
III. Comparaison des signatures biométriques ( <i>Matching</i> ).....	117
1. Principe.....	117
2. Algorithme de <i>matching</i> .....	117
IV. Evaluation du système biométrique.....	119
a. Expérimentation.....	121
b. Résultats et interprétations.....	121
V. Evaluation de l'approche de classification.....	125
VI. Conclusion.....	127

### Résumé

---

*La dernière partie de notre travail concerne la comparaison entre les individus à travers leur signature rétinienne. Dans ce chapitre, est abordée une étape intermédiaire entre la génération et la comparaison des signatures : le recalage automatique des images. Ensuite, on élucidera les détails de l'épreuve de comparaison en décrivant l'algorithme appliqué sur une base d'images rétiniennes et on interprétera les résultats obtenus à l'issue de cette étape. Finalement, une évaluation de notre système de classification par biométrie sera évoquée et discutée en vue d'une éventuelle application dans les secteurs appropriés.*

---

## I. Introduction.

Après avoir terminé la phase d'extraction des caractéristiques des images rétinienne et établi la signature biométrique, la dernière étape de notre système d'identification concerne la comparaison entre ces caractéristiques. En d'autres termes, l'étude de correspondance de deux images consiste à mesurer la similarité entre les caractéristiques extraites de chaque image. Pour ce faire, il faudrait, tout d'abord, que ces images, ou plutôt ces caractéristiques, soient bien alignées pour pouvoir étudier leur similarité géométrique.

Cependant, dès que l'on possède au moins deux images représentant une même réalité physique, leur analyse conjointe n'est pertinente qu'à la condition d'employer le même référentiel spatial pour les comparer. Cette tâche connue sous le nom de recalage, constitue une étape indispensable dans de nombreuses procédures de traitement d'images médicales.

De manière quelque peu réductrice, le terme recalage est synonyme d'expressions telles que alignement ou appariement, puisqu'il assure l'estimation d'une transformation géométrique permettant la superposition spatiale des caractéristiques correspondantes entre les images.

Le recalage des images est un sujet central en imagerie médicale, utilisé dans beaucoup d'applications. Il consiste essentiellement à établir une relation géométrique entre les objets représentés par deux images. Bien qu'il ait bénéficié d'une attention particulière de la part des chercheurs, le recalage d'images pose toujours des problèmes non résolus. La multitude des applications touchées fait surgir de nouvelles questions, nécessitant le développement de techniques appropriées. Entre autres, A. FEROUÏ a dédié son travail [29] à l'étude de cette technique et de ces méthodologies en vue d'une interprétation des clichés rétinien. La présentation du recalage et la description de la méthode utilisée dans notre algorithme d'identification, seront le sujet de la première partie de ce chapitre.

Puis, nous entamerons la procédure de comparaison des patterns recalés. Cette procédure connue sous le terme de « *Template matching* » consiste à mesurer un degré de similarité entre deux patterns de la même nature. Dans notre cas les patterns sont formés d'un ensemble de points caractéristiques ; naturellement, leur degré de similarité va être calculé par rapport à la correspondance entre leurs points de bifurcation et de croisement.

Afin d'évaluer l'efficacité de notre système biométrique, nous allons tester notre algorithme d'identification sur un ensemble d'images de la base rétinienne ARIA [100].

Nous pourrions, alors, considérer ce système biométrique comme étant un système de classification automatique, et cette étape d'évaluation comme une phase d'apprentissage supervisé du système décisionnel. La base d'images va être divisée entre deux, la première partie servira à cette phase d'apprentissage et la deuxième au test du système de classification. Nous discuterons par la suite les résultats expérimentaux.

Avant cela, nous allons présenter cette dernière phase de l'algorithme d'identification en commençant par la description de l'étape intermédiaire de recalage des images.

## II. Recalage d'images.

### a. Définition.

Le recalage en imagerie médicale, semble avoir une importance considérable. Cela se comprend aisément, étant donné le nombre d'applications qui nécessitent de comparer des images médicales :

- La fusion d'information : des images de modalités différentes du même patient doivent être recalées.
- La mesure d'évolution : des images de même modalité du même patient, mais acquises à des instants différents, doivent être recalées.
- La comparaison d'individus : des images de même modalité, mais de sujets différents, doivent être recalées.
- La superposition d'atlas : des images de modalités différentes de sujets différents doivent être recalées.

La notion de recalage, telle que présentée dans [93], est associée à la définition d'une correspondance point-par-point, entre les coordonnées d'un point dans un espace à celle d'un autre point dans un autre espace (aussi appelé référentiel). Dans le domaine de l'imagerie médicale, cette notion se trouve renforcée par le fait que ces points correspondent tous à des points anatomiques.

Dès lors, un certain nombre de questions viennent à l'esprit :

- *Quelles informations utiliser pour guider le recalage ?*
- *Comment déformer une image ?*
- *Comment définir la ressemblance entre deux images ?*
- *Comment trouver la meilleure déformation ?*

De ce fait, qu'elle s'inscrive dans le cadre d'une application interactive ou automatique, une procédure de recalage suit généralement le même schéma et réclame la définition de certains critères à savoir :

- Extraction des structures homologues (appelées aussi attributs ou primitives) : Ce sont les caractéristiques, extraites des images, qui permettent de guider le recalage.
- Modèle de déformation : Il conditionne la manière dont l'image est géométriquement modifiée.
- Critère de similarité : Il définit une certaine distance entre les attributs des images afin de quantifier la notion de ressemblance.

- Stratégie d'optimisation : Elle permet de déterminer la meilleure transformation au sens d'un certain critère de similarité dans l'espace de recherche défini par le modèle de déformation.

Considérons le recalage d'une image  $I_{reca}$  sur une image de référence  $I_{ref}$ . Le problème de mise en correspondance des deux images consiste, à trouver la meilleure transformation  $T$  qui, à chaque point  $M$  de l'image de référence  $I_{ref}$  associe les coordonnées  $T(M)$  dans l'image  $I_{reca}$  tel que:

$$T(M) = M + u(M) \quad (II.1)$$

avec  $u$  : le champ de déformation.

De nombreux articles, tels que celui de BROWN en 1992 [94] et MAINTZ en 1998 [95], dressent des états de l'art des méthodes de recalage existantes, qui ont été complétés récemment par ZITOVA en 2003 [96]. Ils s'attachent à réaliser une revue complète et à fournir une classification des méthodes et différents types de recalage employées dans le domaine de l'imagerie médicale.

## **b. Types de recalage.**

Les critères cités auparavant, varient beaucoup en fonction de l'application recherchée. Nous pouvons distinguer quatre principaux types de recalage dépendant de l'application visée :

### **1. Recalage monomodal intra-patient.**

Il correspond à un recalage d'images provenant du même patient et de la même modalité. Les images sont alors semblables du point de vue des intensités et ne comportent que peu de différences anatomiques. Ce type de recalage est utilisé pour le suivi des pathologies, des traitements, ou bien pour le contrôle postopératoire [97].

### **2. Recalage multimodal intra-patient.**

Il vise à la mise en correspondance d'images de modalités différentes du même patient. Dans ce cas, les images sont alors différentes du point de vue des intensités, mais ne comportent pas de différences anatomiques. Ce recalage est appliqué essentiellement pour la fusion des informations provenant d'examen différents [98].

### **3. Recalage monomodal inter-patients.**

Il concerne le recalage d'images de différents patients mais de même modalité. Dans ce cas, les images sont semblables mais comportent des différences anatomiques importantes. Une telle application pourrait être intéressante dans le cas des statistiques tenant compte de la variabilité anatomique d'une population, dans la construction d'atlas de modèles anatomiques ou même pour l'étude de pathologie au sein d'une population [104].

#### 4. Recalage multimodal inter-patients.

Cette dernière catégorie comprend les méthodes ayant pour but de mettre en correspondance des images de divers patients acquises selon différentes modalités. Les images sont alors variées en intensité et comportent également des anatomies différentes [105].

Le Tableau II.1, présente quelques exemples d'applications rencontrées, nécessitant l'utilisation de méthodes de recalage d'images en fonction de la dualité modalité/patient.

Dans notre cas, le recalage utilisé pour la comparaison des images rétinienne est un recalage de type monomodal, inter-patients : des images de la même modalité (rétine) de personnes différentes sont recalées.

