

Chapitre 4

Extraction des caractéristiques

Sommaire

I. Introduction.....	74
II. Etat de l'art.....	75
III. Schéma de l'algorithme d'identification.....	76
IV. Extraction des caractéristiques.....	77
a. Le réseau vasculaire.....	77
1. Etat de l'art.....	77
2. Algorithme de l'extraction.....	79
b. Les points de bifurcation.....	85
1. Etat de l'art.....	87
2. Algorithme de l'extraction.....	87
c. Les points de référence.....	90
1. Le disque optique (papille).....	90
2. Le centre de la macula.....	97
V. Génération de la signature.....	103
VI. Conclusion.....	104

Résumé

Il décrit la première partie de notre travail. C'est un chapitre élémentaire car il détaillera les différentes étapes par lesquelles nous sommes passés afin d'établir une signature biométrique depuis une image rétinienne. Il traitera le processus extraction des caractéristiques : le réseau vasculaire, les points de référence, les points de bifurcation... qui vont servir pour la génération de la matrice de l'identité biométrique et finalement à la reconnaissance des individus.

I. Introduction.

Après avoir vu comment acquérir et améliorer les images rétinienne par un algorithme automatique, ce chapitre va nous permettre d'étudier les procédés d'extraction des caractéristiques. C'est le noyau de notre sujet de recherche. L'élément principal qui servira à distinguer entre deux images de rétines dans un système d'identification est le réseau vasculaire.

La prise de conscience de l'unicité du modèle du réseau vasculaire remonte aux années 30, quand les deux ophtalmologistes, DR. CARLETON SIMON et DR. ISODORE GOLDSTEIN, étudiaient les maladies de l'œil en 1935 et avaient réalisé que chaque œil avait son unique pattern de vascularisation sanguine. Ils ont publié, une année plus tard, un article sur l'utilisation des photographies de la rétine pour identifier des personnes, en se basant sur le pattern de leur réseau vasculaire [10]. Plus tard, dans les années 50, leur conclusion fut confirmée par le DR. PAUL TOWER, au cours de son étude des parfaits jumeaux. Il nota que, pour un ensemble de paires de personnes, les jumeaux identiques sont les plus susceptibles d'avoir des réseaux vasculaires semblables. Or, TOWER avait prouvé que, parmi toutes les caractéristiques corporelles comparées entre deux jumeaux identiques, les patterns du réseau vasculaire de la rétine avaient montré le minimum de similitudes [11].

Les vaisseaux sanguins sont parmi les premiers organes à se développer dans le corps humain, et sont entièrement dérivés du mésoderme. Le développement vasculaire s'effectue durant deux processus nommés : vasculogenèse et angiogenèse. Ce sont deux processus qui se développent lors de l'embryogenèse (formation du corps humain en phase fœtale). A sa naissance, les vaisseaux sanguins de la rétine de l'être humain, forment un arbre qui va se développer pendant un moment, puis va être fixé après quelques années.

Comme tous les vaisseaux sanguins, l'arbre vasculaire rétinien est caractérisé par des branchements ou plutôt des bifurcations. Les branches principales provenant du nerf optique, à travers la papille, bifurquent en sous-branches, et ces sous-branches se divisent en d'autres...etc., formant une hiérarchie vasculaire. Ces points de branchement, ou de bifurcation, sont positionnés d'une manière unique dans chaque œil, et peuvent être utilisés pour générer une signature biométrique. Il y a aussi les points de croisement qui sont, en réalité, les points d'intersection des branches lors de leur projection dans une image en 2D. Cependant, le problème de comparaison d'images rétinienne se réduit à la comparaison des points de bifurcation et de croisement. Une technique qui est inspirée du processus d'identification par empreintes digitales basé sur les minuties (décrit dans le chapitre 1).

L'utilisation de ces points comme signature biométrique a connu un succès remarquable auprès des systèmes d'identification rétinaux. En plus de sa fiabilité, cette méthode a l'avantage de minimiser considérablement la quantité de mémoire utilisée pour stocker les informations biométriques d'une image rétinienne. Elle permet de stocker uniquement les

coordonnées des points de bifurcation et de croisement des branches, au lieu de stocker toute l'image de l'arbre vasculaire ou l'image rétinienne entière.

Tenant compte de ces affirmations, plusieurs algorithmes d'identification, ont été développés, en se basant sur la topologie du réseau vasculaire et particulièrement sur les positions des points de bifurcation et de croisement des branches.

Nous allons, dans ce chapitre, citer quelques travaux dans ce domaine, puis proposer un schéma organigramme de la méthodologie adoptée. Ensuite, nous décrirons les méthodes d'extraction des caractéristiques visuelles d'une image rétinienne. Nous commencerons par le réseau vasculaire en entier, puis nous passerons aux points de bifurcation et de branchement, et à la fin un algorithme d'extraction de deux autres caractéristiques utiles à notre procédé (en phase de recalage): les centres de la papille et de la macula, est détaillé.

II. Etat de l'art.

C'est probablement, à cause de son coup relativement élevé et de son caractère invasif que la biométrie par la rétine n'a pas bénéficié d'un grand intérêt de la part des chercheurs. Nous avons rencontré un nombre important de travaux portant sur la rétine mais surtout dans un contexte médical pour identifier et localiser des pathologies. Ces travaux se sont, en majorité, posés le problème de la segmentation du réseau vasculaire, de la localisation de points caractéristiques et des pathologies. La morphologie mathématique y est très utilisée.

N'empêche que nous avons trouvé, durant notre recherche bibliographique, quelques types d'algorithmes proposés pour automatiser cette méthode d'authentification à travers les images du fond d'œil.

Dans [17], S.M.R. KABIR ET AL. ont utilisé une méthode de comparaison basée sur un degré de corrélation entre des segments angulaires de la rétine. L'image entière est utilisée dans le processus d'identification.

Dans [19], C. MARIÑO ET AL. ont proposé une technique de comparaison des arbres vasculaires en entier. Une fois les lignes de crêtes, correspondantes aux vaisseaux, sont extraites de l'image, une technique de recalage est appliquée pour aligner les arbres, puis, une méthode de calcul de similarité des réseaux est utilisée pour comparer les individus.

Dans [22], M.D. AMIRI ET AL. adoptent un algorithme qui extrait des partitions radiales et angulaires du réseau vasculaire puis les compare à l'aide d'une transformée de Fourier et la métrique de Manhattan. Ils obtiennent un taux d'efficacité de 98.75% du système de reconnaissance sur la base d'images utilisée.

Dans la majeure partie des autres travaux que nous avons rencontrés tels que [16], [18], [20], [21], [23], [24], leurs auteurs ont utilisé des algorithmes automatiques plus ou moins variés, mais tous basés sur une comparaison de patterns formés à l'aide des points de bifurcations et de croisements des branches du réseau vasculaire. Les méthodes d'extractions de l'arbre vasculaire et des points de bifurcation, ainsi que le processus de

comparaison des patterns, varie d'un algorithme à un autre, mais le principe reste le même. Nous discuterons ces méthodes dans les différentes sections qui suivent.

III. Schéma de l'algorithme d'identification.

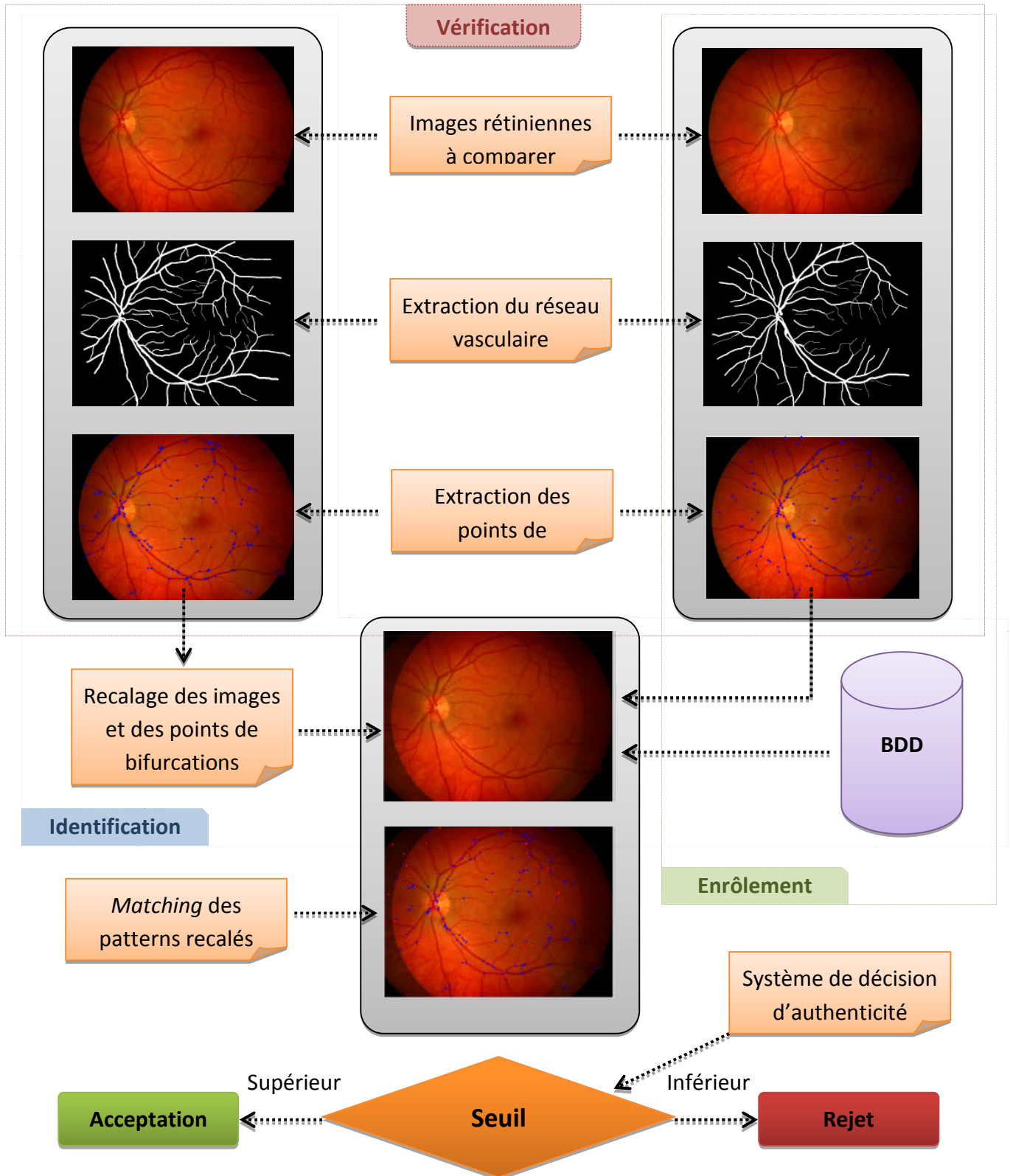


Figure III.1 - Schéma général de l'algorithme d'identification par la rétine (Images de [100]).

Nous avons choisi d'implémenter, durant notre étude de cette technique biométrique, un algorithme automatique de comparaison des signatures, le plus populaire, basé sur les points de bifurcations et de croisement des branches du réseau vasculaire de la rétine.

Ce procédé d'identification est constitué de plusieurs étapes comme montré dans la Figure III.1.

Ces étapes seront décrites et discutées, une par une, dans les prochaines sections.

IV. Extraction des caractéristiques.

a. Le réseau vasculaire.

Les vaisseaux sont des structures de forme allongée, beaucoup plus longues que larges, rouges et plus sombres que le fond. Ils entrent dans la rétine par le disque optique et ils parcourent la rétine en formant l'arbre vasculaire. Leur largeur varie dans une image rétinienne : il existe de gros vaisseaux et des vaisseaux très minces. De plus, il y a un lien entre le contraste d'un vaisseau et sa largeur : les vaisseaux varient considérablement d'une image à l'autre [30].

