



REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE
MINISTRE DE L'ENSEIGNEMENT SUPERIEUR ET DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE

UNIVERSITE ABOU-BEKR BELKAID - TLEMCCEN

THÈSE

Présentée à :

FACULTE DES SCIENCES – DEPARTEMENT D'INFORMATIQUE

Pour l'obtention du diplôme de :

DOCTORAT ES SCIENCES

Spécialité : Informatique

Par :

Mr BETAOUAF Talib Hicham

Sur le thème

***Identification biométrique des individus par analyse
des caractéristiques de la rétine***

Soutenue publiquement en Janvier 2018 à Tlemcen devant le jury composé de :

Mr BEREKSI REGUIG Fethi	Professeur	Université de Tlemcen	Président
Mr RAHMOUN Abdellatif	Professeur	ESI Sidi Bel Abbas	Examineur
Mr TALEB Nasreddine	Professeur	Université de Sidi Bel Abbas	Examineur
Mme DIDI Fedoua	MCA	Université de Tlemcen	Examinatrice
Mr BESSAID Abdelhafid	Professeur	Université de Tlemcen	Directeur de thèse

*Laboratoire de Génie Biomédical
BP 119, 13000 Tlemcen - Algérie*

A ma femme et mes enfants...

*« Celui qui emprunte un chemin menant à l'apprentissage d'une science,
Allah lui facilite l'accès au paradis.
Certes les anges tendent leurs ailes par agrément pour celui qui recherche la science.
Certes tous ceux qui sont dans les cieux et la terre, même les poissons dans l'eau, demandent pardon
pour le savant. Le mérite du savant par rapport à l'adorateur est comme le mérite de la lune par
rapport aux autres étoiles.
Et certes les savants sont les héritiers des prophètes, et les prophètes n'ont pas laissé comme héritage
des dinars ou des dirhams mais ils ont laissé comme héritage la science,
celui qui la prend aura certes pris la part complète»*

LE PROPHÈTE MOHAMMED

« صلى الله عليه وسلم »

*Rapporté par Abou Daoud dans ses Sounan n°3641
et authentifié par Cheikh Albani dans sa correction de Sounan Abi Daoud.*

Remerciements

Je remercie, avant tout, Dieu, le Tout-Puissant, de m'avoir accordé parmi Ses innombrables Grâces, santé et courage pour accomplir ce travail.

Mes plus vifs remerciements vont naturellement au Professeur BESSAID Abdelhafid pour avoir accepté de diriger cette thèse. Il n'a ménagé aucun effort pour résoudre les difficultés auxquelles j'ai été confronté durant toutes ces années de travail. Son amour pour la science et sa persévérance lui confèrent des qualités de chercheur indéniables.

J'adresse aussi mes sincères remerciements au Professeur BEREKSI REGUIG Fethi pour avoir accepté de présider le jury de ma soutenance, ainsi qu'aux Professeurs RAHMOUN Abdellatif, TALEB Nasreddine et Madame DIDI Fedoua pour avoir consenti à examiner ma thèse.

J'exprime toute ma gratitude à Mr. DECENCIERE Etienne et Mr. BENHABIB Choukri pour leurs précieuses contributions dans la rédaction et la révision de cette thèse.

Je tiens, également, à remercier, chaleureusement, Mr. MELIANI Sidi Mohammed et Mr. BENSMAINE Abderrahmane de m'avoir encouragé à mener ce travail jusqu'au bout.

Je ne manquerai pas de remercier tous mes collègues de la filière génie industriel à la faculté de technologie de Tlemcen, qui m'ont soutenu et prodigué de précieux conseils.

Mes derniers mots s'adressent tout particulièrement à ma famille : mon père, ma mère, ma sœur et surtout mon épouse dont les encouragements et le soutien ont été indispensables à l'aboutissement de cette thèse que sans eux je n'aurais jamais réussi à conclure.

Résumé

Un système d'identification biométrique par la rétine permet de reconnaître d'une manière fiable un individu grâce à l'analyse des caractéristiques de son fond d'œil. Ce système utilise la structure du réseau vasculaire rétinien comme trait biométrique quasi-impossible de falsifier. En outre, la configuration macroscopique de la vascularisation rétinienne d'une personne demeure stable durant toute sa vie et son modèle de branchement est unique pour chaque individu.

Dans ce travail, nous proposons un algorithme de vérification automatique de l'identité basé sur la structure du réseau vasculaire de la rétine humaine. Plus précisément, le modèle biométrique est constitué des coordonnées géométriques des points de bifurcation et des croisements des branches du réseau vasculaire. L'objectif principal de notre travail est de réaliser un système efficace tout en minimisant le temps de traitement et la taille des données traitées. Par conséquent, cet algorithme utilise une nouvelle combinaison de techniques puissantes pour l'extraction de caractéristiques basées sur la morphologie mathématique, comme la ligne de partage des eaux pour la segmentation du système vasculaire rétinien et la transformation Hit-or-Miss pour la détection des points de bifurcation et des croisements.

De l'acquisition et l'amélioration des images rétinienne à la comparaison des signature passant par le recalage automatique, chaque étape de l'algorithme est optimisée afin d'améliorer les performances du système. Nous testons notre algorithme sur deux bases de d'images rétinienne (ARIA et DRIVE). Enfin, nous présentons et discutons les résultats d'évaluation de notre algorithme et nous les comparons avec ceux de la littérature.

Mots-clefs

biométrie, identification biométrique, rétine, réseau vasculaire rétinien, points de bifurcation, segmentation d'images

Biometric identification of individuals by analysis of the characteristics of the retina

Abstract

A biometric retinal identification system allows to reliably recognize an individual by analyzing the characteristics of his eye fundus. This system uses the structure of the retinal vascular network as a biometric feature that is almost impossible to forge. In addition, the macroscopic configuration of a person's retinal vascularization remains stable throughout his life and the pattern of connections is unique for each individual.

In this work, we propose an automatic identity verification algorithm based on the structure of the vascular network of the human retina. More precisely, the biometric model consists of the geometrical coordinates of the bifurcation points and the crossovers of the vascular network branches. The main goal of our work is to achieve an efficient system while minimizing the processing time and the size of the processed data. Therefore, this algorithm uses a new combination of powerful techniques for the extraction of features based on mathematical morphology, such as the watershed for segmentation of the retinal vascular system and the Hit-or-Miss transformation for the detection of bifurcation points and crossovers.

From acquisition and enhancement of retinal images to signature comparison through automatic registration, each step of the algorithm is optimized to improve system performance. We test our algorithm on two retinal image databases (ARIA and DRIVE). Finally, we present and discuss the evaluation results of our algorithm, and we compare them with those of the literature.

Keywords

biometrics, biometric identification, retina, retinal vascular network, bifurcation points, image segmentation.

تحديد هوية الاشخاص بتحليل خصائص الشبكية

ملخص

يسمح نظام التعرف على الهوية البيومترية بواسطة الشبكية بالتعرف بشكل موثوق على شخص ما من خلال تحليل خصائص مقلة العين. يستخدم هذا النظام هيكل شبكة الأوعية الدموية في شبكية العين كميزة بيومترية من الصعب تزويرها. إضافة إلى ذلك، فإن التكوين العياني من الأوعية الدموية في شبكية العين للانسان يظل مستقرا طوال حياته ونمط الاتصالات يختلف من شخص الى اخر.

في هذا العمل، نقترح خوارزمية التحقق الالي من الهوية بناء على بنية الشبكة الوعائية للشبكية البشرية. وبشكل أدق، يتكون النموذج البيومتري من الإحداثيات الهندسية لنقاط التشعب والتقاطع لفروع الشبكة الوعائية. والهدف الرئيسي من عملنا هو تحقيق نظام فعال مع التقليل من وقت المعالجة وحجم البيانات المعالجة. لذلك، تستخدم هذه الخوارزمية تركيب جديد لطرق فعالة للمورفولوجيا الرياضية في تحديد الميزات، مثل خط تقسيم المياهفي تعيين الأوعية الدموية لشبكية العين ولقاء أو خلاف للكشف عن نقاط التشعب والتقاطع.

من التقاط وتحسين صور الشبكية إلى مقارنة الانماط، كل خطوة من الخوارزمية تلجا الى التعديل لتحسين أداء النظام. ثم قمنا باختبار النظام على قاعدتين من بيانات الصور الشبكية وأخيرا، قمنا بتقديم ومناقشة نتائج تقييم النظام، ومقارنتها بالانظمة الاخرى.

الكلمات المفتاحية

القياسات البيومترية، تحديد الهوية، شبكية العين، شبكة الأوعية الدموية، نقاط التشعب، تجزئة الصورة

Table des matières

Liste des figures	xv
Liste des tableauxxviii
Liste des acronymes	xix
Introduction générale	1
Chapitre 1 : Biométrie par la rétine	3
1.1 Introduction	4
1.2 La Biométrie	4
1.2.1 Systèmes biométriques	5
1.2.2 Modalités et techniques	8
1.3 La rétine	16
1.3.1 Description anatomique	16
1.3.2 Analyse des caractéristiques	17
1.4 Identification par la rétine	19
1.4.1 État de l’art	19
1.4.2 Approche proposée	21
1.5 Conclusion	23
Chapitre 2 : Extraction des caractéristiques	25
2.1 Introduction	26
2.2 Les images rétiniennes	26
2.2.1 Acquisition	26
2.2.2 Représentation	28
2.2.3 Amélioration et pré-filtrage	29
2.3 Extraction du réseau vasculaire	38
2.3.1 Les vaisseaux sanguins	38
2.3.2 État de l’art	39
2.3.3 Algorithme de détection	40
2.4 Extraction des points caractéristiques	53
2.4.1 Principe	53
2.4.2 Algorithme d’extraction	54
2.5 Signature biométrique	58
2.6 Conclusion	59
Chapitre 3 : Recalage et comparaison des images	61
3.1 Introduction	62
3.2 Recalage automatique	62
3.2.1 Types de recalage	63

3.2.2	Modèle de transformation	65
3.2.3	Algorithmes de recalage	68
3.3	Approches proposées	70
3.3.1	Recalage guidé par des points de contrôle	70
3.3.2	Recalage automatique par ICP	82
3.4	Comparaison des signatures	88
3.4.1	Algorithme de comparaison	89
3.5	Conclusion	90
Chapitre 4 :	Évaluation du système biométrique	91
4.1	Introduction	92
4.2	Normes et critères d'évaluation	92
4.3	Bases d'images rétinienne	94
4.4	Expérimentations	96
4.5	Résultats et discussions	97
4.6	Conclusion	104
	Conclusion générale	107
Annexe A :	Opérateurs morphologiques	109
A.1	L'ouverture par diamètre	109
A.1.1	Les ouvertures binaires par critère	109
A.1.2	Les ouvertures par critère pour des images à teintes de gris	112
A.2	Les squelettes	116
A.2.1	L'ébarbulage des squelettes	116
Annexe B :	Espaces de représentation des images	124
B.1	Espace RVB	124
B.2	Les espaces de luminance, teinte et saturation	125
B.3	L'espace HSV	126
B.4	L'espace HLS	127
B.5	TYS – Un espace amélioré	128
B.5.1	La définition de l'espace couleur TYS	128
B.5.2	Travailler avec la teinte	129
B.6	L'espace Lab	129
Annexe C :	Travaux scientifiques	131
C.1	Publication	131
C.2	Conférences Internationales	131
C.3	Conférences Nationales	131
Bibliographie		133

Liste des figures

1.1	Les processus biométriques	6
1.2	Courbes représentatives des taux de similitude	7
1.3	Différentes modalités biométriques	8
1.4	Classement des techniques biométriques	9
1.5	Comparaison des techniques biométriques	15
1.6	Anatomie de l'œil humain	16
1.7	Anatomie de la rétine	18
1.8	Unicité du réseau vasculaire	19
1.9	La bande scannée de Robert Hill	20
1.10	Schéma général de l'algorithme d'identification	22
2.1	Scanner rétinien de <i>EyeDentify</i>	27
2.2	Rétinographes médicaux	27
2.3	Scanners biométriques rétiniens	28
2.4	Représentation d'une image rétinienne en niveaux de gris	29
2.5	Représentation d'une image rétinienne en niveaux de gris	30
2.6	La modification des teintes de gris	31
2.7	Les modifications du graphe en fonction de μ_t	33
2.8	Augmentation globale du contraste	33
2.9	Augmentation locale du contraste	35
2.10	Problème de bords lors de la correction de l'illumination non uniforme.	36
2.11	Graphes de correction de l'illumination non-uniforme	36
2.12	L'effet de filtrage de l'image d'approximation du fond.	37
2.13	Correction de l'éclairage non uniforme.	37
2.14	Organigramme de détection du squelette vasculaire rétinien.	40
2.15	Deux problèmes dans la détection des vaisseaux	41
2.16	Pré-filtrage par une petite gaussienne.	42
2.17	Le concept de la représentation topologique	43
2.18	La partition d'une image en NG obtenue par LPE	44
2.19	Bassins, minima, LPE	44
2.20	Principe d'inondation du relief	45
2.21	Inondation et barrages	45
2.22	Exemples de la sur-segmentation par la LPE	46
2.23	Contrôle de la LPE par image marqueur	47
2.24	Exemple d'utilisation du gradient morphologique comme marqueur pour la LPE	48
2.25	Exemple d'utilisation de la fonction distance comme marqueur pour la LPE	49
2.26	Exemple d'utilisation de marqueurs interne et externe pour la LPE	49
2.27	Des vaisseaux et un marqueur "idéal" (les cercles gris)	50

2.28	Transformation par chapeau haut de forme et approximation du réseau vasculaire.	50
2.29	L'image de distance et l'image marqueur.	51
2.30	LPE et intersection avec l'approximation	51
2.31	Résultat final de l'algorithme d'extraction du squelette vasculaire.	52
2.32	Résultat de l'algorithme d'extraction du squelette des images rétinienne à différents contrastes.	52
2.33	Exemples des points de bifurcation et de croisement.	53
2.34	Exemples des formes de points caractéristiques.	54
2.35	Exemple de quatre éléments structurants pour trouver des points d'angle droit dans une image binaire en utilisant une transformation <i>hit-or-miss</i>	55
2.36	Exemple d'utilisation des de la transformation <i>hit-or-miss</i> pour trouver des coins d'angle droit dans une image.	55
2.37	Les éléments structurants pour la détection des points de bifurcations en Y.	56
2.38	Les éléments structurants pour la détection des points de bifurcations en T.	57
2.39	Les éléments structurants pour la détection des points de bifurcations en X.	57
2.40	Exemple d'extraction des points caractéristiques.	58
2.41	Exemple d'une signature biométrique.	59
3.1	Transformation rigide (isométrie).	66
3.2	Transformation de similitude.	66
3.3	Transformation affine.	67
3.4	Transformation projective	67
3.5	Transformations libres.	68
3.6	Exemple de recalage de deux images rétinienne d'une même personne à deux instants différents guidé par des points de contrôle.	71
3.7	Exemples de papilles.	72
3.8	La reconstruction de l'image à partir des vaisseaux	74
3.9	La décomposition en RVB de la région papillaire dans une image couleur	74
3.10	L'algorithme de détection des contours de la papille	76
3.11	Les différences de contraste de la macula dans les images rétinienne	77
3.12	Marqueur pour segmenter la macula	79
3.13	Détection de la macula	80
3.14	Exemple de recalage automatique guidé par des points de contrôle.	82
3.15	Exemple de recalage par ICP	83
3.16	Exemple de recalage ICP optimisé par LM	85
3.17	Recalage automatique par ICP	88
3.18	Algorithme de comparaison des signatures.	90
4.1	Les courbes conventionnelles d'évaluation de performance des systèmes biométriques	93
4.2	La courbe FAR Vs FRR et les taux EER.	94
4.3	Echantillon de la base d'images ARIA	95
4.4	Echantillon de la base d'images DRIVE	96
4.5	La courbe FAR vs FRR pour les images ARIA	98
4.6	La courbe FAR vs FRR pour les images DRIVE	99
4.7	Courbes obtenues par l'algorithme d'évaluation.	100

4.8	La représentation réelle des points de croisement.	104
4.9	Détection et fusion des points de bifurcation produits par un croisement.	104
1.1	L'inondation pour une image f au niveau s	113
1.2	Le diamètre $\alpha(A)$	114
1.3	L'ouverture par diamètre d'une image binaire : tous les éléments avec un diamètre inférieur ou égal à 15 sont enlevés	115
1.4	La fermeture par diamètre d'une image à teinte de gris : tous les trous de diamètre plus petit que $\lambda = 20$ sont remplis	116
1.5	Un ensemble de trois points de bifurcation	117
1.6	Un couple d'éléments structurants homotopiques (B_E) dans la trame hexagonale et ses rotations	118
1.7	L'ébarbulage des squelettes	119
1.8	La branche principale (en noir) et les barbules (en gris)	119
1.9	Le principe de l'algorithme proposé par Pierre Soille	120
1.10	Le principe de l'algorithme proposé par Pierre Soille	122
1.11	Le résultat de l'ébarbulage sélectif pour $n_{max} = 100$	122
2.1	Le cube de couleurs dans l'espace RVB	125
2.2	La pyramide de couleurs dans l'espace HSV	127
2.3	La double pyramide de couleur dans l'espace HLS	128

Liste des tableaux

3.1 Classement des applications selon leur type de recalage	64
3.2 Résultats du test des algorithmes sur la base ARIA	81
4.1 Présentation des valeurs GAR, FRR et FAR obtenus avec différents seuils.	98
4.2 Tableau des paramètres de la validité intrinsèque d'un système.	99
4.3 Tableau des résultats du test de performance.	101
4.4 Résultats des différents algorithmes d'identification par la rétine.	103

Liste des acronymes

- ARIA** « *Analysis Retinal Image Archive* ». 80, 81, 92, 94–98, 104
- DET** *Detection Error Trade-off*. 93
- DMLA** dégénérescence de la macula due à l'âge. 80, 81, 95
- DRIVE** « *Digital Retinal Images for Vessel Extraction* ». 92, 95–99, 101, 104
- EER** *Equal Error Rate*. 92–94, 97, 99
- FAR** *False Acceptation Rate*. 92–94, 97–99
- FMR** *False Match Rate*. 92
- FN** *Faux Négatifs*. 99, 101
- FNMR** *False No Match Rate*. 92
- FP** *Faux Positifs*. 99, 101
- FRR** *False Reject Rate*. 92–94, 97, 98
- FTA** *Failure To Acquire*. 93
- FTE** *Failure To Enrol*. 93
- GAR** *Genuine Acceptation Rate*. 92, 93, 97, 98
- ICP** « *Iterative Closest Point* ». 81–84, 86, 87, 103, 108
- LM** algorithme d'optimisation de « *Levenberg-Marquardt* ». 83–86
- LPE** ligne de partage des eaux. 40, 42, 43, 45–51, 59, 72, 74–76, 116
- N.G.** niveaux de gris. 28, 29, 49
- OP** *Operating Point*. 94, 99
- RI** identification par la rétine, ou *Retinal Identification*. 19, 20
- ROC** *Receiver Operating Characteristic*. 93, 99
- RVB** rouge, vert, bleu. 29, 30, 95
- ST** « *Similarity Transformation* ». 70
- VN** *Vrais Négatifs*. 99, 101
- VP** *Vrais Positifs*. 99, 101

Introduction générale

Le contrôle d'identité a toujours été un point sensiblement important dans la plupart des systèmes de sécurité. Chacun de ces systèmes est doté d'un mécanisme de reconnaissance des personnes, qu'il soit de haut niveau tel que les environnements militaires ou de police, de moyen niveau tel que les GAB (guichet automatique bancaire), ou de bas niveau tel un ordinateur ou un téléphone portable. Les mécanismes traditionnels de reconnaissance sont basés sur une connaissance (mot de passe, code pin...etc.) ou sur une possession (badge, carte magnétique, clé...etc.). Le grand problème de ces systèmes est leur vulnérabilité, puisqu'ils ne peuvent pas faire toujours face à une utilisation frauduleuse par une tierce personne non-autorisée (Li et Jain, 2015).

La solution à ce problème réside en l'usage de la signature biométrique. Il est désormais possible d'identifier une personne grâce à une empreinte digitale, la forme de son visage ou sa façon de marcher. Un système biométrique est un système de reconnaissance qui établit une authenticité d'un caractère physiologique ou comportemental spécifique d'un individu. Cette reconnaissance peut être sous la forme d'une vérification d'identité (vérifier l'authenticité d'une identité prétendue) ou sous la forme d'identification (trouver l'identité d'une personne inconnue).

Actuellement, il existe un bon nombre de techniques de reconnaissance biométrique (Empreintes digitales, reconnaissance faciale, Iris, voix, démarche...). Cependant, leur utilisation dépend du type d'application ainsi que du niveau de sécurité désiré. En effet, leur degré de fiabilité diffère selon la modalité contrôlée à cause des risques de falsification (Empreintes synthétiques, lentilles, chirurgie esthétique...etc.). Aussi, leurs coûts d'installation et d'utilisation dépendent du matériel requis pour la collecte et le traitement des informations biométriques.

Dans cette perspective, nous avons opté pour l'étude d'une technique de reconnaissance des plus fiables et pas très coûteuse : la reconnaissance par la rétine. En effet, la rétine humaine dispose d'une certaine particularité où chaque réseau vasculaire du fond d'un œil se caractérise par une structure différente que celle d'un autre. Ce trait biométrique est très fiable, car il est quasiment impossible de le falsifier.

La configuration macroscopique de la vascularisation rétinienne d'une personne demeure stable durant toute sa vie et son modèle de branchement est unique pour chaque individu (Simon et Goldstein, 1935; Tower, 1955). C'est la principale motivation de cette technique d'identification biométrique. Toutefois, il se peut que quelques conditions cliniques puissent légèrement l'altérer. Ceci dit, de nombreux travaux ont été fait dans ce sens pour adapter les algorithmes de reconnaissance aux cas pathologiques.

A cause de son caractère infailible et indubitable, la reconnaissance par la rétine a suscité beaucoup d'intérêts au fil du temps. Nous pouvons trouver pas mal d'algorithmes dans la littérature qui utilisent une partie ou la totalité de l'image du fond de l'œil pour former une signature biométrique (Kabir *et al.*, 2004). Certains utilisent seulement le réseau vasculaire comme trait biométrique (Mariño *et al.*, 2006). Et d'autres ont réduit le pattern à un ensemble de points caractéristiques tels les points de

bifurcation et de croisement des branches du réseau vasculaire rétinien (Ortega *et al.*, 2006; Dehghani *et al.*, 2013; Chen *et al.*, 2015, et autres). Cette dernière technique présente beaucoup d'avantages; entre autres, nous en citerons la réduction considérable de la taille de la signature biométrique de chaque individu. Cet avantage présente une importance majeure lors de l'implémentation de l'algorithme dans les systèmes embarqués (micro-puces). Néanmoins, son application demeure plus complexe et augmente le temps de traitement, notamment dans la phase d'extraction des informations depuis l'image originale de la rétine.

Notre travail, consiste à implémenter un algorithme de vérification automatique d'identité par le biais de ces points de bifurcations et de croisement des branches. Le principal objectif de notre travail est d'optimiser la taille des données utilisées dans la signature biométrique d'une part et permettre à l'algorithme d'être aussi performant et aussi rapide que les algorithmes existants d'une autre part. Pour ce faire, nous proposons de nouvelles approches qui permettront d'optimiser l'algorithme d'extraction des caractéristiques ainsi qu'une technique rapide de recalage des images afin d'accélérer le processus de comparaison des signatures.

L'algorithme que nous proposons est une suite séquentielle de traitements appliqués sur un ensemble d'images rétinienne obtenues à partir des dispositifs d'acquisitions appropriés. La chaîne de traitements commence par une étape de pré-filtrage des images rétinienne acquises par le scanner rétinien. Cette étape est suivie par une extraction automatique du réseau vasculaire en utilisant la morphologie mathématique qui permettra d'obtenir un squelette rétinien. A partir de là, l'algorithme identifie les points de bifurcation et de croisement des branches du réseau vasculaire et utilisera leurs coordonnées cartésiennes dans l'image pour former la signature biométrique de chaque individu. L'étape suivante consiste à comparer deux signatures afin de pouvoir établir un degré de correspondance. Mais avant, il est nécessaire d'aligner les deux images géométriquement pour pouvoir comparer les distances entre les points caractéristiques. Finalement, c'est le degré de similarité entre les deux signatures qui détermine la correspondance ou pas des identités comparées.

Ce document est organisé comme suit : un premier chapitre décrivant d'une manière générale les différentes notions de la reconnaissance biométrique et en particulier la reconnaissance par la rétine. Le second chapitre décrit la première étape de l'algorithme qui consiste à extraire les caractéristiques de l'image rétinienne pour former une signature biométrique. Le chapitre 3 définit l'étape de recalage et de comparaison des signatures. Et enfin un dernier chapitre pour présenter et discuter les résultats obtenus lors de l'évaluation du système sur un exemple d'images rétinienne.

Chapitre 1

Biométrie par la rétine

*« Le monde est dangereux à vivre !
Non pas tant à cause de ceux qui
font le mal,
mais à cause de ceux qui regardent
et laissent faire. »*

Albert Einstein

Sommaire

1.1	Introduction	4
1.2	La Biométrie	4
1.2.1	Systèmes biométriques	5
1.2.2	Modalités et techniques	8
1.3	La rétine	16
1.3.1	Description anatomique	16
1.3.2	Analyse des caractéristiques	17
1.4	Identification par la rétine	19
1.4.1	État de l'art	19
1.4.2	Approche proposée	21
1.5	Conclusion	23

1.1 Introduction

La reconnaissance des individus se place au cœur du domaine de la sécurité et du contrôle d'accès au sein des infrastructures et des systèmes informatiques. L'intérêt grandissant pour les systèmes automatiques de reconnaissance est dû, d'une part, à la croissance mondiale et la diversité des technologies de communication (Internet, téléphonie mobile, accès à distance aux services, transactions en ligne...etc.). D'autre part, les fraudeurs sont de plus en plus motivés à mettre en échec les systèmes de sécurité existants vu l'importance des enjeux économiques et financiers. Il y a donc un besoin inéluctable de vérifier l'identité des individus de manière simple, fiable et peu onéreuse.

La reconnaissance des individus se présente sous deux formes principales :

- **L'identification** : pour établir l'identité d'une personne (inconnue).
- **L'authentification** : pour vérifier l'identité prétendue d'une personne.

La prolifération des systèmes de contrôle a permis l'ouverture du marché du contrôle d'accès, mais aucun d'eux ne s'est révélé totalement efficace. En effet, ces systèmes classiques de contrôle sont basés sur des identifiants externes (mot de passe, badge, clé, code,...etc.) qui sont exposés à plusieurs risques tels que : la duplication, le vol, l'oubli, la perte... etc.

D'un autre côté, les systèmes de contrôle biométriques sont plus fiables car ils permettent de garantir un niveau important de sécurité selon la technique utilisée. Ces systèmes sont basés sur des attributs biologiques (ADN, urine, odeur...), physiologiques (forme du visage, empreintes digitales...etc.) ou comportementales (signature, démarche, parole...etc.)

Un autre avantage de ces systèmes est la possibilité de numériser les informations et les signatures biométriques, acquises à l'aide de capteurs sensoriels ou visiophoniques appropriés, pour des opérations de traitement, de stockage dans des bases de données qui, à leur tour, serviront pour la prise de décision dans un contexte d'authentification.

Nous définirons dans ce chapitre les principales notions de la biométrie et décrirons les systèmes de reconnaissance par la rétine en présentant les atouts majeurs de cette technique.

1.2 La Biométrie

L'être humain, depuis son existence, a toujours cherché à trouver des différences entre lui-même et son entourage et les exploiter dans ses besoins quotidiens. L'usage de la biométrie remonte au moyen-âge où les chinois utilisaient les empreintes digitales pour signer les documents officiels. Depuis, de nombreux chercheurs anatomistes et physiologistes ont exploité les informations biométriques à des fins diverses.