	Monomodal	Multimodal
Intra-patient	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Suivi de pathologie.</li> <li>• Suivi de traitement.</li> <li>• Contrôle post-opératoire.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Segmentation des lésions.</li> <li>• Complémentarité entre les sources des images :               <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Confrontation anatomique : Anatomie/fonction.</li> <li>○ Fusion des images provenant d'exams divers (IRM, EEG, MEG, ...) afin de localiser les différentes informations.</li> </ul> </li> <li>• Planning thérapeutique et chirurgie assistée par ordinateur (recalage préopératoire).</li> </ul>
Inter-patients	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Statistiques sur la variabilité</li> <li>• anatomique d'une population :               <ul style="list-style-type: none"> <li>- Recalage avec un atlas.</li> <li>- Normalisation spatiale.</li> </ul> </li> <li>• Construction d'atlas (modèles).</li> <li>• Etude de pathologie au sein d'une population.</li> <li>• <b>Reconnaissance biométrique</b></li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Recalage d'atlas.</li> <li>• Cartographie fonctionnelle du cerveau humain (<i>Human Brain Mapping</i>).</li> <li>• Normalisation anatomo-fonctionnelle.</li> </ul>

**Tableau II.1 - Classement des applications selon leur type de recalage.**

#### c. Structures homologues.

Les structures homologues sont des informations extraites des images qui servent de base pour le calcul de la transformation. Ces structures sont caractérisées par leur dimensionnalité (dimension de leur espace de description, au sens paramétrique du terme),

par la dimension de leur espace d'évolution (espace euclidien le plus souvent) et enfin par leur nature.

Dans notre cas, nous avons proposé un algorithme de recalage automatique des images rétiniennes (décrit dans une section ultérieure). Cet algorithme utilise comme structures homologues les points de références extraits dans le chapitre 4 : la papille et la macula.

#### **d. Le modèle de transformation.**

Différents types de transformations ont été proposés dans la littérature [106] ; nous distinguerons les transformations linéaires et les transformations non linéaires. Une distinction peut aussi être faite entre les transformations globales où toute l'image est transformée avec les mêmes équations (par exemple pour une fusion d'informations), et les transformations locales où les différentes régions de l'image ne sont pas déterminées de la même façon (par exemple pour une étude d'évolution de pathologie).

Le recalage de deux images entre elles consiste à définir la transformation permettant de mettre en correspondance un point d'une image avec le même point dans l'autre image. Nous présentons par la suite un certain nombre de transformations, classées selon la dimension de l'espace de recherche (qui correspond au nombre de paramètres à trouver ou encore au nombre de degrés de liberté).

Nous n'avons pas jugé utile de s'étaler sur ces transformations, une brève description, telle que nous l'avons trouvée dans la littérature [29], [104], [107], va être présentée dans ce qui suit.

#### **1. Les transformations linéaires.**

Les notations des paramètres utilisés dans les définitions suivantes sont définies dans un espace 2D comme suit :

$\Delta x$  : la distance de translation sur l'axe des abscisses.

$\Delta y$  : la distance de translation sur l'axe des ordonnées.

$\theta$  : l'angle de rotation dans l'espace 2D.

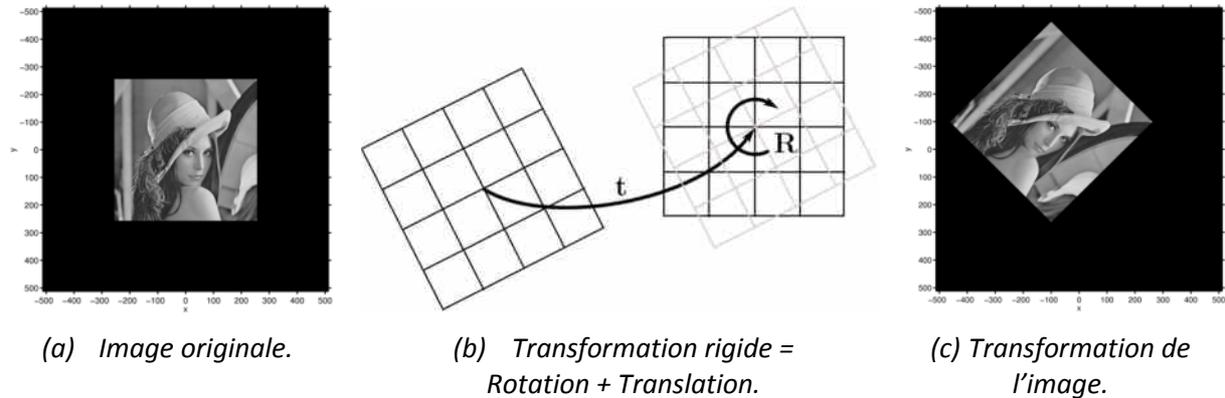
$s$  : le facteur de redimensionnement ou mise à l'échelle.

##### ***i. La transformation rigide (isométrie).***

$$T(M) = RM + t \quad (\text{II.2})$$

Cette transformation combine des rotations et des translations, elle préserve toutes les caractéristiques géométriques (les angles, les surfaces et les longueurs, . . .) (Figure II.1). On ne fait que déplacer l'objet dans l'espace, en supposant qu'il ne se déforme pas (3

paramètres en 2D :  $\Delta x, \Delta y$  pour la translation et l'angle  $\theta$  de la rotation). Elle peut être calculée avec 2 points de contrôle.



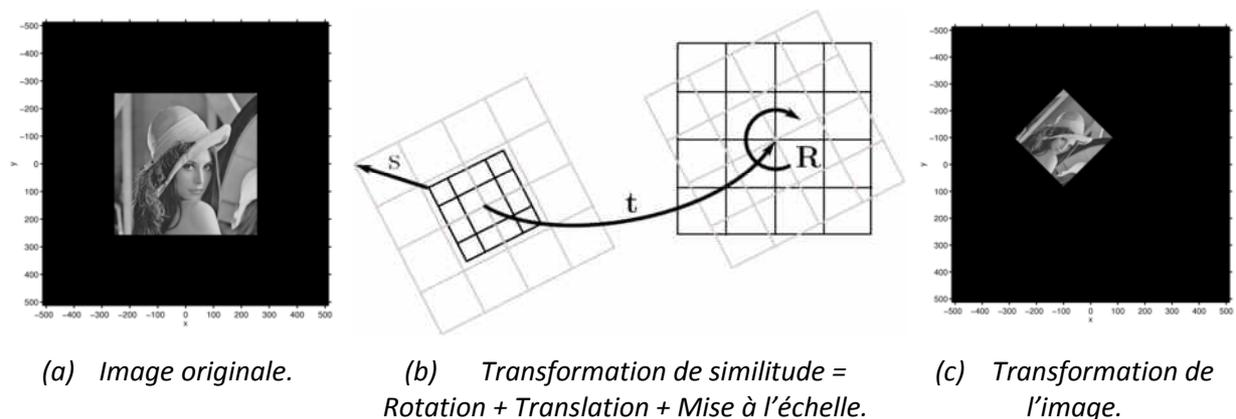
**Figure II.1 - La transformation rigide (isométrie) [114].**

Dans ce cas,  $T(M)$  peut s'écrire :  $RM + t$  où  $R$  est une matrice 3x3 de rotation (matrice de 9 éléments ne dépendant que des 3 paramètres de rotation) et  $t$ , un vecteur de translation.

### ii. La transformation de similitude.

$$T(M) = sRM + t \quad (II.3)$$

Il s'agit d'une combinaison d'une translation, d'une rotation et d'un facteur d'échelle, elle conserve les angles et les rapports de longueurs (Figure II.2). (4 paramètres en 2D :  $\Delta x, \Delta y$  pour la translation, l'angle  $\theta$  de rotation et  $s$  le facteur de la mise à l'échelle). Elle peut être calculée avec 2 points de contrôle.



**Figure II.2 - La transformation de similitude [114].**

Dans ce cas,  $T(M)$  peut s'écrire :  $sRM + t$  où  $s$  est le facteur d'échelle,  $R$ , une matrice de rotation et  $t$ , un vecteur translation.

### iii. La transformation affine.

$$T(M) = AM + t \quad (II.4)$$

On peut avoir ainsi des transformations de type : torsion, cisaillement. Le parallélisme, les rapports de surfaces et de longueurs, les coordonnées barycentriques sont conservés (Figure II.3). (6 paramètres en 2D : 4 pour la matrice de transformation linéaire non-singulière  $A$  (rotation, redimensionnement et inclinaison) et  $\Delta x, \Delta y$  pour la translation). Trois points de contrôle sont nécessaires pour la calculer.