Dans une même image, il y a souvent des différences de couleur importantes d'un vaisseau à l'autre : la couleur de la réponse spectrale de l'hémoglobine dépend de la concentration en oxygène, et par conséquent, les veines ont une couleur différente de celles des artères. De plus, la couleur dépend également de la largeur du vaisseau, de la quantité de sang qui y est contenue ainsi que de l'éclairage non uniforme dans toute l'image. Par contre, la largeur des vaisseaux ne varie pas d'un patient à l'autre : les vaisseaux sont toujours plus minces qu'un paramètre λ qui est constant pour toutes les images.

Comme nous l'avons vu dans le chapitre 3, les vaisseaux apparaissent les plus contrastés dans le canal vert de l'image couleur. Pour la détection des vaisseaux, nous travaillerons donc exclusivement sur le canal vert, que nous notons f dans ce chapitre.

Malheureusement, il y a des difficultés majeures qui rendent la détection des vaisseaux parfois très compliquée. Souvent, les images rétiniennes ont un faible contraste et sont corrompues par un niveau de bruit très élevé. Par conséquent, les pixels sur un vaisseau ne sont pas caractérisés par une valeur de gris inférieure au fond; c'est la moyenne le long du vaisseau qui est inférieure à la moyenne du fond. Une deuxième conséquence de la présence de bruit et du faible contraste est la mauvaise définition des bords des vaisseaux. Aussi, la connexité du réseau vasculaire est souvent « interrompue » par du bruit. Par conséquent, il existe des bouts de vaisseau qui ne sont pas connexes au reste de l'arbre vasculaire.

1. Etat de l'art.

Beaucoup a été écrit sur la détection de l'arbre vasculaire dans des images rétiniennes. Les premiers travaux dans ce domaine ont été faits en 1982 [32]. Les auteurs proposent

l'application des algorithmes utilisés dans l'analyse automatique des images satellites (« *ridge following* ») à la détection de vaisseaux dans les images rétinienne, avec un succès modeste. Dans [33], les auteurs proposent une combinaison de filtrages monodimensionnels avec un filtre orienté et de profil gaussien (fondée sur la théorie de détection de bords présentée par MARR et HILDRETH dans [34]) avec un suivi des vaisseaux à partir de la papille. L'inconvénient de cette méthode est sa grande sensibilité au bruit et la nécessité de détecter d'abord la papille, alors que cela peut présenter plus de problèmes que la détection des vaisseaux elle-même, surtout s'il existe des pathologies dans l'œil.

Un grand progrès a été apporté par SBAHASIS CHAUDHURI en 1989 [35]. En effet, beaucoup d'algorithmes proposés dans la littérature s'appuient sur cette méthode. On suppose que le vaisseau est linéaire par morceaux et que les « segments vasculaires » qui le constituent ont un profil gaussien. La convolution avec un filtre à profil gaussien amplifie alors tous les segments vasculaires ayant la même orientation tout en les lisant dans cette direction. Ce filtrage est effectué dans des directions différentes, et la différence par rapport à l'image lissée est calculée. Le résultat est obtenu par un simple seuillage. Bien que les résultats ne soient pas mauvais, il y a de fausses détections systématiques causées par des objets clairs comme la papille et les exsudats (ce qui revient au même problème que celui discuté dans le chapitre 3, section V), par des objets sombres comme des hémorragies et des micro-anévrismes qui sont liés au réseau vasculaire par cet opérateur et par le bruit. Trouver une méthode de seuillage qui prend en considération les différences de contraste entre les images n'est pas une tâche simple. De plus, le traitement est relativement lent. Dans [36], les auteurs proposent une extension de cet algorithme : des méthodes de classification sont appliquées pour identifier les faux positifs. Dans [37], les auteurs proposent des méthodes de seuillage local, mais les résultats ne sont pas convaincants. Dans [38] et [39], une combinaison de suivi (« *tracking* ») et de filtrage directionnel est proposée. Le suivi se sert des critères comme, par exemple, la continuité de direction et la largeur des vaisseaux. Le problème des algorithmes de suivi est la sensibilité aux interruptions du réseau vasculaire.

Dans d'autres publications, les auteurs appliquent un détecteur de bords (comme celui de CANNY [40]) et ils groupent les pixels trouvés de cette manière pour ne garder que des bords parallèles [41], [42].

Dans [43], des réseaux de neurones sont utilisés, mais un avantage par rapport à des approches fondées sur des modèles n'a pas pu être démontré.

Dans [44], les auteurs utilisent une combinaison de filtres morphologiques avec des méthodes linéaires pour détecter les bords des vaisseaux (la méthode est également fondée sur la stratégie proposée dans [34]). La méthode s'est montrée très efficace pour les angiographies à la fluorescéine, mais pour les images en couleurs, elle ne donne pas toujours un résultat satisfaisant à cause du contraste plus faible [45]. De plus, la méthode est coûteuse en temps de calcul.

On peut constater que beaucoup d'algorithmes fonctionnant plus ou moins bien ont été conçu pour la détection du réseau vasculaire. A notre connaissance, de fausses détections dues aux hémorragies et aux exsudats posent toujours un problème majeur pour ces algorithmes (en effet, dans les articles correspondants, l'application des algorithmes à des images contenant des exsudats ou des hémorragies n'est pas discutée). De plus, les algorithmes sont relativement lents, ce qui représente un inconvénient majeur. Si la détection est utilisée pour un recalage d'image par exemple, il est essentiel que le résultat soit fiable, mais également que l'algorithme soit rapide car il doit être appliqué à deux images et suivi du recalage lui-même souvent assez long.

WALTER a présenté deux approches, en 2003, basées sur la morphologie mathématique. En effet, la première s'appuie sur une méthode d'augmentation de netteté et d'extraction de détails avec une transformation chapeau haut de forme [46]. Cette technique est très simple et s'est avérée très efficace même pour des images de qualité moyenne ou mauvaise. La deuxième méthode est aussi efficace que la première, et encore plus utile lorsqu'il n'est pas nécessaire d'extraire tout le réseau vasculaire, mais seulement sa structure. Cet algorithme détecte l'axe médian du réseau vasculaire de manière robuste et efficace, il est fondé sur la méthode de segmentation par la ligne de partage des eaux.

Plusieurs approches ont été proposées dans d'autres publications, telles que [47 - 62], et qui sont aussi fiables et efficaces les unes que les autres.

Pour son efficacité et sa facilité d'implémentation, nous avons choisi d'appliquer le second algorithme proposé par THOMAS WALTER dans [30]. L'objectif de cet algorithme coïncide parfaitement avec notre axe de recherche : extraire uniquement le squelette, au lieu de l'arbre vasculaire entier, qui nous servira, par la suite, pour la détection des points de bifurcation.

2. Algorithme de l'extraction.

Dans beaucoup d'applications, comme dans le cas de notre système d'identification basé sur les caractéristiques du réseau vasculaire, il n'est pas nécessaire d'extraire tout le réseau vasculaire, mais seulement sa structure. DR WALTER, dans [30], a développé un algorithme qui détecte directement le squelette de l'arbre vasculaire. L'idée principale est d'appliquer la ligne de partage des eaux (décrite dans le chapitre 2) sur le chapeau haut de forme de l'image filtrée, et de caractériser les branches de la LPE par leur contraste local pour identifier les faux positifs. Par la suite, les étapes de l'algorithme seront détaillées.

Voici un organigramme modélisant l'algorithme de WALTER (Figure IV.1):



Figure IV.1 - Organigramme de l'extraction du squelette de l'arbre vasculaire rétinien.

i. Pré-filtrage.

Le pré-filtrage a comme objectif, d'une part, d'enlever du bruit clair et les petits exsudats, s'ils existent, qui pourraient causer des fausses détections, et d'autre part, de connecter des bouts de vaisseaux non connexes. Ces deux cas causent des problèmes pour la détection du réseau vasculaire illustrés dans la Figure IV.2.

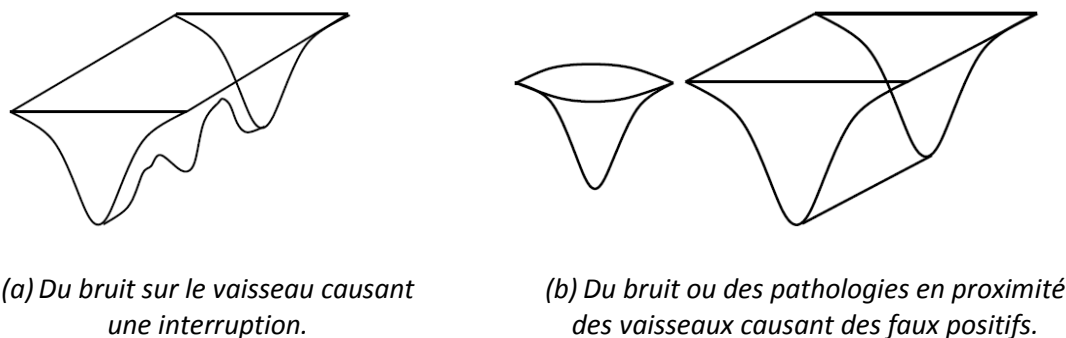


Figure IV.2 - Deux problèmes dans la détection des vaisseaux [30].

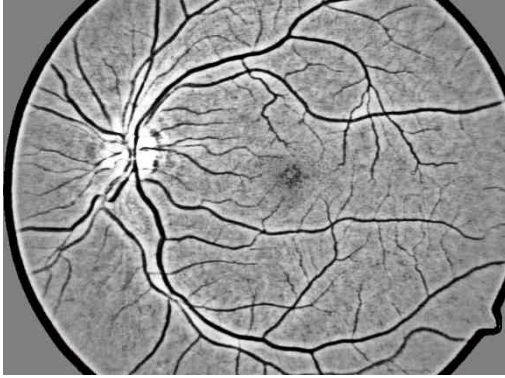
Malheureusement, les deux problèmes ne peuvent pas être résolus par l'application du même opérateur. Si le bruit, sur le vaisseau et qui l'interrompt (Figure IV.2 (a)), est enlevé et si la connexité du réseau vasculaire est restaurée, (par exemple par un filtrage directionnel comme il est proposé dans [35] ou par ouverture), il est inévitable de connecter aussi des éléments parasites aux vaisseaux. Beaucoup de fausses détections en sont la conséquence dans la méthode proposée dans [35]. Dans [44], l'infimum de fermetures dans des directions différentes est calculé ⁽¹⁾, afin d'enlever des faux positifs potentiels (comme celui dans la Figure IV.2 (b)). Malheureusement, les bouts de vaisseaux déconnectés par les bruits en font partie aussi : parfois le réseau se présente juste comme une suite de « petits trous », tant il est corrompu par du bruit. Donc, le pré-filtrage enlève de faux positifs potentiels, mais aussi de vrais vaisseaux : la méthode dont le pré-filtrage constitue la première étape est moins sensible mais n'est guère applicable aux images de faible contraste [45].

Le point commun de ces deux méthodes de pré-filtrage est le parcours des directions différentes soit pour lisser l'image dans cette direction, soit pour la fermer : les deux méthodes tentent de favoriser des structures linéaires dans une image en évaluant des groupes de pixels positionnées selon une ligne. Dans la méthode présentée dans [30], le pré-filtrage a juste comme objectif d'enlever du bruit clair et les petits exsudats qui sont responsables de plusieurs faux positifs.