La première base de données officielle contenant des informations biométriques a vu le jour vers la fin du XIX^{ème} siècle où le français Alphonse Bertillon (1853-1914) testait à la préfecture de police une méthode d'identification des prisonniers nommée anthropométrie judiciaire. Bertillon procédait à la prise de photographies de sujets humains, mesurait certaines parties de leurs corps (tête, membres, etc.) et on notait les dimensions sur les photos et sur des fiches à des fins d'identification ultérieure (**Bertillon, 1893**). La dactyloscopie¹ et le bertillonnage² furent des techniques rapidement

1. Procédé d'identification par les empreintes digitales.

2. Procédé d'anthropométrie judiciaire de Alphonse Bertillon.

adoptées par les corps de polices du monde entier (Rhodes, 1956).

Depuis, les systèmes de reconnaissance biométrique n'ont cessé d'évoluer tant en performance qu'en diversité.

Le terme de biométrie est originaire d'une contraction des deux anciens termes grecs : « bios » qui signifie : la vie et « metron » qui se traduit par : mesure (Gregory et Simon, 2008).

La biométrie est apparue pour combler les manques des systèmes d'accès classiques, et dans la littérature il existe plusieurs définitions de la biométrie telles que :

« La reconnaissance automatique d'une personne à partir de son comportement ou d'une caractéristique physique ». - [Source : ISO ¹]

« La biométrie recouvre l'ensemble des procédés tendant à identifier un individu à partir de la mesure de l'une ou de plusieurs de ses caractéristiques physiques, physiologiques ou comportementales ». - [Source : CNIL ²]

La biométrie est la science d'établir l'identité d'une personne basée sur les attributs physiques (empreintes digitales, formes du visage, géométrie de la main, iris, rétine...etc.) ou comportementaux (démarche, signature, dynamique de clavier...etc.) liés à un individu. Un système biométrique typique utilise les sondes convenablement conçues pour capturer le trait biométrique d'une personne et le compare à l'information stockée dans une base de données pour établir l'identité (Li et Jain, 2015).

La biométrie offre, donc, une solution naturelle est fiable pour certains aspects de la gestion d'identité en utilisant des systèmes entièrement automatisés ou semi-automatisés de reconnaissance des individus.

1.2.1 Systèmes biométriques

Bien que la technologie biométrique ait de diverses utilisations, son but primaire est de fournir une alternative plus sécurisée aux systèmes traditionnels de contrôle d'accès employés pour protéger les capitaux personnels ou de corporation.

Un système biométrique est essentiellement un système qui acquiert des données biométriques d'un individu, extrait un ensemble de caractéristiques à partir de ces données, puis le compare à un ensemble de données stocké au préalable dans une base de données pour pouvoir enfin exécuter une action ou prendre une décision à partir du résultat de cette comparaison (Jain *et al.*, 2007).

Le principe de fonctionnement des systèmes biométriques, tels que décrit dans la littérature (Jain *et al.*, 2007; Nanavati, 2002) (et comme montré dans la figure 1.1), comporte trois modes principaux :

- **Enrôlement** : c'est l'étape de collecte et d'enregistrement des signatures biométriques de chaque utilisateur dans la base de données. Chaque utilisateur présente un ou plusieurs échantillons d'une caractéristique biométrique qui vont être traités et stockés dans la base sous un identifiant, accompagnés parfois de références biographiques (nom, prénom, adresse...), correspondant à cet utilisateur. Ces données serviront plus tard dans la phase d'identification.
- **Authentification** : ou vérification d'une identité. L'individu fournit un échantillon biométrique ainsi qu'un identifiant et le système s'assure que le pattern enregistré dans la base correspond à l'identifiant fourni par l'utilisateur. Le module de décision produit une réponse oui/non selon l'authentification/rejet de

1. International Organization for Standardization : <http://www.iso.org/>

2. Commission nationale de l'informatique et des libertés : <http://www.cnil.fr/>

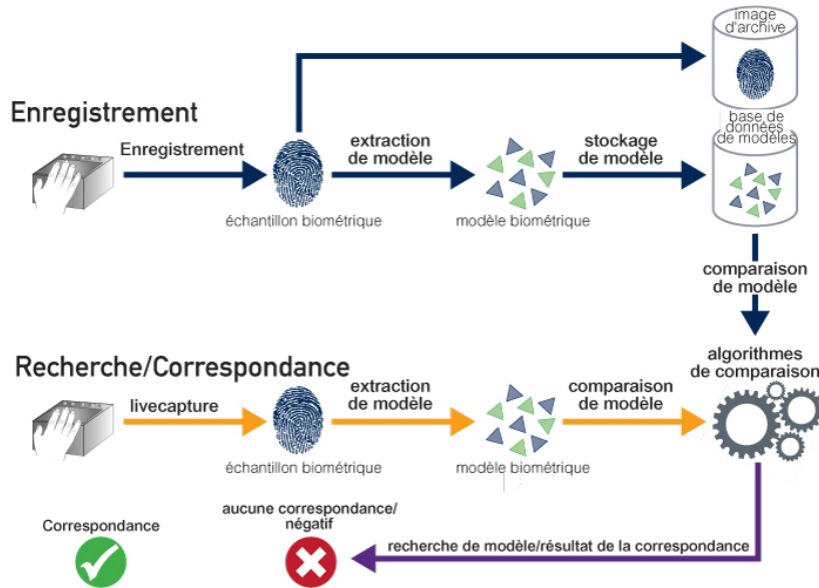


FIGURE 1.1: Les processus biométriques. (Aware, 2017)

l'identité. Dans cette phase, les systèmes biométriques effectuent une mise à jour des patterns pour les types de traits biométriques qui ont tendance à changer légèrement à travers le temps (Ex. : Reconnaissance faciale).

- **Identification** : c'est le processus de recherche de l'identité d'un individu. L'échantillon présenté pour l'identification est soumis, après traitement, à des algorithmes de comparaison qui le croiseront avec l'ensemble des patterns stockés dans la base de données, afin de permettre au module de décision d'établir l'identité de l'individu en question.

Dans les systèmes d'identification classiques, tels que l'identification par mot de passe, la correspondance doit être parfaite et absolue (100% de similitude) entre l'identifiant présenté pour la reconnaissance et celui enregistré dans la base de données (ex. : Dans le cas d'identification par mot de passe, la chaîne de caractère saisie par l'utilisateur du système doit correspondre exactement à la chaîne qui identifie cette personne et lui attribue les droits d'accès appropriés). En revanche, dans les systèmes biométriques, la correspondance n'est pas absolue. Ceci est dû à :

- des conditions imparfaites lors de l'acquisition des échantillons biométriques (ex. : empreinte digitale bruitée à cause d'un dysfonctionnement du lecteur),
- des variations de la caractéristique biométrique de l'utilisateur (ex. : des problèmes respiratoires peuvent affecter l'échantillon vocal de l'utilisateur),
- des changements des conditions ambiantes (ex. : une mauvaise illumination influe sur la reconnaissance du visage),
- la différence dans l'interaction de l'utilisateur avec les dispositifs d'acquisition (ex. : iris occlus, empreinte partielle),

Cependant, il est très rare d'obtenir un ensemble de caractéristiques exactement similaires lors de deux acquisitions d'échantillons biométriques d'un individu. En effet, une correspondance parfaite de deux échantillons déclenche une mise en garde du système contre une tentative de fraude par reproduction.

Le degré de similitude entre deux ensembles de caractéristiques est appelé : le taux de similarité (*Similarity Score*). Le taux de similarité d'une comparaison entre deux

échantillons d'un trait biométrique du même individu est appelé : taux d'authenticité (*Genuine Score*). Le taux de similarité entre deux échantillons de deux individus différents est appelé : taux d'imposture (*Impostor Score*).

La performance d'un système biométrique dépend de la technique utilisée et du niveau de sécurité de l'environnement d'exploitation. Plus le niveau de sécurité est haut plus le système doit être précis et fiable. Le choix de la modalité dépend également du type du système de reconnaissance et des conditions d'application.

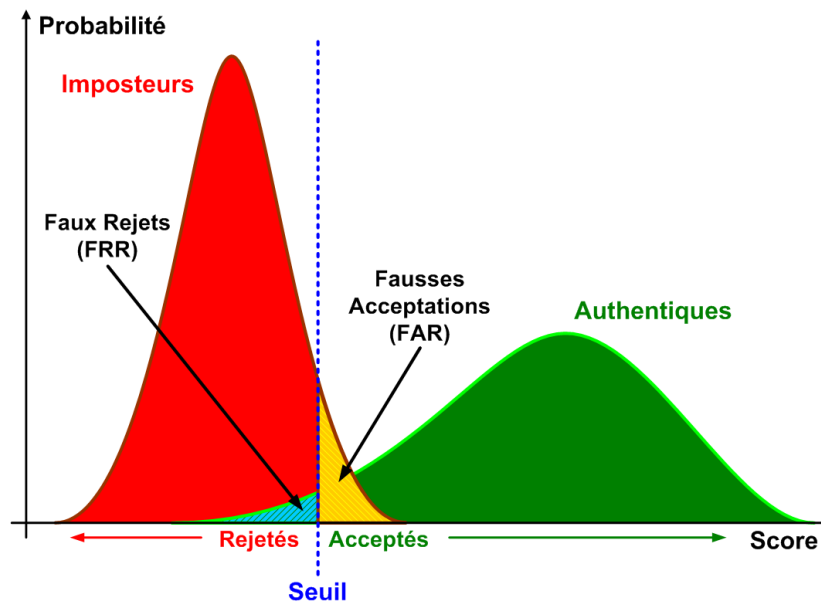


FIGURE 1.2: Courbes représentatives des taux de similitude. (Morizet, 2009)

Comme montré sur la figure 1.2, il est question d'un compromis, défini par un seuil, entre le taux de fausses acceptations et le taux des faux rejets. C'est-à-dire qu'un taux d'authenticité en dessous du seuil génère un faux rejet, tandis qu'un taux d'imposture qui dépasse le seuil résulte une fausse acceptation.

Un certain nombre de caractéristiques sont utilisées dans diverses applications. Chaque trait biométrique a ses avantages et ses inconvénients, c'est pourquoi, le choix de la technique pour une application particulière dépend d'une variété de questions en plus de sa performance. En 2006, Jain *et al.* ont identifié sept facteurs déterminant la convenance des traits physiques ou comportementaux pour être utilisés dans une application biométrique :

- **Universalité** : toute personne ayant accès à l'application doit posséder le trait.
- **Unicité** : le trait doit être suffisamment différent d'une personne à une autre.
- **Permanence** : le trait biométrique d'une personne doit être suffisamment invariant au cours d'une période de temps.
- **Mesurabilité** : il devrait être possible d'acquérir et de numériser les données biométriques à l'aide d'un dispositif approprié.
- **Performance** : la précision de la reconnaissance et les ressources nécessaires pour atteindre la précision que doit satisfaire les contraintes imposées par l'application.
- **Acceptabilité** : les individus qui vont utiliser cette application doivent être disposés à présenter leurs traits biométriques au système.

- **Contournement** : il s'agit de la facilité avec laquelle le caractère d'un individu peut être imité en utilisant des objets (par exemple : faux doigts dans le cas de traits physiques et le mimétisme, dans le cas de traits de comportement).

La section suivante décrit quelques types de systèmes biométriques et les différentes modalités utilisées.

1.2.2 Modalités et techniques

Bien qu'il existe un très grand nombre de modalités biométriques, nous pouvons distinguer deux grandes catégories :



FIGURE 1.3: Différentes modalités biométriques (Li et Jain, 2015).

- **L'analyse des traces biologiques** : basées sur les caractéristiques biologiques des individus (ADN, salive, urine, odeur...). Ce type de biométrie est très onéreux et très complexe à mettre en œuvre dans un système usuel de reconnaissance et n'est utilisé que dans un cas d'extrême nécessité (ex. : Enquête criminelle, test de paternité...etc.)
- **L'analyse des traits physiques** : ce type de méthodes est beaucoup plus facile à mettre en œuvre dans un système de contrôle d'identité et ne nécessite pas autant de moyens. Comme montré dans le schéma de la figure 1.4, nous pouvons représenter les types de biométries physiques les plus connus et les plus utilisés dans les deux grandes classes : (Gregory et Simon, 2008)
 - **la biométrie physiologique ou morphologique** : utilisant les caractéristiques physiologiques de l'individu (Ex. : la forme de la main, la forme du visage, les empreintes digitales, l'iris, la rétine...etc.)
 - **la biométrie comportementale** : qui se base sur le comportement de l'individu. (Ex. : la démarche, la voix, la signature...etc.)

1.2.2.1 L'analyse comportementale

Dans ces techniques de reconnaissance, on s'intéresse aux caractéristiques physiques en activité des individus qui peuvent être typiques et permettent de distinguer une personne d'une autre. Plus explicitement, on étudie la manière de faire des individus.

Comme exemple nous citons : (Ashbourn, 2011)

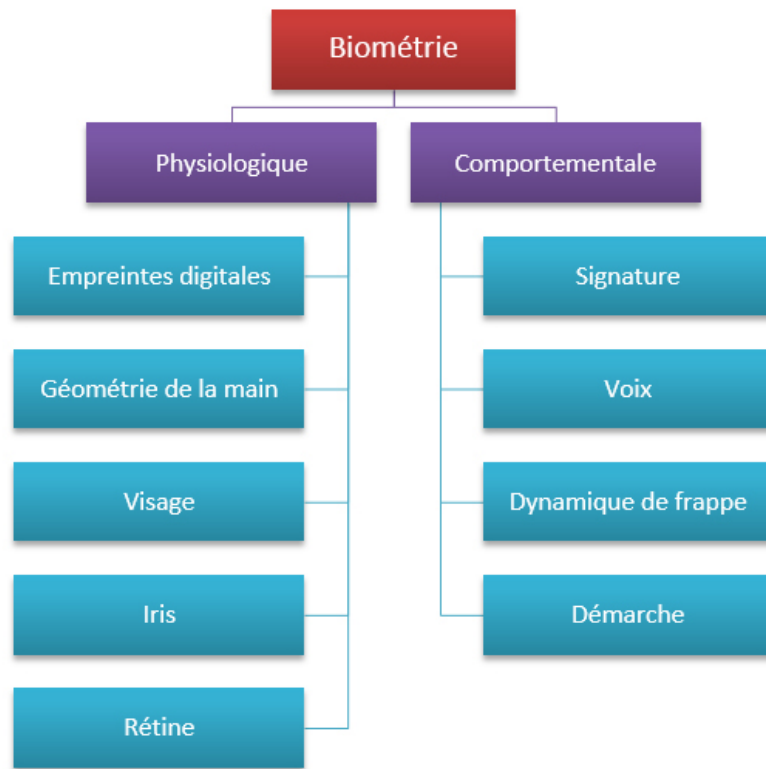


FIGURE 1.4: Classement des techniques biométriques. (Gregory et Simon, 2008)

a) La signature

La vérification par signature figure parmi les premières techniques utilisées dans le domaine de la biométrie. Il y avait plusieurs systèmes concurrents dans ce domaine. Elle semblait être une application évidente de la biométrie car il y avait tant de processus familiers qui avait utilisé la signature comme moyen de vérification d'identité.

En outre, la signature biométrique, du moins en théorie, fournissait une profondeur d'analyse autre que celle de la mesure de la dynamique inhérente dans son écriture, la précision géométrique de la signature. Dans des tests indépendants, la vérification de la signature a donné une raisonnable présentation d'elle-même.

Cependant, dans les situations réelles, l'utilisation des tablettes graphiques disponibles dans le marché et les systèmes adéquats n'était souvent pas une chose aussi aisée. En outre, il est intéressant, en termes proportionnels, de voir les incohérences de certaines personnes en signant leur nom dynamiquement et graphiquement. Tandis qu'un observateur humain peut tolérer ces incohérences tant que la signature est correcte, l'algorithme de vérification automatique de la signature prenait un temps important, particulièrement quand il essayait de fonctionner avec un niveau de tolérance serré.

En conséquence, la vérification par signature biométrique reste une technique traditionnelle, bien qu'il puisse y avoir des applications où elle peut s'avérer utile.

b) La voix

La vérification par la voix est une autre technique pilote et il y avait quelque différents systèmes disponibles pendant un bon moment, certains d'entre eux étaient considérés comme une perspective des systèmes.

Typiquement, les systèmes de vérification de la voix analysaient la dynamique inhérente des individus en annonçant une phrase type, générant un pattern en conséquence,

qui pourra être utilisé dans une éventuelle reconnaissance d'un vif échantillon. Tandis que la théorie est assez logique et, sans doute, certains algorithmes de reconnaissance ont bien été développés, la vérification de la voix comme technique fût désavantagée sur plusieurs points.

Premièrement, en utilisant les capteurs disponibles dans le marché tels que des combinés de téléphone, la qualité des capteurs est non seulement relativement pauvre en terme de réponse de fréquence et largeur de bande dynamique, mais notoirement variable d'échantillon à un autre.

Deuxièmement, nous avons les contradictions et les bruits considérables dans les canaux de transmission (ex : lignes téléphoniques, routeurs, échangeurs...).

Troisièmement, les variables environnements de point de présence auront les niveaux également variables de bruit ambiant et les propriétés acoustiques telles que la réflexivité, l'absorption, prépondérance vers les ondes stationnaires et ainsi de suite.

Pour finir, la cohérence avec laquelle les utilisateurs interagissent avec le dispositif de capture laisse souvent à désirer, particulièrement avec les utilisateurs non-habités. De telles conditions, une fois réunies, peuvent poser d'énormes défis pour les systèmes de vérification de la voix. Néanmoins, elles peuvent être bien adaptées dans certaines applications à circuit-fermé où la voix est le choix biométrique.

c) La dynamique de frappe

C'est une autre technique primitive dans laquelle un énorme apport en temps et en effort a été investi, notamment par quelques grandes compagnies de technologie de l'information.

L'idée d'identifier un individu par sa dynamique particulière de frappe était clairement attrayante parmi les perspectives de la technologie de l'information et des réseaux. Tandis qu'il semblait possible de déterminer une signature dynamique individuelle de frappe dans des conditions soigneusement contrôlées, les utilisateurs réels sous de réelles conditions de fonctionnement n'étaient pas aussi cohérents qu'on le voudrait dans la manière d'utiliser un clavier afin de mettre en application cette technologie.

En outre, en utilisant les claviers standards, il n'y avait pas vraiment une richesse d'information individualiste avec laquelle travailler. Après beaucoup de recherches et quelques démonstrations intéressantes, l'idée de la dynamique de frappe en tant que technique biométrique comportementale viable semblait se faner, particulièrement quand d'autres techniques ont été vues accomplir de bons progrès.

d) La démarche

L'attraction potentielle de l'identification de démarche se situe dans la capacité d'identifier un individu à distance. Cependant, il y a des défis sérieux à surmonter à cet égard. L'idée qu'un individu marche typiquement avec une démarche unique est intéressante et, sous des conditions de laboratoire, le concept de l'identification de démarche peut être démontré.

Cependant, la vie réelle est pleine de désaccords dynamiques qui rendent l'exécution d'un tel système particulièrement difficile. En plus des complexités de comparaison, il y a des facteurs tels que l'occasion de saisir l'image mobile d'un individu en isolement et dont le détail est suffisant pour pouvoir entreprendre une telle comparaison.

La création d'un modèle fiable est également quelque chose qui présente de vrais défis. L'identification de la démarche représente un exemple intéressant de la recherche biométrique conduite par une condition perçue : dans ce cas-ci, pour identifier un in-

dividu à une distance au-delà de laquelle la biométrie de contact et à bout-portant ne peuvent fonctionner. C'est peut-être une idée attrayante pour des applications militaires et de très haute sécurité, mais il est douteux que l'identification par la démarche deviendra une technique biométrique courante.

1.2.2.2 L'analyse physiologique

Ces types de reconnaissance mesurent une caractéristique spécifique de la structure ou de la forme d'une partie du corps humain. Nous pouvons citer les exemples les plus connus :

a) Les empreintes digitales

L'identification par empreintes digitales est sans doute la technique biométrique que la plupart de gens connaissent. C'était toujours le choix biométrique évident pour les services de police, où la comparaison des empreintes digitales a été fondamentale à l'identification des criminels durant le siècle dernier. Cette réalité en soi a, au début, présenté une sorte de stigmat, en raison de l'alignement fort avec la criminologie dans la plupart des esprits.

Il y a une dichotomie ici entre les systèmes d'identification d'empreinte digitale automatisée (AFIS), comme employé par des organismes chargés de faire appliquer la loi, pour la recherche dans de grandes bases de données, souvent en différé, afin d'identifier des criminels, et des systèmes biométriques d'empreinte digitale discrète, qui fonctionnent typiquement en temps réel afin de vérifier une identité individuelle, dans une marge des scénarii. Les deux fonctions sont de plus en plus liées dans les secteurs tels que le contrôle aux frontières, et ceci soulève quelques questions intéressantes. La technologie elle-même, cependant, a progressé rapidement dans les systèmes réalisables qui sont considérablement plus faciles à utiliser et plus fiables que certaines implémentations originales.

Les lecteurs d'empreinte digitale peuvent utiliser une sonde optique ou capacitive, qui a ses propres avantages selon l'application. Les sondes optiques peuvent offrir la résolution et pouvoir facilement saisir une image pleine à teintes de gris de l'empreinte digitale. Les sondes capacitives tendent à être plus petites, facilement intégrées et moins sensible à l'habillage de la crasse sur la surface de la sonde.

L'algorithme de comparaison des empreintes digitales doit être basé sur l'identification des minuties selon un vecteur spatial, ou sur la comparaison des images par contrastes des pixels ou niveaux de gris. Quelques systèmes peuvent stocker l'information de minuties et une image complète de l'empreinte digitale. Dans la pratique, l'identification par empreintes digitales est devenue bien adoptée comme méthodologie biométrique à travers une large variété d'applications. Plusieurs de ces applications sont dans le secteur public, pour des applications telles que le contrôle aux frontières, documentation d'identité nationale, droit d'avantage et ainsi de suite. Beaucoup d'entre elles sont dans le secteur privé pour des applications telles que l'accès au réseau, la sécurité de dispositif mobile, les systèmes de paiement volontairement transportable et d'autres applications.

Les sondes d'empreinte digitale sont devenues presque un article commode et sont souvent fournies en base dans un équipement original du fabricant (OEM) pour l'incorporation dans des PC, ordinateurs portables et une série d'autres dispositifs, ou bien fournies dans une gamme de formes distinctes comme les produits commerciaux disponibles immédiatement (COTS) pour l'intégration dans d'autres systèmes.

L'exécution de l'identification d'empreinte digitale peut être robuste, selon le nombre d'empreintes digitales utilisées et la dépendance sur des facteurs humains et environnementaux.

b) La géométrie de la main

C'est l'une des techniques biométriques pilotes qui, à l'origine, mesurait la position et la taille des doigts, placés sur une surface plane. Le dispositif original était plutôt grand et encombrant, mais ceci a été aussitôt raffiné en créant le dispositif de la géométrie de la main ID3D, qui était beaucoup plus pratique et, comme son nom le suggère, a présenté un facteur tridimensionnel avec l'utilisation des miroirs. Il y avait beaucoup de points forts liés à ce dispositif, incluant la facilité d'utilisation relative et un pattern exceptionnellement petit d'environ 9 octets, facilitant son stockage sur des médias portatifs avec une basse utilisation de ressource du système dans le cas d'un stockage central ou, sur le dispositif lui-même.

L'ID3D était également longuement mûri d'une perspective de systèmes, facilitant les réseaux RS485 simples à créer avec rien de plus que les lecteurs eux-mêmes et fournissant effectivement le stockage distribué de patterns.

Les versions actuelles du lecteur original de la géométrie de main continuent à fournir une bonne fonctionnalité, la facilité d'utilisation et une performance tout à fait raisonnable. Elles restent particulièrement bien adaptées à certains types d'applications et sont employées souvent dans le cadre du contrôle d'accès physique, la surveillance des temps et des présences et les applications semblables.

c) Les veines

On a longtemps considéré que le modèle des veines dans l'anatomie humaine peut être unique aux individus. En conséquence, il y a eu de diverses réalisations du balayage de veine au cours des années, du balayage de main, au balayage de poignet et, plus récemment, au balayage de doigt. La plupart de ces techniques ont été utilisées sur terrain et ont pu certainement former la base d'un système biométrique viable de vérification d'identité. Le problème auquel elles font face n'est pas un problème de possibilités ou d'efficacité technique, mais plutôt un problème de réalité du marché.

La prépondérance de systèmes d'empreinte digitale, de visage et d'iris, facilement disponibles à une large gamme de coûts, ne permet pas à une technique distincte de gagner la part de marché sans avantage clair et irrésistible. Même les techniques primaires, telles que la géométrie de main, ont une base qui est peu susceptible d'être réalisée par une technique plus récente de performance comparable.

En conséquence, pour n'importe quelle nouvelle technique biométrique prenant place dans le marché, elle doit gagner le terrain et offrir des avantages clairs qui ne peuvent pas être réalisés par des méthodes contemporaines. Les diverses réalisations de balayage des veines, bien qu'assurément intéressantes, ne peuvent lutter que peu dans ce contexte. Cependant, le temps peut s'avérer un niveau intéressant dans ces contextes et les demandes de la technique de balayage de veines peuvent s'accroître.

d) Le visage

L'identification par visage a été disponible comme technique biométrique pendant longtemps, bien qu'elle soit probablement juste pour indiquer que les réalisations primaires ont laissé à désirer en termes d'exactitude et fiabilité de comparaison.

Cependant, la technique a beaucoup d'applications potentielles, et le développement

continu a assuré qu'il a rapidement mûri dans une technique opérationnelle viable. Typiquement, la technique implique la métrique des caractéristiques distinctes dans le visage, se fondant moins sur des facteurs d'une nature transitoire tels que la coupe de cheveux ou l'utilisation des produits de beauté.

Néanmoins, le visage humain est sujet au changement avec le temps et cette réalité demeurera un défi pour des systèmes d'identification de visage, comme le changement d'expression, la maladie, la vieillesse et d'autres facteurs normaux. En outre, les facteurs humains et environnementaux joueront presque toujours un très grand rôle dans l'efficacité d'un système d'identification de visage, dans un scénario donné de déploiement.

En conséquence, l'identification de visage peut tout à fait ne pas égaler l'exactitude fournie par certaines autres techniques. Cependant, elle se prête aisément aux applications où le visage est déjà employé dans un contexte de vérification d'identité. De même, la capacité de comparer avec une image stockée, peut-être d'une source différente, semblera attrayante dans quelques applications de secteur public. L'identification de visage a été parfois employée en même temps qu'une autre biométrie afin d'augmenter la confiance en procédé de vérification d'identité. Le visage et l'empreinte digitale sont une combinaison populaire dans ce contexte. Tout en n'offrant pas les niveaux superlatifs de l'exactitude ou de l'exécution opérationnelle, l'identification de visage néanmoins demeure une technique populaire, et une de celles qui tireront bénéfice sans doute d'un développement ultérieur.

e) L'iris

L'identification d'iris est devenue une technique biométrique populaire. Elle est généralement reconnue qu'étant peut-être la technique la plus précise en termes d'apparier différents modèles d'iris. En conséquence, c'est une technique utile que ce soit pour l'assortiment linéaire aux fins de vérification individuelle d'identité, ou un assortiment un-à-plusieurs aux fins d'identifier un iris particulier parmi plusieurs dans une grande base de données.

En outre, l'exécution opérationnelle relative de l'identification d'iris peut être très bonne. Dans des réalisations antérieures, le défaut d'acquisition d'image de qualité appropriée dans de vraies conditions de fonctionnement pouvait être un problème, également pour la possibilité d'acquérir des modèles référentiels de bonne qualité.