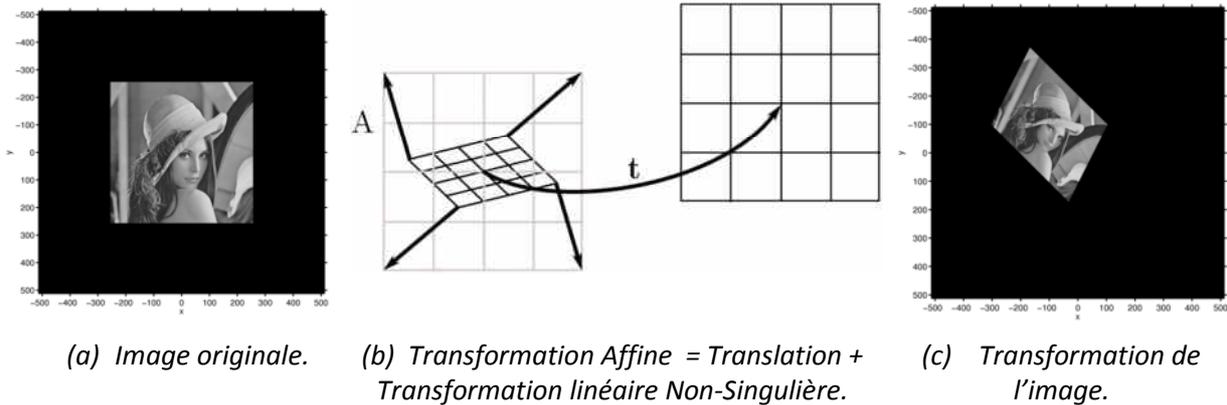


Figure II.3 - La transformation affine [114].

Dans ce cas,  $T(M)$  peut s'écrire :  $AM + t$  où  $A$  est une matrice 3x3 quelconque (les 9 éléments de la matrice sont autant de degrés de liberté) et  $t$  est un vecteur translation.

### iv. La transformation projective.

$$T(M) = P(RM + t) \quad (II.5)$$

Cette transformation permet de prendre en compte les effets de perspectives dus à l'éloignement de l'objet visé (images acquises avec une caméra : satellite, vidéo) (Figure II.4). On distingue les projections parallèles et les projections perspectives : le modèle le plus utilisé est le modèle sténopé.

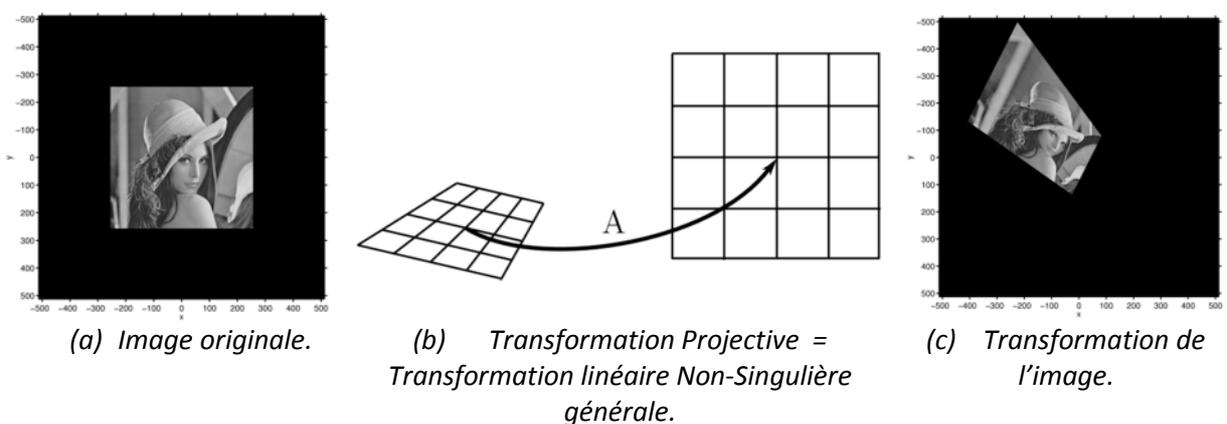


Figure II.4 - La transformation projective [114].

Les droites sont conservées, mais pas le parallélisme (8 paramètres en 2D, sachant que le nombre de paramètres dépend de la connaissance a priori du modèle de la caméra). Elle peut être calculée avec 4 points de contrôle.

## 2. Les transformations non-linéaires.

Ces transformations changent les droites en courbes. Le nombre de paramètres est variable selon le type de transformation retenu et est potentiellement important. Ces transformations peuvent être globales ou locales.

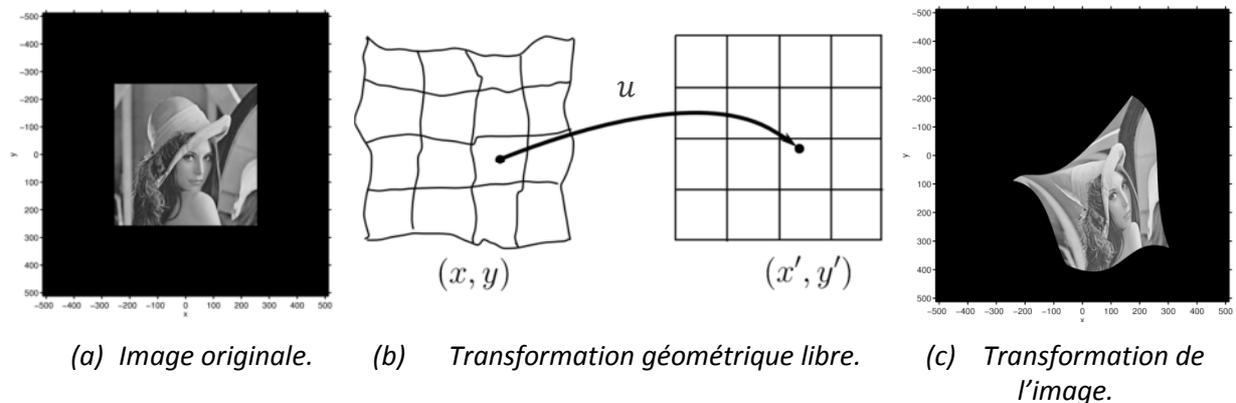
### i. La transformation polynomiale.

La transformation est exprimée comme une combinaison linéaire de polynômes dont le degré est fixe a priori. Le nombre de paramètres dépend des points de contrôle et des nœuds. Si le degré  $N$  du polynôme vaut 1, on retrouve les transformations affines.

### ii. La transformation libre.

$$T(M) = M + u(M) \quad (\text{II.6})$$

Les paramètres gouvernant la transformation dans une région de l'image n'influent pas sur une autre région de l'image. La transformation est définie par un vecteur  $u(M)$  en chaque point (Figure II.5).



**Figure II.5 - Les transformations libres [114].**

S'il est possible, mathématiquement, de définir des transformations quelconques pouvant être très complexes, la difficulté va consister à trouver la meilleure transformation « réaliste ». Ce réalisme consiste par exemple à ne pas avoir une transformation non linéaire présentant de très grandes déformations. Pour pénaliser celles-ci, on ajoute typiquement un terme de régularisation de la transformation à la mesure de similarité à optimiser. Si ce terme de régularisation provient de la théorie de l'élasticité, on parlera alors de transformation élastique, s'il provient de la mécanique des fluides, on parlera alors de transformation fluide.

Les caractéristiques qui seront utilisées pour le recalage ainsi que le type de transformation à rechercher étant fixés, il nous faut trouver la meilleure transformation, c'est-à-dire celle qui va réaliser la superposition des images. Cela suppose de savoir comparer deux transformations entre elles, afin de pouvoir les classer. C'est le rôle des critères de qualité, aussi appelés mesures de similarité.

Les algorithmes définis dans le paragraphe suivant, seront limités à la famille des algorithmes de recalage géométrique de type point-à-point. Le critère de similarité d'une transformation dans ce genre d'algorithme est calculé à base de distance entre toutes les paires de point des deux images.

### **e. Algorithmes de recalage.**

Le recalage d'image est un problème ardu, il a donc motivé de nombreux chercheurs. On a ainsi une grande variété de méthodes utilisées, sur des applications très différentes. La première remarque qui s'impose est la très grande spécificité des solutions trouvées : une méthode sera efficace pour l'application à laquelle est destinée, mais elle s'applique difficilement à un autre domaine sans une adaptation importante.

Différentes approches (manuelles/automatiques, géométriques/iconiques), plus ou moins complexes, ont été employées pour recaler les images rétinienne. La nature des images à recaler ainsi que les contraintes de temps de calcul ont orienté les recherches vers des solutions très diversifiées. Les méthodes développées pour recaler les images de la rétine peuvent être classées en trois familles: les méthodes séquentielles, les méthodes point-à-point et les méthodes élastiques.