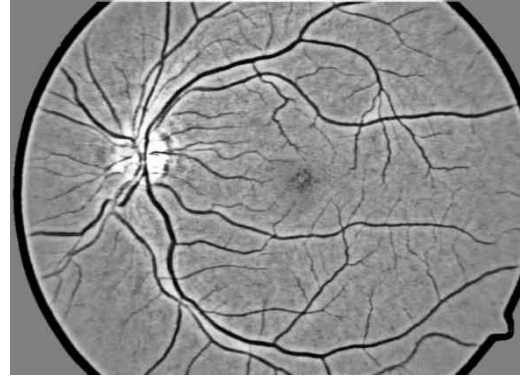
Pour enlever du bruit clair dans une image à teintes de gris, il suffit d'appliquer une ouverture. Une ouverture morphologique a comme inconvénient que des séparations entre des vaisseaux très proches sont aussi enlevées ; pour cela, la taille de l'élément structurant doit être très petite. Il est préférable de se servir de l'ouverture surfacique [63] qui enlève

¹ En réalité, le supremum d'ouvertures est calculé, mais l'algorithme est appliqué aux angiographies, où les vaisseaux apparaissent comme des objets clairs et non pas des objets sombres.

tous les éléments clairs d'une image qui ne dépassent pas une surface λ ; indépendamment du seuil, il n'existe aucune composante connexe de la section correspondante au seuil avec une surface plus petite que λ . En fait, l'ouverture par reconstruction enlève des éléments dans l'image selon leur « épaisseur ». La surface est un critère plus pertinent parce qu'une longue séparation entre deux vaisseaux a une faible épaisseur, mais une surface assez grande pour être gardée par l'ouverture surfacique, alors qu'elle serait effacée par une ouverture morphologique. (Ce type d'ouvertures est détaillé dans l'annexe A).



(a) L'image du canal vert améliorée



(b) Résultat du pré-filtrage

Figure IV.3 - Le pré-filtrage par une petite gaussienne.

Le bruit dans l'image est, ensuite, diminué par une gaussienne de petite taille. L'image préfiltrée p_1 est alors :

$$p_1 = \Gamma * (\gamma_\lambda^{surf} f) \quad (IV.1)$$

avec Γ un filtre gaussien. Le résultat de ce filtrage est montré dans la Figure IV.3 (b) : le pré-filtrage ne change pas beaucoup l'image, alors que le bruit est réduit.

ii. Transformation par chapeau haut de forme.

Pour faire ressortir le réseau vasculaire, la transformation chapeau haut de forme est appliquée sur cette image préfiltrée, utilisant un élément structurant circulaire de taille suffisamment grande pour boucher tous les vaisseaux :

$$p_2 = \phi^{\lambda^B}(p_1) - p_1 \quad (IV.2)$$

Le résultat du chapeau haut de forme est montré dans la Figure IV.5 (a). Dans cette image, les vaisseaux apparaissent comme des objets clairs, allongés et connexes. Les différences de contraste entre les vaisseaux sur une même image ou entre des images différentes font que des méthodes de seuillage ne sont pas adaptées pour trouver le réseau vasculaire à partir de l'image chapeau haut de forme.

Si l'image est considérée comme une surface topographique, les vaisseaux correspondent à des lignes de crêtes de cette surface. L'outil morphologique par excellence pour trouver les

lignes de crête dans une image est la ligne de partages des eaux (LPE) définie dans le chapitre 2. Pour calculer la LPE, il faut d'abord trouver un bon « marqueur », ce qui est explicité dans le paragraphe suivant.

iii. L'image marqueur.

Afin d'éviter une sur-segmentation en l'appliquant directement, la LPE doit être contrôlée par un marqueur. Dans le chapitre 2, l'usage de la ligne de partage des eaux contrôlée par un marqueur est expliqué : à partir des minima importants, l'image est inondée et des barrages sont construits entre les lacs qui se rencontrent, ces barrages constituent la ligne de partage des eaux.

Dans notre cas, le but n'est pas de trouver des bassins versants (comme c'est souvent le cas), mais c'est la ligne de partage des eaux elle-même qui est censée donner le résultat de segmentation. Alors les marqueurs doivent être choisis de manière à ce que la ligne de partage des eaux coïncide avec les vaisseaux, il est donc important de marquer toutes les « vallées encaissées » et toutes les « criques », c'est-à-dire toutes les zones entourées partiellement ou entièrement par les vaisseaux. Un tel marqueur est montré dans la Figure IV.4.

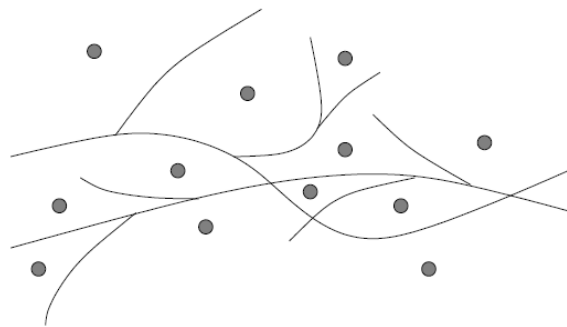


Figure IV.4 - Des vaisseaux et un marqueur "idéal" (les cercles gris) [30].

Afin d'obtenir un tel marqueur, une approximation du réseau vasculaire est calculée par un simple seuillage de l'image préfiltrée du chapeau haut de forme (Figure IV.5 (b)). Comme on le voit dans la Figure IV.5 (a), il n'est pas possible de trouver un bon seuil qui segmente tout le réseau vasculaire en donnant peu de faux positifs. Cependant, l'objectif dans cette étape de l'algorithme est seulement de trouver un marqueur pour la LPE, et l'approximation obtenue par un seuillage (Seuil = 25, par expérimentation, a donné un bon résultat dans [29]) est suffisamment bonne pour atteindre ce but.



(a) Transformation par chapeau haut de forme de l'image préfiltrée.



(b) Approximation de l'arbre vasculaire par seuillage ($S= 25$).

Figure IV.5 - Transformation par chapeau haut de forme et approximation du réseau vasculaire.

Le marqueur, c'est-à-dire, l'ensemble de points d'où l'inondation commence, est choisi en fonction de la distance par rapport à cette approximation (montrée dans la Figure IV.5 (b)) du réseau vasculaire : ce sont les maxima locaux de la fonction de distance de l'approximation inversée (Figure IV.6 (a)).

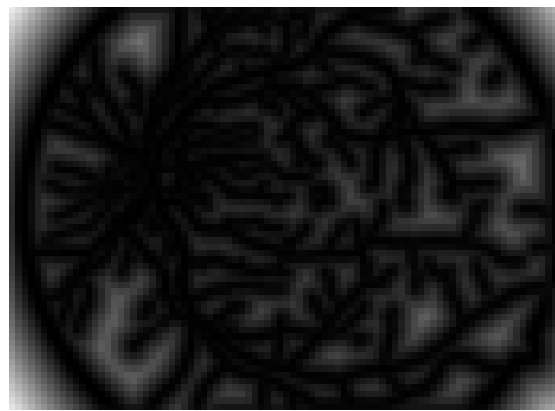
Pour calculer la fonction de distance, il faut d'abord nettoyer l'image : il ne faut absolument pas qu'il y ait un marqueur sur un vaisseau, sinon le vaisseau en question ne ferait pas partie de la ligne de partage des eaux, et il serait forcément raté par l'algorithme. Pour cela, il suffit de boucher tous les trous ayant une surface trop petite (5 pixels). Soit T_K le seuillage par surface, m_1 une image intermédiaire et $D(\cdot)$ la fonction de distance, l'image marqueur m peut être obtenue à partir de l'image chapeau haut de forme p_2 de la manière suivante (Figure IV.6 (b)):

$$m_1 = [\phi_\lambda^{surf} T_K(p_2)]^c$$

$$m(x) = \begin{cases} f(x) & , \text{ si } x \in \text{Max} \{D(m_1)\} \\ t_{max} & , \text{ sinon} \end{cases} \quad (\text{IV.3})$$



(a) L'approximation du réseau vasculaire nettoyée.



(b) Fonction de distance de l'approximation.

Figure IV.6 - L'image de distance et l'image marqueur.

iv. La détection des lignes de crête à l'aide de la LPE.

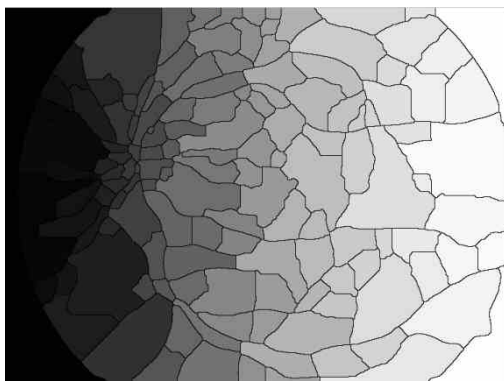
Ayant déterminé le marqueur, la ligne de partage des eaux, peut être calculée de la manière habituelle :

$$LPE_m(f) = LPE(R_f^*(m)) \quad (IV.4)$$

Le résultat est montré dans la Figure IV.7 (a). La ligne de partage des eaux suit les vaisseaux comme prévu et, par conséquent, il existe plusieurs faux positifs, c'est-à-dire des branches qui ne correspondent pas à des vaisseaux. La LPE est toujours fermée : elle délimite un bassin versant. Alors, si une zone n'est pas entièrement entourée par des vaisseaux, il doit y avoir forcément une branche de la LPE qui ne correspond pas à un vaisseau.

Pour extraire le squelette vasculaire de la LPE, WALTER, dans [30], a utilisé un critère de contraste pour éliminer les fausses branches depuis la LPE.

Notre objectif est de ne détecter que les lignes de crête elles-mêmes. Pour cela, FEROU, dans [29], a introduit un opérateur logique (AND) entre l'approximation du réseau vasculaire et la ligne de partage des eaux, pour éliminer les bassins versants et les fausses lignes.



(a) Segmentation par la ligne des partages des eaux.



(b) Résultat de l'intersection avec l'approximation.

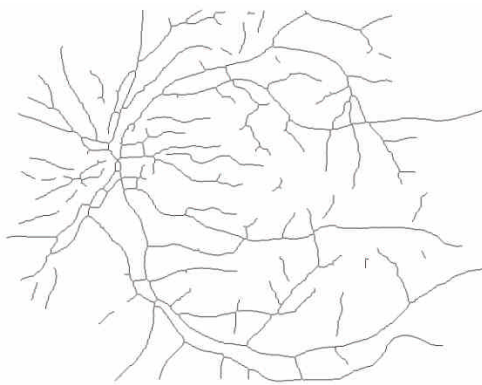
Figure IV.7 - La ligne de partage des eaux et intersection avec l'approximation.

Avec cet algorithme, tous les vaisseaux ont été détectés, mis à part quelques petits vaisseaux ayant un contraste trop faible (Figure IV.7 (b)). Un autre phénomène déplaisant : les erreurs aux bouts des vaisseaux. Beaucoup d'algorithmes proposés dans la littérature montrent également des inexactitudes aux bouts des vaisseaux. En effet, cela n'est pas étonnant car les vaisseaux ne finissent pas spontanément, mais se dissolvent lentement. Cela n'est pas gênant, puisque généralement nous nous contentons des gros vaisseaux pour extraire un nombre suffisant de points de bifurcations pour distinguer entre deux patterns.

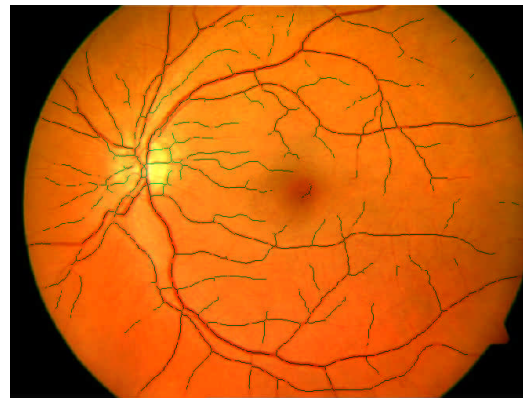
On remarque aussi, (Figure IV.7 (b)), la présence de pixels isolés qui n'ont pas d'importance. Pour régulariser ce problème, nous appliquons un filtrage selon un critère de surface.

Le squelette du réseau vasculaire obtenu (Figure IV.7 (b)) est bon, mais, il y a dans ce résultat beaucoup de petites branches (des barbules) qui ne correspondent pas à des vaisseaux. Pour raffiner l'arbre vasculaire, ces barbules peuvent être éliminées facilement en appliquant l'algorithme d'ébarbulage décrit dans l'annexe A.