Cependant, la technique a rapidement évolué et de tels problèmes sont rarement rencontrés aujourd'hui. Les lecteurs d'identification d'iris ont tendance à être un peu plus chers que ceux pour certaines autres techniques, en grande partie en raison de leur complexité relative. En outre, l'installation et le commandement peuvent être un peu plus exigeants, particulièrement en ce qui concerne le placement environnemental et l'accommodation pour une large gamme d'individus de taille physique différente.

Toutefois, de tels soucis de déploiement peuvent être surmontés et peuvent être considérés insignifiants pour des applications où l'exactitude et la performance de l'identification d'iris est exigée. En termes simples, la technique implique la localisation de l'iris dans un visage humain, le séparant de la pupille et de la sclérotique, divisant l'iris évident en segments et analysant chaque segment en conséquence. De cette analyse, un code relativement sophistiqué d'iris peut être dérivé et comparé à une référence précédemment stockée.

La quantité de détails représentée dans le code d'iris permet un niveau important de confiance en entreprenant les comparaisons, même en recherchant dans des bases de données très grandes. Ceci est facilité par la quantité de l'information disponible

qui peut être dérivée d'un iris typique, et l'unicité relative de l'iris dans la population humaine. En effet, même les iris gauche et droit du même individu ont tendance à être distincts et des iris sont considérés comme invariables durant toute la vie, une fois fixés peu de temps après la naissance. L'identification par iris s'accroît en popularité ces dernières années et c'est une technique qui continuera sans doute à être employée couramment.

f) La rétine

Cette technique a souvent été confondue avec la reconnaissance par l'iris. Tout d'abord, il est important que nous reconnaissons que, malgré le fait que les technologies de l'iris et de la rétine concernent toutes les deux des parties de l'œil, les deux technologies partagent très peu de similitudes. Elles ont traditionnellement utilisé des techniques complètement différentes pour l'acquisition d'images, et se sont donc souvent opérés dans différents environnements d'application.

Le balayage rétinien est une technique biométrique primaire, développée au début pour le contrôle d'accès dans les environnements militaires. Son exécution donnait de très bons résultats sous certaines conditions.

Cependant, sa rentabilité était en général plutôt ennuyeuse, au moins en ce qui concerne les réalisations primaires, bien qu'elles soient améliorées dans des essais postérieurs. C'est principalement parce que son utilisation, à l'origine, imposait une fixation d'un dispositif binoculaire et d'aligner sa vision sur une cible chose que beaucoup de personnes ont, au début, eu du mal à faire- particulièrement ceux dont la vision est altérée.

En outre, beaucoup d'utilisateurs n'ont pas beaucoup apprécié l'idée du contact physique avec l'interface binoculaire. En conséquence, alors que l'utilisation dans un environnement militaire commandé a pu être acceptable (en grande partie parce que de tels utilisateurs n'ont eu aucun choix dans la matière) la technique trouvait peu de faveur au sein de la communauté intégrale.

La technique d'exploration rétinienne impliquait de balayer les modèles de veine de la rétine avec un faisceau actionné bas brillant à l'intérieur de l'œil : une fonction intrusive qui n'a pas été typiquement considérée comme une proposition attrayante par les utilisateurs potentiels. En outre, les premières versions des modules de balayage rétinien étaient excessivement chères pour n'importe qui en dehors des militaires.

De nos jours, et avec l'apparition de nouvelles techniques et de nouveaux appareils d'acquisition moins intrusifs et totalement anodins, cette technique suscite beaucoup plus d'intérêt dans le domaine de la biométrie.

D'autres techniques de vérification biométriques d'identité ont fait surface de temps à autre, telles que l'identification du lobe d'oreille et l'identification de l'odeur...etc. mais n'ont pas connu beaucoup de succès, soit à cause de leur complexité ou de leur difficulté d'application, soit pour leur manque de fiabilité ou de précision. Pour l'instant, nous pourrions utilement tourner notre attention vers une meilleure utilisation des techniques existantes dans des applications contemporaines, et la fourniture d'un meilleur arrangement du futur alignement avec des espérances sociales.

1.2.2.3 Comparatif des techniques biométriques

Une question qui se pose souvent dans ce domaine est la suivante : « Quelle est la meilleure technique biométrique ? »

La réponse naturellement est qu'il n'y a aucune meilleure technique biométrique en

termes absolus, tout dépend de la nature précise de l'application et des raisons de son exécution. Néanmoins, une analyse de leur distribution du point de vue utilisation, et une comparaison dans leurs propres contextes selon leurs critères de performance, a été faite par [International Biometric Group \(2007\)](#).

Sur le schéma présenté sur la figure 1.5, les différentes méthodes sont évaluées à l'aide d'une série de critères :

- **Intrusion** : information sur l'acceptation du système par les usagers.
- **Précision** : efficacité de la méthode (liée au taux d'erreur).
- **Coût** : en temps et en argent pour la mise en place et l'exploitation du système biométrique.
- **Effort** : fourni par l'utilisateur pour le prélèvement de l'échantillon biométrique.

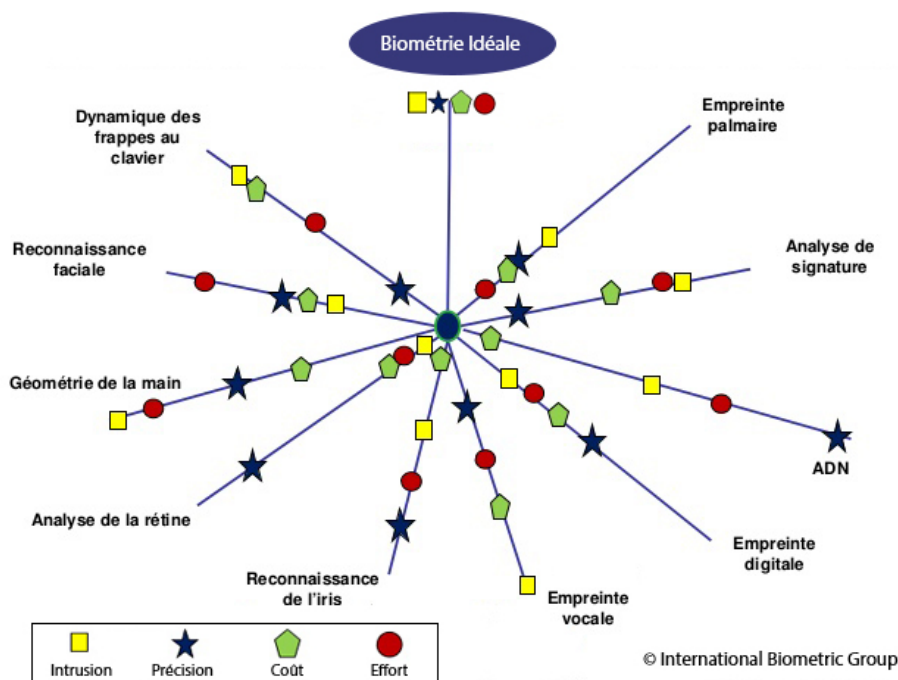


FIGURE 1.5: Comparaison des techniques biométriques ([International Biometric Group, 2007](#))

Les méthodes se divisent en deux groupes. Le premier englobe les méthodes conviviales pour les utilisateurs (faible effort, méthode peu intrusive, prix modéré) mais peu performantes. Ce groupe correspond aux méthodes basées sur la biométrie comportementale (reconnaissance de la voix, de la signature...). L'autre groupe contient les méthodes plus sûres (méthodes intrusives, prix élevés, haute performance). Il est donc nécessaire de déterminer, au cas par cas, pour chaque problème, la méthode qui conviendra le mieux à la situation. Pour cela, il faut étudier attentivement le niveau d'exigence en sécurité, le budget pouvant être investi dans le système et la façon dont risquent de réagir les utilisateurs.

Actuellement, pour la mise en place des grands projets de passeports biométriques, les systèmes retenus par la majorité des autorités mondiales semblent être un stockage de la photo d'identité, des empreintes digitales et de l'iris sous forme numérique. A noter que le choix du ou des dispositifs biométriques peut aussi dépendre de la culture locale. Ainsi, en Asie, les méthodes nécessitant un contact physique comme les empreintes digitales sont rejetées pour des raisons d'hygiène alors que les méthodes basées sur l'iris sont très bien acceptées.

La biométrie basée sur l'image rétinienne est très précise et très fiable mais c'est la méthode la plus intrusive et nécessite un effort et un coût importants par rapport au reste des méthodes. L'évolution technologique et la progression scientifique ont tendance à renverser la donne. En effet, nous verrons dans les chapitres suivants que les méthodes d'acquisition sont en constante évolution, et que ces systèmes d'identification par la rétine sont de plus en plus sollicités dans divers secteurs surtout avec l'avènement de nouveaux dispositifs d'acquisition moins coûteux et moins intrusifs (scanners muraux, capteurs à infrarouges...etc.).

Dans les sections qui suivent, nous aborderons en détail la technique de reconnaissance des individus par la rétine.

1.3 La rétine

1.3.1 Description anatomique

L'œil est une merveille de la nature, un des organes les plus perfectionnés du corps humain. C'est l'organe principal du système visuel, qui capte les images et les transforme en signal électrique vers le nerf optique. Ce signal est ensuite « traduit » par le cerveau, au niveau du cortex visuel, qui nous renvoie l'image traitée et permet ainsi l'interprétation de notre environnement.

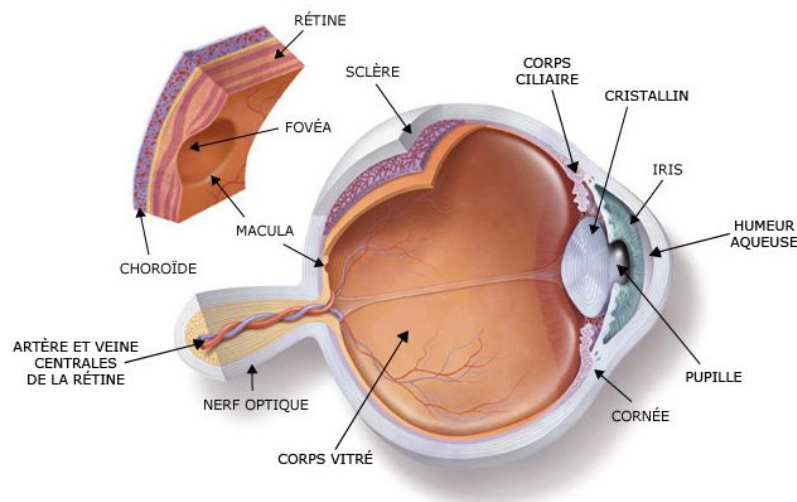


FIGURE 1.6: Anatomie de l'œil humain. (Remy, 2016)

L'œil humain est constitué d'un globe oculaire comportant dans sa partie antérieure (fig 1.6) (Behar-Cohen *et al.*, 2009) :

- **La cornée** : une membrane circulaire et transparente permettant le passage des rayons lumineux vers les éléments internes de l'œil.
- **L'iris** : un muscle coloré qui entoure la pupille, il régit l'ouverture de la pupille en accord avec l'intensité lumineuse.
- **La pupille** : une ouverture circulaire de la choroïde à l'avant de l'œil permettant de transmettre la lumière au cristallin.
- **Le cristallin** : une lentille flexible biconvexe qui permet d'ajuster la focalisation de l'image sur le fond de l'œil.

Le fond de l'œil est composé de trois membranes :

- **La sclérotique** : une membrane rigide qui donne sa forme à l'œil, cette membrane blanche, fibreuse et résistante entoure et protège l'œil à l'extérieur tout en maintenant sa forme. Elle est traversée par un grand nombre de petits canaux (artères, nerfs, veines) et à l'arrière, par une ouverture où passent les fibres du nerf optique.
- **La choroïde** : une couche située entre la sclérotique et la rétine, la choroïde est richement vascularisée, ce qui permet la nutrition des tissus alentour, notamment de la rétine. Elle contient de nombreux pigments colorés, notamment la mélanine et l'hémoglobine. En plus de sa fonction dans le métabolisme de la rétine, elle forme un écran et maintient ainsi l'intérieur de l'œil en chambre noire en absorbant les rayons lumineux inutiles pour la vision.
- **La rétine** : un tissu transparent, responsable de la transformation de la lumière en impulsions électriques. Il s'agit d'une membrane épaisse d'un quart de millimètre seulement, placée au fond de l'œil, sur sa paroi interne. Hypersensible, elle nous permet de distinguer une lumière très faible à une distance de 10 kilomètres, même dans l'obscurité totale.

Elle est constituée de centaines de millions de cellules nerveuses photo-réceptrices :

- **les cônes** (environ 6-7 millions) : ces cellules interprètent les couleurs d'une image en la décomposant en 3 couleurs primaires : le rouge, le bleu et le vert.
- **les bâtonnets** (environ 130 millions) : ces cellules analysent la lumière.

La couche la plus externe de la rétine comporte des photo-récepteurs contenant un pigment photosensible, qui réagit à la lumière par une modification chimique transformant l'énergie lumineuse en énergie électrique. Ce signal électrique est ensuite transmis au cerveau, via les cellules ganglionnaires contenues dans la couche la plus interne. L'information visuelle est ensuite régénérée par un processus complexe, nécessitant l'aide d'autres cellules.

La lumière traverse la cornée, la pupille puis le cristallin pour ensuite être absorbée par les bâtonnets et les cônes qui transmettent le stimulus au nerf optique et enfin au lobe occipital pour être interprété.

1.3.2 Analyse des caractéristiques

La papille, la macula et l'arbre vasculaire sont les éléments principaux de la rétine, c'est-à-dire les éléments qui sont bien visibles et qui permettent de se repérer dans l'œil.

- **La papille (disque optique)** : c'est l'entrée du nerf optique (le faisceau des fibres nerveuses) et des vaisseaux sanguins dans l'œil. La papille se trouve du côté nasal de la macula, elle est caractérisée par des bords nets et une coloration jaune, elle est aussi appelée « la tache aveugle » (fig.1.7).
- **La macula** : C'est le centre de la vision. Elle apparaît comme une tache plus sombre dans les images du fond d'œil. Le centre de la macula est appelé fovéa, il se caractérise par l'absence des bâtonnets, une plus grande concentration de cônes, une dépression de la rétine et l'absence de vaisseaux rétiniens. Elle est le centre focal de la vision en lumière du jour (fig.1.7).
- **La vascularisation** : L'alimentation est réalisée par l'artère ophtalmique qui passe par le nerf optique et donne l'artère centrale de la rétine, qui se divise

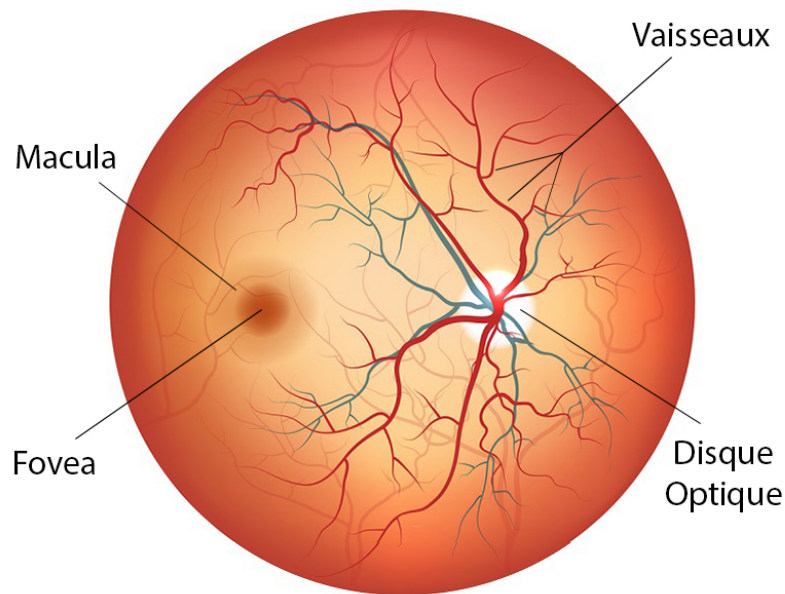


FIGURE 1.7: Anatomie de la rétine. (Remy, 2016)

en deux branches pour se terminer par un réseau d'artérioles. Les artérioles se poursuivent en un réseau de capillaires très fins au niveau des cellules bipolaires. On en trouve partout hormis entre la papille et la macula (fig.1.7). La région maculaire est irriguée par les vaisseaux choroïdiens situés en arrière de la rétine. L'évacuation se fait par un réseau de veinules qui rejoignent les deux branches de la veine centrale de la rétine.

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.

Les éléments qui permettent de distinguer entre deux rétines sont les veines qui les tapissent. La disposition de ces veines est stable et unique d'un individu à l'autre. La figure montre que même entre l'œil droit et gauche du même individu la structure vasculaire n'est pas la même.

Les modèles biométriques qui en sont issus héritent de la stabilité de cette disposition. De plus, pour un fraudeur, il est impossible de pouvoir reproduire ce motif, d'où un très haut niveau de sécurité. Le réseau veineux rétinien est numérisé et cartographié sous forme de lignes et de points. On peut ainsi recenser jusqu'à 400 points caractéristiques (rappelons qu'une empreinte digitale n'en compte que 30 à 40).

La vascularisation de la rétine est une caractéristique biométrique. En effet, la grande variété de configurations des vaisseaux sanguins présente la même diversité que les empreintes digitales. L'aspect des vaisseaux peut être modifié par l'âge ou la maladie, mais la position respective des vaisseaux, et plus particulièrement la position de l'intersection vasculaire et l'angle que fait chaque segment de vaisseau, reste inchangée durant toute la vie de l'individu. Et cette carte vasculaire est propre à chaque individu, différente même entre jumeaux (Tower, 1955).

La rétine vérifie donc les quatre conditions pour être qualifiée de biométrique. Elle

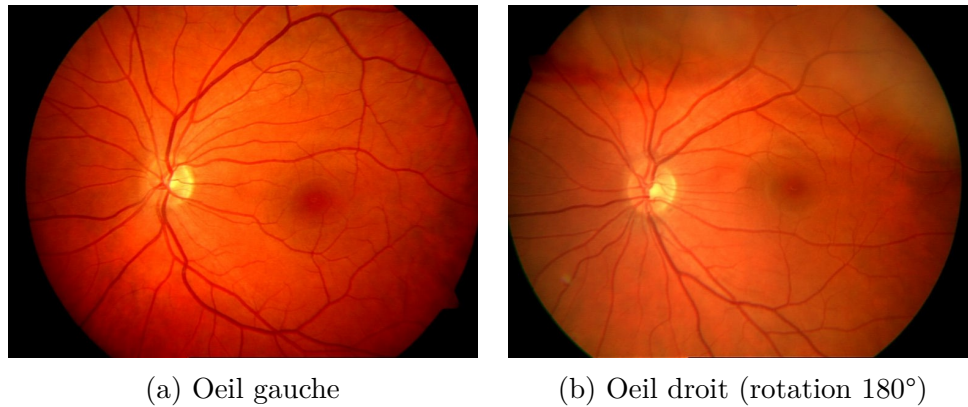


FIGURE 1.8: Unicité du réseau vasculaire - Deux images rétiniennes droite et gauche d'une même personne (Farnell, 2006).

est unique d'après les observations des ophtalmologistes, elle est universelle puisqu'elle existe chez toute personne, elle est accessible puisqu'on peut acquérir son image grâce à un scanner externe et elle est permanente puisque le réseau vasculaire ne change pas durant toute la vie. La biométrie par la rétine est une technologie très ancienne, elle est la plus fiable et la plus dure à contrefaire (Miller, 1997).

De plus, l'œil humain est tellement complexe qu'il quasiment impossible de le reproduire. La majorité des systèmes de reconnaissance sont dotés de mécanismes de détection de la contrefaçon. Par exemple, pour la rétine en plus des détecteurs thermique, les scanners sont équipés de divers capteurs de mouvement qui permettent de surveiller la réaction de l'œil aux rayons lumineux émis. Ce caractère d'invulnérabilité est l'un des atouts majeurs de cette technique biométrique.

Cependant, cette technologie est très efficace mais assez contraignante pour les gens qui ont du mal à accepter de se faire examiner le fond d'œil tant que l'œil est un organe très sensible à la lumière. Ce procédé est donc invasif et difficile à mettre en œuvre. C'est ce qui explique le retard accusé dans l'utilisation de cette technologie par rapport aux autres.

Nous présenterons les évolutions scientifiques et technologiques des systèmes biométriques par la rétine dans les sections qui suivent.

1.4 Identification par la rétine

1.4.1 État de l'art

L'idée originale de l'utilisation de la rétine comme identifiant biométrique remonte aux débuts du XX^{ème} siècle aux états unis où le criminologue et l'ophtalmologiste Simon et Goldstein s'associent en 1935 pour trouver un nouveau moyen d'identifier les criminels. Ces derniers réussissaient à contourner le seul moyen d'identification existant à l'époque : les empreintes digitales. Les malfaiteurs se mutilaient les doigts avec de l'acide, rendant impossible la reconnaissance de leurs empreintes. Après avoir vu une photographie des vaisseaux sanguins d'une rétine, les deux scientifiques établirent que ces vaisseaux sont uniques pour chaque personne (Simon et Goldstein, 1935). Vingt ans plus tard, une étude sur les vrais jumeaux menée par le Dr. Tower (1955), vint alors confirmer cette théorie. 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.

Le concept d'un dispositif simple pour reconnaître les individus avec l'**identification par la rétine**, ou *Retinal Identification (RI)* a été conçu en 1975. Aucune implémentation concrète n'a été réalisée durant plusieurs années. Le premier brevet du scanner rétinien fût déposé par Robert Hill (1978) et le premier prototype de fonctionnement pratique de la RI a vu le jour en 1981. Un appareil-photo utilisant une lumière infrarouge a été relié à un ordinateur de bureau pour analyser les formes d'onde de la lumière réfléchie. Plusieurs formes d'algorithmes d'extraction de caractéristiques ont été évaluées. Quatre ans d'amélioration ont mené au premier système de production RI établi par la compagnie américaine *EyeDentify, Inc.* (Portland). Ce système fut nommé *EyeDentification 7.5* et a rempli les trois fonctions de base : l'enrôlement, la vérification et la reconnaissance (Hill, 2006).

Le premier système d'identification par la rétine fût présenté par le Dr. Hill en 1999. L'idée générale était de tirer profit des propriétés inhérentes de la structure du réseau vasculaire pour réaliser un système biométrique de haute sécurité. Le système consistait à acquérir les données de l'image rétinienne à l'aide d'un scanner en éclairant le fond de l'œil par un faisceau lumineux de faible intensité (inférieure à celle utilisée pour les examens médicaux). L'utilisateur devait fixer un petit point vert pendant quelques secondes.

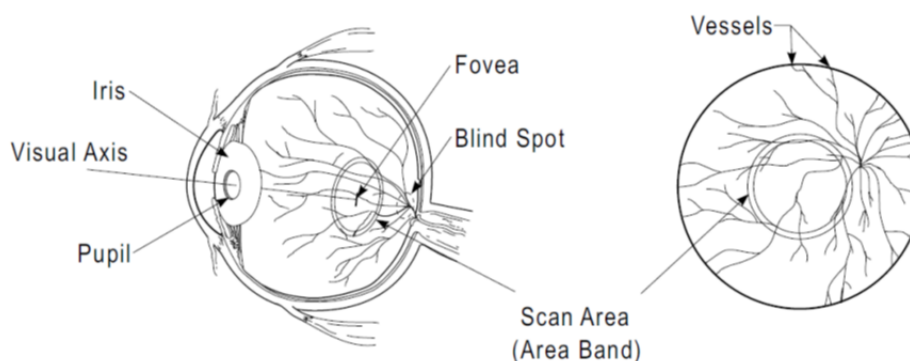


FIGURE 1.9: Illustration de la bande scannée dans le système de Hill (2006)

Le scanner capturait une région du réseau vasculaire similaire à celle utilisée dans le système de reconnaissance par l'iris, comme montrée dans la figure 1.9. Cette zone scannée est une bande circulaire autour des vaisseaux sanguins. Cette information de contraste de ce secteur est traitée par l'intermédiaire de la transformée de Fourier rapide (*Fast Fourier Transform*) (Hill, 2006). Les données transformées forment le pattern biométrique rétinien à considérer dans ce système.

Ce système fonctionnait bien lorsque l'environnement d'acquisition des images était bien contrôlé. Naturellement, c'est également la source des inconvénients principaux actuels dans le dispositif : le processus d'acquisition de données. Ce processus était lent et inconfortable pour l'utilisateur. D'ailleurs, le matériel était très cher et, en conséquence, il a rendu le système rarement utilisable. En dépit de ses propriétés commodes, l'évolution de cette technique d'utilisation des patterns rétiniens comme caractéristique biométrique s'est vu considérablement ralentie.

Depuis, plusieurs chercheurs ont tenté d'élaborer des systèmes biométriques rétiniens de plus en plus commodes et de plus en plus rapides et performants. Les méthodes varient d'un système à un autre. Certains utilisent l'image rétinienne entière dans le

processus d'appariement ou seulement une partie. D'autres se basent sur la structure macroscopique du réseau vasculaire ou sur des caractéristiques quantifiables tels que le positionnement des points de bifurcation ou de croisement des branches vasculaires.

Kabir et al. (2004) 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.

Mariño et al. (2006) 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.

Amiri et al. (2009) ont implémenté 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 obtinrent un taux d'efficacité de 98.75% du système de reconnaissance sur la base d'images utilisée.

Dans le reste des travaux rencontrés (*Petsatodis et al., 2006; Bevilacqua et al., 2008; Ortega, 2009; Islam et al., 2009; Latha et al., 2010; Dehghani et al., 2013; Gao, 2013*), les auteurs ont utilisé des algorithmes automatiques plus ou moins variés, mais tous basés sur une comparaison de patterns formés par les points de bifurcations et de croisements des branches du réseau vasculaire. Les méthodes d'extractions et de comparaison des caractéristiques varient d'un algorithme à un autre, mais le principe reste le même. Nous discuterons ces méthodes dans les sections qui suivent.

1.4.2 Approche proposée

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 qui se divisent en d'autres et ainsi de suite, 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. Les points de croisement sont les points d'intersection des branches projetés sur une image en 2D. Cependant, le problème de comparaison d'images rétiniennes se réduit à la comparaison des positions des points de bifurcation et de croisement des branches vasculaires sur une image. Une technique qui est inspirée du processus d'identification par empreintes digitales basé sur les minuties.

L'utilisation de ces points comme signature biométrique a connu un grand succès auprès des systèmes d'identification par la rétine. 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 (*Gao, 2013*). L'évolution technologique dans le domaine de la communication mobile (tablettes, smartphones, ...etc.) ainsi que dans les procédés de traçage et de pistage (micro-puces, RFID, ...etc.), il est primordial que tout système de reconnaissance garantissent sa portabilité sur n'importe quel dispositif.

Cette méthode est certes fiable et efficace mais reste complexe et nécessite un temps de traitement important. En effet, les méthodes utilisées pour l'extraction des caractéristiques sont des méthodes de recherche locale ou évolutionnistes.

Dans notre travail, nous avons donc pour objectif de concevoir un algorithme qui permet à la fois de réduire la taille des données de la signature biométrique et de minimiser le temps de cycle d'une identification tout en garantissant la fiabilité du système. Pour ce faire, nous avons choisi de réduire le pattern biométrique à un vecteur

de données correspondant aux coordonnées Cartésiennes des points de bifurcation et de croisement des branches du réseau vasculaire.

Cette méthode aura comme avantage de réduire considérablement la taille du modèle (environ 200 octets/signature), tout en fournissant les informations nécessaires pour une comparaison fiable.

Le choix des méthodes d'extraction des caractéristiques joue un rôle majeur dans la réduction du temps de traitement. Nous avons donc opté pour des méthodes basées sur la morphologie mathématique (Serra et Soille, 2012). Ces méthodes ont déjà montré leurs preuves dans plusieurs travaux précédents, notamment dans le domaine de la segmentation des images et l'extraction des caractéristiques (Vachier, 1995; Walter et Klein, 2001; Walter et al., 2002; Bessaid et al., 2009; Feroui et al., 2012).