Nous nous sommes contentés, dans ce mémoire, de présenter des algorithmes basés sur des méthodes point-à-point. Il en existe trois sortes d'algorithmes de recalage d'images rétinienne dans la littérature ([29], [107]) :

#### **1. Algorithmes de recalage manuel.**

C'est une méthode dans laquelle un opérateur utilise une interface graphique pour sélectionner quelques paires (quelconques) de points anatomiques similaires. Ces points doivent être sélectionnés avec le maximum de précision sur les deux images rétinienne pour les mettre en correspondance. L'algorithme de recalage utilisera alors ces paires comme points de contrôle.

#### **2. Algorithmes de recalage semi-automatique.**

Contrairement à un algorithme de recalage manuel, les points de contrôle sont choisis par un opérateur parmi un ensemble de points anatomiques extraits automatiquement. Nous prenons comme exemple les points de bifurcation du réseau vasculaire. Ces points sont extraits avec un algorithme automatique (comme celui décrit dans le chapitre 4), par la suite l'opérateur sélectionne les paires similaires dans les deux images qui vont guider le recalage.

### 3. Algorithmes de recalage automatique.

Les deux algorithmes précédents ne conviennent pas au recalage d'images dans un système automatique d'identification. Ceci est dû à la nécessité d'une intervention d'un opérateur tierce pour la sélection des points de contrôle. C'est pour cette raison que nous nous sommes intéressés, particulièrement, aux algorithmes de recalage automatique.

#### ❖ *Etat de l'art.*

La plupart des travaux sur la rétine (ZANA [105], CIDECIYAN [106], PINZ [41] et HART [108]) utilisent une hypothèse de transformation rigide entre les images à recaler, considérant que les principales sources de "distorsion" sont uniquement dues aux variations relatives de la position des yeux par rapport à l'axe de la caméra (d'une image à l'autre, les angles de prises de vues ne peuvent être reproduits de manière précise). Récemment, des modèles plus élaborés ont été développés pour prendre en compte les erreurs dues à la projection de la rétine (surface sphérique) sur le plan [109].

Dans [91] les auteurs ont appliqué un algorithme pour le recalage des angiographies à la fluorescéine. Cet algorithme applique une transformation affine spéciale dite « des minima carrés » et une transformation Bayésienne de Hough pour la comparaison des points.

Dans [16] et [20], ORTEGA ET AL. utilisent une méthode de recalage basée sur une transformation de similitude en utilisant une combinaison de trois points de bifurcation comme points de contrôle. Cette combinaison est sélectionnée en fonction du meilleur score de *matching* des points obtenus parmi toutes les combinaisons (avec des restrictions pour limiter le nombre de cas possibles).

Ces algorithmes de recalage, et beaucoup d'autres [18], [24], [92], basés sur la sélection de la meilleure transformation parmi tous les cas possibles, sont très robustes en matière de précision, mais sont très onéreux en matière de temps, surtout s'ils ne sont pas contrôlés par des paramètres de restriction.

On notera qu'il est très fastidieux, étant donné la quantité de combinaisons possibles (cas d'application/algorithme), d'essayer tous les algorithmes de recalage qui existent dans la littérature. Nous avons donc fait un choix fondé sur l'analyse de notre problème et des problèmes voisins déjà résolus, confrontés aux possibilités qui s'offrent à nous.

Cependant, nous avons proposé une nouvelle approche de recalage automatique qui utilise des points de contrôle spécifiques. Cette approche a donné des résultats satisfaisants en matière d'efficacité et de coût dans notre cas d'étude.

#### ❖ *Approche proposée.*

Deux images rétiniennes de la même personne obtenues à différents moments seront probablement différentes en raison des mouvements oculaires. Nous pouvons constater une

variation de la géométrie des caractéristiques à l'intérieur de la rétine. Or, ces variations géométriques sont très modérées : les angles de rotations du globe oculaire sont très faibles lorsqu'un individu est face à la caméra d'acquisition et le facteur d'échelle varie légèrement selon la position de la personne vis-à-vis de l'objectif. La transformation considérée dans ce travail de recalage est la transformation de similitude, qui est un cas particulier de la transformation affine. La ST (« *Similitude Transformation* ») donne de bons résultats dans ce genre d'images, c'est un modèle très efficace par rapport aux autres modèles de transformation de plus haut niveau. Elle peut modéliser la translation, la rotation et l'isotropie (la mise à l'échelle) en utilisant les 4 paramètres :  $\Delta x, \Delta y, \theta, s$ . Elle est définie comme suit :

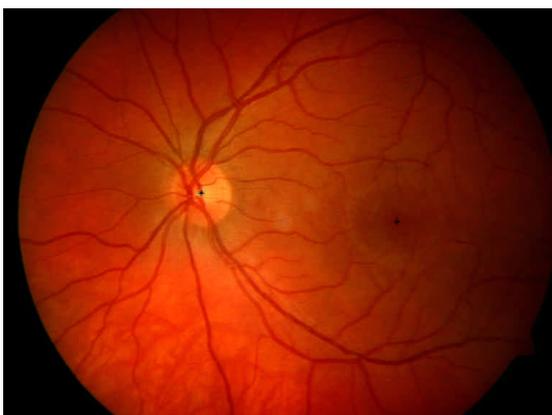
$$\begin{pmatrix} x_b \\ y_b \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \Delta x & s \cos \theta & -s \sin \theta \\ \Delta y & s \sin \theta & s \cos \theta \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1 \\ x_r \\ y_r \end{pmatrix} \quad (II.7)$$

où  $(x_b, y_b)$  et  $(x_r, y_r)$  sont, respectivement, les coordonnées cartésiennes des points dans l'image de base et l'image à recalcer.

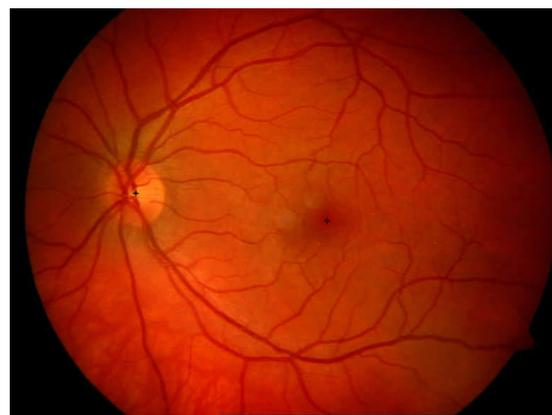
Cette transformation a besoin de 2 points de contrôle pour calculer ces 4 paramètres.

Nous proposons dans ce mémoire d'utiliser comme points de contrôle du recalage automatique par transformation de similitude, les deux points de référence extraits de la rétine dans le chapitre 4 : les centres de la papille et de la macula (Figure II.6 (a et b)).

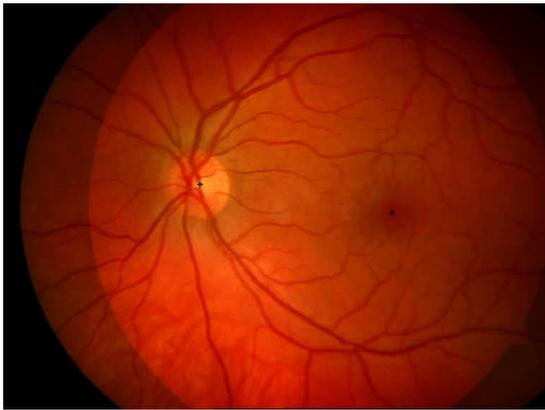
Nous avons testé cet algorithme sur deux images de la base ARIA [100] provenant de la même personne à des moments différents (Figure II.6). A priori, nous voyons bien dans la Figure II.6 (c) que cette méthode a donné des résultats très satisfaisants. Nous verrons par la suite, les résultats obtenus du calcul de similarité des patterns recalés avec cette méthode (comme montré dans la Figure II.6 (d)).



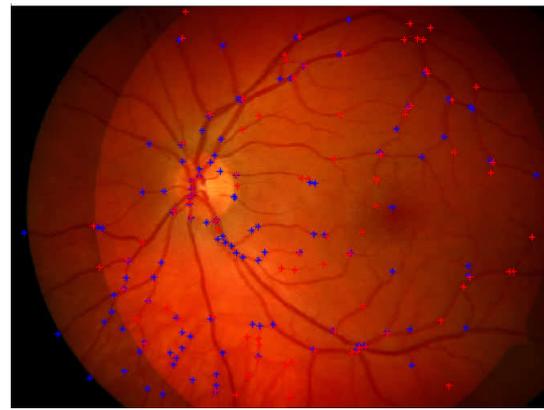
(a) Image d'une personne prise à l'instant  $t$  avec les points de contrôle (petits points noirs).