Enfin, le contour de la rétine, apparent dans le résultat, est enlevé à l'aide d'une opération de remplissage des formes ovales et sélection de leur périmètre, puis une soustraction de ce contour depuis l'image du squelette. Le résultat final du squelette est montré dans la Figure IV.8.



(a) Squelette du réseau vasculaire obtenu par l'algorithme d'extraction.



(b) Superposition du squelette sur l'image originale.

Figure IV.8 - Résultat final de l'algorithme d'extraction du squelette vasculaire.

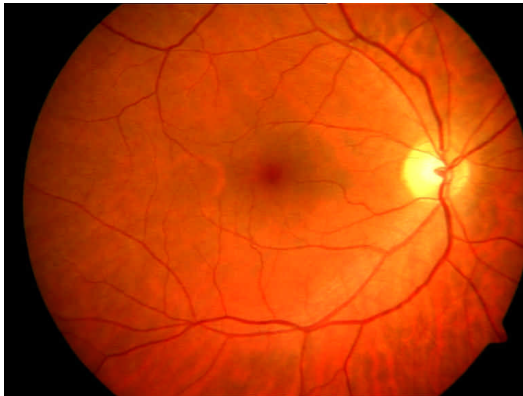
On peut dire, finalement, que l'algorithme de détection de l'arbre vasculaire, basé sur la ligne de partage des eaux contrôlé par marqueur, est un algorithme robuste et donne des résultats fiables que ce soit pour des images bien contrastées (Figure IV.9 (b)), ou pour des images de très faible contraste (Figure IV.9 (d)).

Nous verrons, par la suite, comment extraire les points de bifurcation et de croisement des branches, depuis le squelette vasculaire obtenu.

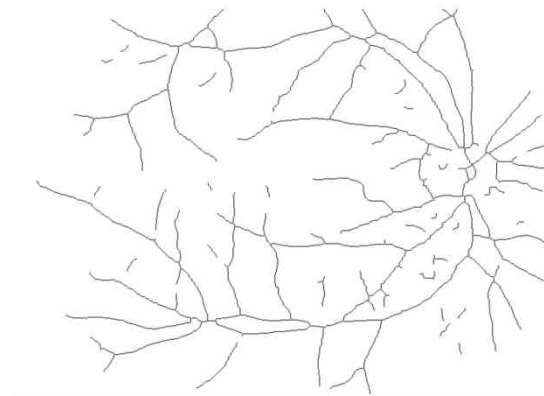
b. Les points de bifurcation.

Comme nous l'avons précisé auparavant, nous utilisons dans ce mémoire, comme pattern biométrique, la position des points de bifurcation et de croisement des branches. Cette caractéristique est unique et difficile, voire impossible, à reproduire. Nous avons aussi affirmé, que ce pattern est invariable durant la vie de l'être humain, à moins qu'une sérieuse pathologie apparaisse dans l'œil. La plupart des maladies connues, telles que le diabète, ne changent pas la topologie du pattern. Quelques petites lésions (exsudats, ou micro-anévrysmes) peuvent apparaître mais sont facilement évitées avec les algorithmes

d'extractions du réseau vasculaire. Basée sur l'idée des minuties des empreintes digitales, évoquée dans le premier chapitre, un pattern robuste est présenté ici, où un ensemble de bornes limites sont utilisées comme points caractéristiques.



(a) Image bien contrastée [100]



(b) Résultat de l'extraction de l'arbre



(c) Image peu contrastée [100]



(d) Résultat de l'extraction de l'arbre

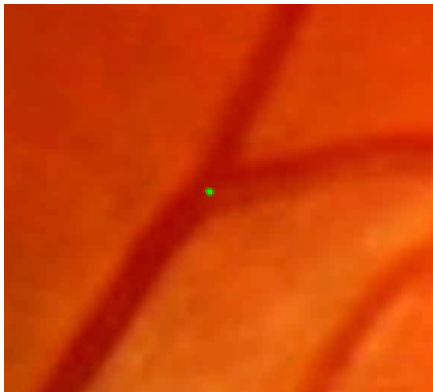
Figure IV.9 - Exemples du résultat de l'algorithme sur des échantillons de la base [100].

En outre, le choix de ces points comme trait biométrique a gagné un grand intérêt dans les systèmes de reconnaissance, grâce à son caractère économe de la mémoire. En effet, le pattern contient une information riche et unique, et la taille mémoire nécessaire à son stockage est considérablement inférieure à celle de l'arbre vasculaire ou de l'image en entier. Dans ce cas-là, le problème de comparaison de patterns est réduit à un problème de comparaison de points et une mesure de similarité des patterns va être calculée à base du nombre de points similaires.

Un point de bifurcation c'est le point où se divise un vaisseau rétinien en deux autres petits vaisseaux (Figure IV.10 (a)). Un point de croisement est un point (virtuel) qui représente la position de l'intersection de deux branches dans une vue à deux dimensions (Figure IV.10 (b)).

Nous verrons dans cette section comment extraire ces points de bifurcation et de croisement des branches du squelette vasculaire que nous avons obtenu avec l'algorithme

précédent. La position de ces points servira plus tard, dans ce chapitre à établir le trait biométrique.



(a) Point de bifurcation



(b) Point de croisement

Figure IV.10 - Exemples des points de bifurcation et de croisement [100].

1. Etat de l'art.

La détection des points caractéristiques de l'arbre vasculaire rétinien est une tâche très délicate. Ceci est dû, particulièrement, à la complexité de la structure du réseau vasculaire, où l'illumination et la taille des vaisseaux sont fortement hétérogènes d'une image à une autre, et, souvent, même entre deux régions, différentes de la même image.

Le problème commun des approches de détection des points caractéristiques qui existent dans la littérature, est l'utilisation du disque optique comme point de référence dans l'image. Or, la détection du disque optique est un problème plus complexe, et, parfois, ne peut être réalisée correctement chez des individus, surtout pour les cas pathologiques.

Cette propriété de bifurcation et de croisement des branches du réseau vasculaire a acquis beaucoup d'attention notamment chez les ophtalmologistes dans l'interprétation des images en vue d'une détection de pathologie ou de lésions dans la rétine. Ces points servent beaucoup dans le domaine de recalage automatique des images rétinienne.

Dans plusieurs travaux de recherche [61], [3], [84], [18], [23], [29], les auteurs ont utilisé la notion de voisinage des pixels pour détecter les points caractéristiques. Nous allons voir dans le paragraphe qui suit comment appliquer la transformation de voisinage pour détecter les points de bifurcation et de croisement.

2. Algorithme de l'extraction.

Les points de bifurcation se caractérisent en théorie par la présence de trois branches de vaisseaux qui définissent une certaine orientation. Comme on peut le voir sur la Figure IV.11 (a), les points de bifurcation ont une forme en Y, ou en T (Figure IV.11 (b)).

Il y a également des cas où des vaisseaux se croisent (artères et veines). Dans ce cas, il s'agit d'une intersection à quatre branches formant un X (Figure IV.11 (c)).

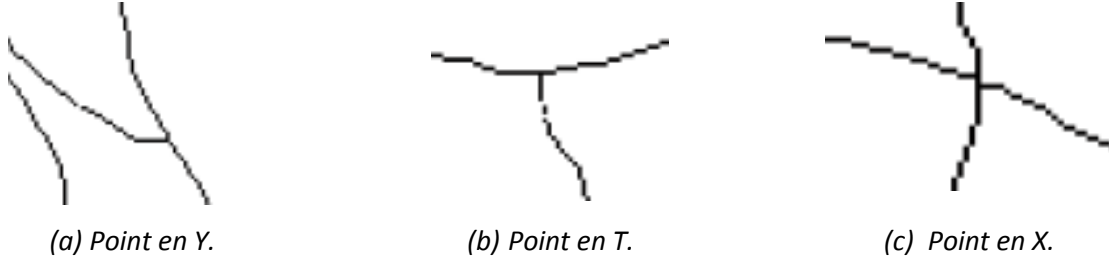


Figure IV.11 - Exemples des formes de points caractéristiques.

Pour localiser ces points sur le squelette vasculaire, il suffit de détecter tous les X, Y, et T. Pour cela, nous avons appliqué une transformation morphologique connue sous le nom de «Transformation de voisinage» définie, dans [83], par :

$$X \otimes V(i, j) = \begin{cases} 1 & \text{si } V_x(X) \in V \\ 0 & \text{sinon} \end{cases} \quad (\text{IV.5})$$

Avec V une famille composée de 18 configurations de voisinage :

❖ Les formes en Y :

$$\begin{pmatrix} 1 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \end{pmatrix} \text{ et 07 autres configurations obtenues par des rotations de } \frac{\pi}{4} :$$

$$\begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 0 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 0 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix}$$

❖ Les formes en T :

$$\begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \end{pmatrix} \text{ et 07 autres configurations obtenues par des rotations de } \frac{\pi}{4} :$$

$$\begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 1 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 0 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 1 \end{pmatrix}$$

❖ Les formes en X :

$$\begin{pmatrix} 1 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 1 \end{pmatrix} \text{ et une autre configuration obtenue par des rotations de } \frac{\pi}{4} : \begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \end{pmatrix}$$

Nous appliquons cette transformation sur le squelette de l'arbre vasculaire issu de l'étape précédente, et nous obtenons comme sortie une image binaire contenant uniquement des points de bifurcation et de croisement comme montré dans la Figure IV.12.

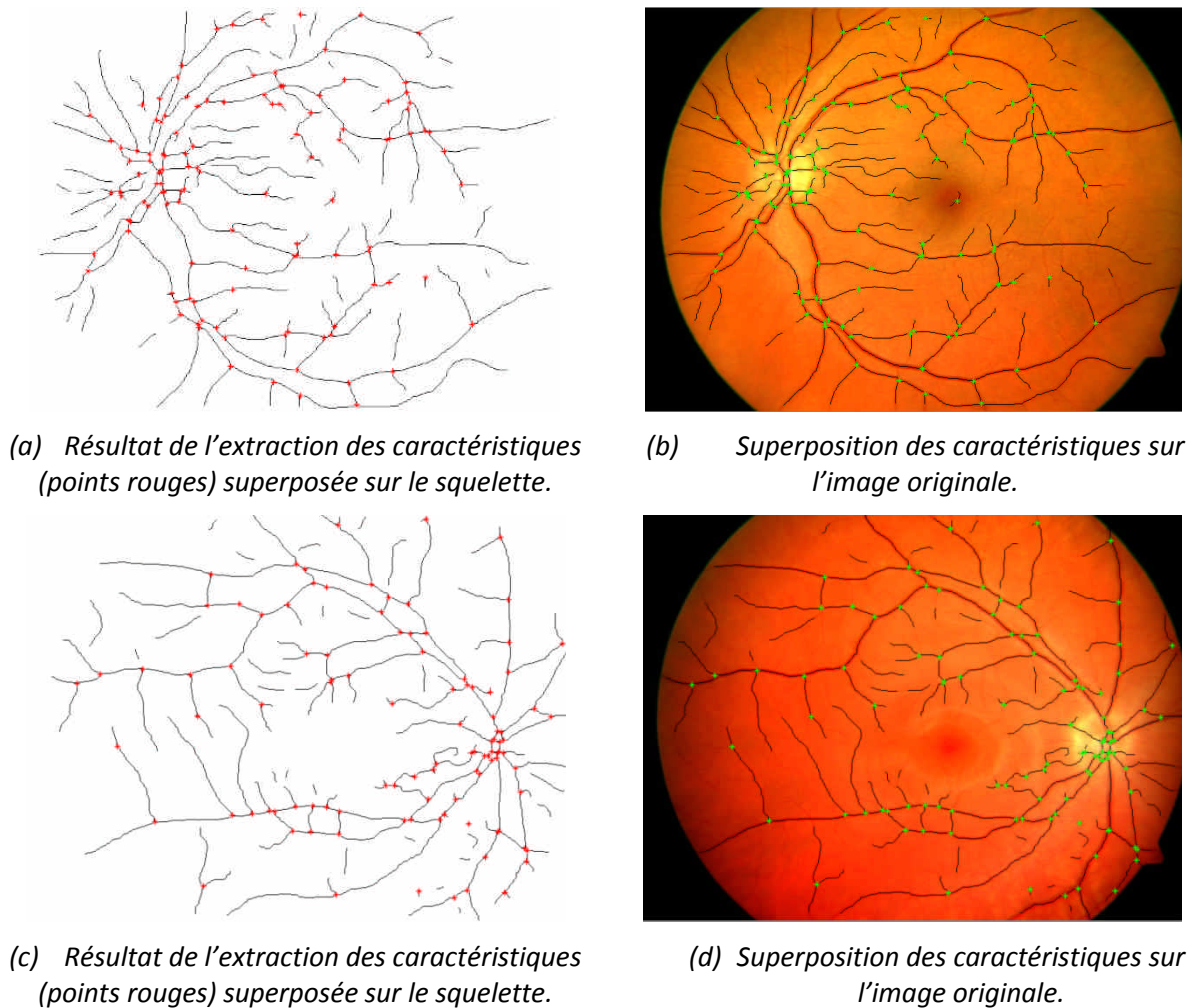


Figure IV.12 - Exemples d'extraction des points de bifurcation et de croisement.