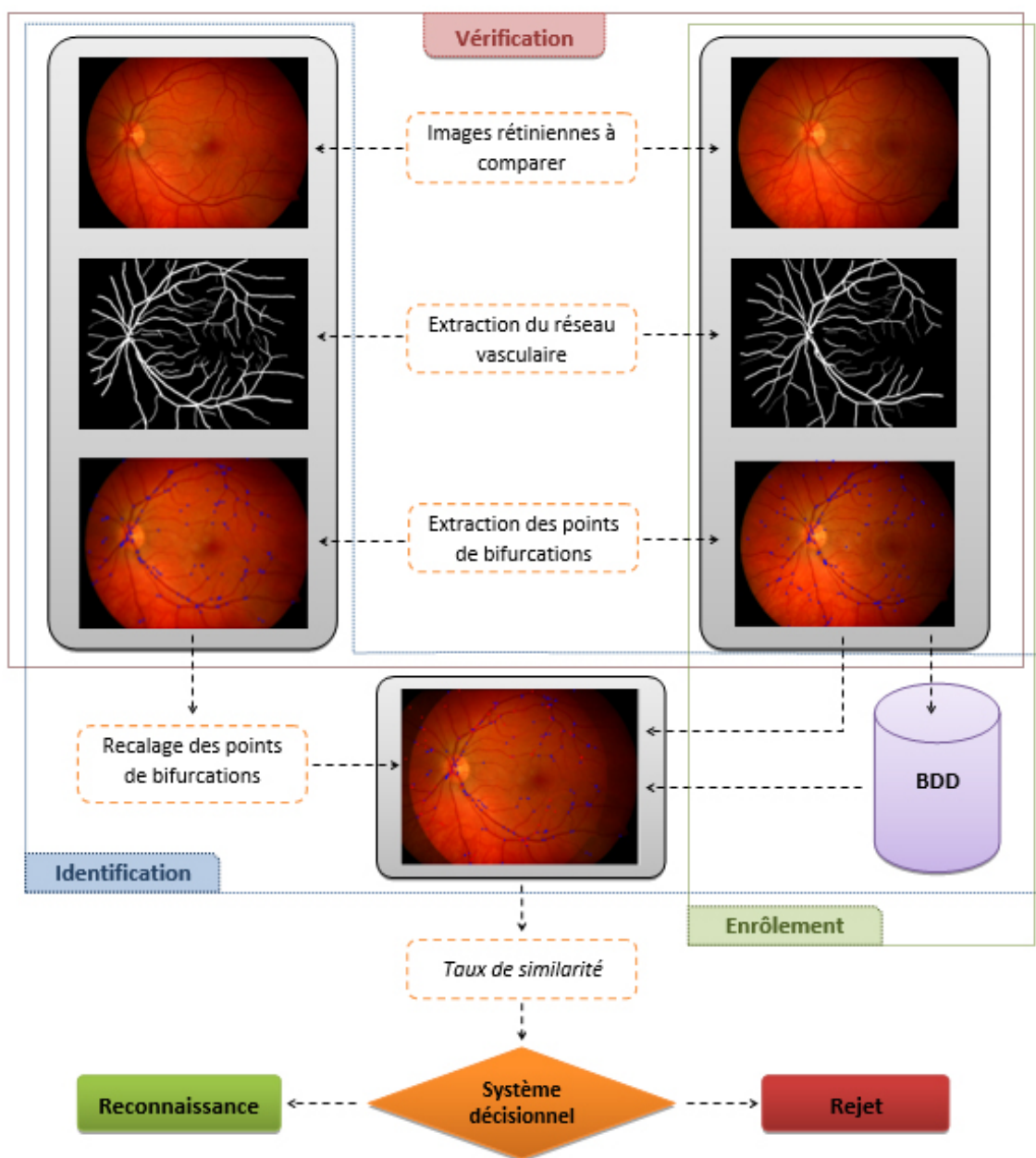


FIGURE 1.10: Schéma général de l'algorithme d'identification

Comme le montre la figure 1.10, un système d'identification comporte trois modes : enrôlement, vérification, identification.

Comme précédemment définie, la phase d'enrôlement consiste à extraire les caractéristiques des images rétiniennes de chaque individu et enregistre le vecteur de données résultant dans une base sous l'identifiant de l'utilisateur. La phase de vérification permet de comparer le vecteur de données d'un échantillon fourni avec un vecteur de la base correspondant à l'identifiant fourni. Quant à l'identification, elle croise le vecteur de données fourni avec tous les vecteurs de la base afin de déterminer l'identifiant correspondant.

La vérification inclut un processus identique à celui de l'enrôlement (extraction des caractéristiques et génération du vecteur de données). Le processus d'identification et une itération du processus de vérification avec toutes les entrées de la base de données. Pour cela, nous nous contenterons dans notre étude de traiter uniquement le processus de vérification. Ce dernier se compose de deux parties :

- **Extraction** : des caractéristiques de l'image rétinienne et génération de la signature.
- **Comparaison** : des signatures des deux images.

Pour la première étape, nous proposons un algorithme basé sur des opérateurs morphologiques. Tel que décrit dans la figure 1.10, la première phase de l'algorithme consiste à extraire le réseau vasculaire depuis l'image rétinienne. Depuis l'arbre vasculaire obtenu, une deuxième étape de l'algorithme devra repérer les points de bifurcation et de croisement des branches. Une fois l'ensemble des points défini, les coordonnées cartésiennes de ces points formeront le vecteur de signature biométrique qui servira pour l'étape de comparaison. Nous aborderons tous les détails de cette partie dans le chapitre 2.

Pour la seconde étape, nous utiliserons une nouvelle approche de recalage automatique et de comparaison des signatures biométriques. Le chapitre 3 sera consacré à cette partie de l'algorithme.

1.5 Conclusion

En résumé, l'exigence accrue pour des systèmes d'authentification fiables et commodes, la disponibilité des ressources informatiques peu coûteuses, le développement des capteurs biométriques bon marché, et les avancements dans le traitement du signal, ont contribué au déploiement rapide des systèmes biométriques dans les établissements s'étendant des épiceries aux aéroports. L'apparition des systèmes multi-biométriques a nettement amélioré la performance des systèmes d'identification. C'est seulement une question de temps avant que la biométrie puisse s'intégrer dans le tissu même de la société et s'imposer dans notre vie quotidienne.

Par ailleurs, la biométrie n'est pas une science exacte : elle reste dépendante de la qualité des captures, du traitement de celles-ci, et donne des réponses en termes de « pourcentage de similitude ». Il faut donc tenir compte d'un facteur risque. En d'autres termes, la reconnaissance dans la plupart des systèmes biométriques n'est pas fiable à 100% comme c'était le cas pour les systèmes de reconnaissance classiques (Badge, carte à puce, mot de passe...), mais présentent bien des avantages qui leurs donnent un intérêt d'une grande importance dans la sécurité des infrastructures et des systèmes informatiques.

Bien qu'actuellement elle demeure moins utilisée que les autres techniques à cause de son caractère invasif et de son coût relativement élevé, la reconnaissance par images rétiniennes est d'une précision relativement importante et donne un résultat très fiable.

La technologie est en évolution continue et très rapide en ce qui concerne les instruments d'acquisition. En ce moment, d'autres techniques d'acquisition des images rétiniennes de caractère moins invasif commencent à investir le marché de la biométrie et permettent à cette méthode de susciter plus d'intérêt.

C'est pour cette raison que nous avons choisi d'étudier cette technique et de proposer un algorithme plus efficace et plus performant. Nous décrirons plus en détail les différentes phases de l'algorithme dans les chapitres qui suivent.

Chapitre 2

Extraction des caractéristiques

*« Les détails font la perfection,
et la perfection n'est pas un détail. »*

Léonard De Vinci

Sommaire

2.1	Introduction	26
2.2	Les images rétinienne	26
2.2.1	Acquisition	26
2.2.2	Représentation	28
2.2.3	Amélioration et pré-filtrage	29
2.3	Extraction du réseau vasculaire	38
2.3.1	Les vaisseaux sanguins	38
2.3.2	État de l'art	39
2.3.3	Algorithme de détection	40
2.4	Extraction des points caractéristiques	53
2.4.1	Principe	53
2.4.2	Algorithme d'extraction	54
2.5	Signature biométrique	58
2.6	Conclusion	59

2.1 Introduction

La biométrie par la rétine est l'une des techniques de reconnaissance les plus fiables. Nous avons vu dans le chapitre précédent qu'il était difficile, voire impossible, de reproduire une rétine humaine. Nous avons également vu que cette technique suscite de plus en plus d'intérêt grâce à l'avènement de nouveaux dispositifs d'acquisition non invasifs et totalement anodins.

Nous avons, donc choisi, d'implémenter un nouvel algorithme aussi performant et plus rapide que ceux existant dans la littérature, tout en optimisant la taille des informations du modèle biométrique.

Pour ce faire, nous allons commencer par l'extraction du réseau vasculaire, puis nous procéderons à la détection des points de bifurcation et de croisement des branches du réseau vasculaire. Nous utiliserons les coordonnées cartésiennes de ces points pour former la signature biométrique qui servira à l'identification.

Mais avant de procéder à l'extraction des caractéristiques, nous allons d'abord présenter les images sur lesquelles nous allons travailler.

2.2 Les images rétinienne

L'exploration de la rétine a été utilisée par plusieurs organismes gouvernementaux américains, y compris le bureau fédéral d'investigation (FBI), l'Agence centrale de renseignement (CIA) et l'Administration nationale de l'aéronautique et de l'espace (NASA) (Cantoni *et al.*, 2014).

L'analyse de la rétine est également utilisée pour les applications de diagnostic médical. L'examen des yeux à l'aide d'une analyse de la rétine peut aider à diagnostiquer des problèmes de santé chroniques tels que l'insuffisance cardiaque congestive et l'athérosclérose¹.

Une image rétinienne est une projection en 2D du fond de l'œil d'un individu. C'est une image en couleur ou bien en niveaux de gris qui contient tous les détails nécessaires à l'identification. Sa taille varie selon le mode d'acquisition et l'appareil utilisé.

2.2.1 Acquisition

Les appareils de balayage de la rétine sont principalement utilisés pour les applications d'accès physique et sont habituellement utilisés dans des environnements nécessitant des niveaux de sécurité et de responsabilité exceptionnellement élevés, tels que les applications gouvernementales, militaires et correctionnelles.

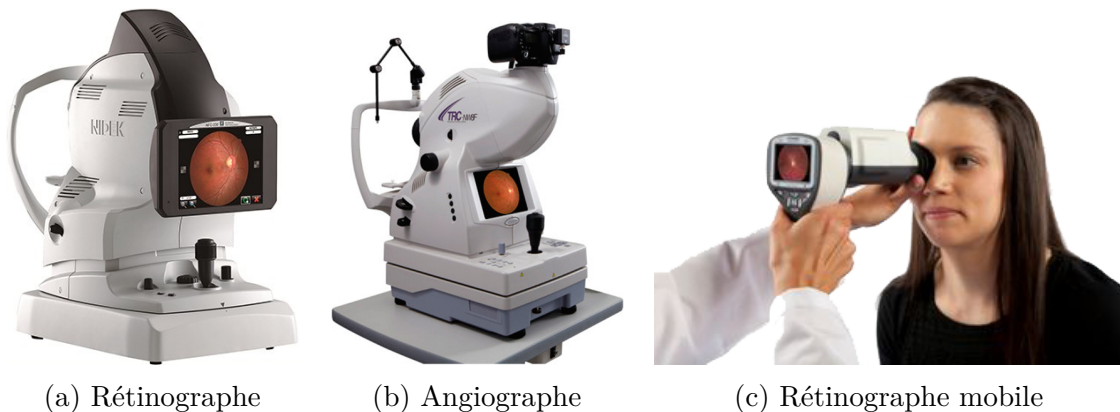
Bien qu'elle soit réputée d'être très fiable et difficile à falsifier, la rétine n'a pas connu un intérêt aussi important que les autres techniques biométriques, à cause de la difficulté d'acquisition de l'image du fond d'œil.

Cependant, la compagnie américaine *EyeDentify* s'est intéressée à la biométrie par la rétine et avait commercialisé en 1981 le premier prototype de son appareil d'acquisition de l'image rétinienne destinée à la reconnaissance, conçu par le Dr Hill (figure 2.1). D'autres compagnies ont ensuite intégré le marché de la biométrie par la rétine, telle que *Retinal Technologies*, qui avait commercialisé un nouveau scanner conçu par Heacock en 2002 (Jlassi et Hamrouni, 2005)

1. L'athérosclérose est une forme de dégénérescence des artères. Elle se manifeste par la formation de plaques d'athérome dans la couche interne des artères.

FIGURE 2.1: Scanner rétinien de *EyeDentify*

De nos jours, les appareils d'acquisition d'image rétinienne connus sous le nom de rétinographes (voir figure 2.2), utilisés dans les examens médicaux de la rétine, sont capables de prendre une photographie instantanée de la zone de la rétine, dans un œil humain, sans aucun balayage intrusif ou dangereux.



(a) Rétinographe

(b) Angiographe

(c) Rétinographe mobile

FIGURE 2.2: Rétinographes médicaux. (Puech, 2014)

De même, des lecteurs de rétine sont de plus en plus disponibles, et permettent d'obtenir des images de très grande qualité (figure 2.3). Ils capturent l'image d'une rétine en éclairant le fond d'œil à l'aide d'un faisceau lumineux à travers la pupille et le corps vitreux. Ce faisceau est de très faible intensité pour ne pas gêner l'utilisateur ; il est sans danger et encore de plus faible intensité que sur les dispositifs ophtalmologiques. Un système de caméra très précis vient ensuite récupérer l'image de la rétine.

Les fabricants de smartphones, tentent actuellement d'intégrer le scanner rétinien afin d'utiliser l'image rétinienne pour le déverrouillage des appareils. La compagnie Peek Vision vient de mettre au marché des ophtalmoscopes à base de smartphones pour usage clinique dans les zones rurales éloignées (Bastawrous *et al.*, 2016).

Cette technologie réduit la perception du danger par l'utilisateur pendant le procédé d'acquisition de la rétine mais apporte également plus de liberté produisant un type plus hétérogène d'images rétinienne. Les conditions d'éclairage et le mouvement de l'œil de l'utilisateur varient entre les acquisitions. Par conséquent, les systèmes précédents basés sur l'information de variation de contraste de secteurs réduits (ex : système de Hill (2006) vu dans la section 1.4.1), peuvent manquer de précision, dans certains cas, en augmentant le taux des faux rejets.

Dans nos travaux de recherche, nous avons utilisé des images rétiniennes provenant de bases de données publiques (Niemeijer *et al.*, 2004). Ces bases d'images sont dis-



FIGURE 2.3: Scanners biométriques rétiniens ([Abràmoff et al., 2010](#))

tribuées pour différents usages de recherche, nous pouvons citer quelques-unes comme DRIVE ([Staal et al., 2004](#)) ARIA ([Farnell, 2006](#)), STARE ([Hoover et al., 2000](#)) pour les études sur les rétinopathies diabétiques, MESSIDOR ([Decencièrè et al., 2014](#)) pour les systèmes automatiques d'aide au diagnostic médical et VARIA ([Ortega et al., 2009](#)) destinée spécialement à l'identification biométrique.

L'avantage majeur dans l'utilisation des bases publiques réside dans l'uniformité du banc d'essai (« *Benchmark* ») dans les tests de performance d'un système informatique. En effet il est plus intéressant et plus judicieux de comparer les résultats de plusieurs algorithmes sur les mêmes bases d'images rétiniennes.

Une description détaillée sera faite dans les prochaines sections selon leurs utilisations dans les différentes phases de la conception de l'algorithme.

2.2.2 Représentation

Après l'acquisition, il est naturellement évident de voir comment les images du fond d'œil sont traitées avant le passage au processus d'extraction.

L'idée de base est de traiter l'image acquise par le lecteur rétinien, de manière à contraster au maximum les caractéristiques à extraire par rapport au reste de l'image. Une première idée serait de représenter l'image en **niveaux de gris (N.G.)** (figure 2.4), c'est-à-dire représenter les pixels par intensité lumineuse dans le but d'augmenter le contraste de façon à extraire le réseau vasculaire d'une manière efficace et fiable ([Bessaid et al., 2009](#)).

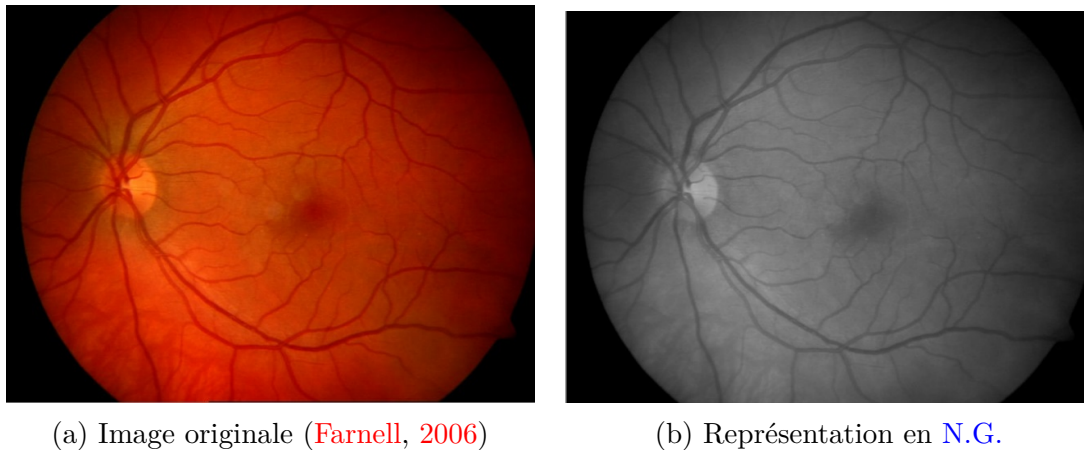


FIGURE 2.4: Représentation d'une image rétinienne en N.G.

En observant l'image en niveau de gris dans la figure 2.4b, nous remarquons que le contraste n'est pas vraiment élevé (surtout autour des petits vaisseaux), ce qui peut poser des problèmes lors de l'extraction des caractéristiques. Dans les images en niveau de gris, la luminosité est très faible ce qui ne permet pas une séparation claire entre les informations de l'image. Ceci peut engendrer un nombre important de faux positifs lors de la détection du réseau vasculaire.

Les vaisseaux sanguins sont souvent corrompus par le bruit, ce qui rend l'extraction des bords des vaisseaux pénible. Pour contrer ces problèmes, nous utilisons la représentation en couleur de l'image dans le système rouge, vert, bleu (RVB) (ou *RGB* en anglais), où chaque canal permet l'extraction d'une information spécifique. La représentation d'une image couleur dans l'espace RVB permet d'étudier séparément les différents canaux de la réponse spectrale. (Pour plus d'informations sur la représentation des images dans l'espace RVB voir l'annexe B).

La figure 2.5 montre les trois canaux obtenus de l'image originale d'une rétine. Si l'on regarde le canal rouge (figure 2.5b), on voit des vaisseaux de la choroïde. Ils apparaissent très flous ; ils ne sont pas présents dans les autres canaux. De plus, on peut constater que les vaisseaux rétiens apparaissent comme les plus contrastés dans le canal vert (figure 2.5c). Même comparé avec les canaux d'autres espaces couleur, c'est le canal vert qui donne le meilleur résultat au niveau du contraste des éléments sanguins. Le canal bleu contient très peu d'informations (figure 2.5d), et de plus, il est très bruité. Les vaisseaux n'y sont presque pas présents, la papille et la macula sont vaguement visibles, et la dynamique est minimale.

Cette interprétation favorise la représentation du canal vert de l'image pour l'extraction du réseau vasculaire car c'est le canal le plus contrasté (du moins pour les éléments sanguins) et le moins bruité. Pas seulement, les informations sur les différentes couches sont bien séparées (Feroui *et al.*, 2012).

2.2.3 Amélioration et pré-filtrage

La prise des images rétiniennes est souvent influencée par les conditions de l'environnement. Les images sont souvent floues et peu contrastées, ceci peut être dû à un mouvement de la personne, un mauvais éclairage ou à une mauvaise mise au point de la caméra. Parfois les images sont surexposées et surtout, le canal rouge est souvent saturé.

Il est alors primordial de passer par une étape de pré-filtrage des images rétiniennes

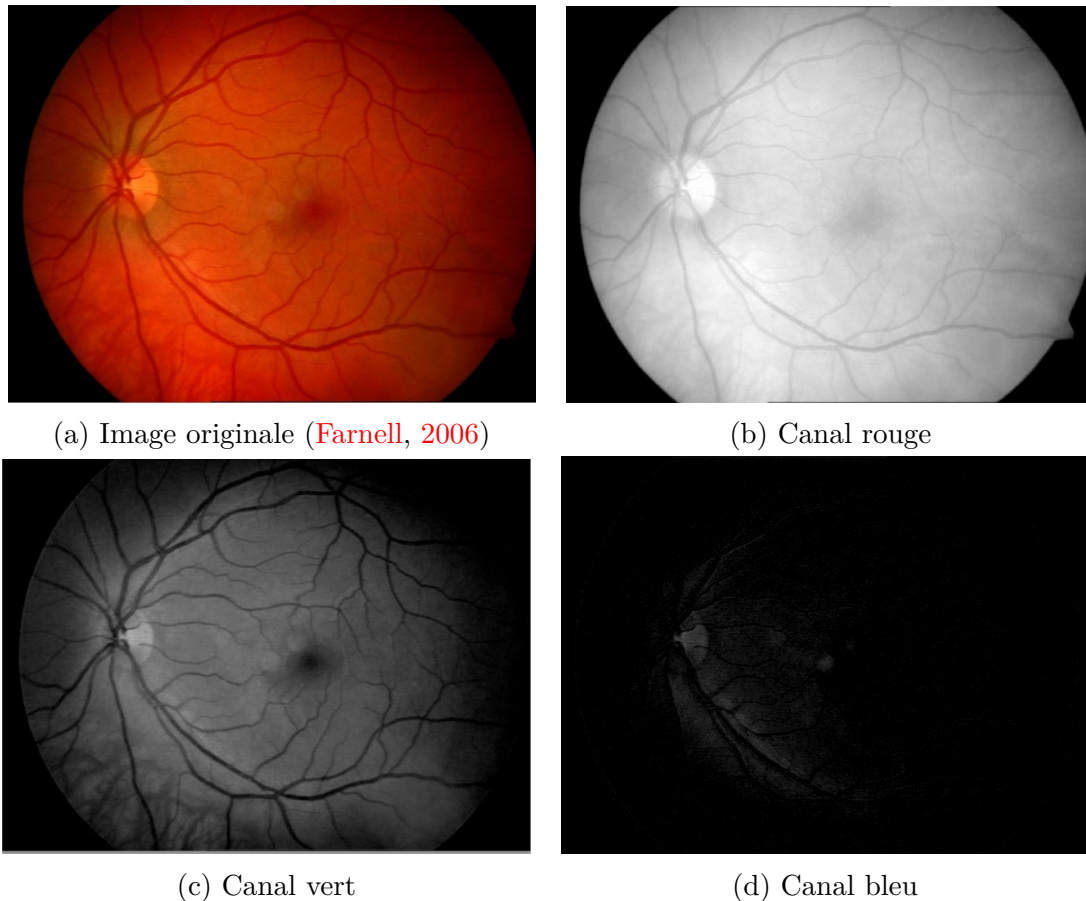


FIGURE 2.5: Représentation d'une image rétinienne dans l'espace RVB.

acquises afin d'améliorer leur qualité. L'amélioration des images regroupe tout un ensemble d'opérations qui permettent d'obtenir une image de meilleure qualité visuelle.

Plusieurs méthodes d'amélioration d'images rétinienne existent dans la littérature, certaines sont adaptées à une lecture manuelle des images (examen ophtalmologique par un médecin), d'autres sont utilisées lors de l'interprétation automatique des images.

Trois algorithmes ont été présentés par Walter et Klein (2001) pour améliorer la qualité des images et les rendre plus faciles à interpréter par les médecins, dans le cas d'un diagnostic médical. Le premier algorithme applique une augmentation du contraste fondée sur une transformation par chapeau haut de forme. Le deuxième algorithme améliore les images de la rétine par normalisation des couleurs. La méthode consiste à modifier les canaux de l'image initiale de manière à ce qu'elle ait des caractéristiques semblables à celle de l'image de référence. Un troisième algorithme concerne les améliorations apportées aux images en vue d'une interprétation automatique. Cet algorithme augmente le contraste et corrige l'illumination non-uniforme des images.

Dans leur travail, Feroui *et al.* (2012) ont également présenté des techniques variées de traitement d'images qui permettent d'améliorer le contraste dans les images à niveau de gris. L'expansion de la dynamique, l'égalisation de l'histogramme, l'égalisation adaptative et bien d'autres techniques de traitement d'images existent dans la littérature et sont des outils très robustes qui donnent des résultats assez satisfaisants quant à l'amélioration des images peu contrastées.

Nous avons choisi d'utiliser le troisième algorithme de Walter et Klein (2001) car c'est le plus approprié à notre cas. En effet, cet algorithme est mieux adapté aux algorithmes de segmentation automatique et donne un résultat très satisfaisant quant

à la préparation de l'image pour l'extraction des caractéristiques.

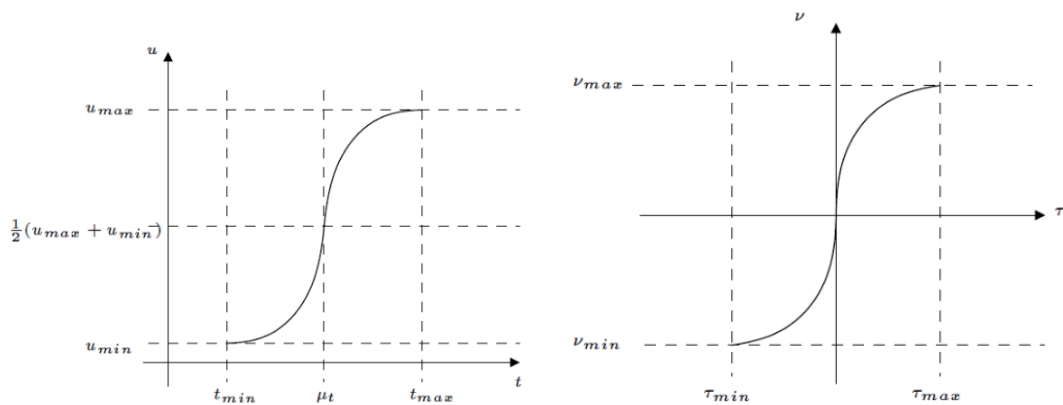
2.2.3.1 Augmentation du contraste et correction de l'illumination

Le troisième algorithme présenté par [Walter et Klein \(2001\)](#), vise à corriger l'illumination non uniforme d'une image toute en augmentant le contraste. Tout d'abord, les auteurs ont décrit une méthode d'augmentation de contraste, qui par l'introduction d'un paramètre local devient une correction d'illumination non uniforme.

Cette méthode a beaucoup d'importance pour l'analyse automatique. Combiner la correction de l'illumination non uniforme avec une augmentation de contraste est prometteur parce que la dynamique d'une image ayant une illumination non uniforme est déterminée par cette différence d'éclairage. Une fois l'illumination uniformisée, le contraste peut être augmenté facilement.

a) Augmentation du contraste par une transformation des teintes de gris

Le contraste d'une image est, entre autres, caractérisé par la distribution de valeurs de gris de l'image. Cette distribution peut être changée en appliquant une transformation des teintes de gris (figure 2.6a).



(a) Graphique de transformation des teintes de gris.

(b) graphique de transformation des teintes de gris avec les coordonnées transformées.