(b) Image de la même personne prise à l'instant  $t + 1$  avec les points de contrôle (petits points noirs).



(c) Résultat du recalage des deux images (points de contrôle superposés).



(d) Résultat du recalage des patterns superposé sur les images recalées.

**Figure 11.6 - Exemples d'application de notre algorithme de recalage sur des images de [100].**

### III. Comparaison des signatures biométriques (*Matching*).

#### 1. Principe.

Une fois que les patterns sont recalés, nous allons procéder à une comparaison de ces patterns. Cette opération connue sous le nom : « *Template matching* (TM) » consiste à mesurer le degré de similarité entre deux patterns.

Dans l'état de l'art, nous avons vu que la plupart des algorithmes de recalage sont basés sur une méthodologie de « test-évaluation » des transformations possibles. Cette évaluation se fait en calculant le degré de similarité dans chaque transformation. Ceci dit, l'étape du calcul de critère d'évaluation du recalage est confondue avec celle de la comparaison des signatures.

Notre approche de recalage ne suit pas cette méthodologie (pour éviter le principe du test des multi-combinaisons), elle s'appuie sur une idée de transformation avec des points de contrôle fournis. C'est la raison pour laquelle une étape supplémentaire de calcul du degré de similarité est nécessaire afin d'étudier la correspondance entre les patterns.

#### 2. Algorithme de *matching*.

Il existe plusieurs types d'algorithmes qui ont servi dans ce cas de figure. Nous avons choisi d'appliquer un algorithme simple de parcours de voisinage, qui a été utilisé aussi dans [23] et [24]. Le principe est de diviser chaque image en 8 x 8 sous-régions, puis, pour chaque point dans chaque région de l'image à vérifier, trouver le plus proche voisin dans la région correspondante ou une région voisine de l'image de référence. Cet algorithme procède comme suit :

**Template Matching ( $T_1, T_2$ )**

3. Initialiser la variable *Totalmatched* à 0.
4. Pour chaque sous-région  $S_1$  dans le (*Template*)  $T_1$  et la région correspondante  $S_2$  dans  $T_2$  appliquer les étapes de 3 à 8.
5. Initialiser la variable *Matched* à 0.
6. Pour chaque point d'intersection (bifurcation ou croisement)  $I_1$  dans  $S_1$  effectuer les étapes de 5 à 7.
7. Trouver le point d'intersection  $I_2$  dans  $S_2$  et ses sous-régions voisines, qui a la plus petite distance  $D_{min}$  avec  $I_1$ .
8. Si  $D_{min} \leq D_{th}^1$  et  $I_2$  n'est pas déjà marqué, incrémenter *Matched*.
9. Marquer  $I_2$  comme étant correspondu (*matched*).
10.  $Totalmatched = Totalmatched + Matched$
11. Calculer le pourcentage de points d'intersections matchés avec l'équation :

$$PMatch = \frac{2 \times Total\ matched}{P_1 + P_2} \times 100$$

où  $P_1$  et  $P_2$  sont, respectivement, les nombre totaux de points d'intersection dans  $T_1$  et  $T_2$ .

12. Retourner la valeur de *PMatch*.

Nous répétons l'algorithme précédant en inversant les *templates*, c'est-à-dire : *Template Matching* ( $T_2, T_1$ ).

Finalement, nous prenons le degré similaire le plus grand des deux TM:

$$Degré\ de\ similarité = \max\{TemplateMatching(T_1, T_2), TemplateMatching(T_2, T_1)\} \quad (III.1)$$

Dans cet algorithme, la valeur  $D_{th}$  a une grande importance. Cette valeur représente le seuil de tolérance maximale de déplacement d'un point entre les deux images (l'image de référence et l'image à vérifier). Par observations, nous avons fixé ce seuil à une valeur de 10 pixels.

Le degré de similarité (ou bien le *Score*) obtenu par l'équation (III.1) représente le taux de correspondance en pourcentage des patterns, variant de 0 %, pour les patterns complètement différents, à 100 % pour les patterns parfaitement identiques.

C'est à partir de ce taux, et selon un certain seuil, qu'on va décider, dans notre système d'identification, si les deux images rétiniennes correspondent à un seul individu (taux de similarité élevé entre les deux patterns) ou correspondent à deux individus différents (taux de similarité bas).

<sup>1</sup>  $D_{th}$  représente la valeur de tolérance maximale de déplacement d'un point entre les deux patterns.

## IV. Evaluation du système biométrique.

A présent, nous allons évaluer notre algorithme d'identification des individus par les images rétinienne. Comme annoncé dans le chapitre 1, l'évaluation des systèmes biométriques se fait en traçant et étudiant des courbes spécifiques (ROC, DET et FAR Vs FRR). L'efficacité du système est mesurée par rapport au taux EER défini dans le premier chapitre. Cette évaluation nous permettra de déduire une bande de confiance qui pourra nous servir pour fixer le seuil de décision du système (correspondance ou non correspondance des patterns comparés).

Nous avons défini dans le premier chapitre les taux FAR et FRR comme suit :

- **FAR (False Acceptance Rate)** : taux de fausses acceptations, c'est le nombre en pourcentage d'imposteurs acceptés par rapport au nombre total d'imposteurs pour un certain seuil <sup>1</sup>.
- **FRR (False Reject Rate)** : taux de faux rejets, le nombre en pourcentage de clients rejetés par rapport au nombre total de clients pour un certain seuil.
- **La courbe FAR Vs FRR** : c'est la représentation des probabilités de fausses acceptations et des faux rejets par rapport au seuil. (Figure IV.1 (c))

Quatre paramètres (deux courbes et deux valeurs) ont été retenus de l'état de l'art [110], pour évaluer les performances d'un système biométrique :

- **La courbe ROC (Receiver Operating Characteristic)**: Cette courbe est utilisée pour représenter les performances des systèmes biométriques. Une courbe ROC trace, en fonction du seuil de décision, le pourcentage des tentatives d'imposture admises (c.-à-d. taux de fausses acceptations (FAR)) sur l'axe des abscisses, contre le pourcentage des tentatives légitimes acceptées (c.-à-d.  $[1 - \text{taux de faux rejet (FRR)}]$ ) sur l'axe des ordonnées (Figure IV.1 (a)). La courbe ROC est indépendante du seuil, permettant la comparaison des performances de différents systèmes sous des conditions similaires.
- **La courbe DET (Detection Error Trade-off)** : Dans le cas des systèmes biométriques, la courbe DET est souvent préférée à la courbe ROC. En effet, la courbe DET trace les taux d'erreur sur les deux axes (FAR sur l'axe des abscisses contre FRR sur l'axe des ordonnées) en utilisant une normalisation de l'échelle (Figure IV.1 (b)). Elle distribue les valeurs d'une manière homogène et permet de comparer les performances de plusieurs systèmes de façon très claire [111].

---

<sup>1</sup> C'est le degré de similitude à partir duquel une correspondance est validée.

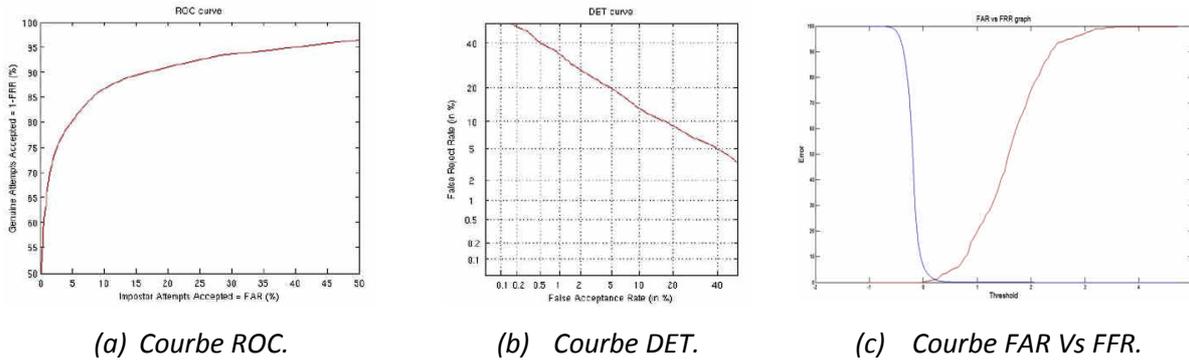


Figure IV.1 - Les courbes traditionnelles d'évaluation de performance des systèmes biométriques [112].