Les coordonnées cartésiennes (x, y) de projection sur les axes du plan de l'image sont utilisées pour établir la signature biométrique. Pour obtenir un nombre suffisant de points de bifurcation et de croisement, il faut extraire l'arbre vasculaire avec la meilleure précision possible. On remarque dans la Figure IV.12 (a et c), que la plupart des points de bifurcation ont été détectés dans les deux images, mis à part quelques points qui ont été ratés par l'algorithme à cause de la qualité médiocre du squelette dans quelques régions (surtout à la fin des petits vaisseaux).

A présent, nous pouvons procéder à la phase finale de comparaison des patterns. Mais avant cela, une étape primordiale s'impose. En effet, pour comparer les patterns de deux images rétinienne à base des points caractéristiques obtenus, il faudrait, tout d'abord, aligner ces patterns. Cet alignement est appelé recalage des images.

Nous discuterons ces étapes dans le prochain chapitre. Dans le paragraphe suivant nous allons décrire des méthodes d'extraction des points de référence qui sont le centre de la papille et la fovéa (centre de la macula). Nous aurons besoin de ces points dans une des méthodes de recalage que nous verrons plus tard.

c. Les points de référence.

1. Le disque optique (papille).

La papille est un élément principal de la rétine ; sa détection est essentielle pour un système d'analyse de clichés rétinien. Beaucoup d'algorithmes de détection de lésions se basent aussi sur la détection de la papille, parce qu'elle permet d'identifier des faux positifs : notamment pour la détection d'exsudats, elle joue un rôle important. De plus, elle sert à trouver le centre de la vision (la macula) et son diamètre peut être vu comme une mesure de référence dans les clichés rétinien (par exemple, la distance entre la papille et la fovéa est environ 2,5 fois le diamètre de la papille [30]).

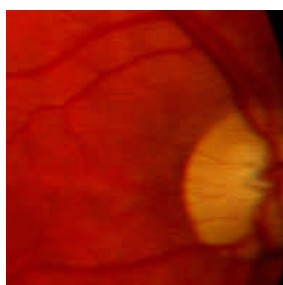
En dehors de son rôle majeur pour la conception d'autres algorithmes, la détection de la papille et l'analyse quantitative de l'évolution de sa forme et de sa taille peuvent apporter des informations cliniques de grande importance : en effet, l'analyse du changement de la papille sert à dépister et à suivre l'évolution des maladies. L'amélioration du diagnostic de ces maladies n'est pas le sujet de ce mémoire, mais l'algorithme présenté ici peut être utilisé à ce propos. Dans notre étude, nous nous servirons de la papille, notamment, pour le recalage d'image.

La papille (ou disque optique) est l'entrée des vaisseaux et du nerf optique dans la rétine. Elle se trouve du côté nasal de la macula (le centre de la vision) et elle ne contient pas de récepteurs pour la lumière : c'est pour cela qu'elle est appelée aussi la tache aveugle.

Dans les images rétinien, elle apparaît comme une grande tache de couleur jaunâtre ou blanche et de forme à peu près circulaire ou elliptique, interrompue par les vaisseaux sortants. Sa taille varie d'un sujet à l'autre, mais elle reste comprise entre 40 et 60 pixels de diamètre dans des images de 768 x 576 pixels. La papille est caractéristique par un fort contraste entre les vaisseaux sortants et la couleur jaune de la papille elle-même.



(a) Papille contrastée.



(b) Papille incomplète.



(c) Papille non-contrastée.

Figure IV.13 - Exemples de papilles [100].

Malheureusement cette description n'est pas valable pour toutes les images couleur de la rétine : parfois, ses contours sont à peine visibles, la couleur n'est pas toujours jaune et il peut y avoir d'autres régions dans l'image qui sont plus éclairées suite à un gradient

d'éclairage ou une grande accumulation d'exsudats. Les exsudats sont également caractérisés par une couleur jaune/blanche et apparaissent sous un fort contraste.

Dans la Figure IV.13, des différences dans l'apparence de la papille peuvent être observées. La papille montrée dans la Figure IV.13 (a) est bien contrastée, presque circulaire et de couleur jaune. C'est un objet très clair et sa détection, même avec des méthodes très basiques, ne devrait pas poser beaucoup de problèmes. Dans la Figure IV.13 (b), la couleur de la papille est plutôt blanche que jaune, elle est au bord de l'image, avec une partie non visible, les vaisseaux en couvrent une partie et par conséquent, les contours sont fortement perturbés. La papille montrée dans la Figure IV.13 (c) a un très faible contraste : elle est à peine plus claire que ses alentours et ses contours se laissent juste deviner.

i. Etat de l'art.

Il existe beaucoup de méthode de détection de la papille dans la littérature :

Dans [43], les auteurs localisent le disque optique en utilisant le contraste très élevé entre les vaisseaux sortants et la papille elle-même. Cette approche fonctionne bien dans des images uniformément éclairées et ne contenant pas d'exsudat ou d'autres pathologies claires et fortement contrastées. Aucune méthode pour la détection des contours n'est proposée.

Dans [33], un seuil par surface est utilisé pour trouver le disque optique. Les contours sont ensuite détectés à l'aide de la transformation de Hough [85]. Cette transformation est relativement lente, et de plus, les conditions d'une forme circulaire ne sont souvent pas remplies ; ce qui représente un problème majeur pour l'application de cette méthode. Comme il a été constaté dans [41] : si le contraste de la papille est faible ou si la papille est au bord de l'image, cette approche ne donne pas de résultats satisfaisants.

Dans [32], le disque optique est localisé par un suivi de vaisseaux vers leur origine. Cela est certainement une bonne stratégie, mais elle se base sur la détection complète du réseau vasculaire. Dans de très bonnes images, cela est possible, mais il suffit que quelques branches ne soient pas détectées par l'algorithme pour que cette approche échoue.

Dans [86], les contours du disque optique sont trouvés à l'aide des contours actifs ; le problème de localisation dans des images contenant des exsudats ou d'autres structures de luminosité élevée, n'est pas traité.

Dans [87], les auteurs comparent les structures dans l'image avec un modèle de la papille (*Template matching*). Cette approche gère mal des variations de taille de la papille d'un patient à l'autre, et elle n'a pas été testée dans des images contenant de grandes accumulations d'exsudats.

Dans [30], l'auteur a utilisé la morphologie mathématique pour l'extraction de la papille. L'algorithme utilisé localise d'abord la papille, ensuite calcule le contour en utilisant la LPE.

Mais n'empêche que cet algorithme a trouvé des difficultés face aux rétines très affectées par des anomalies.

Dans notre mémoire, nous avons besoin de localiser uniquement le centre de la papille qui servira comme point de référence, avec la fovéa, dans la phase de recalage. Pour ce faire, nous sommes obligés de trouver le contour de la papille et de calculer le barycentre.

L'algorithme proposé par WALTER dans [30] a donné un résultat assez satisfaisant, du moment que dans cette étude des systèmes biométriques, nous ne prenons pas en considération les cas particuliers présentant de fortes anomalies au niveau de la rétine.

ii. Algorithme de l'extraction.

L'algorithme de détection de la papille proposé dans [30] se divise en deux étapes : dans la première, la papille est localisée avec une approche qui se sert de la luminosité élevée de la papille et du réseau vasculaire détecté avec l'algorithme décrit dans la première section de ce chapitre.

Une fois la papille localisée, ses contours peuvent être trouvés à l'aide de la transformation de lignes de partage des eaux appliquée à une version filtrée de l'image. Nous expliciterons ces deux étapes par la suite. Deux premières versions de cet algorithme ont été publiées dans [46], [88].

❖ La localisation de la papille.

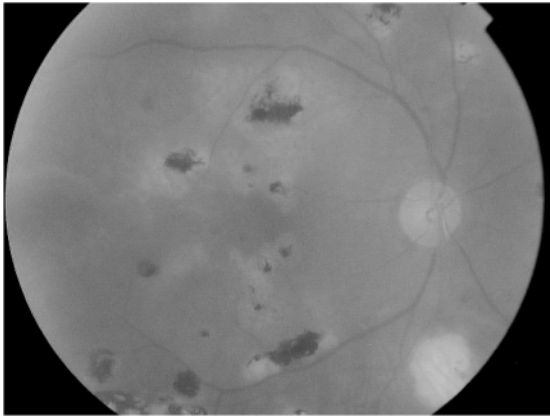
L'hypothèse de départ de cet algorithme est que la papille appartient aux régions les plus claires de l'image, et donc, un seuillage appliqué à l'image de la luminosité f_l obtenue par la représentation de l'image dans l'espace HLS (voir Annexe C pour plus d'informations sur les espaces de représentation des images), devrait permettre de trouver au moins une partie de la papille. Malheureusement, cela est vrai seulement s'il n'existe pas des accumulations d'exsudats de taille importante ou d'autres structures claires de couleur jaunâtre (comme par exemple l'atrophie dans l'image montrée dans la Figure IV.14 (a)). Avant l'application d'un seuil, il faut d'abord enlever ces structures. Cela peut être fait en se servant du réseau vasculaire : la papille n'est pas seulement une région de luminosité élevée, mais aussi l'entrée des vaisseaux. Autrement dit, la papille doit être connexe au réseau vasculaire V . La reconstruction d'une version dilatée du réseau vasculaire sous l'image f_l donne alors une image qui contient toujours la papille, mais aucun exsudat (ou autre structure de luminosité élevée) qui ne soit connexe au réseau vasculaire.

$$v(x) = \begin{cases} t_{max} & , si \ x \in V \\ t_{min} & , si \ x \notin V \end{cases} \quad (IV.6)$$

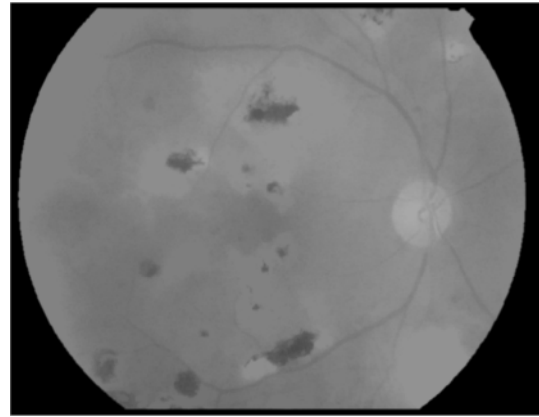
$$l_1 = R_{f_l}(\delta^{sB} v \wedge f_l) \quad avec \quad s = 5 \quad (IV.7)$$

En effet, le réseau vasculaire doit être dilaté parce qu'il faut marquer les parties claires de la papille : ces parties sont à proximité du réseau vasculaire, mais elles ne contiennent évidemment pas de vaisseaux. Il est préférable de ne pas utiliser tout le réseau vasculaire V tel qu'il est extrait par l'algorithme présenté dans le chapitre précédent pour cette opération : la partie du réseau vasculaire qui passe par la papille est la partie la plus contrastée et donc les paramètres de l'algorithme sont choisis pour ne pas extraire tous les vaisseaux, mais seulement les plus contrastés. De plus, de petits bouts non connexes au reste du réseau sont enlevés (par une ouverture surfacique binaire) : la probabilité qu'un exsudat de grande taille soit construit est d'autant plus petite que V est réduit ; la méthode est plus fiable si seule une partie du réseau vasculaire est utilisée.