FIGURE 2.6: La modification des teintes de gris. ([Walter et Klein, 2001](#))

Définition 2.1. Soit : $f : E \rightarrow T$ une image, avec $T = \{t_{min}, \dots, t_{max}\} \subset \mathbb{R}$ un ensemble de nombres rationnels. Et soit $U = \{u_{min}, \dots, u_{max}\} \subset \mathbb{R}$ un deuxième ensemble de nombre rationnels.

Une application :
$$F : T \rightarrow U$$

$$u = F(t)$$

s'appelle transformation de valeur de gris F .

La transformation est construite de manière à ce qu'elle assigne à la moyenne μ_f de l'image originale f le milieu entre u_{min} et u_{max} :

$$\mu_f \rightarrow \frac{1}{2}(u_{min} + u_{max}) \quad (2.1)$$

Cela n'est pas une nécessité, mais c'est un choix raisonnable.

Par simplicité, nous considérons par la suite les coordonnées transformées τ , ν (voir figure 2.6b) avec :

$$\begin{aligned}\tau &= t - \mu_t \\ \nu &= u - \frac{1}{2}(u_{min} + u_{max})\end{aligned}\quad (2.2)$$

Walter et Klein (2001) ont choisi pour Γ la famille des transformations polynomiales :

$$\nu = \Gamma^*(\tau) = \begin{cases} a_1 \cdot (\tau - \tau_{min})^r + b_1, & \text{si } \tau \leq 0 \\ a_2 \cdot (\tau - \tau_{min})^r + b_2, & \text{si } \tau > 0 \end{cases}\quad (2.3)$$

avec les paramètres r , a_1 , a_2 , b_1 et b_2 . Le paramètre r peut être librement choisi, les autres paramètres sont déterminés pour que la transformation remplisse certains critères : l'image résultante doit couvrir toute la dynamique possible (donc de u_{min} , u_{max}) et la transformation doit être continue.

Ces conditions s'expriment par :

$$\begin{aligned}\Gamma^*(\tau_{min}) &= \nu_{min} \\ \lim_{\tau \rightarrow 0^-} \Gamma^*(\tau) &= 0 \\ \lim_{\tau \rightarrow 0^+} \Gamma^*(\tau) &= 0 \\ \Gamma^*(\tau_{max}) &= \nu_{max}\end{aligned}\quad (2.4)$$

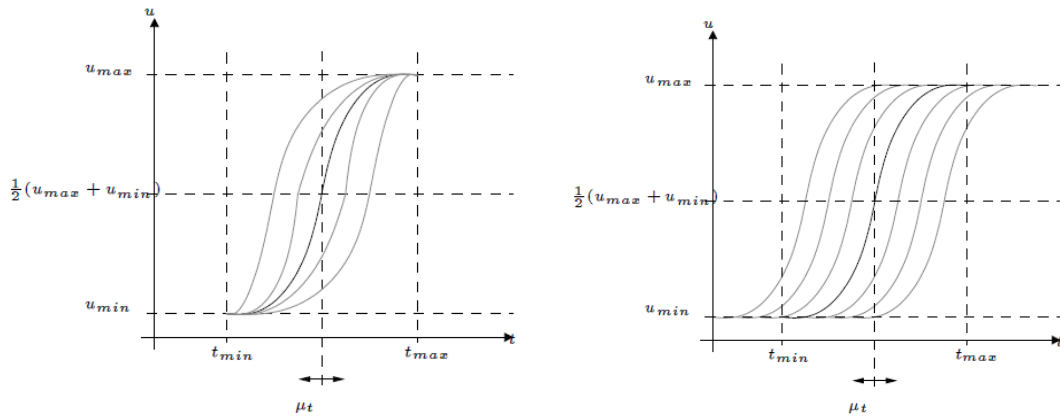
et avec l'équation (2.3), nous obtenons pour les paramètres a_1 , a_2 , b_1 et b_2 :

$$\begin{aligned}a_1 &= \frac{-\nu_{min}}{(-\tau_{min})^r} = \frac{\frac{1}{2}(u_{max} - u_{min})}{(\mu_f - t_{min})^r} \\ a_2 &= \frac{-\nu_{max}}{(-\tau_{max})^r} = \frac{\frac{1}{2}(u_{max} - u_{min})}{(\mu_f - t_{max})^r} \\ b_1 &= \nu_{min} = \frac{1}{2}(u_{min} - u_{max}) \\ b_2 &= \nu_{max} = \frac{1}{2}(u_{max} - u_{min})\end{aligned}\quad (2.5)$$

et enfin, pour $u = \Gamma(t)$:

$$u = \Gamma(t) = \begin{cases} \frac{+\frac{1}{2}(u_{max} - u_{min})}{(\mu_f - t_{min})^r} \cdot (t - t_{max})^r + u_{min}, & \text{si } t \leq \mu_f \\ \frac{-\frac{1}{2}(u_{max} - u_{min})}{(\mu_f - t_{max})^r} \cdot (t - t_{max})^r + u_{max}, & \text{si } t > \mu_f \end{cases}\quad (2.6)$$

Le graphe correspondant à cet algorithme est montré dans la figure 2.7a. La transformation résultante n'est pas symétrique vis-à-vis du point $(\mu_t, \frac{1}{2}(u_{max} + u_{min}))$. Pour obtenir une transformation symétrique, la même équation (2.6) peut être utilisée, μ_f doit être remplacée par $\frac{1}{2}(t_{max} + t_{min})$ et t par $t' = t + (\frac{1}{2}(t_{max} + t_{min}) - \mu_f)$. Cette



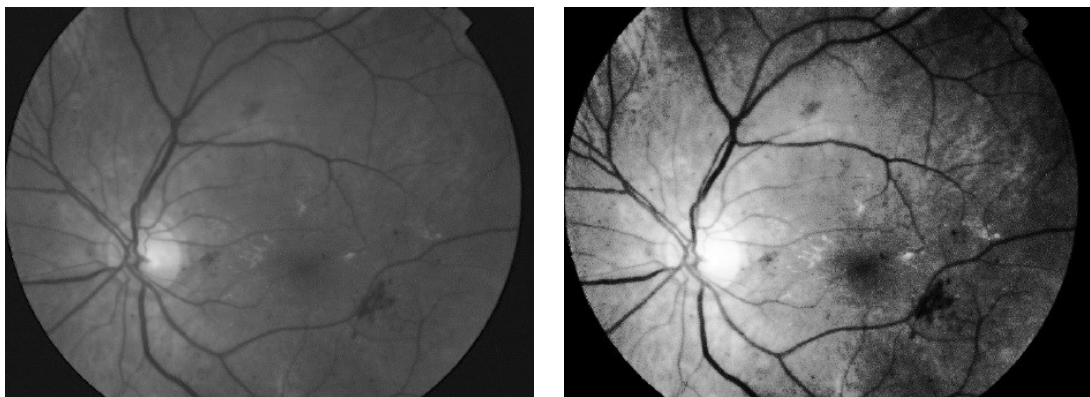
(a) Modification du graphe en fonction de μ_t en gardant les points extrêmes. (b) Translation du graphe dépendant de μ_t .

FIGURE 2.7: Les modifications du graphe en fonction de μ_t . (Walter et Klein, 2001)

deuxième version de la transformation des valeurs de gris (figure 2.7b) a l'avantage d'être symétrique, mais elle n'utilise pas toute la dynamique possible.

L'un des deux inconvénients doit être accepté (à condition que $I(\mu_f) = \frac{1}{2}(u_{max} + u_{min})$). La condition de symétrie n'est pas vraiment essentielle et peut même être défavorable. En effet, si la moyenne de f dans une certaine région est relativement basse, la dynamique pour les valeurs de gris basses est forcément petite, et on a intérêt à donner plus de poids à l'augmentation de contraste pour cette partie des valeurs de gris.

Le paramètre r sert à contrôler à quel point on augmente le contraste. Supposons que : $\mu_f = \frac{1}{2}(t_{max} + t_{min})$; pour $r = 1$, l'opérateur est l'étirement linéaire de l'histogramme. Pour $r \rightarrow \infty$, l'opérateur peut être vu comme un seuillage avec le seuil μ_t . Pour r entre les deux, on obtient des augmentations de contraste plus ou moins fortes.



(a) Image originale

(b) Résultat pour $r = 5$

FIGURE 2.8: Augmentation globale du contraste. (Walter et Klein, 2001)

Les résultats obtenus en appliquant cet opérateur à l'image entière sont montrés dans la figure 2.8. La dynamique est augmentée, mais le résultat n'est quand même pas satisfaisant : le contraste des vaisseaux près de la papille ou dans des régions sombres (au bord de l'image) est plutôt affaibli par rapport à l'image d'origine. Le problème est l'application d'une seule transformation pour tous les pixels indépendamment de l'illumination de la partie de l'image où ils se trouvent. Ainsi les vaisseaux qui sortent de

la papille ont un contraste très élevé par rapport à l'entourage, mais ils sont nettement moins sombres que les vaisseaux au bord de l'image ; il peut même arriver qu'ils aient des valeurs de gris plus élevées que la moyenne μ_f . A ce moment, leur valeur de gris n'est pas diminuée par la transformation, mais augmentée, ce qui diminue le contraste.

Un autre effet peut être observé dans des régions sombres qui contiennent des détails encore plus sombres (par exemple les vaisseaux au bord de l'image) : La transformation proposée n'augmente le contraste que pour les $t \in T$ avec $\frac{\partial u}{\partial t} > 1$ (donc pas pour des t qui sont beaucoup plus grands ou beaucoup plus petits que μ_f). En raison de non-uniformité de l'éclairage, le contraste des détails sombres dans des régions sombres n'est pas augmenté, mais au contraire diminué.

Ce problème peut être résolu en introduisant un caractère local à la fonction comme expliqué dans le paragraphe suivant.

b) Correction de l'illumination non-uniforme

i) Opérateurs de correction d'illumination non-uniforme La géométrie de l'œil et les méthodes d'illumination entraînent de manière systématique une non-uniformité de l'éclairage de la rétine. Cette non-uniformité n'a pas de conséquences, en général, pour l'analyse manuelle des images de la rétine. Par contre, elle pose de graves problèmes pour l'analyse automatique car les structures de la rétine ne peuvent pas être caractérisées par leur niveau de gris ou leur couleur.

Des opérateurs de correction de l'illumination calculent les différences entre la valeur de gris du pixel donné par rapport à une image qui est une approximation du fond, donc des variations lentes de valeurs de gris.

Soit f la fonction, $A(f)$ l'approximation du fond et c une constante (pour éviter des valeurs négatives). L'opérateur de correction d'illumination $CI(f)$ s'écrit de la manière suivante :

$$[CI(f)](x) = f(x) - [A(f)](x) + c \quad (2.7)$$

Cela veut dire que dans l'image corrigée, les valeurs de gris ne dépendent que de la différence entre la valeur originale et une approximation de la valeur de gris du fond. Les méthodes diffèrent par rapport au calcul de l'approximation du fond : on peut calculer la moyenne de l'image en utilisant une grande fenêtre que l'on déplace sur l'image, ou bien le médian, une ouverture, une fermeture ou un filtre alterné séquentiel, ou bien d'autres filtres qui enlèvent tous les détails d'intérêts.

ii) L'opérateur proposé par Walter et Klein (2001) Pour obtenir un opérateur de correction de changement d'illumination à partir de l'opérateur d'augmentation de contraste proposé dans le paragraphe a) de cette section, il suffit de remplacer la moyenne μ_f de l'image entière par la moyenne $\mu_f^W(x)$ dans une fenêtre $W(x) \subset E$ centrée sur le point x et contenant N_W pixels :

$$\mu_f^W(x) = \frac{1}{N_W} \sum_{\xi \in W(x)} f(\xi) \quad (2.8)$$

De cette manière, un opérateur de contraste est obtenu, pour lequel les paramètres de la transformation de valeur de gris sont calculés en fonction de la moyenne de l'image dans un environnement d'une certaine taille. Il s'agit à la fois d'un algorithme d'augmentation de contraste et de correction d'illumination non-uniforme, puisque le

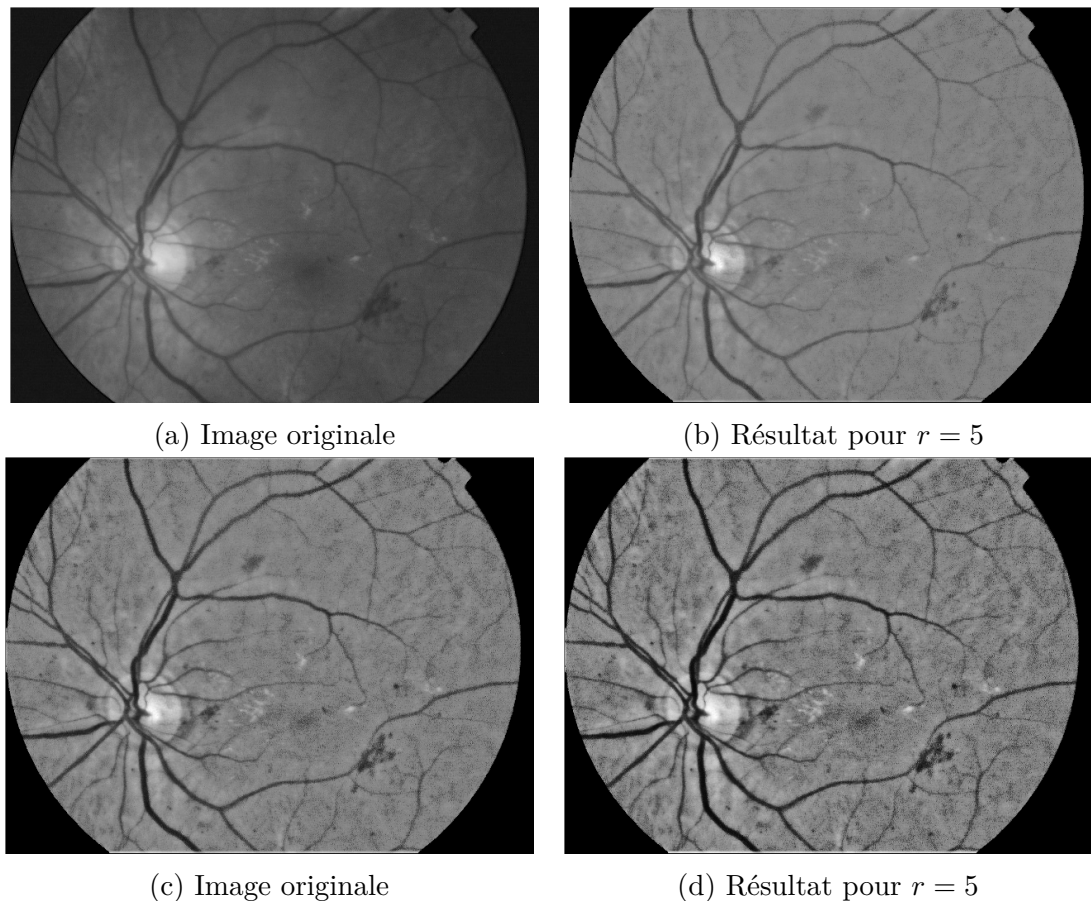


FIGURE 2.9: Augmentation locale du contraste. (Walter et Klein, 2001)

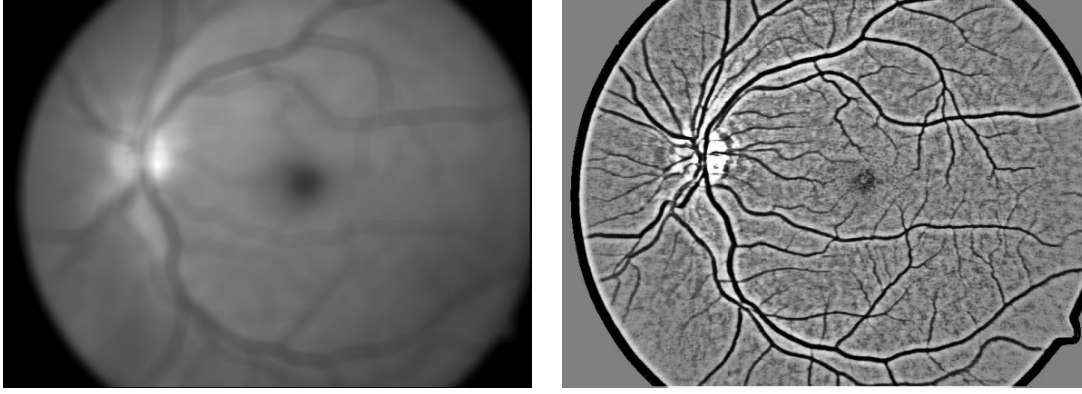
résultat ne dépend que de la différence entre $f(x)$ et la moyenne locale (donc l'approximation du fond), et non pas de la valeur de gris absolue. Le résultat de cet opérateur est montré dans la figure 2.9. La taille de la fenêtre W a beaucoup d'influence sur les structures qui restent dans l'image : seules des structures qui sont plus petites que la taille de la fenêtre comme les vaisseaux, les hémorragies, les micro-anévrismes et les exsudats, sont visibles dans l'image résultante. Par exemple dans les figures 2.9c et 2.9d, la macula n'est presque pas visible, car elle correspond à un changement de valeur de gris trop « lent » (identique à la variation du fond). Pour l'extraire, la taille de la fenêtre doit être plus grande.

En pratique, la moyenne dans une grande fenêtre n'est pas calculée pour chacun des pixels parce que cela serait trop coûteux en termes de temps de calcul. En effet, il suffit de calculer la moyenne pour un sous-échantillonnage de l'image et d'estimer la moyenne pour le reste des pixels par une simple interpolation.

Dans leur travail de recherche, Bessaid *et al.* (2009) ont conclu après plusieurs essais, que les meilleurs résultats avaient été obtenus pour une fenêtre de taille $W = 21$ (voir figure 2.10).

Par contre, cette méthode montre un problème qui existe en général dans beaucoup de méthodes d'uniformisation d'illumination : en calculant l'approximation du fond (l'image originale dans laquelle tous les détails d'importance sont enlevés), les bords des objets, qui ne sont pas entièrement enlevés, sont modifiés (figure 2.10).

Considérons par exemple des régions claires qui subissent un lissage. Elles sont « étendues » par le filtrage ; en calculant la différence entre l'approximation (l'image lissée) et l'image originale, on assigne aux pixels proches de l'objet une valeur de gris

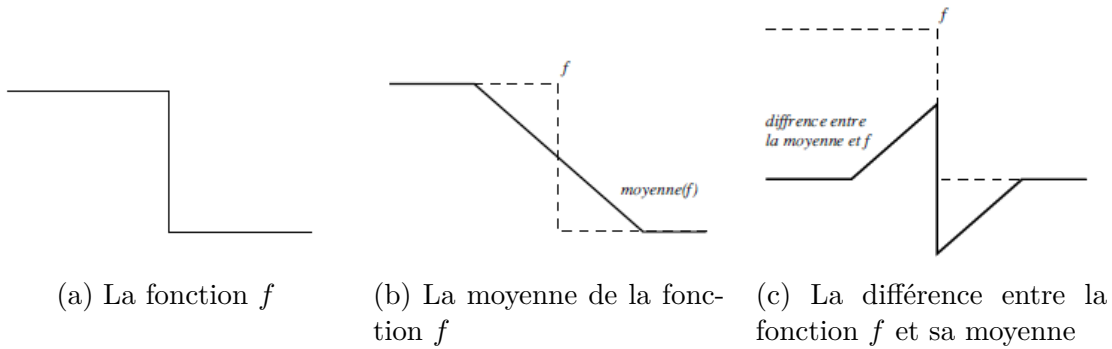


(a) Approximation du fond de l'image du canal vert.

(b) Résultat de l'illumination de l'image d'approximation.

FIGURE 2.10: Problème de bords lors de la correction de l'illumination non uniforme.

trop basse. Par conséquent, des « trous » sont introduits ; ce sont des régions sombres, qui n'ont pas de correspondance dans l'image originale. Dans les images rétiniennes, cela arrive surtout au niveau de la papille et des exsudats.



(a) La fonction f

(b) La moyenne de la fonction f

(c) La différence entre la fonction f et sa moyenne

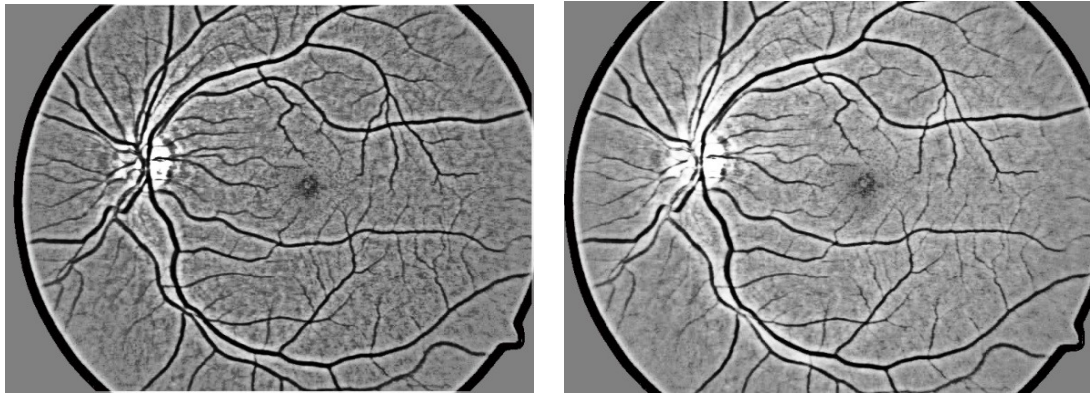
FIGURE 2.11: Graphes de correction de l'illumination non-uniforme. (Walter et Klein, 2001)

Pour éviter ce phénomène lors de la détection du réseau vasculaire, Walter et Klein (2001) ont proposé de filtrer l'image originale avant de calculer l'approximation, en effectuant une ouverture par diamètre ($\gamma_\lambda^o = 24$ (Bessaid et al., 2009)) pour enlever tous les objets clairs ayant un diamètre plus petit que λ . Cela a deux conséquences avantageuses : les effets de bords sont évités et des objets clairs de surface plus grande que la fenêtre W et relativement homogènes restent dans l'image (figure 2.12b)

Après l'application de l'opérateur sans filtrage (figure 2.12a), les pixels en proximité de la papille sont plus sombres, leur teinte de gris s'approche de celle des vaisseaux, cela introduit de fausses détections lors de l'extraction de l'arbre vasculaire. Par contre, cet effet est considérablement réduit après le filtrage de l'approximation du fond (figure 2.12b).

L'opérateur bâti à partir de l'équation (2.6) s'écrit de la manière suivante :

$$u = \Gamma(t) = \begin{cases} +\frac{1}{2}(u_{max} - u_{min}) \cdot \frac{(\mu_{\gamma_\lambda^W}^W(x) - \tau_{min})^r}{(\mu_{\gamma_\lambda^W}^W(x) - \tau_{min})^r} \cdot (t - t_{max})^r + u_{min}, & \text{si } t \leq \mu_{\gamma_\lambda^W}^W(x) \\ -\frac{1}{2}(u_{max} - u_{min}) \cdot \frac{(\mu_{\gamma_\lambda^W}^W(x) - \tau_{max})^r}{(\mu_{\gamma_\lambda^W}^W(x) - \tau_{max})^r} \cdot (t - t_{max})^r + u_{max}, & \text{si } t > \mu_{\gamma_\lambda^W}^W(x) \end{cases} \quad (2.9)$$



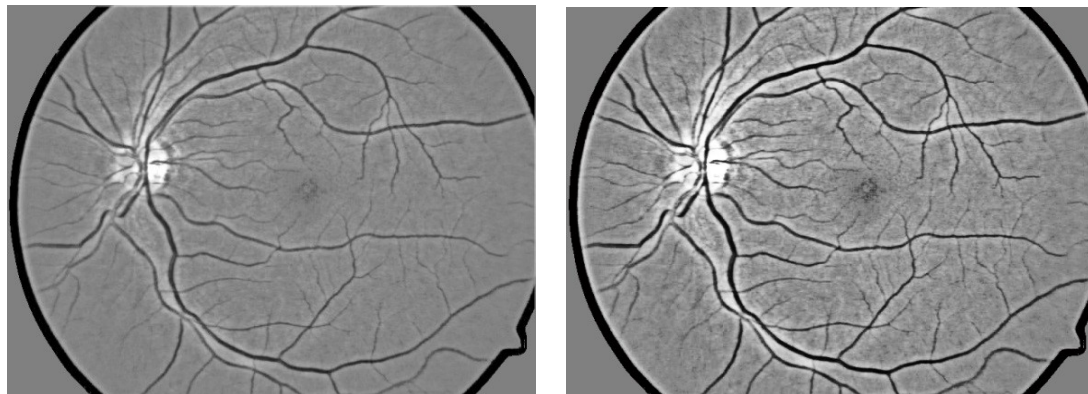
(a) Résultat de la correction de l'illumination de l'image d'approximation du fond

(b) Résultat de la correction de l'illumination avec filtrage de l'image d'approximation du fond

FIGURE 2.12: L'effet de filtrage de l'image d'approximation du fond.

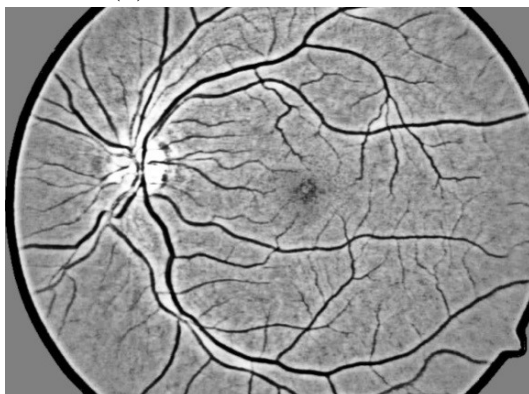
Dans cette expression $\mu_{\gamma_\lambda}^W(x)$ désigne la moyenne de la fenêtre W centrée en x de l'image ouverte par un diamètre $\gamma_\lambda^q(f)$.

L'application de cet opérateur est illustrée par la figure 2.13.

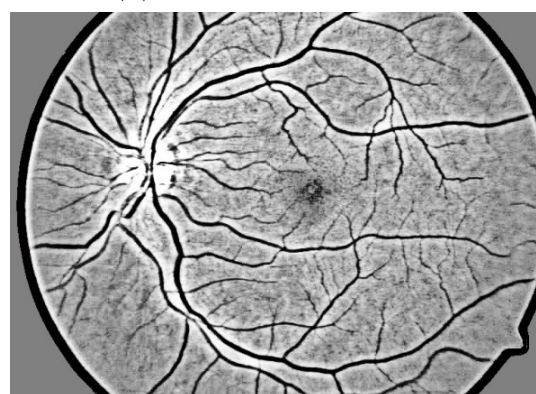


(a) L'éclairage pour $r = 2$

(b) L'éclairage pour $r = 5$



(c) L'éclairage pour $r = 8$



(d) L'éclairage pour $r = 13$

FIGURE 2.13: Correction de l'éclairage non uniforme.

Dans la figure 2.13d, on constate que l'éclairage et le contraste des petits vaisseaux est augmenté par rapport aux figures 2.13a, 2.13b et 2.13c. L'augmentation de contraste et la correction de l'illumination sont deux paramètres à prendre en considération lors d'amélioration des images rétiniennes.

Cette méthode de correction de l'illumination non uniforme et d'augmentation du contraste est le premier pas vers une analyse automatique de l'image rétinienne. Elle va être utilisée par les algorithmes de détection du réseau vasculaire et des points de références qui feront l'objet des prochaines sections de ce chapitre.

2.3 Extraction du réseau vasculaire

Les scanners rétiens permettent de cartographier la rétine humaine afin de former un modèle unique pour chaque personne. Les vaisseaux sanguins dans la rétine absorbent la lumière plus aisément que le tissu environnant et sont facilement identifiables avec un éclairage approprié. Un balayage de la rétine est effectué en envoyant un faisceau de lumière infrarouge à faible énergie dans les yeux. Ce faisceau de lumière trace un chemin standardisé sur la rétine formant une structure arborescente du réseau vasculaire.