- EER (Equal Error Rate)** : Le taux d'égalité d'erreurs représente le point où  $FAR(t) = FRR(t)$  (Figure IV.2 (a)). En pratique, la distribution des scores n'est pas continue et le point d'intersection entre la courbe FAR et FRR peut ne pas exister. Dans ce cas (Figure IV.2 (a et b)), le EER est calculé comme suit :

$$EER = \begin{cases} \frac{FAR(t_1) + FRR(t_1)}{2} & , \text{ si } FAR(t_1) - FRR(t_1) \leq FAR(t_2) + FRR(t_2) \\ \frac{FAR(t_2) + FRR(t_2)}{2} & , \text{ sinon} \end{cases} \quad (IV.1)$$

où:  $t_1 = \max_{t \in S} \{t \mid FRR(t) \leq FAR(t)\}$  et  $t_2 = \min_{t \in S} \{t \mid FRR(t) \geq FAR(t)\}$  et  $S$  est l'ensemble des seuils utilisés pour calculer la distribution des scores.

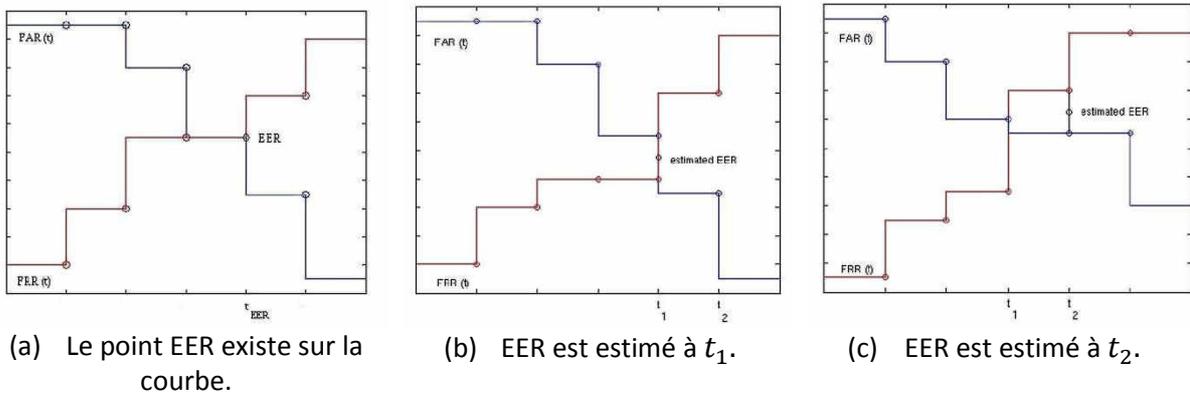


Figure IV.2 - La courbe FAR Vs FRR et les taux EER.

- OP (Operating Point)** : En pratique, les systèmes biométriques opèrent avec un taux FAR très bas au lieu du EER afin d'assurer une haute sécurité. Ce point OP est défini en termes de pourcentage de FRR pour un taux FAR donné. La fixation de la valeur de FAR dépend du niveau de sécurité requis par le système d'identification. En pratique, le OP est calculé comme suit :

$$OP_{(FAR=\alpha)} = FRR(t_{OP}) \mid t_{OP} = \max_{t \in S} \{t \mid \alpha \leq FAR(t)\} \quad (IV.2)$$

où  $S$  est l'ensemble des seuils utilisés pour calculer la distribution des scores.

### a. Expérimentation.

Pour évaluer la performance de notre système, nous avons choisi d'utiliser des images rétiniennes de la base ARIA [100] décrite dans le chapitre 3. Le choix de cette base reposait sur la variété des images (de sujets seins), vis-à-vis de leurs caractéristiques (couleur, contraste, luminance) et surtout sur la disponibilité de quelques échantillons pris de la même personne à des périodes différentes.

Nous avons pris une partie de cette base, pour cette phase d'évaluation, cet ensemble est constitué d'un total de 25 images : 5 images provenant de 5 personnes différentes, 4 images de 2 individus différents avec 2 échantillons de chacun, et pour augmenter le nombre d'images similaires nous avons ajouté 8 images différentes et 8 autres obtenues par une légère modification de ces dernières (rotation, translation, variation d'échelle). Cela nous donne, donc, un ensemble de 5 images différentes et 10 paires d'images similaires.

Afin d'évaluer le système, nous avons comparé ces images entre elles et calculé le degré de similarité entre chaque paire d'images. Nous avons procédé, alors, à un total de  $25 \times 25$  itérations (ou plus exactement  $[(25 \times 25 - 25) / 2]$  en éliminant les combinaisons redondantes et réflexives, ce qui nous fait un total de 300 itérations).

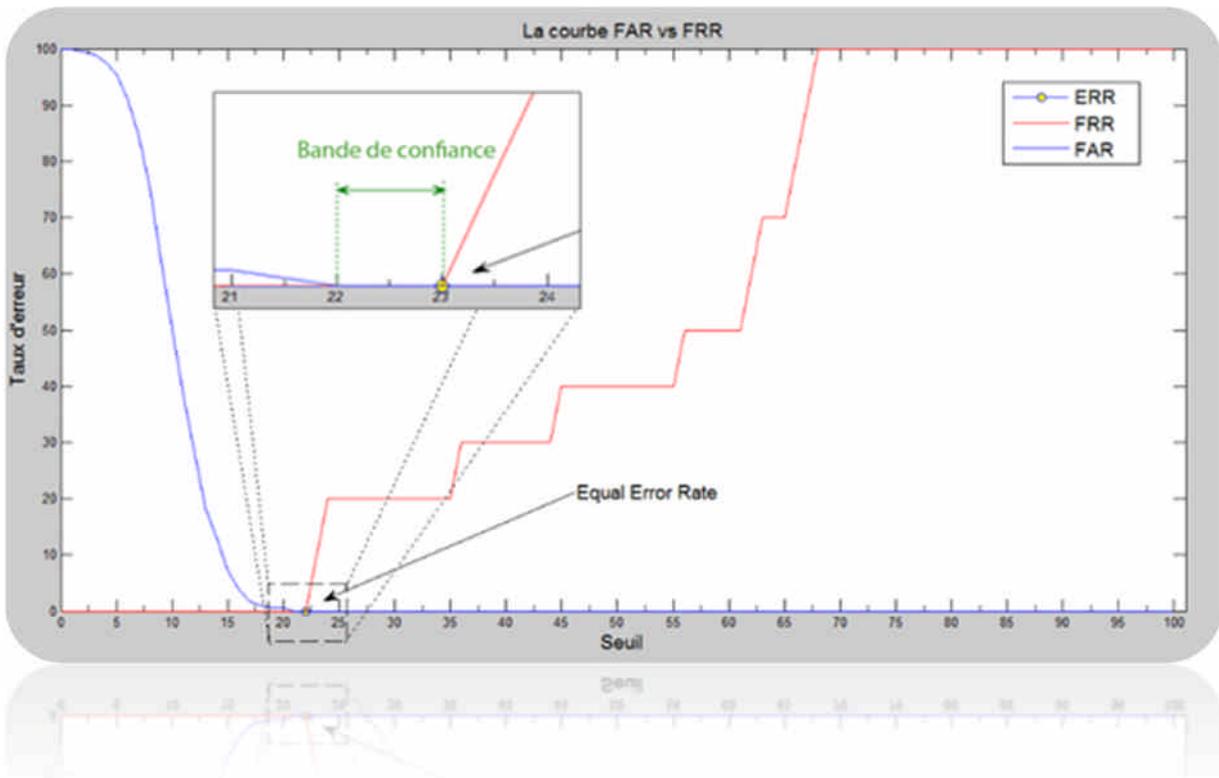
Pour ce faire, nous avons implémenté cet algorithme sous un environnement MATLAB (qui est un outil très puissant de calcul matriciel et de traitement d'images). Nous l'avons exécuté sur un ordinateur portable équipé d'un micro-processeur *Intel Core 2 Duo* d'une fréquence de 2 Ghz, et d'une mémoire RAM de 3 Go. Le traitement a duré 1h, 12mn et 10s pour une durée moyenne de 15s environ par itération.