L'effet de ce filtrage est montré dans la Figure IV.14 : l'atrophie en bas à droite de l'image de la Figure IV.14 (a) est enlevée dans la Figure IV.14 (b), la papille par contre est presque entièrement reconstruite. L'atrophie correspond à une tache jaune plus grande que la papille et de luminosité plus élevée. Dans les approches proposées dans [33], [46] et [88], la présence d'une telle structure aurait causé l'échec de l'algorithme de localisation.



(a) La luminosité d'une image rétinienne contenant une atrophie (en bas à droite).



(b) La reconstruction à partir des vaisseaux.

Figure IV.14 - La reconstruction de l'image à partir des vaisseaux [30].

Comme la taille approximative de la papille est connue et comme dans l'image l_1 , la papille appartient aux régions les plus claires, il suffit de mettre un seuil par surface : le seuil est calculé de manière à ce que K pixels appartiennent au résultat (dans les images de 768×576 , de bons résultats ont été obtenus pour $K \approx 2000$). Avec $\#A$ le nombre de pixels de A , nous pouvons écrire :

$$L_1 = T_{[\alpha, t_{max}]}(l_1) \quad \text{avec } \alpha \text{ tel que } \#L_1 \geq K \quad (\text{IV.8})$$

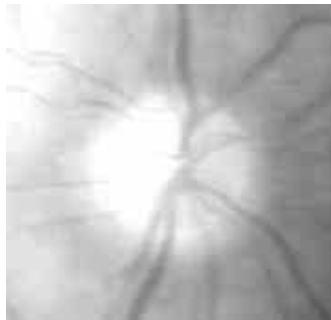
L_1 contient normalement plusieurs composantes connexes : une partie de la papille, du bruit et d'autres structures claires qui n'ont pas été enlevés par la reconstruction à partir des vaisseaux. Ceux-ci sont normalement des exsudats de petite taille, et il suffit de choisir la composante connexe la plus grande pour localiser la papille :

$$L \in C(L_1) \quad \forall A \in C(L_1) : \#L \geq \#A \quad (\text{IV.9})$$

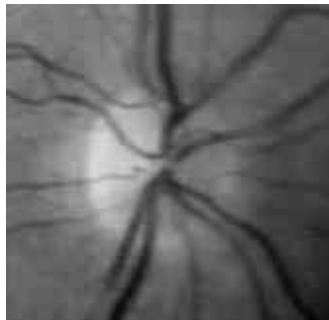
L coïncide avec une partie de la papille. Le centre de cette particule (un pixel appartenant au maximum de la fonction distance de L) sert par la suite comme approximation du centre de la papille pour trouver ses contours.

❖ *La détection des contours de la papille.*

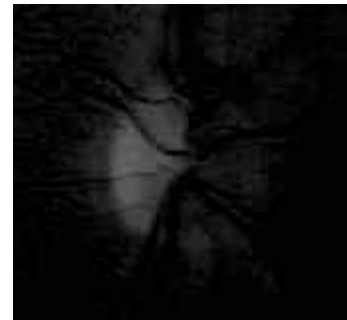
Les contours de la papille apparaissent sous le meilleur contraste dans le canal rouge f_r de l'image couleur, comme il est illustré dans la Figure IV.15 (a) montrant le canal rouge où les contours sont bien visibles et peu perturbés par les vaisseaux sortants, surtout parce que les vaisseaux apparaissent sous un faible contraste dans le rouge. Dans les Figure IV.15 (b et c) (les canaux vert et bleu), la papille se montre sous un contraste beaucoup plus faible. Elle est toujours visible, mais le contraste des vaisseaux sortants est beaucoup plus élevé que celui de la papille. De plus, toute une partie de la papille est plus sombre et le contraste entre cette partie et la partie plus claire est plus élevé que le contraste de la papille par rapport au fond.



(a) Canal rouge de la papille.



(b) Canal vert de la papille.



(c) Canal bleu de la papille.

Figure IV.15 - La décomposition en RVB de la région papillaire dans une image couleur.

Il est donc avantageux de travailler sur le canal rouge pour trouver les contours de la papille. Malheureusement, cela n'est pas toujours le cas : parfois le canal rouge est saturé et le contraste entre la papille et les alentours est très faible : dans ce cas, le travail sur le canal rouge ne peut pas donner un résultat satisfaisant. Ce problème sera discuté plus tard dans cette section.

La détection des contours utilisant le canal rouge : par la suite, f_r notera une sous-image du canal rouge centrée dans c , le centre approximatif de la papille. La taille est choisie assez grande pour que la papille soit entièrement comprise dans l'image.

Encore une fois, nous allons utiliser la méthode de segmentation par excellence en morphologie mathématique : la ligne de partage des eaux. Pour trouver les contours d'un objet, il faut appliquer la LPE sur le gradient d'une version filtrée de l'image. L'objectif est maintenant de trouver un filtrage qui permet de conserver les contours de la papille et d'enlever toutes les autres structures qui pourraient causer une valeur gradient élevée.

D'abord, le bruit présent dans l'image est diminué en filtrant l'image avec une gaussienne. La taille de la gaussienne peut être choisie relativement grande, parce que la papille ne correspond pas à une structure fine (de bons résultats ont été obtenus pour une taille de 9 pixels avec $\sigma = 4$) :

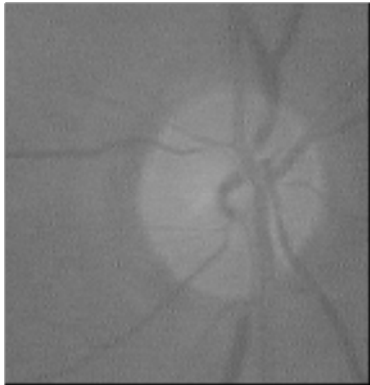
$$p_1 = \Gamma * f_r \quad (\text{IV.10})$$

Ensuite, les vaisseaux qui interrompent la forme de la papille sont enlevés par une simple fermeture morphologique. La taille de l'élément structurant est choisie plus grande que la largeur des vaisseaux. Pour les images 768 X 576, de bons résultats ont été obtenus pour $s_1 = 8$:

$$p_2 = \phi^{(s_1 B)}(p_1) \quad (\text{IV.11})$$

Souvent, il y a un grand pic à l'intérieur de la papille dû à des réflexions qui est bien visible dans les canaux vert et bleu (voir les Figure IV.15 (b et c)). Il est présent aussi dans le canal rouge. Il peut produire un très fort gradient à l'intérieur de la papille, qui est détecté au lieu des contours extérieurs. Une ouverture par reconstruction de grande taille ($s_2 = 15$) est alors calculée pour enlever ce pic :

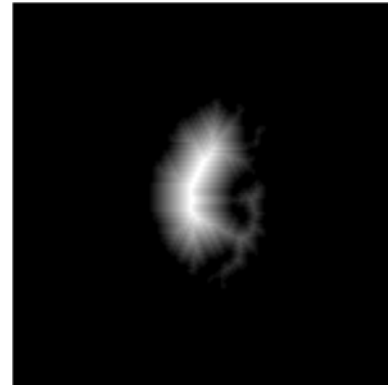
$$p_3 = R_{p_2}(\varepsilon^{(s_2 B)}(p_2)) \quad (\text{IV.12})$$



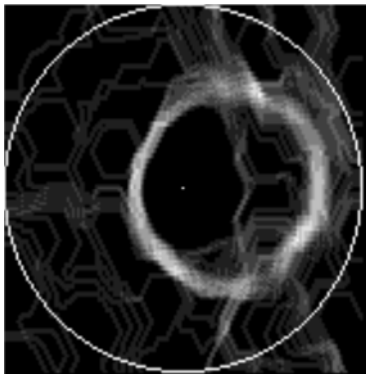
(a) Le canal de la luminance.



(b) La plus grande particule du résultat du seuillage.



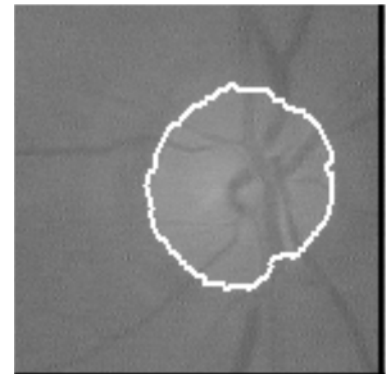
(c) La fonction distance de la Plus grande particule.



(d) Le gradient avec le marqueur superposé.



(e) Le résultat de la ligne de partage des eaux.



(f) Le résultat de segmentation.

Figure IV.16 - Les étapes de l'algorithme de détection de contours de la papille.

Comme l'élément structurant est grand, l'altération des bords par l'ouverture morphologique serait trop importante. Par contre, l'ouverture par reconstruction préserve les bords de l'image.

Ensuite, le gradient morphologique est calculé :

$$\rho p_3 = \gamma^{(B)}(p_3) - \varepsilon^{(B)}(p_3) \quad (\text{IV.13})$$

Calculer la LPE directement sur ce gradient donne un résultat avec une sur-segmentation importante. Pour éviter cela, il est nécessaire d'imposer un marqueur afin de limiter les sources d'inondation. A l'intérieur de la papille il doit y avoir exactement une source : avec une seule source d'inondation, l'algorithme donne exactement un bassin versant qui – si le filtrage a été efficace et le gradient correspond aux contours de la papille – coïncide avec la papille. Donc, le centre c peut être utilisé comme marqueur intérieur. Le marqueur extérieur est un cercle avec son centre dans c et un rayon qui correspond au diamètre maximal possible de la papille : même si l'approximation du centre se trouve plutôt au bord de la papille, le cercle reste entièrement à l'extérieur; ce qui est essentiel pour le fonctionnement de l'algorithme. Le gradient du canal rouge et le marqueur sont montrés dans la Figure IV.16 (d).

$$m(x) = \begin{cases} \rho p_3 & , \text{si } x \in \{c\} \cup \text{Cercle}(c) \\ t_{\max} & , \text{si } x \notin \{c\} \cup \text{Cercle}(c) \end{cases} \quad (\text{IV.14})$$

Ensuite la LPE est calculée et les bassins versants sont déterminés (comme il est illustré dans la Figure IV.16 (e)). La papille correspond au bassin versant qui contient c :

$$P_{fin} = BV_i[R_{\rho p_3}^*(m)] \quad \text{avec } c \in BV_i \quad (\text{IV.15})$$

Le résultat de l'algorithme est montré dans la Figure IV.16 (f).

La détection des contours de la papille dans le cas où le canal rouge est saturé : si le canal rouge est saturé, il ne contient évidemment pas d'information sur les contours de la papille. En réalité, cela est un problème de l'acquisition de l'image et il pourrait être résolu au moment où l'image est prise.

Pour pouvoir, malgré tout, traiter ce cas sans cette amélioration de l'acquisition, il faut d'abord identifier les images pour lesquelles le canal rouge est saturé dans la région papillaire. Soit f_r la sous-image centrée dans le centre approximatif c et soit $t_{\max}(f_r)$ la valeur de gris maximal dans cette sous-image. La saturation⁽¹⁾ S_α de f_r peut être évaluée à partir de l'image seuillée $T_{[t_{\max}(f_r) - \alpha, t_{\max}(f_r)]}(f_r)$:

$$S_\alpha = \frac{\# T_{[t_{\max}(f_r) - \alpha, t_{\max}(f_r)]}(f_r)}{\# T_{[0, t_{\max}(f_r)]}(f_r)} \quad (\text{IV.16})$$

¹ Il ne s'agit pas de la saturation de couleur comme il est défini dans l'annexe C.