2.3.1 Les vaisseaux sanguins

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 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 (Walter, 2003).

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 diamètre λ qui est constant pour toutes les images.

Comme nous l'avons vu précédemment (paragraphe 2.2.2), les vaisseaux apparaissent 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 rétiennes 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.

Beaucoup a été écrit sur la détection de l'arbre vasculaire depuis une image rétinienne. La plupart des travaux rencontrés sont dédiés à la recherche et la détection des pathologies rétiennes. Nous en citerons quelques-uns dans le paragraphe suivant.

2.3.2 État de l'art

Les premiers travaux dans ce domaine ont été faits en 1982. Akita et Kuga (1982) ont proposé l'application des algorithmes utilisés dans l'analyse automatique des images satellites (« *ridge following* ») à la détection de vaisseaux dans les images rétiniennes, avec un succès modeste. Dans leur travail, Tamura *et al.* (1988) proposent une combinaison de filtres monodimensionnels avec un filtre orienté et de profil gaussien (fondée sur la théorie de détection de bords présentée par Marr et Hildreth (1980)) 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 eux-même, surtout s'il existe des pathologies dans l'œil.

Un grand progrès a été apporté par Chaudhuri *et al.* (1989). 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, 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.

Goldbaum *et al.* (1996) ont proposé une extension de cet algorithme : des méthodes de classification ont été appliquées pour identifier les faux positifs. Hoover *et al.* (2000) ont utilisé des méthodes de seuillage local, mais les résultats ne sont pas convaincants.

Dans les travaux de Zhou *et al.* (1994) et de Englmeier *et al.* (2002), 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 (Canny, 1986) et ils regroupent les pixels trouvés de cette manière pour ne garder que des bords parallèles (Pinz *et al.*, 1998; Gagnon *et al.*, 2001).

Dans le travail de Sinthanayothin *et al.* (1999), des réseaux de neurones sont utilisés, mais un avantage par rapport à des approches fondées sur des modèles n'a pas pu être démontré.

Zana et Klein (2001) utilisèrent une combinaison de filtres morphologiques avec des méthodes linéaires pour détecter les bords des vaisseaux (la méthode est également fondée sur la stratégie proposée par Marr et Hildreth (1980)). 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 (Walter, 2000). De plus, la méthode est coûteuse en temps de calcul.

On peut constater que beaucoup d'algorithmes à degrés de performances variés ont été conçus 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 travaux cités précédemment, 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.

Pour répondre à ce problème, [Walter](#) a présenté deux approches, en [2003](#), basées sur la morphologie mathématique. La première s'appuie sur une méthode d'augmentation de netteté et d'extraction de détails avec une transformation chapeau haut de forme ([Walter et Klein, 2001](#)). Cette technique est très simple et s'est avérée très efficace même pour des images de moyenne voire de mauvaise qualité.

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.

D'autres approches ont été proposées dans la littérature qui sont aussi fiables et efficaces les unes que les autres, mais notre choix s'est porté sur le second algorithme proposé par [Walter \(2003\)](#) pour son efficacité et sa facilité d'implémentation.

L'objectif de cet algorithme coïncide parfaitement avec notre axe de recherche. En effet, au lieu de segmenter la totalité de l'arbre vasculaire, nous nous intéresserons seulement au squelette qui nous servira par la suite pour la détection des points de bifurcation.

2.3.3 Algorithme de détection

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. Le Dr. [Walter \(2003\)](#) 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 \(LPE\)](#) (décrite un peu plus loin dans ce chapitre) 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. Un organigramme modélisant l'algorithme d'extraction du squelette vasculaire est présenté dans la figure [2.14](#).



FIGURE 2.14: Organigramme de détection du squelette vasculaire rétinien.

2.3.3.1 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

Malheureusement, les deux problèmes ne peuvent pas être résolus par l'application du même opérateur. Si le bruit qui interrompt le vaisseau (figure [2.15a](#)) est enlevé et si la connexité du réseau vasculaire est restaurée¹, il est inévitable de connecter

1. Par exemple par un filtrage directionnel comme proposé par [Chaudhuri et al. \(1989\)](#) ou bien par ouverture.

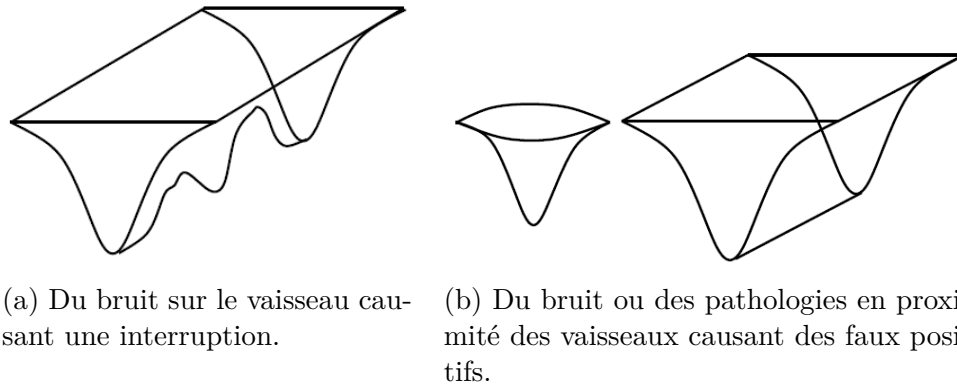


FIGURE 2.15: Deux problèmes dans la détection des vaisseaux. (Walter, 2003)

aussi des éléments parasites aux vaisseaux. Beaucoup de fausses détections en sont la conséquence dans la méthode proposée par Chaudhuri *et al.* (1989).

Dans le travail de Zana et Klein (2001), l'infimum de fermetures dans des directions différentes est calculé¹, afin d'enlever des faux positifs potentiels (comme celui dans la figure 2.15b). 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 (Walter, 2000).

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.

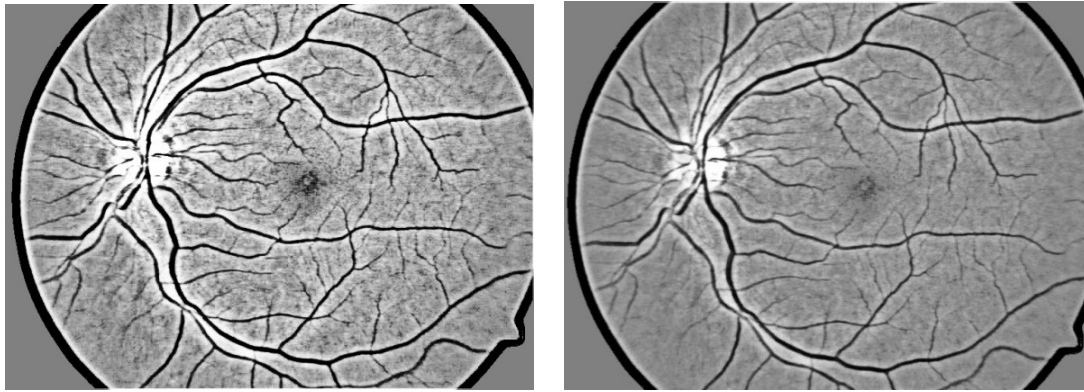
Dans la méthode présentée par Walter (2003), le pré-filtrage a juste comme objectif d'enlever du bruit clair et les petits exsudats qui sont responsables de plusieurs faux positifs.

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 (Martinez-Perez *et al.*, 2007) qui enlève 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).

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

$$p_1 = \Gamma * (\gamma_\lambda^{surf} f) \quad (2.10)$$

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.



(a) L'image du canal vert améliorée

(b) Résultat du pré-filtrage

FIGURE 2.16: Pré-filtrage par une petite gaussienne.

avec Γ un filtre gaussien. Le résultat de ce filtrage est montré dans la figure 2.16b : le pré-filtrage ne change pas beaucoup l'image, alors que le bruit est réduit.

2.3.3.2 Transformation par chapeau haut de forme

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

$$p_2 = \phi^{\lambda B}(p_1) - p_1 \quad (2.11)$$

Le résultat du chapeau haut de forme est montré dans la figure 2.28a. 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 LPE.

2.3.3.3 Segmentation par la ligne de partage des eaux (LPE)

La segmentation d'images est l'une des tâches les plus importantes dans le traitement d'images : il s'agit de trouver une partition $\mathcal{R} = \{R_i\}$ de E , c'est-à-dire un ensemble de sous-ensembles de E avec les propriétés suivantes :

$$\begin{aligned} \forall i : R_i &\neq \emptyset \\ \forall i, j, i \neq j : R_i \cap R_j &= \emptyset \\ E &= \bigcup_i R_i \end{aligned} \quad (2.12)$$

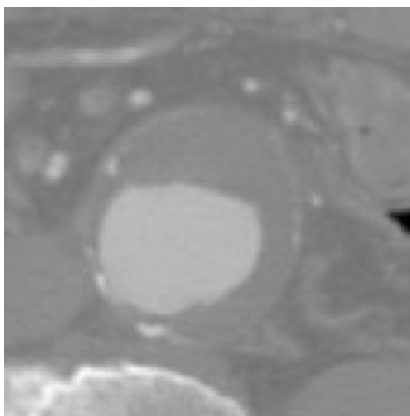
La segmentation assigne à chaque pixel $x \in E$ une et seulement une région R_i à laquelle il appartient et ainsi, elle permet de passer d'une représentation d'image par des valeurs numériques assignées aux pixels à une représentation par des régions (ou objets).

Comme cette tâche est parmi les plus importantes dans le traitement d'images, il existe une grande variété de méthodes. L'outil de segmentation par excellence en Morphologie Mathématique est la ligne de partage des eaux (Beucher, 1990; Meyer, 1991; Beucher et Meyer, 1992). En effet, elle est plus performante que les autres méthodes (basées sur le seuillage ou bien sur des transformations morphologiques de base, telles que le chapeau haut de forme, les décompositions morphologiques d'images, les squelettes ...) qui ne sont utilisées que dans des cas spécifiques du fait de leur complexité ou bien de leur extrême simplicité et pour lesquels la ligne de partage des eaux ne constitue pas une solution optimale.

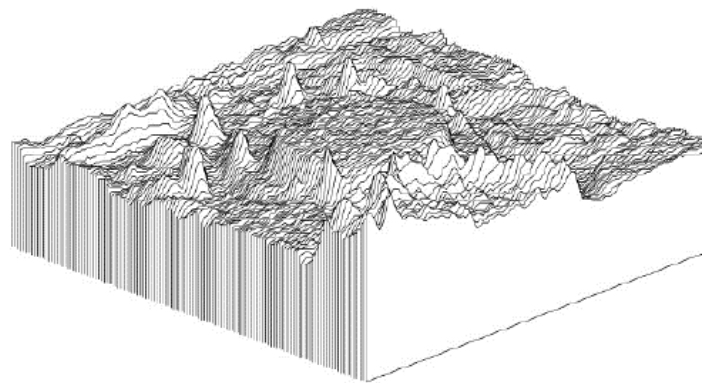
La notion de ligne de partage des eaux n'est pas en elle-même, à proprement parler, une notion purement issue de la morphologie mathématique. Le concept a son origine en topographie et en hydrogéologie. De nombreux auteurs se sont, d'ailleurs, penchés sur cette notion en essayant de définir des algorithmes permettant de la générer à partir des données topographiques (Collins, 1973; Peucker et Douglas, 1975). Cependant, là où la ligne de partage des eaux devient intéressante, c'est lorsqu'elle apparaît comme le prolongement naturel des transformations morphologiques ensemblistes comme le squelette par zones d'influence, et surtout lorsqu'on utilise le concept sur des images à teintes de gris.

a) Ligne de partage des eaux

La ligne de partage des eaux (LPE) utilise la description des images en termes géographiques, une image est représentée par une fonction numérique f , donc elle est perçue comme un relief si l'on associe le niveau de gris de chaque point à une altitude (voir la figure 2.17). La notion de LPE est étroitement liée à celle du minimum local.



(a) Image à teintes de gris.



(b) Représentation topologique de l'image.

FIGURE 2.17: Le concept de la représentation topologique (Schmitt et Mattioli, 2013).

i) Un minimum local : est un ensemble connexe de pixels d'altitude constante tel qu'il n'est pas possible, partant de cet ensemble, de rejoindre un point de la surface d'altitude inférieure sans avoir à grimper. Une manière de déterminer les minima locaux d'une image peut consister en l'expérience suivante : Considérons le relief sous un nuage de pluie. Une goutte d'eau tombant en un point x va couler le long du relief et va finalement rejoindre le fond d'une vallée : un minimum local. Soit M un minimum local de l'image. Si une goutte d'eau tombant en x rejoint finalement M , alors x appartient au bassin versant de M .

ii) **Bassin versant** : Soit M un minimum local d'une image numérique f . Le bassin versant associé à M (noté $BV(M)$) est l'ensemble des pixels x tels qu'une goutte d'eau tombant en x rejoint finalement M . La notion de bassin versant permet d'associer à chaque minimum local une portion de l'image : la vallée qui lui correspond. L'ensemble des bassins versants associés à chaque minimum local de l'image définit une partition de l'image (voir figure 2.18).

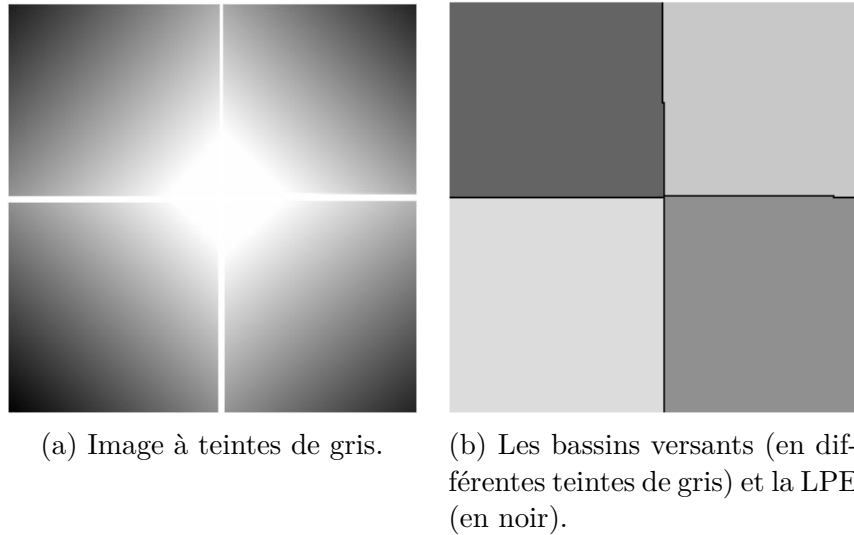


FIGURE 2.18: La partition d'une image en NG obtenue par LPE (Walter, 2003).

iii) **Ligne de partage des eaux (LPE)** : L'ensemble des points de séparations de deux bassins versants adjacents forme la ligne de partage des eaux (de cette ligne, une goutte d'eau peut s'écouler vers au moins 2 minima locaux distincts) (Vincent, 1990). La figure 2.19 montre la distribution d'une fonction en : vallées, bassins versants, minima locaux et LPE.

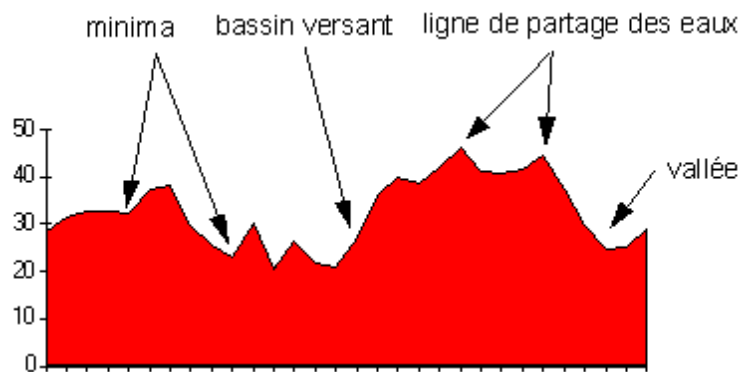


FIGURE 2.19: Bassins, minima, LPE (Bessaid et al., 2009).

b) Principe de calcul de la LPE

On utilise généralement pour décrire cet algorithme les processus d'inondation, une description particulière de l'image vue comme un relief topographique où les structures claires sont les pics du relief et les structures sombres correspondent aux vallées du relief (figure 2.17). On imagine que cette surface topographique soit trouée aux emplacements des minima. Plongeons alors lentement cette surface dans un lac (étendue

d'eau supposée infinie pour la commodité de l'expérience) (figure 2.20). L'eau va passer par les trous, en commençant les minima les plus profonds, et l'on suppose que pour chaque minimum source, l'eau se teinte d'une couleur donnée (le label du minimum). Chaque minimum donne naissance à un lac de plus en plus étendu à mesure que le niveau d'eau augmente et va progressivement inonder les reliefs.

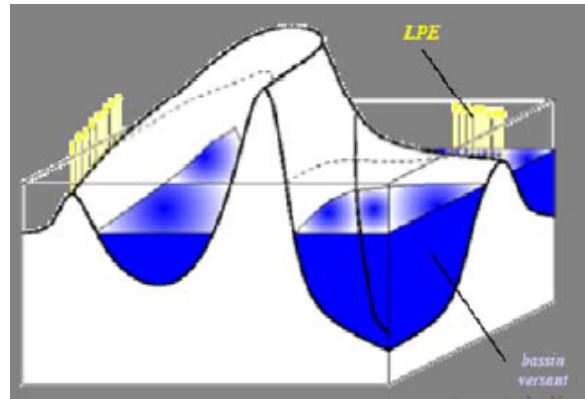


FIGURE 2.20: Principe d'inondation du relief (Schmitt et Mattioli, 2013).

A tout moment de l'inondation, les différents lacs délimités sur la topographie seront à la même altitude, supposons de plus que l'on empêche les eaux provenant des lacs différents (donc de minima différents), de se mélanger, en construisant sur la surface topographique un barrage toutes les fois où une telle éventualité pourrait se produire (figure 2.21).

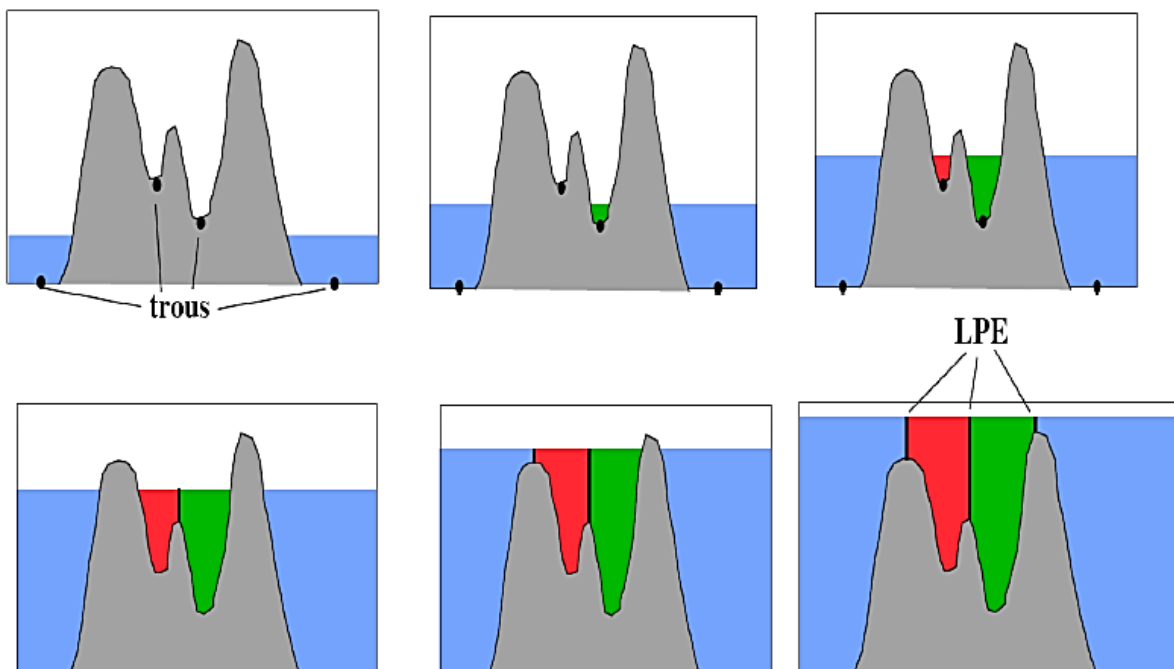


FIGURE 2.21: Inondation et barrages (Schmitt et Mattioli, 2013).

Lorsque la totalité de la surface topographique aura été engloutie, seuls les barrages émergeront, délimitant les lacs en nombre égal au nombre de minima de la fonction f . Ces barrages constituent la ligne de partage des eaux. La définition algorithmique de la LPE en termes d'inondation se transpose en une définition mathématique plus rigoureuse impliquant des outils de morphologie mathématique. Il y a plusieurs

manières d'implémenter le principe de la LPE. Certains algorithmes ne simulent pas le principe de l'immersion mais trouvent directement les lignes de partage des eaux. Comme exemple d'algorithme d'inondation nous citons celui de Vincent-Soile (Goshtasby, 2005). Cet algorithme est basé sur la reconstruction des seuils successifs d'une fonction f à l'aide du squelette par zone d'influence géodésique. (Pour plus d'informations sur cet algorithme, se référer au document de Vincent et Soile (Goshtasby, 2005)). Dans la figure 2.18, nous voyons un exemple pour la partition d'une image à teintes de gris qui est obtenue par la ligne de partage des eaux pour une image synthétique. La LPE suit la ligne de crêtes dans l'image. Bien-sûr, dans les images réelles, la segmentation avec la ligne de partage des eaux n'est pas aussi simple que dans cet exemple : les objets dans des images ne correspondent à des lignes de crête que dans des cas particuliers. C'est pour cela que la LPE s'applique dans la plupart des cas sur le gradient d'une image et non pas sur l'image elle-même. Un deuxième problème de cette méthode (comme beaucoup d'autres méthodes de segmentation) est la sur-segmentation : comme nous obtenons un bassin versant, par minimum, et comme dans une image réelle, il existe normalement beaucoup de minima parasites, nous obtenons trop de régions (voir figure 2.22). Ce problème, peut être résolu en imposant des marqueurs.

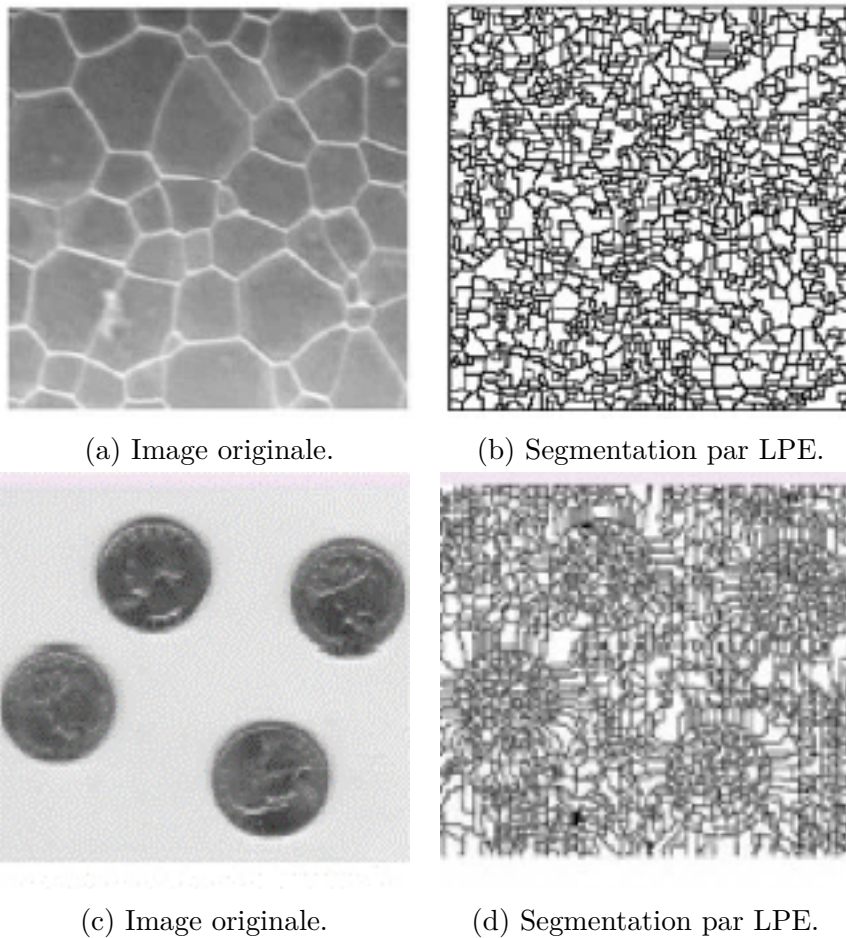


FIGURE 2.22: Exemples de la sur-segmentation par la LPE.

c) La LPE contrôlée par marqueurs

L'idée de l'utilisation de marqueurs est de réduire le nombre de minima à partir desquels l'image est inondée. Supposons que nous disposons d'une image marqueur m qui vaut 0 pour toutes les régions marquées et t_{max} pour tout le reste. La LPE calculée sur la reconstruction par érosion de l'image marqueur sur l'image originale donne un résultat plus pertinent que celui obtenu par la LPE sur l'image originale :

$$LPE_m(f) = LPE(R_f^*(m \vee f)) \quad (2.13)$$

L'image reconstruite $R_f^*(m \vee f)$ ne contient que les minima qui se trouvent dans les régions marquées (voir figure 2.23). Le problème principal dans la segmentation à l'aide de la LPE, est de trouver un marqueur pertinent.

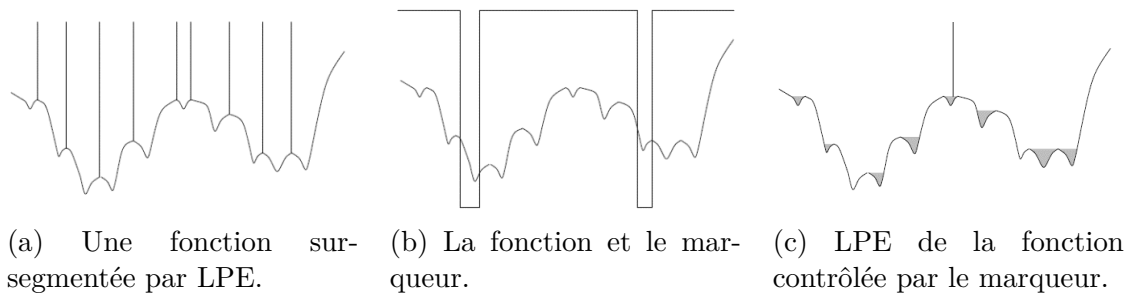


FIGURE 2.23: Contrôle de la LPE par image marqueur (Walter, 2003).

Comme le gradient morphologique (voir annexe A) possède de fortes valeurs au niveau du contour des objets, il peut donc être utilisé comme marqueur dans la segmentation par LPE (figure 2.24).

Ou bien, comme dans notre application, nous pouvons utiliser comme marqueur l'image obtenue par l'opérateur morphologique défini dans l'annexe A : la fonction de distance (figure 2.25b).

Nous pouvons aussi, utiliser une combinaison des deux derniers marqueurs comme marqueurs interne et externe (figure 2.26).

Enfin, et pour revenir à notre processus de segmentation du réseau vasculaire rétinien, il est quasi impératif de trouver un bon « marqueur » afin de calculer la LPE de l'image seuillée.

2.3.3.4 L'image marqueur de notre LPE

Afin d'éviter une sur-segmentation en l'appliquant directement, la LPE doit être contrôlée par un marqueur. L'usage de la LPE contrôlée par un marqueur consiste à inonder l'image à partir des minima importants. Des barrages sont construits entre les lacs qui se rencontrent, ces barrages constituent la LPE.

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 LPE 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 2.27.