### b. Résultats et interprétations.

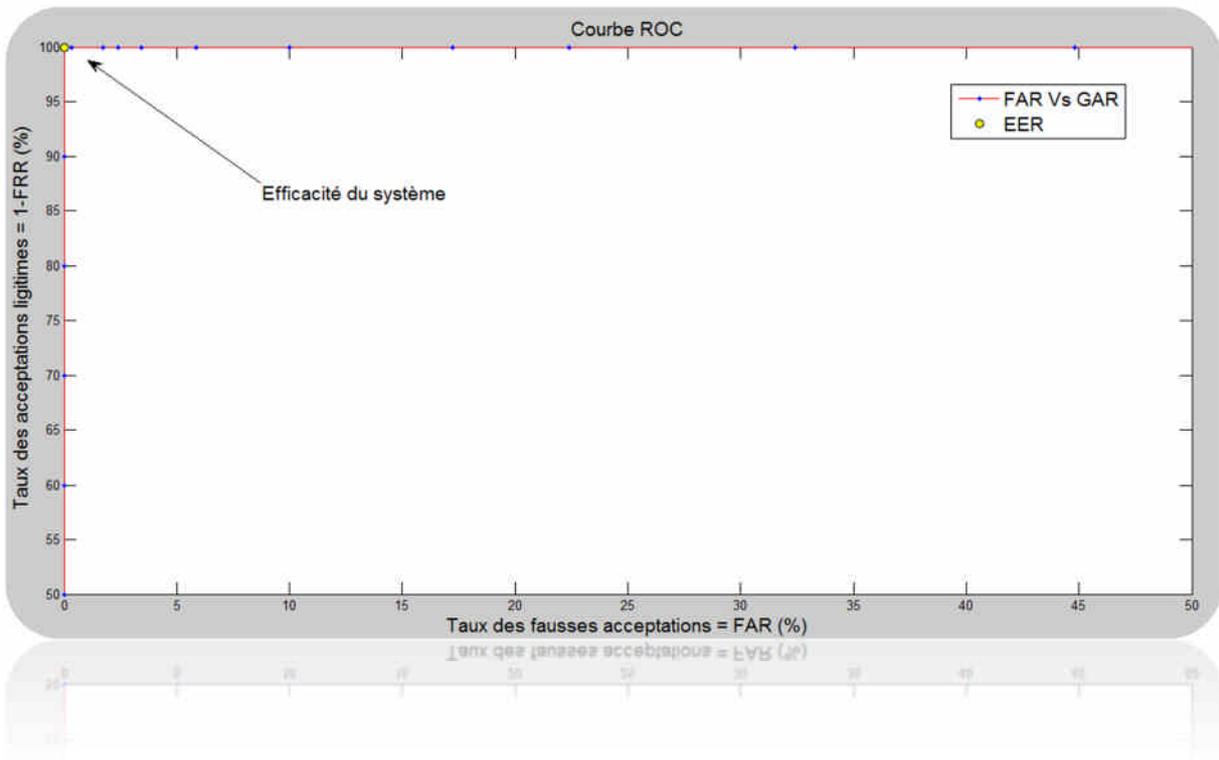
A la fin de l'exécution de l'algorithme d'évaluation, nous obtenons deux vecteurs de scores : le vecteur *Clients* qui contient les 10 degrés de similarité entre les images semblables et le vecteur *Imposteurs* pour les cas de non correspondance (un vecteur de 290 scores). Il faudrait noter que nous avons précisé à cet algorithme l'ensemble des combinaisons d'images correspondantes.

A l'aide de ces deux vecteurs, nous avons calculé les taux FAR et FRR puis, nous avons tracé les courbes. Les résultats sont représentés sur les courbes de la Figure IV.3.

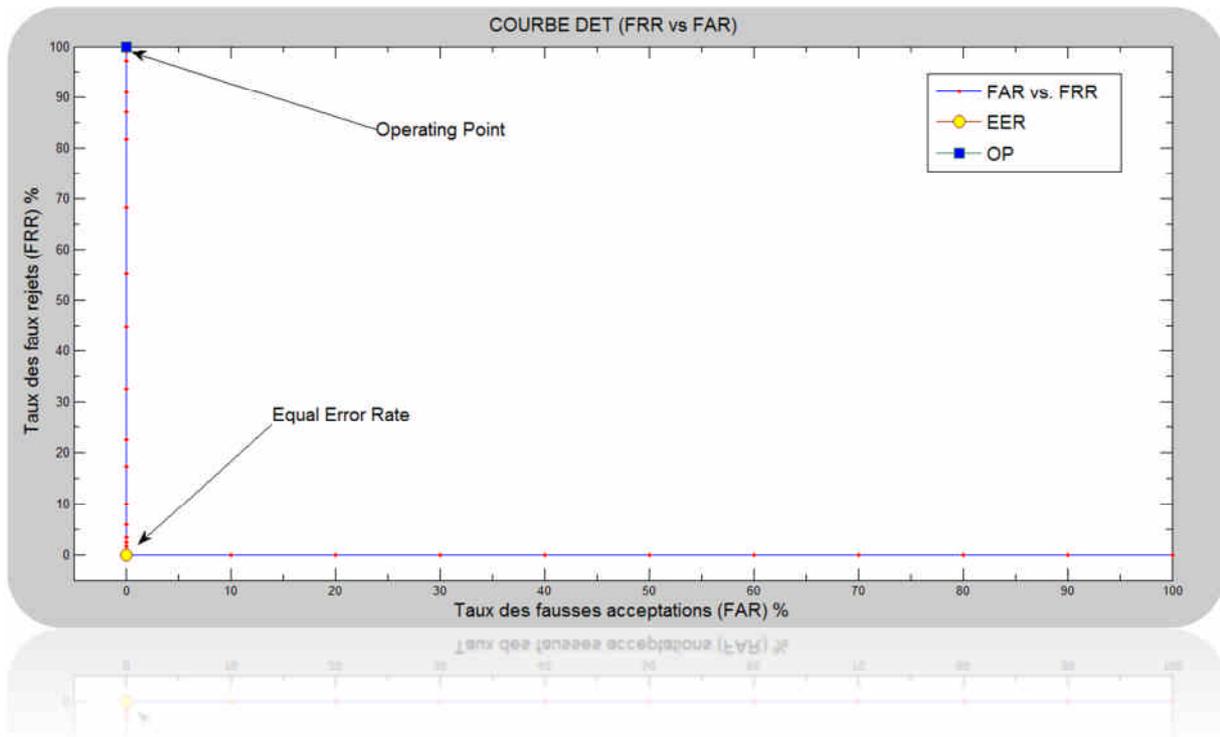
La première chose qui attire l'attention dans ces résultats, c'est la séparation parfaite entre les deux classes : Clients, Imposteurs. En effet, dans la Figure IV.3 (a) qui représente le FAR et le FRR, nous voyons bien que la probabilité d'avoir un seuil qui produit un faux rejet et une fausse acceptation est nulle. En d'autres termes, nous pouvons obtenir un système d'identification parfait avec un seuil dans la bande de confiance représenté dans la même figure (de 22 à 23%).



(a) La courbe FAR vs FRR.



(b) La courbe ROC (GAR Vs FAR).



(c) La courbe (DET FRR Vs FAR).

**Figure IV.3 - Courbes obtenues par l'algorithme d'évaluation.**

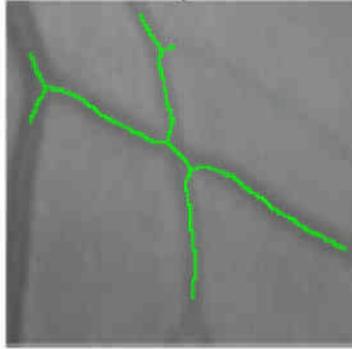
De la courbe ROC (Figure IV.3 (b)), nous pouvons déduire que l'efficacité du système est égale à 100% (100% d'acceptations légitimes pour 0% de faux rejets). Naturellement, si nous choisissons un seuil dans la bande de confiance, notre système d'identification opère sans aucune erreur.

Et enfin, la courbe DET (Figure IV.3 (b)) nous fournit un EER nul, et un point OP, pour un FAR nul, égal à 100%.

Nous pouvons déduire de ces résultats que le système d'identification par la rétine est un système très fiable comparativement aux autres systèmes biométriques. Il permet une parfaite séparabilité des classes clients et imposteurs. Ceci dit, malgré une bande de confiance très étroite par rapport à celles d'autres travaux de la littérature, nous considérons les résultats obtenus comme satisfaisants. Cela est normal, les scores de la classe clients sont un peu faibles, comparés aux résultats d'autres travaux, à cause de la forte présence de faux positifs.

Il est possible d'optimiser cet algorithme en éliminant quelque faux positifs. Par exemple, en redéfinissant les points de croisement des branches du réseau vasculaire rétinien, qui ne sont souvent pas représentés en un seul point mais en deux. Ce phénomène est dû au fait que l'axe médian des deux branches ne se croisent pas parfaitement sur un point, comme

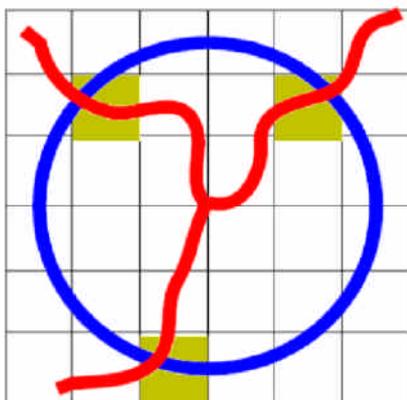
représenté dans la Figure IV.4. Donc, par l'algorithme d'extraction des points, au lieu d'un seul point de croisement, nous obtenons deux points de bifurcation.