Par le seuillage au niveau $t_{max}(f_r) - \alpha$, la papille ou seulement une partie est extraite. Les papilles les plus grandes de toutes les images qui ont été traitées dans ce mémoire couvrent environ 30% de la sous-image. Si S_α prend une valeur plus élevée que 0,4 pour $\alpha = 30$, le canal rouge est considéré comme étant saturé. Dans ce cas, au lieu de f_r , la luminance f_l est alors utilisée pour la détection des contours décrite dans le paragraphe précédent, bien que parfois elle ne permette pas la détection de toute la papille : notamment si le contraste est faible, il peut arriver que le gradient à l'intérieur de la papille soit plus élevé que le gradient de ses contours extérieurs.

La papille a été localisée correctement dans, quasiment, toutes les images. Dans les images où l'algorithme a échoué, il existe beaucoup d'exsudats ou d'autres lésions claires qui n'ont pas entièrement été enlevés par la reconstruction à partir des vaisseaux. En effet, le réseau vasculaire parcourt toute la rétine, et même si seule une partie est utilisée, il y a une certaine probabilité de reconstruire des lésions si elles sont très étendues. En revanche, pour les images de rétine saine, cet algorithme a donné des résultats satisfaisants.

La détection des contours de la papille fonctionne bien même dans des images où la papille n'est pas très bien contrastée. Par contre, dans certains cas, la papille apparaît avec un contraste tellement faible, que la méthode échoue : dans ce cas, il n'est pas possible de trouver les contours exacts et la papille doit être rapprochée par un cercle (ce qui n'est pas trivial non plus dans des images peu contrastées).

Dans notre cas, l'image de la rétine ne doit pas contenir de fortes anomalies, c'est pour cela que nous considérons que cet algorithme convient assez bien pour la localisation de la papille.

Pour déterminer le centre de la papille il suffit juste de calculer les coordonnées cartésiennes du barycentre de la papille comme suit:

$$P_x = \frac{\sum_1^{\# P_{fin}} x_i}{\# P_{fin}} \text{ et } P_y = \frac{\sum_1^{\# P_{fin}} y_i}{\# P_{fin}} \text{ avec } p_i(x_i, y_i) \in P_{fin} \quad (\text{IV.17})$$

Ayant calculé le centre du disque optique, nous allons passer à la détection de la fovéa (centre de la macula).

2. Le centre de la macula.

La macula est le troisième élément principal dans la rétine. Elle est le centre de la vision, l'endroit où la concentration de cônes est la plus élevée dans la rétine. C'est pour cela que sa détection a une grande importance pour des systèmes d'analyse automatique des images rétiniennes.

Dans des images couleur de la rétine, la macula apparaît comme une tache sombre de taille assez importante. La concentration du pigment Xanthophylle dans la zone maculaire

est très élevée, ce qui fait qu'elle est relativement contrastée dans des images prises avec la lumière bleue (au laser argon bleu). La distance entre la macula et la papille peut être considérée comme relativement constante. Le centre de la macula est une zone non vascularisée, les vaisseaux l'entourent, mais ils n'y entrent pas : il s'agit de la *zone avasculaire centrale*, entourée par une arcade de capillaires. Cette arcade de capillaires définit des contours de la fovéa ; elle n'est pas visible dans des images couleur, mais dans des angiographies.

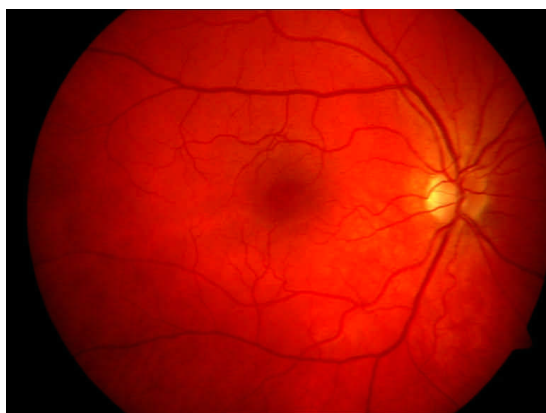
Dans les images rétiniennees utilisées pour la reconnaissance des individus, la macula est centrée, c'est-à-dire qu'elle ne se trouve pas au bord de l'image. Ce dernier point est important pour la conception de l'algorithme, parce que grâce à cela, il n'est pas nécessaire que l'algorithme contienne la décision sur la présence de la macula.

Pour compenser des différences de distance entre la macula et la papille, il est – selon de nombreux auteurs – possible de se servir du diamètre de la papille : selon [32] par exemple, la distance entre la fovéa (le centre de la macula) et la papille est environ 2.5 fois le diamètre de la papille. Malheureusement, cette règle n'a pu être confirmée pour notre ensemble d'images. Par contre, nous pouvons supposer que la distance entre la papille et la macula est comprise entre 170 et 240 pixels.

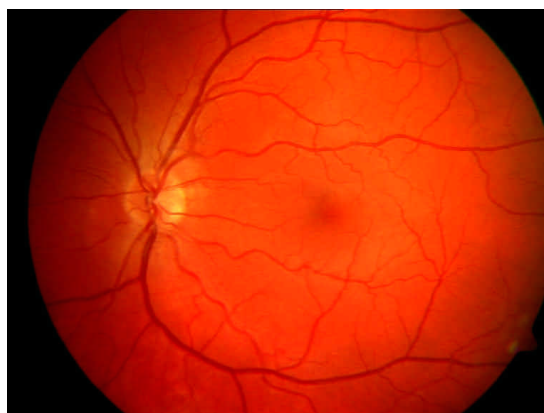
Bien que le diamètre de la tache sombre qui correspond à la macula puisse varier considérablement d'une image à l'autre, nous avons trouvé qu'il est toujours inférieur à 100 pixels dans des images 768x576.

Le contraste de la tache sombre est également très varié : dans les images montrées dans la Figure IV.17, cette différence de contraste est bien apparente. Dans la Figure IV.17 (a), la tache est bien contrastée, alors que dans la Figure IV.17 (b), elle est à peine visible. Ces différences de contraste représentent un problème majeur dans la détection de la macula.

Un autre problème est dû à la présence de lésions sombres et étendues qui doivent être distinguées de la macula.



(a) Une image couleur avec la macula bien contrastée.



(b) Une image couleur avec la macula à peine visible.

Figure IV.17 - Les différences de contraste de la macula dans les images rétiniennees [100].

i. Etat de l'art.

Malgré l'importance de la détection automatique de la macula, elle ne fait pas le sujet de beaucoup de publications. Dans [42], les auteurs proposent de calculer une décomposition pyramidale de l'image à l'aide des ondelettes. Le pixel le plus sombre de cette représentation de l'image est – selon les auteurs – l'endroit où se trouve la macula. Cela n'est, malheureusement, pas le cas si la macula n'est pas bien contrastée et si l'éclairage n'est pas uniforme.

Dans [89] et dans [90], les auteurs cherchent à trouver les contours de la fovéa dans les angiographies à la fluorescéine : dans les angiographies, le réseau vasculaire est beaucoup plus contrasté que dans les images couleur. Par conséquent, l'arcade de capillaires qui délimite la zone vasculaire centrale est visible, ce qui n'est pas le cas dans les images couleur. Les tâches ne sont alors pas comparables.

Dans [41], les auteurs proposent une méthode de détection de la fovéa dans des images au laser argon. Dans ces images, la fovéa est bien visible et bien contrastée. Les auteurs arrivent à extraire la région par des méthodes de seuillage tout en y incorporant des informations anatomiques (la fovéa a la même taille que le disque optique et elle se trouve à une distance connue du centre de la papille). Pour les images couleurs, cette approche ne fonctionne pas, parce que la fovéa est moins contrastée, et il peut y avoir des éléments plus sombres.

Dans [30], l'auteur a proposé un nouvel algorithme basé sur la détection du réseau vasculaire et du disque optique, que nous avons utilisé aussi et présenté dans les sections précédentes, et également sur la taille et la luminosité de la région maculaire. Nous avons choisi de continuer sur cette lignée pour localiser le centre de la macula. L'algorithme est décrit dans le titre qui suit.

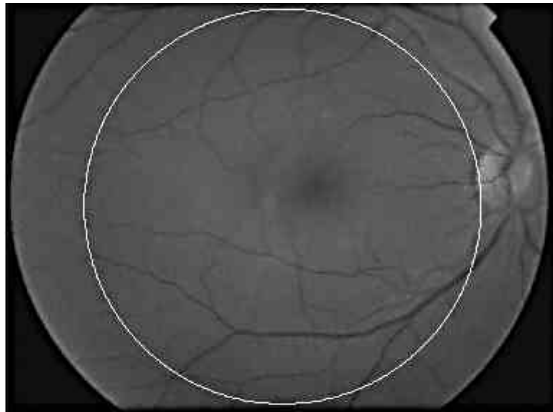
iii. Algorithme de l'extraction.

La première chose qu'à déterminé T. WALTER, dans [30], est la manière d'exploiter la couleur (comme dans tous les algorithmes pour des images couleur). Comme la concentration du pigment Xanthophylle dans la région maculaire est élevée, il serait logique de travailler sur le canal bleu [36]. En effet, la macula apparaît bien contrastée dans le canal bleu dans beaucoup d'images, mais dans certaines, l'information contenue dans le canal bleu n'est pas exploitable (ce qui est probablement dû à l'absorption de la lumière bleue par le cristallin surtout pour des individus âgés) : le canal de luminosité f_l permet de localiser la macula de manière plus fiable à moins que l'âge de la personne soit pris en considération.

❖ Le marqueur de la macula.

Le deuxième pas est l'exploitation de l'information sur l'endroit dans lequel la macula se trouve : elle n'est pas située en périphérie, et dans plusieurs images, elle n'est pas vraiment au centre, non plus. Nous supposons qu'elle se trouve à l'intérieur d'un cercle A centré sur

l'image et ayant un grand diamètre (450 pixels dans des images 768x567) comme montré dans la Figure IV.18(a).



(a) Le canal de luminosité et le cercle contenant la macula.

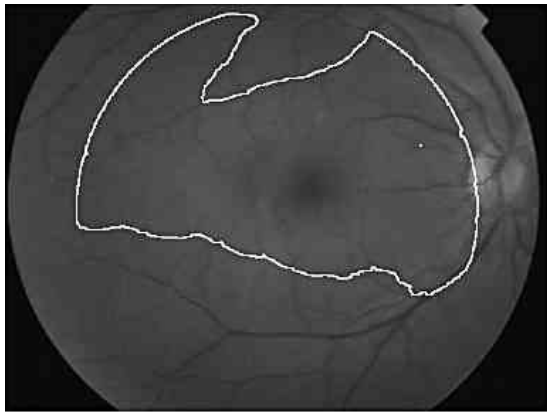


(b) L'intersection du cercle A avec le réseau vasculaire.

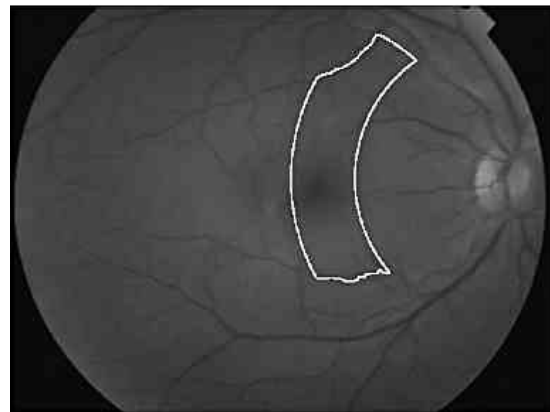
Figure IV.18 - Le cercle contenant la macula et son intersection avec le réseau vasculaire.