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. Comme on le

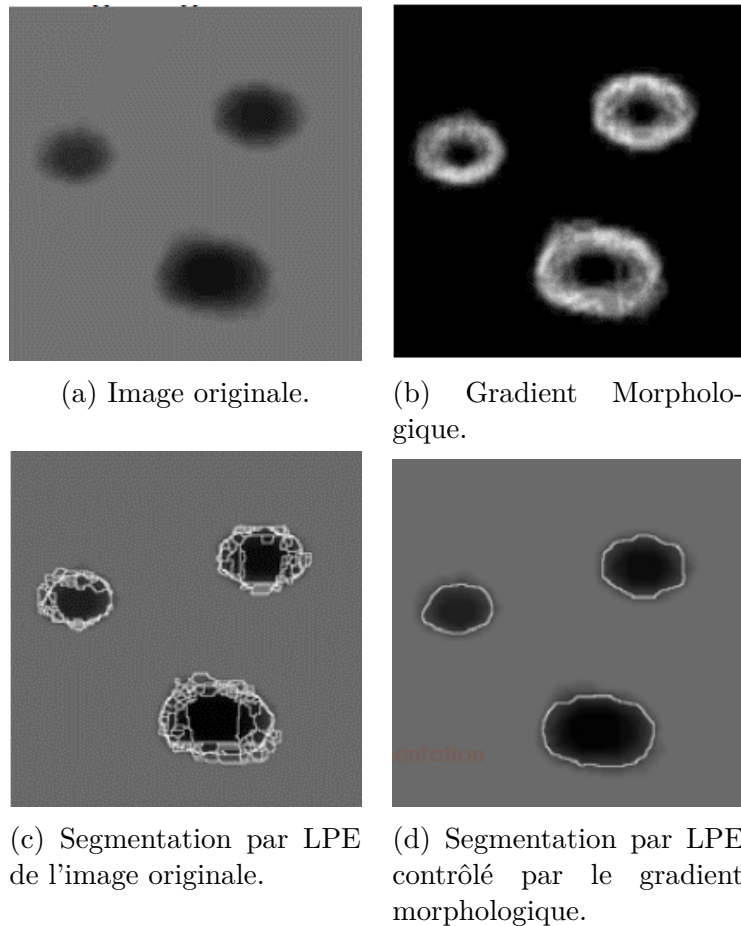


FIGURE 2.24: Exemple d'utilisation du gradient morphologique comme marqueur pour la LPE.

voit dans la figure 2.28a, il est difficile (voire impossible) de trouver le bon seuil qui permet de segmenter le réseau vasculaire en entier en donnant peu de faux positifs. Cependant, l'objectif dans cette étape de l'algorithme est de trouver un marqueur pour la LPE, et l'approximation obtenue par seuillage¹ est suffisamment bonne pour atteindre ce but (figure 2.28b).

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 2.28b) du réseau vasculaire : ce sont les maxima locaux de la fonction de distance de l'approximation inversée (figure 2.29a).

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 LPE, 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 2.29b) :

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

$$m(x) = \begin{cases} f(x), & \text{si } x \in \text{Max}\{D(m_1)\} \\ t_{max}, & \text{sinon} \end{cases} \quad (2.14)$$

1. Un seuil de 25 N.G., a donné un bon résultat dans une expérimentation de Bessaid *et al.* (2009).

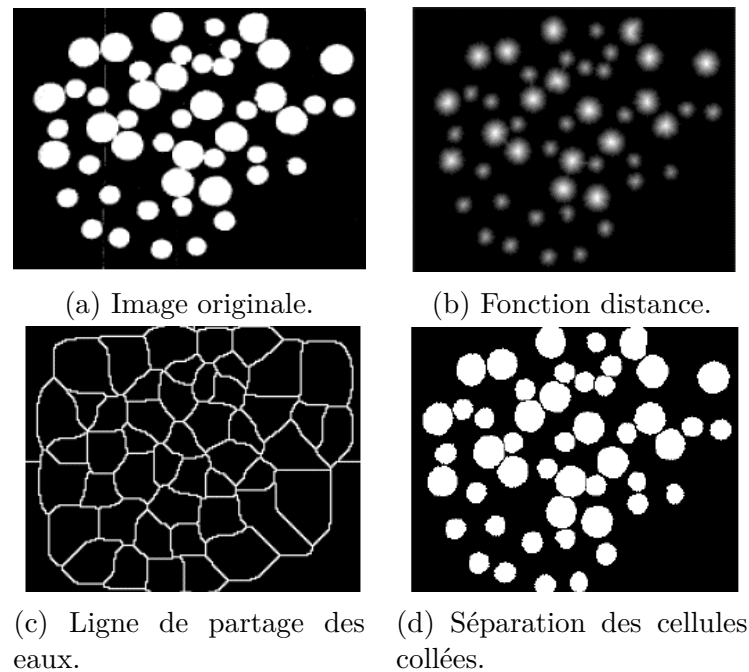


FIGURE 2.25: Exemple d'utilisation de la fonction distance comme marqueur pour la LPE.

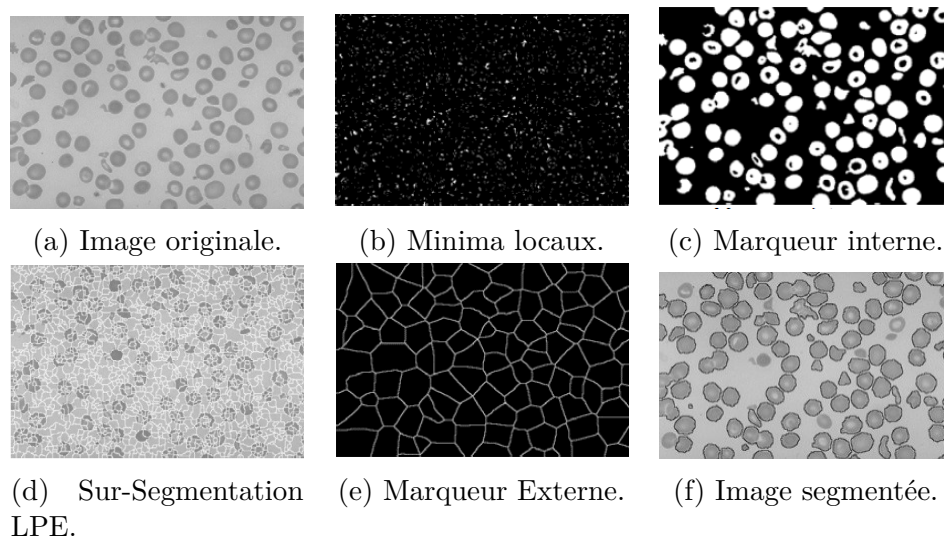


FIGURE 2.26: Exemple d'utilisation de marqueurs interne et externe pour la LPE.

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

Ayant déterminé le marqueur, la LPE contrôlée par ce marqueur, peut être calculée de la manière habituelle, en appliquant une LPE sur la reconstruction morphologique par érosion du marqueur :

$$LPE_m(f) = LPE(R_f^*(m)) \quad (2.15)$$

Le résultat est montré dans la figure 2.30a. La LPE 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

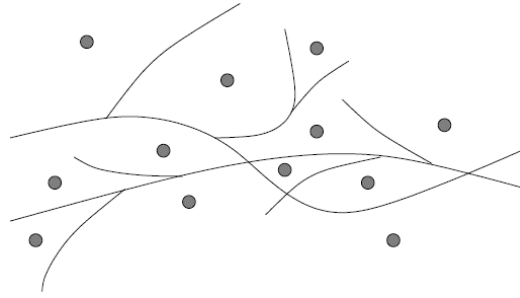
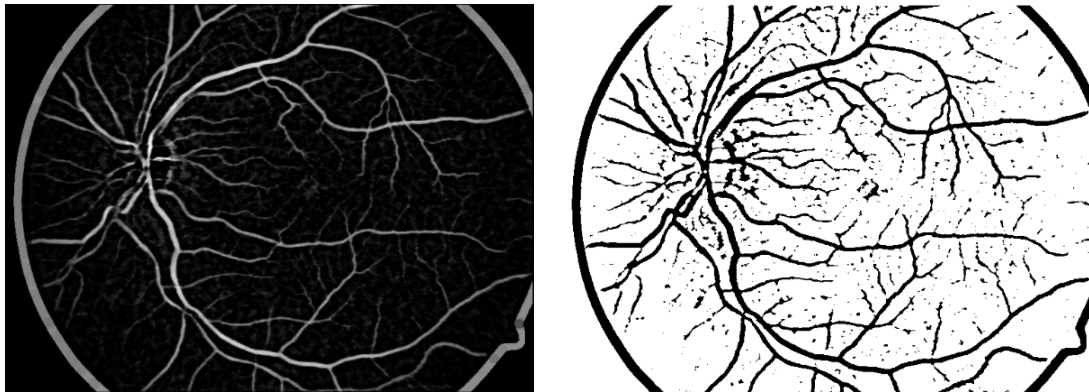


FIGURE 2.27: Des vaisseaux et un marqueur "idéal" (les cercles gris) (Walter, 2003).



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

(b) Approximation de l'arbre vasculaire par seuillage.

FIGURE 2.28: Transformation par chapeau haut de forme et approximation du réseau vasculaire.

extraire le squelette vasculaire de la LPE, Walter (2003) a utilisé un critère de contraste pour éliminer les fausses branches depuis la LPE.

L'objectif est de détecter uniquement les lignes de crête elles-mêmes. Pour cela, Bessaid *et al.* (2009) ont introduit un opérateur logique (AND) entre l'approximation du réseau vasculaire et la LPE, pour éliminer les bassins versants et les fausses lignes.

Avec cet algorithme, tous les vaisseaux ont été détectés, mis à part quelques petits vaisseaux ayant un contraste trop faible (figure 2.30b).

Un autre phénomène déplaisant : les erreurs aux bouts des vaisseaux. Beaucoup d'algorithmes proposés dans la littérature montrent également des inexacitudes 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 le nombre de points de bifurcations extraits des gros vaisseaux est généralement suffisant pour la comparaison des signatures.

On remarque aussi dans la figure 2.30b, 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 2.30b) est assez 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, la sélection du périmètre, puis une soustraction de ce contour depuis l'image du squelette. Le résultat final du squelette est

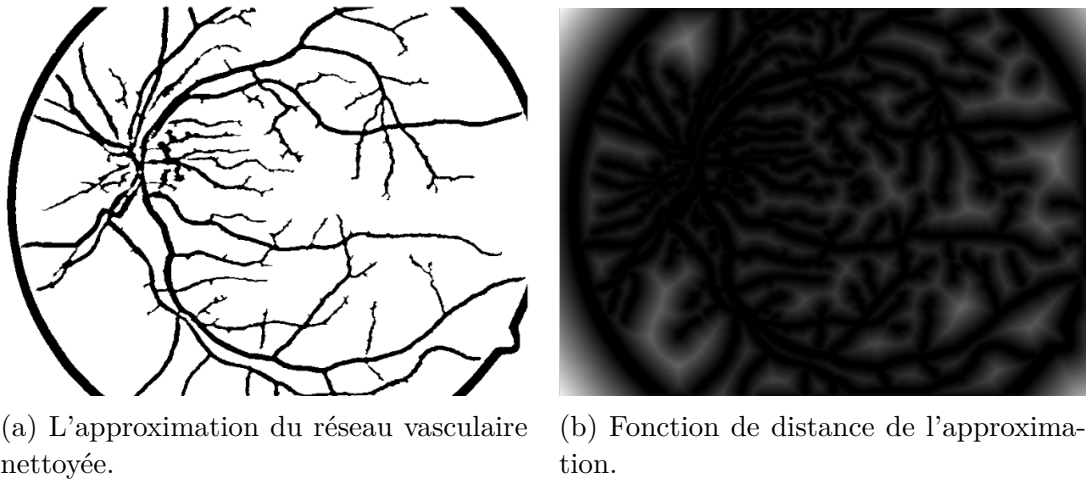


FIGURE 2.29: L'image de distance et l'image marqueur.

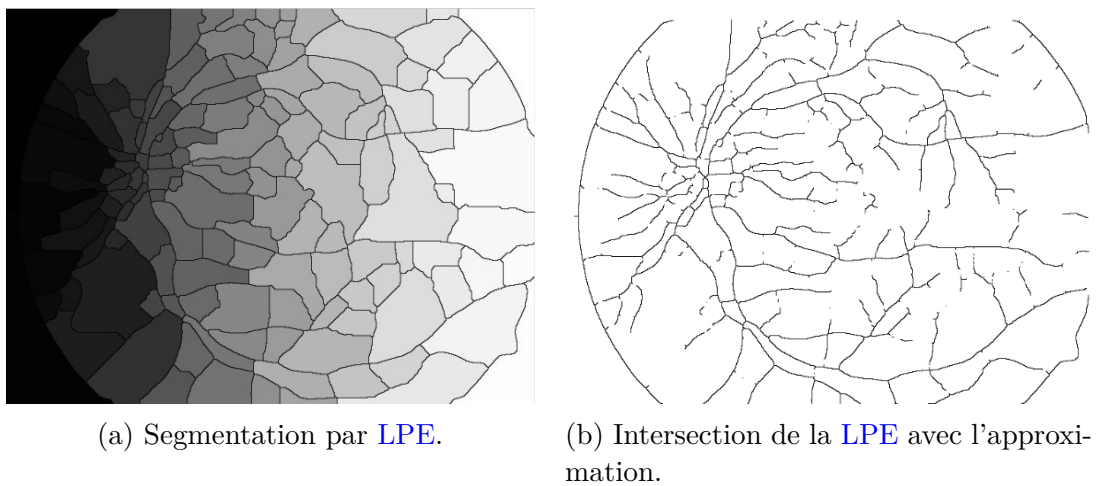
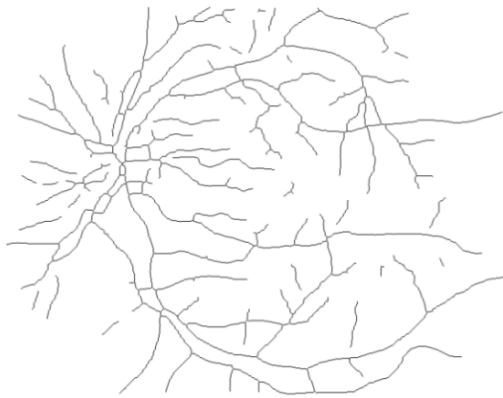


FIGURE 2.30: LPE et intersection avec l'approximation.

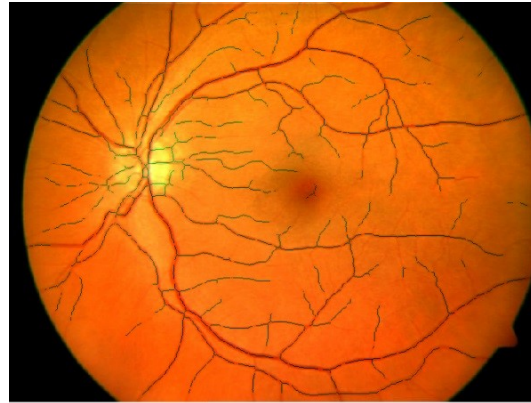
montré dans la figure 2.31.

On peut, finalement, dire que l'algorithme de détection de l'arbre vasculaire basé sur la LPE contrôlée par marqueur, est un algorithme robuste et donne des résultats fiables que ce soit pour des images bien contrastées (figure 2.32b), ou pour des images de très faible contraste (figure 2.32d).

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

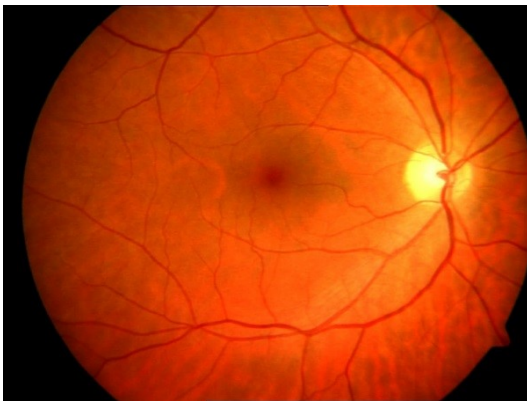


(a) Squelette du réseau vasculaire obtenu par l'algorithme d'extraction.

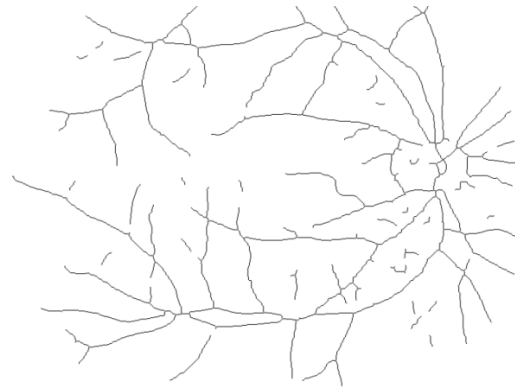


(b) Superposition du squelette sur l'image originale.

FIGURE 2.31: Résultat final de l'algorithme d'extraction du squelette vasculaire.



(a) Image bien contrastée (Farnell, 2006).



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



(c) Image peu contrastée (Farnell, 2006).



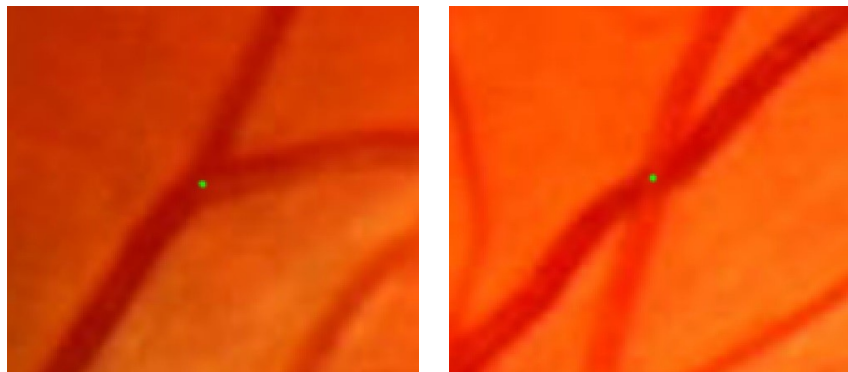
(d) Résultat de l'extraction de l'arbre.

FIGURE 2.32: Résultat de l'algorithme d'extraction du squelette des images rétinienne à différents contrastes.

2.4 Extraction des points caractéristiques

Comme nous l'avons précisé auparavant, le modèle biométrique de notre système de reconnaissance est basé sur la position des points de bifurcation et de croisement des branches. Cette caractéristique est unique et difficile, voire impossible, à reproduire. Il a aussi été démontré (Tower, 1955), que ce modèle 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 modèle. Quelques petites lésions (exsudats, ou micro-anévrismes) peuvent apparaître mais sont facilement évitées avec les algorithmes d'extractions du réseau vasculaire. Basée sur l'idée des minuties des empreintes digitales, un modèle fiable est présenté ici, où un ensemble de bornes limites sont utilisées comme points caractéristiques.

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 modèle 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 des modèles est réduit à un problème de comparaison de points et une mesure de similarité va être calculée à base du nombre de points similaires entre deux ensembles. Un point de bifurcation est le point où se divise un vaisseau rétinien en deux autres petits vaisseaux (figure 2.33a). 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 2.33b).



(a) Point de bifurcation.

(b) Point de croisement.

FIGURE 2.33: Exemples des points de bifurcation et de croisement.

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 à former une signature biométrique.

2.4.1 Principe

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 (Jlassi et Hamrouni, 2005; Petsatodis *et al.*, 2006; Bhuiyan *et al.*, 2007; Villalobos-Castaldi et Felipe-Riverón, 2009; Islam *et al.*, 2009; Bessaid *et al.*, 2009), 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.

2.4.2 Algorithme d'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 2.34a, les points de bifurcation ont une forme en Y, ou en T (figure 2.34b). 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 2.34c).

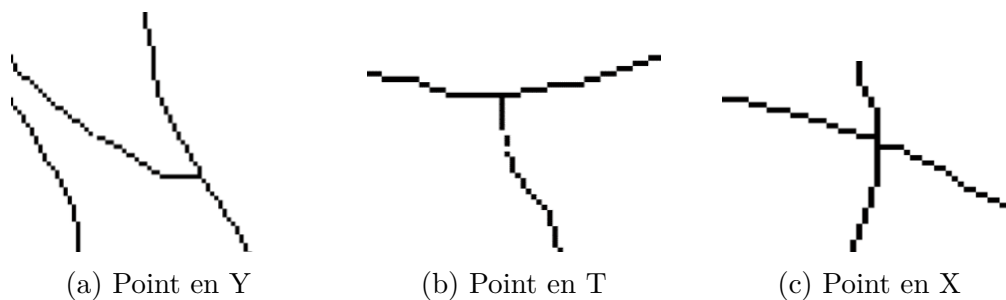


FIGURE 2.34: Exemples des formes de points caractéristiques.

Pour localiser ces points sur le squelette vasculaire, il suffit de détecter toutes les structures en X, Y, et T. Pour cela, nous avons appliqué une transformation morphologique connue sous le nom de « *Hit-or-Miss* » (Soille, 2004).

La transformation hit-or-miss est un outil de base pour la détection de formes ou la reconnaissance de motifs. En effet, presque toutes les autres opérations morphologiques, telles que l'amincissement, la squelettisation et l'ébarbulage, peuvent en être dérivées. *hit-or-miss* est une opération qui sert à sélectionner des sous-images qui présentent certaines propriétés. Comme son nom l'indique, il s'agit d'une combinaison de deux transformations (érosions) et est quelque peu similaire à l'appariement des modèles, où une entrée est corrélée avec un modèle ou un masque qui contient la sous-image d'intérêt (Zhou *et al.*, 2010).

Cette transformation permet de détecter une configuration donnée dans une image binaire A , en utilisant un opérateur morphologique d'érosion \ominus et une paire $B(B_1, B_2)$ d'éléments structurants disjoints. Elle est définie par :

$$A \otimes B = (A \ominus B_1) \cap (A^c \ominus B_2) \quad (2.16)$$

où A^c est le complément (ou l'arrière plan) de l'objet A .

L'opération est effectuée en appliquant une intersection de l'érosion de l'image A par l'élément structurant B_1 et l'érosion du complément A^c par l'élément structurant B_2 .

Par exemple, la paire d'éléments de structure pour la détection du coin supérieur gauche dans une figure peut également être décomposée comme suit :

$$B = \begin{array}{|c|c|c|} \hline 0 & 0 & X \\ \hline 0 & 1 & 1 \\ \hline X & 1 & X \\ \hline \end{array} \quad B_1 = \begin{array}{|c|c|c|} \hline & & \\ \hline & 1 & 1 \\ \hline & 1 & \\ \hline \end{array} \quad B_2 = \begin{array}{|c|c|c|} \hline 1 & 1 & \\ \hline 1 & & \\ \hline & & \\ \hline \end{array}$$

Un exemple, utilisé pour trouver un coin d'angle droit dans une image binaire, est illustré à la figure 2.35.

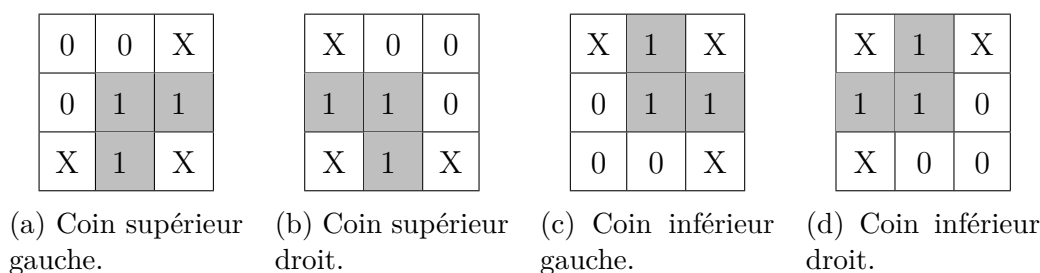


FIGURE 2.35: Exemple de quatre éléments structurants pour trouver des points d'angle droit dans une image binaire en utilisant une transformation *hit-or-miss*.

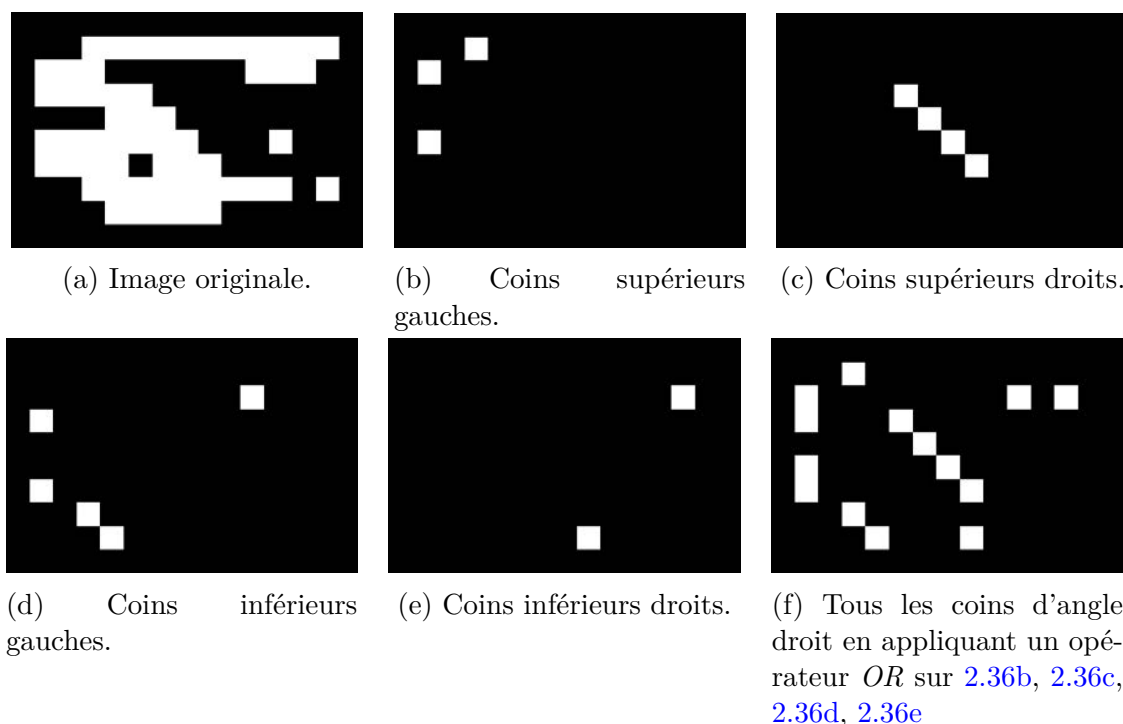


FIGURE 2.36: Exemple d'utilisation des de la transformation *hit-or-miss* pour trouver des coins d'angle droit dans une image.

La *hit-or-miss* est obtenue en tradant le centre de l'élément structurant à tous les points de l'image, puis en comparant les pixels de l'élément de structure avec les pixels sous-jacents de l'image. Si les pixels de l'élément structurant correspondent exactement aux pixels de l'image, le pixel d'image sous le centre de l'élément structurant

est réglé sur la couleur du premier plan, indiquant un « *hit* » (rencontre). Si les pixels ne correspondent pas, alors ce pixel est réglé sur la couleur d'arrière-plan, indiquant un « *miss* » (ratage). Les X de l'élément structurant correspondent à des 0 ou des 1 qui n'ont aucune importance. Lorsque l'élément de structure chevauche le bord d'une image, cela serait généralement considéré comme un « *miss* ». Un exemple de détection d'angle droit en utilisant la transformation *hit-or-miss* est illustré dans la figure 2.36.