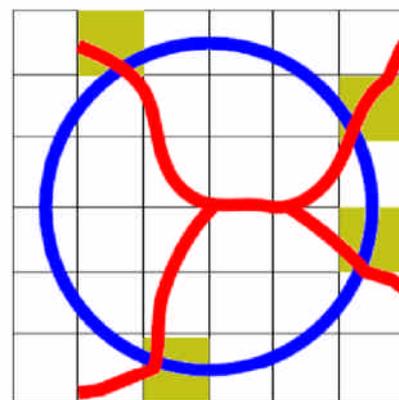
**Figure IV.4 - La représentation réelle des points de croisement [16].**

Pour remédier à cela, Ortega a proposé dans [16] une méthode de fusion des points de bifurcation produits par un croisement de branches. L'idée est de fusionner deux points avec les critères suivants (Figure IV.5 (b)):

- La distance entre les deux points est inférieure à un certain seuil.
- Ils possèdent trois voisins au juste.
- Une circonférence, centrée sur le milieu du segment des deux points d'un rayon donné, doit croiser exactement quatre branches.



*(a) Point de bifurcation normale.*



*(b) Deux points de bifurcation produits par un croisement.*

**Figure IV.5 - Détection et fusion des points de bifurcation produits par un croisement [16].**

Les deux points sont alors fusionnés en un seul point positionné au milieu du segment de la droite tracée par les deux points.

En effet, cette technique peut éliminer un grand nombre de faux positifs. Or, c'est une approche point-par-point qui nécessitera un algorithme qui va parcourir tous les couples de point d'un pattern, ce qui va être très coûteux en temps de traitement et va alourdir l'algorithme d'extraction. Pour cette raison, nous n'avons pas jugé utile de l'essayer, et nous nous sommes contentés d'un système robuste en termes d'efficacité et de rapidité.

## V. Evaluation de l'approche de classification.

Partant de son principe, un système biométrique d'identification est un système de classification des individus en deux classes distinctes : les clients et les imposteurs. Tout procédé d'identification passe par deux étapes :

- **L'enrôlement** : cette étape consiste à la constitution de la base de référence, en enregistrant le *template* du trait biométrique correspondant à chaque individu.
- **L'identification** : elle peut avoir deux formes :
  - **Vérification** : où on vérifie la correspondance entre la signature fournie, et une autre signature de la base de référence, correspondant à l'identité prétendue.
  - **Reconnaissance** : une signature est fournie au système qui va devoir chercher la meilleure correspondance entre cette signature et celles enregistrées dans la base et déduire l'identité appropriée.

Les systèmes de classification comportent deux phases d'évaluation : la phase d'apprentissage qui permet d'optimiser les paramètres, et une phase de test pour évaluer les performances du système. L'évaluation de la performance des systèmes de classification est basée sur les quatre paramètres suivants (Tableau V.1) :

	<i>Client</i>	<i>Imposteurs</i>
Acceptation	VP	FP
Rejet	FN	VN

- **Vrais Positifs (VP)** : Nombre de clients acceptés.
- **Faux Négatifs (FN)** : Nombre de clients rejetés.
- **Faux Positifs (FP)** : Nombre d'imposteurs acceptés.
- **Vrais Négatifs (VN)** : Nombre d'imposteurs rejetés.

**Tableau V.1** Tableau des paramètres de la validité intrinsèque d'un système [113].

La validité d'un système de classification est déterminée à partir des deux mesures intrinsèques:

- **Sensibilité** (aussi appelée Fraction de Vrais Positifs): proportion d'individus positifs effectivement bien détectés par le test. Autrement dit, la sensibilité permet de mesurer à quel point le test est performant lorsqu'il est utilisé sur des individus positifs (Clients). Le test est parfait pour les individus positifs lorsque la sensibilité vaut 1, équivalent à un tirage au hasard lorsque la sensibilité vaut 0.5. S'il est inférieur à 0.5, le test est contre-performant et on aurait intérêt à inverser la règle

pour qu'il soit supérieur à 0.5 (à condition que cela n'affecte pas la spécificité). La définition mathématique est :

$$\text{Sensibilité} = \frac{VP}{(VP + FN)}$$

- **Spécificité** (aussi appelée Fraction de Vrais Négatifs): proportion d'individus négatifs effectivement bien détectés par le test. Autrement dit, la spécificité permet de mesurer à quel point le test est performant lorsqu'il est utilisé sur des individus négatifs (Imposteurs). Le test est parfait pour les individus négatifs lorsque la spécificité vaut 1, équivalent à un tirage au hasard lorsque la spécificité vaut 0.5. S'il est inférieur à 0.5, le test est contre-performant et on aurait intérêt à inverser la règle pour qu'il soit supérieur à 0.5 (à condition que cela n'affecte pas la sensibilité). La définition mathématique est :

$$\text{Spécificité} = \frac{VN}{(VN + FP)}$$

Dans notre cas, la phase d'apprentissage supervisé nous a permis de calculer une bande de confiance et de fixer le meilleur seuil de décision dans cet intervalle de confiance (23 % pour notre algorithme).

Nous avons alors procédé à un test du système de classification avec la deuxième partie de la base d'image ARIA [100]. C'est un autre ensemble de 15 images (différentes des premières): 5 images différentes, 2 images d'une même personne, prises à différents moments, et pour augmenter le nombre de clients nous avons ajouté, de la même manière qu'en apprentissage, 4 images avec leurs 4 transformations (géométriques).

Nous avons implémenté un algorithme qui compare ces images entre elles et avons calculé les paramètres cités précédemment (VP, VN, FP et FN). Pour un nombre total d'itérations de 105 ((15x15-15)/2), l'exécution sur la même machine de l'apprentissage a duré environ : 16m 44s, avec une moyenne de 5s pour chaque itération.

Les valeurs obtenues sont représenté dans le Tableau V.2 .

VP	VN	FP	FN	Sensibilité	Spécificité
5	100	0	0	100 %	100%

**Tableau V.2 - Tableau des résultats du test de performance.**

Les résultats sont très clairs, pour un seuil dans la bande de confiance, notre système d'identification par la rétine est un système de classification parfait. Il agit d'une manière très commode avec les clients (100% de sensibilité) et très efficace contre les impostures (100% de spécificité). Il assure une parfaite séparabilité des classes et préserve un rapport maximal de sécurité/commodité.

## VI. Conclusion.

Nous avons décrit dans ce chapitre la dernière étape d'élaboration du système d'identification rétinien. Nous avons abordé le recalage des images rétiniennes en proposant une nouvelle approche basée sur une transformation de similitude avec comme points de contrôle seulement les deux points de référence extraits de la rétine, à savoir : les centres de la papille et de la macula.

Par la suite, nous avons présenté l'algorithme de *matching* utilisé pour calculer le degré de similarité entre deux patterns rétiniens, basé sur un parcours point-par-point des points de bifurcation et de croisement.

Une évaluation de notre système a été effectuée sur une base d'images, et les scores obtenus nous ont permis de tracer les courbes d'évaluation. Depuis ces courbes nous avons pu déduire que le système opère avec une parfaite efficacité dans la séparation des deux classes clients et imposteurs.

Certes, les algorithmes d'extraction ont donné de bons résultats, mais n'empêche qu'une simple analyse visuelle permet de constater une certaine différence entre les résultats d'une extraction automatique des caractéristiques et ceux d'une extraction manuelle par des experts (les résultats fournis avec la base d'images). Nous concluons, donc, que le système d'identification par la rétine est un système très robuste, malgré les accumulations d'erreurs durant les étapes du processus d'extraction.

Finalement, les résultats obtenus dans notre étude, ont été très convaincants. Mais ces derniers ont été réalisés en appliquant notre système d'identification sur une base d'images « aménagée » et non pas une base totalement réelle. Ceci est dû au fait que nous n'avions pas à notre portée une base d'images qui contient plusieurs échantillons d'un même individu ; nous avons donc dû improviser en ajoutant des images transformées manuellement (en gardant la similarité) afin d'augmenter le nombre de clients pour la procédure d'évaluation.

Comme perspective à ce travail, nous proposons de tester cet algorithme sur une base d'images réelle qui dispose d'une variété de plusieurs échantillons de la même personne.