Considérons maintenant l'intersection de l'arbre vasculaire V avec ce cercle (voir aussi la Figure IV.18 (b)) : les vaisseaux le séparent en différentes composantes connexes dont une qui contient la macula. Celle-ci est forcément la plus grande, car elle est entourée par les vaisseaux : elle se trouve entre les deux branches principales, où la densité de vaisseaux est la plus faible (la macula est une zone non vascularisée). Il suffit alors de trouver la particule la plus grande pour déterminer la partie B du cercle « entre les branches principales » :

$$B = C_i \in \mathcal{C}(A \cap V^c) \text{ avec } \# C_i > \# C_j \text{ pour } i \neq j \quad (\text{IV.18})$$



(a) La partie du cercle entre les branches principales.



(b) L'endroit approximatif où se trouve la macula.

Figure IV.19 - Un marqueur pour la macula.

avec $\mathcal{C}(\cdot)$ l'ensemble des composantes connexes. La composante connexe la plus grande est montrée dans la Figure IV.19 (a). La distance entre la papille et la macula est entre 170 et 240 pixels environ, et la macula se trouve alors dans l'intersection de B avec un anneau centré dans le centre de la papille, d'un rayon intérieur de 170 pixels et un rayon extérieur

de 240 pixels. Avec cela, les informations sur l'endroit approximatif de la macula sont exploitées ; le résultat est visualisé dans la Figure IV.19 (b).

❖ **Localisation de la macula à l'aide de la fermeture par diamètre.**

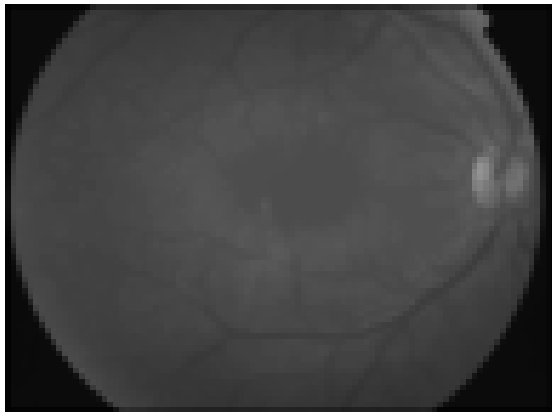
Sachant que la macula correspond à une région plus sombre et que son diamètre approximatif est connu, il suffit de calculer la fermeture par diamètre (présenté dans l'annexe A) et le chapeau haut de forme associé (décrit dans le chapitre 2), pour trouver la macula. D'abord, l'image est simplifiée par un filtrage avec une gaussienne et une fermeture morphologique :

$$m_1 = \phi^{sB}(\Gamma * f_l) \quad (\text{IV.19})$$

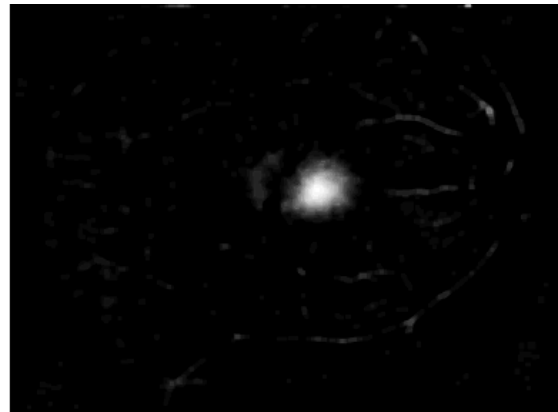
Ensuite, la fermeture par diamètre et son chapeau haut de forme associé sont calculés avec $\lambda = 100$:

$$m_2 = \phi_\lambda^\circ(m_1) - m_1 \quad (\text{IV.20})$$

Le résultat de la fermeture par diamètre est montré dans la Figure IV.20 (a) : la macula est complètement « remplie ». Le chapeau haut de forme associé est montré dans la Figure IV.20 (b).



(a) La fermeture par diamètre du canal de luminance.



(b) Le chapeau haut de forme associé.

Figure IV.20 - L'extraction de détails sombres dans l'image filtrée.

L'image m_2 contient tous les détails sombres qui n'ont pas été enlevés par la fermeture morphologique et qui sont ensuite extraits par le chapeau haut de forme associé à la fermeture par diamètre. Ensuite l'information sur la disposition entre macula, papille et réseau vasculaire est exploitée en calculant la reconstruction morphologique de m_2 à partir de B (Figure IV.21 (a)).

$$b(x) = \begin{cases} m_2(x) & , si \quad x \in B \\ t_{min} & , si \quad x \notin B \end{cases}$$

$$m_3 = R_{m_2}(b) \quad (\text{IV.21})$$

Cette image est enfin seuillée (avec un seuil fixe $\alpha = 3$). Le résultat du seuillage contient plusieurs composantes connexes. Parmi ces composantes connexes, nous choisissons celle pour laquelle le volume de m_3 est maximal :

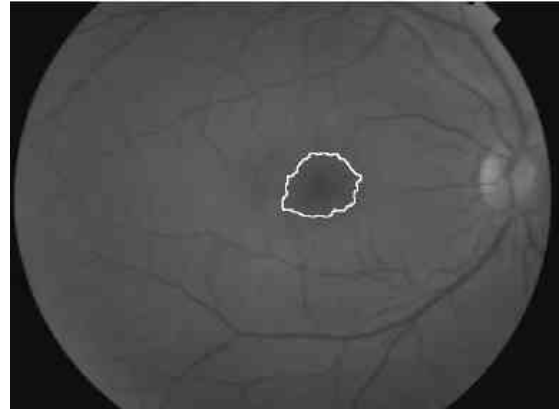
$$M = C_i \in \mathcal{C}(T_{[\alpha, t_{max}]}(m_3)) \quad \text{avec} \quad \sum_{x \in C_i} m_3(x) > \sum_{x \in C_j} m_3(x) \quad \text{pour } i \neq j \quad (\text{IV.22})$$

Le résultat M de l'algorithme est montré dans la Figure IV.21 (b). Les contours de cette région correspondent aux contours de la tache sombre dans l'image rétinienne, mais il ne s'agit pas des contours de la fovéa. Ceux-ci ne sont pas détectables dans des images couleur.

L'algorithme a détecté la macula dans la totalité des images sur lesquelles nous l'avons testé, même dans des images où elle apparaît sous un faible contraste.



(a) La reconstruction du chapeau haut de forme à partir du marqueur.



(b) Le résultat de la segmentation.

Figure IV.21 - La reconstruction du chapeau haut de forme à partir du marqueur et le résultat de la segmentation.

Comme on l'a déjà fait pour le centre de la papille dans l'équation (IV.17), pour trouver le centre de la macula, il faudrait calculer les coordonnées cartésiennes du barycentre de la macula :

$$F_x = \frac{\sum_1^{\#M} x_i}{\#M} \quad \text{et} \quad F_y = \frac{\sum_1^{\#M} y_i}{\#M} \quad \text{avec} \quad p_i(x_i, y_i) \in M \quad (\text{IV.23})$$

Les limites de cet algorithme ont été évoquées dans [30]. En effet, cet algorithme échoue complètement dans la détection de la macula dans des images rétinienne contenant de fortes anomalies, telles que les fortes exsudations de la région maculaire ou des cicatrices dues à un traitement laser. Ceci dit, nous nous sommes contentés dans notre étude de tester les algorithmes sur des images d'individus sains.

A présent, nous sommes prêts à générer le pattern qui servira à la comparaison.

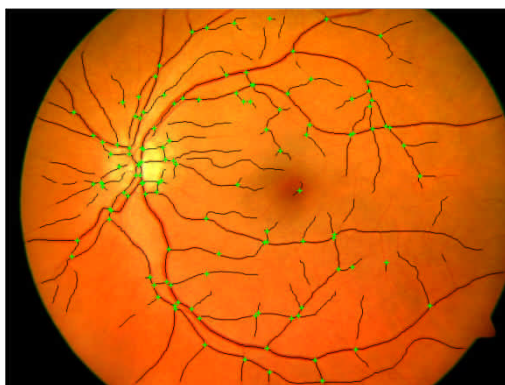
V. Génération de la signature.

Une fois les caractéristiques extraites, il ne nous reste plus qu'à générer la signature biométrique. Comme déjà expliqué au début de ce chapitre, le pattern utilisé dans ce mémoire pour l'étude de la comparaison des images rétinienne est basé sur les points de bifurcation et de croisement obtenu par les procédés d'extraction présentés dans les sections précédentes.

Dans un processus d'identification d'individus, que ce soit une vérification ou une reconnaissance, la génération de la signature se fait pour les deux images : l'image à reconnaître ou à vérifier et l'image référence (ou les images références dans le cas d'une reconnaissance).

Dans notre système biométrique, la signature va contenir les coordonnées cartésiennes (x, y) des points de bifurcations et de croisements, extraits précédemment, dans le repère de l'image. En plus de ces points, nous allons aussi enregistrer les coordonnées des deux points supplémentaires qu'on a extraits: la fovéa et le centre de la papille.

La signature biométrique, que nous utiliserons pour l'identification dans le chapitre suivant, n'est autre qu'une matrice à deux dimensions $(n \times m)$ avec $m = 2$ (colonne des x et colonne des y), et n : le nombre de points de bifurcations et de croisements, en plus des deux points de référence extraits (centres de la papille et de la macula) (Figure V.1).



(a) Résultat de l'extraction des caractéristiques (points rouges) superposée sur l'image.

	X	Y
1	200	40
2	200	30
3	200	20
4	120	40
5	80	40
6	400	80
7	120	80
8	80	80
9	200	120
10	800	100

(b) Echantillon de la matrice de la signature biométrique

Figure V.1 - Exemple d'une signature biométrique.

Dans des images de 768 x 576, les valeurs des coordonnées (x, y) des points sont des valeurs entières non signées (positives) qui ne dépassent pas 768 pixels, et, naturellement, un espace mémoire de 10 bits est suffisant pour coder chaque valeur. Comme les systèmes de codages utilisent des types d'entiers de taille multiple de 8, au lieu de 10 bits, nous devons utiliser 16 bits pour coder chaque valeur. Donc pour chaque point, $2 \times 16 = 32$ bits = 4 octets sont nécessaires pour stocker ces coordonnées. Dans une image rétinienne nous pouvons extraire un nombre de points caractéristiques ne dépassant pas 400 points [103].

En conclusion, la taille maximale d'une matrice en espace mémoire est de $4 \times 400 = 1600$ octets, équivalents à 1,5 Ko environ.

La taille d'une image couleur de la rétine complète en format compressé (JPEG) est de l'ordre de 60 Ko environ. Il est clair que l'idée d'utilisation des points caractéristiques comme signature biométrique est extrêmement intéressante, vu que la taille de l'information est considérablement réduite (d'environ 97%).

La comparaison des signatures biométriques générées sera discutée dans le prochain et dernier chapitre.

VI. Conclusion.

Nous avons présenté dans ce chapitre les différents algorithmes utilisés pour l'extraction des éléments principaux de la rétine. Une transformation par LPE contrôlée par un marqueur a été utilisée pour l'extraction du squelette du réseau vasculaire. Ensuite, nous avons appliqué une transformation de voisinage sur ce squelette pour la détection des points de bifurcation et de croisement des branches. Nous avons aussi présenté les méthodes morphologiques d'extraction des centres de la papille et de la macula. Finalement, nous avons constitué une matrice qui servira dans le processus de comparaison (*matching*).

Nous avons vu, à maintes reprises dans ce chapitre, que les algorithmes utilisés font face à la majorité de problèmes d'extraction des caractéristiques connus auparavant. Ces algorithmes ont donné d'excellents résultats pour des images de bonne qualité, et des résultats satisfaisants dans des images de qualité moyenne.

Cependant, nous n'avons pas évalué ces algorithmes d'une manière indépendante pour la simple raison que nous considérons la totalité des phases du système d'identification comme étant un bloc d'algorithme, et qu'il est plus judicieux, dans notre cas, d'évaluer les résultats obtenus à la fin de son exécution.

Cette évaluation fera l'objet de la dernière partie de notre prochain chapitre. Mais avant cela, nous allons voir d'abord comment recalibrer les patterns obtenus pour pouvoir les comparer et décider de leur correspondance à l'aide d'une mesure de similarité.