Afin de détecter les points de bifurcation et de croisement des branches du réseau vasculaire rétinien, nous devons appliquer les éléments structurants suivants :

— Pour les formes en **Y** :

$$B_1 = \begin{array}{|c|c|c|} \hline 1 & & 1 \\ \hline & 1 & \\ \hline & 1 & \\ \hline \end{array}, \quad B_2 = \begin{array}{|c|c|c|} \hline & 1 & \\ \hline 1 & & 1 \\ \hline 1 & & 1 \\ \hline \end{array} \quad \text{donc } B = \begin{array}{|c|c|c|} \hline 1 & 0 & 1 \\ \hline 0 & 1 & 0 \\ \hline 0 & 1 & 0 \\ \hline \end{array},$$

et sept (07) autres configurations obtenues par des rotations de $\frac{\pi}{4}$ montrés dans la figure 2.37.

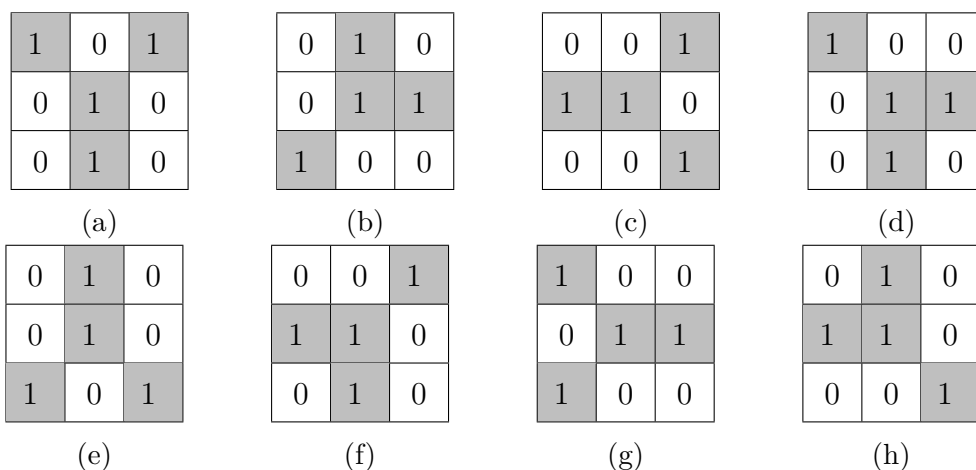


FIGURE 2.37: Les éléments structurants pour la détection des points de bifurcations en Y.

— Pour les formes en **T** :

$$B_1 = \begin{array}{|c|c|c|} \hline & & \\ \hline 1 & 1 & 1 \\ \hline & 1 & \\ \hline \end{array}, \quad B_2 = \begin{array}{|c|c|c|} \hline 1 & 1 & 1 \\ \hline & & \\ \hline 1 & & 1 \\ \hline \end{array} \quad \text{donc } B = \begin{array}{|c|c|c|} \hline 0 & 0 & 0 \\ \hline 1 & 1 & 1 \\ \hline 0 & 1 & 0 \\ \hline \end{array},$$

et sept (07) autres configurations obtenues par des rotations de $\frac{\pi}{4}$ montrés dans la figure 2.38.

— Et pour les formes en **X** :

$$B_1 = \begin{array}{|c|c|c|} \hline 1 & & 1 \\ \hline & 1 & \\ \hline 1 & & 1 \\ \hline \end{array}, \quad B_2 = \begin{array}{|c|c|c|} \hline & 1 & \\ \hline 1 & & 1 \\ \hline & 1 & \\ \hline \end{array} \quad \text{donc } B = \begin{array}{|c|c|c|} \hline 1 & 0 & 1 \\ \hline 0 & 1 & 0 \\ \hline 1 & 0 & 1 \\ \hline \end{array},$$

et une (01) autre configuration obtenue par une rotation de $\frac{\pi}{4}$ montrés dans la figure 2.39.

Nous appliquons cette série de transformations avec les 18 configurations possibles sur le squelette de l'arbre vasculaire issu de l'étape précédente, et nous obtenons en sor-

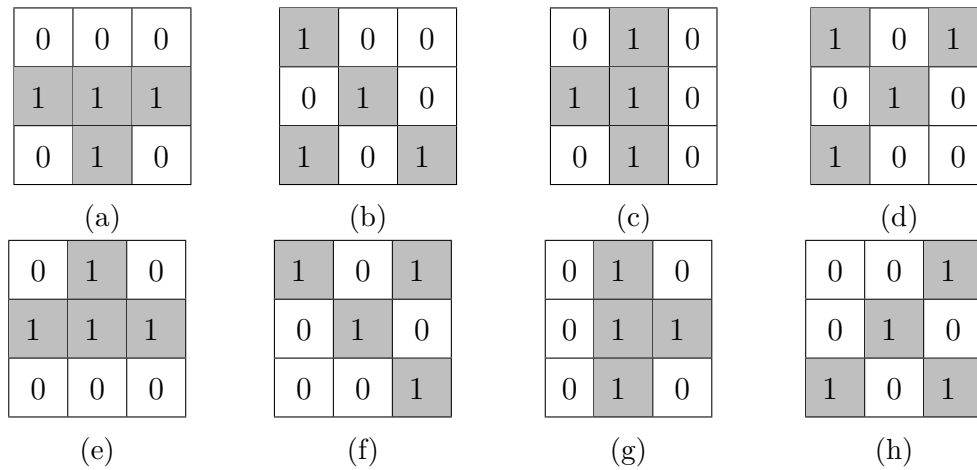


FIGURE 2.38: Les éléments structurants pour la détection des points de bifurcations en T.



FIGURE 2.39: Les éléments structurants pour la détection des points de bifurcations en X.

tie une image binaire contenant uniquement des points de bifurcation et de croisement comme montré dans la figure 2.40.

On remarque dans la figure 2.40c, que la plupart des points de bifurcation ont été détectés, mis à part quelques points qui ont été ratés par l'algorithme à cause de la mauvaise précision du squelette dans quelques régions (surtout à la fin des petits vaisseaux).

Pour obtenir un nombre suffisant de points de bifurcation et de croisement, il faut extraire l'arbre vasculaire avec la meilleure précision possible. Plus le réseau est net et précis, plus les points de bifurcation sont facilement repérable.

Les coordonnées cartésiennes (x, y) de la projection sur les axes du plan de l'image sont utilisées pour former la signature biométrique.

En plus des points de bifurcation et de croisement des branches, il est également nécessaire de détecter la position du disque optique et de la macula dans l'image rétinienne. Cette information pourrait servir dans le processus de recalage automatique des images. Ce sujet sera abordé plus en détail dans le chapitre suivant.

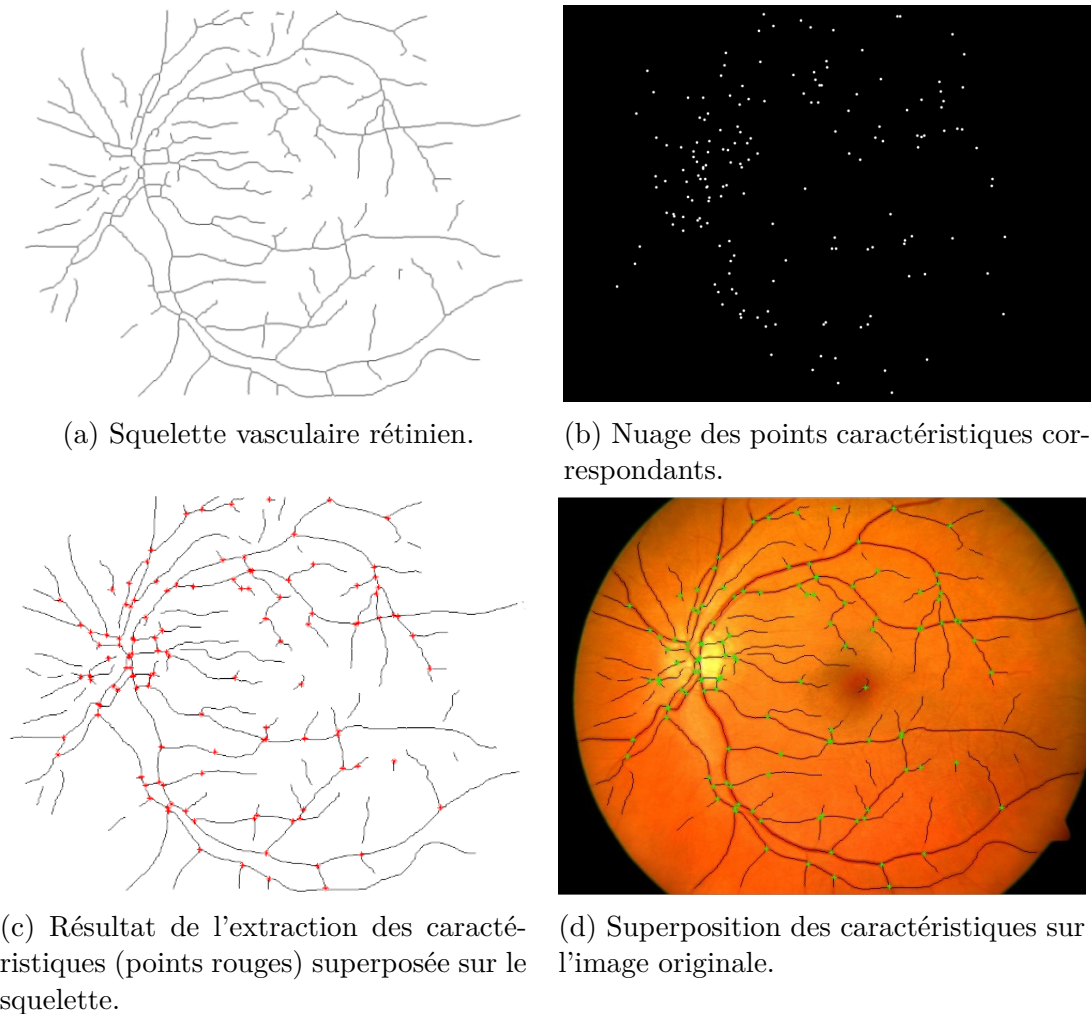


FIGURE 2.40: Exemple d'extraction des points caractéristiques.

2.5 Signature biométrique

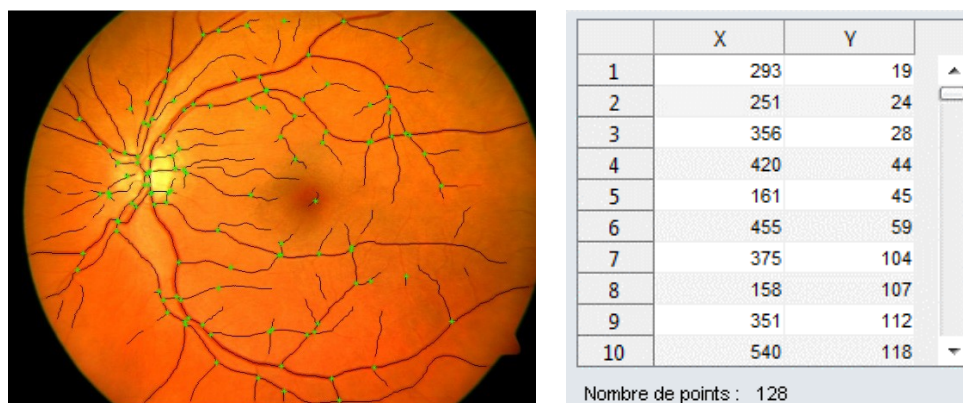
Une fois les caractéristiques extraites, il ne nous reste plus qu'à générer la signature biométrique.

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

Dans notre système biométrique, la signature va contenir les coordonnées cartésiennes (x, y) dans le repère de l'image des points de bifurcations et de croisements extraits précédemment.

La signature biométrique, que nous utiliserons pour l'identification dans le chapitre suivant, n'est autre que le vecteur des coordonnées (x, y) de chaque point de bifurcation détecté dans l'image. La taille du vecteur correspond au nombre de points de bifurcations et de croisements (figure 2.41).

Les coordonnées cartésiennes (x, y) des points caractéristiques sont des projections dans le repère de l'image, ayant pour origine le coin supérieur gauche, l'axe horizontal (dirigé vers la droite) comme axe des abscisses et l'axe vertical (dirigé vers le bas) comme axe des ordonnées. Par exemple, dans des images d'une taille de 768×576 pixels, ce sont des valeurs entières non signées (positives) qui ne dépassent pas 768. Un espace mémoire de 10 bits est suffisant pour coder chaque valeur. Comme les systèmes



(a) Points caractéristiques de l'image rétinienne.

(b) Échantillon du vecteur des coordonnées (x, y) .

FIGURE 2.41: Exemple d'une signature biométrique.

de codages binaires utilisent des types d'entiers de taille multiple de 8, au lieu de 10 bits, il faudra 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, le nombre de points caractéristiques pouvant être localisé ne dépasse généralement pas les 400 points.

En conclusion, la taille maximale d'une signature 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 600 Ko environ. La taille d'une image binaire de l'arbre vasculaire est d'environ 80 Ko. 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.

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

2.6 Conclusion

Nous avons présenté dans ce chapitre les différentes étapes de l'algorithme d'extraction des caractéristiques, depuis le pré-filtrage et l'amélioration des images rétiniennes jusqu'à l'établissement de la signature biométrique. Une transformation par LPE contrôlée par un marqueur a été utilisée pour l'extraction du squelette vasculaire. Puis, une transformation de voisinage a été appliquée sur ce squelette pour la détection des points de bifurcation et de croisement des branches. Finalement, nous avons constitué un vecteur 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 parties de l'algorithme 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 du dernier chapitre. Mais avant cela, nous allons voir d'abord comment recalibrer les modèles obtenus pour pouvoir les comparer et décider de leur correspondance à l'aide d'une mesure de similarité.

Le prochain chapitre concerne le recalage automatique des images rétiniennes qui permettra d'aligner les nuages de points pour pouvoir les comparer et calculer le degré de similarité.

Chapitre 3

Recalage et comparaison des images

*« Ne demandez jamais quelle est
l'origine d'un homme ;
interrogez plutôt sa vie et vous
serez ce qu'il est. »*

L'Émir Abd El-Kader

Sommaire

3.1	Introduction	62
3.2	Recalage automatique	62
3.2.1	Types de recalage	63
3.2.2	Modèle de transformation	65
3.2.3	Algorithmes de recalage	68
3.3	Approches proposées	70
3.3.1	Recalage guidé par des points de contrôle	70
3.3.2	Recalage automatique par ICP	82
3.4	Comparaison des signatures	88
3.4.1	Algorithme de comparaison	89
3.5	Conclusion	90

3.1 Introduction

Après avoir vu comment extraire les caractéristiques de la rétine et former la signature biométrique à partir des coordonnées des point de bifurcation et de croisement des branches du réseau vasculaires, nous voilà au cœur de notre thématique ; il est temps de parler de la comparaison des signatures.

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.

La présentation du recalage et la description de la méthode utilisée dans notre algorithme d'identification, feront l'objet de la première partie de ce chapitre. Puis, nous entamerons la procédure de comparaison des patterns recalés. Cette procédure connue sous le nom 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.

3.2 Recalage automatique

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 présenté par [Malandain \(2006\)](#), 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} que :

$$T(M) = M + u(M) \quad (3.1)$$

avec u : le champ de déformation.

De nombreux articles, tels que celui de [Brown \(1992\)](#) et [Maintz et Viergever \(1998\)](#), dressent un état de l'art des méthodes de recalage existantes, qui a été complété par [Zitova et Flusser \(2003\)](#). 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.

3.2.1 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 :

3.2.1.1 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 ([Orchard et al., 2003](#)).

TABLEAU 3.1: Classement des applications selon leur type de recalage

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

3.2.1.2 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'exams différents (Sarrut, 2000).

3.2.1.3 Recalage monomodal inter-patient

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 (Barillot, 1999).

3.2.1.4 Recalage multimodal inter-patient

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 (Zana

et Klein, 1999a).

Le tableau 3.1, 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 type de recalage utilisé pour la comparaison des images rétinienne est un recalage de monomodal/inter-patients car il s'agit de racaler des images de la même modalité (rétine) mais de personnes différentes.

3.2.2 Modèle de transformation

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.

Différents types de transformations ont été trouvées dans la littérature (Cideciyan, 1995; Zitova et Flusser, 2003); 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).

Nous présentons, brièvement, quelques 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).

3.2.2.1 Les transformations linéaires

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

Δx : la distance de translation sur l'axe des abscisses.

Δy : la distance de translation sur l'axe des ordonnées.

θ : l'angle de rotation dans l'espace 2D.

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

a) Transformation rigide (isométrie)

Cette transformation combine des rotations et des translations, elle préserve toutes les caractéristiques géométriques (les angles, les surfaces et les longueurs,...) (figure 3.1). On ne fait que déplacer l'objet dans l'espace, en supposant qu'il ne se déforme pas (3 paramètres en 2D : Δx , Δy pour la translation et l'angle θ pour la rotation). Elle peut être calculée avec 2 points de contrôle.

Dans ce cas, $T(M)$ peut s'écrire :

$$T(M) = RM + t \quad (3.2)$$

où R est une matrice 3×3 de rotation (matrice de 9 éléments ne dépendant que des 3 paramètres de rotation) et t un vecteur de translation.

b) Transformation de similitude

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 3.2). (4 paramètres en 2D :

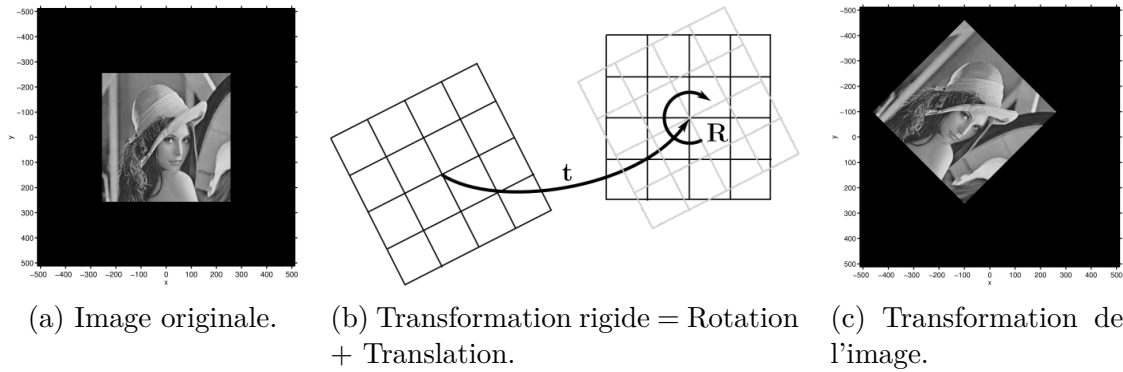


FIGURE 3.1: Transformation rigide (isométrie).

Δx , Δy pour la translation, l'angle θ de rotation et s le facteur de la mise à l'échelle). Elle peut être calculée avec 2 points de contrôle.

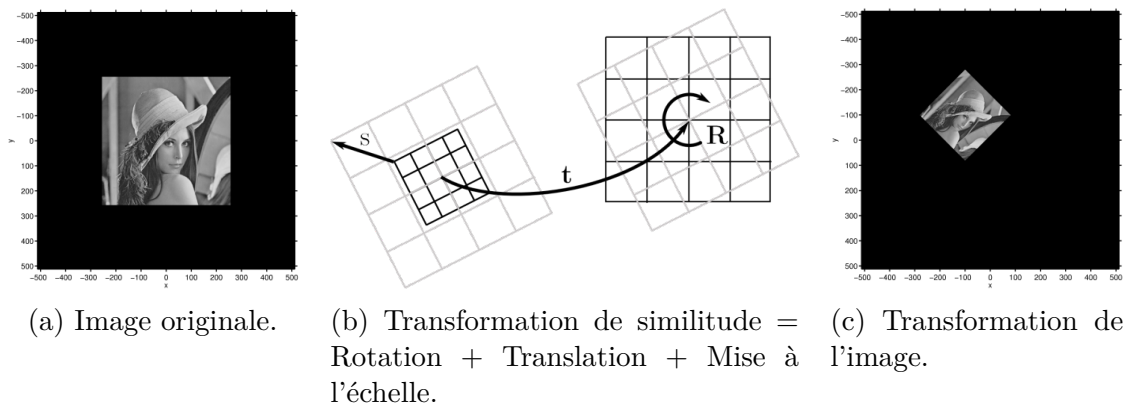


FIGURE 3.2: Transformation de similitude.

Dans ce cas, $T(M)$ peut s'écrire :

$$T(M) = sRM + t \quad (3.3)$$

où s est le facteur d'échelle, R une matrice de rotation et t un vecteur translation.

c) Transformation affine

On peut avoir ainsi des transformations de type : torsion, cisaillement. Le parallélisme, les rapports de surfaces et de longueurs, les coordonnées barycentriques sont conservées (figure 3.3). (6 paramètres en 2D : 4 pour la matrice de transformation linéaire non-singulière A (rotation, redimensionnement et inclinaison) et Δx , Δy pour la translation). Trois points de contrôle sont nécessaires pour la calculer.

Dans ce cas, $T(M)$ peut s'écrire :

$$T(M) = AM + t \quad (3.4)$$

où A est une matrice 3×3 quelconque (les 9 éléments de la matrice sont autant de degrés de liberté) et t est un vecteur translation.

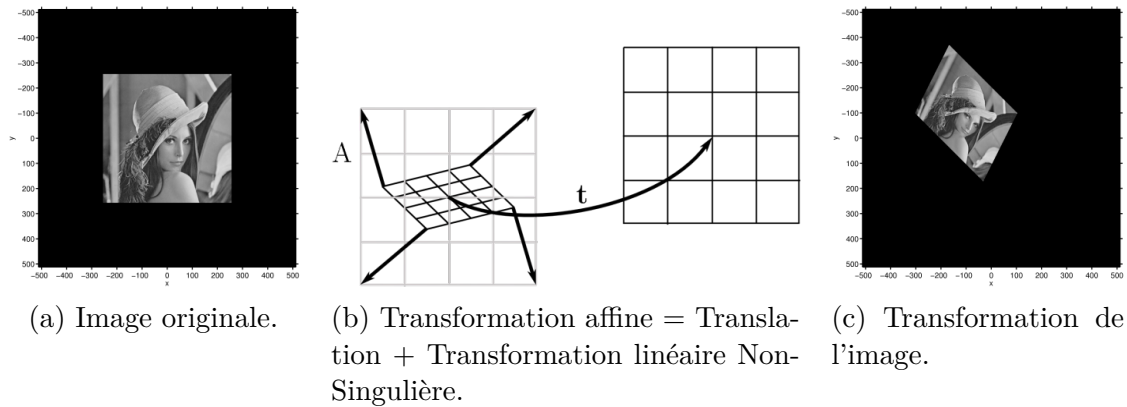


FIGURE 3.3: Transformation affine.

d) Transformation projective

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 3.4). On distingue les projections parallèles et les projections perspectives : le modèle le plus utilisé est le modèle sténopé.

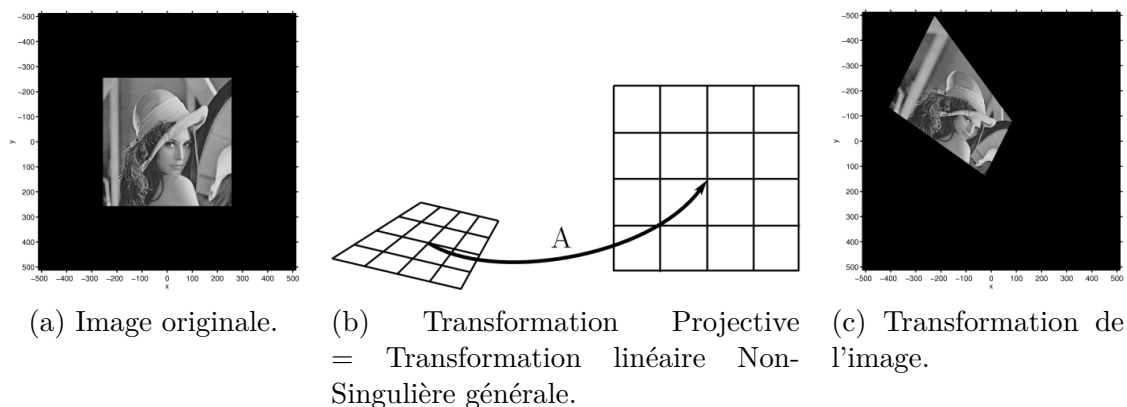


FIGURE 3.4: Transformation projective

Dans ce cas, $T(M)$ peut s'écrire :

$$T(M) = P(RM + t) \quad (3.5)$$

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.

3.2.2.2 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.

a) 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.

b) Transformation libre

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 3.5).

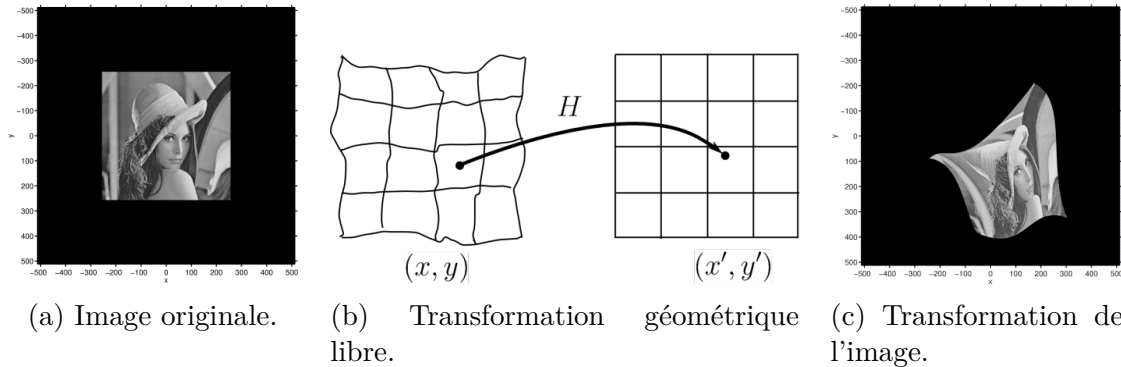


FIGURE 3.5: Transformations libres.

Dans ce cas, $T(M)$ peut s'écrire :

$$T(M) = M + u(M) \quad (3.6)$$

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 (Maintz et Viergever, 1998).

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.

3.2.3 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 recalcr les images rétiniennes. 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.

La plupart des algorithmes utilisés pour le recalage des images rétiniennes sont basés sur des méthodes point-à-point. Il en existe trois sortes dans la littérature (Bondiau, 2004) :

3.2.3.1 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 rétiniennes pour les mettre en correspondance. L'algorithme de recalage utilisera alors ces paires comme points de contrôle.

3.2.3.2 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 précédent), par la suite l'opérateur sélectionne les paires similaires dans les deux images qui vont guider le recalage.

3.2.3.3 Algorithmes de recalage automatique

Les deux algorithmes précédents ne conviennent pas au recalage d'images dans un système de reconnaissance automatique. Ceci est dû à la nécessité d'une intervention d'un opérateur pour la sélection des points de contrôle.

La plupart des travaux sur la rétine (Hart et Goldbaum, 1994; Cideciyan, 1995; Zana et Klein, 1999a; Chen *et al.*, 2015) 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.

Zana et Klein (1999b) ont appliqué un algorithme pour le recalage des images d'angiographies à la fluorescéine. Cet algorithme intègre une transformation affine spéciale dite « des minima carrés » et une transformation bayésienne de *Hough* pour la comparaison des points.

Ortega *et al.* (2006) ont utilisé 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 (Hart et Goldbaum, 1994; Petsatodis *et al.*, 2006; Latha *et al.*, 2010), 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/algorithmes), 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.

Dans un premier temps, 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, particulièrement pour les images rétiniennes de bonne qualité.

3.3 Approches proposées

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.

3.3.1 Recalage guidé par des points de contrôle

Dans notre travail effectué en 2013, l'idée de départ consistait à recalibrer les images rétiniennes en utilisant une transformation simple telle que la transformation de similitude ("*Similarity Transformation*" (ST)), qui est un cas particulier de la géométrie affine. Dans le cas d'un recalage d'images avec de faibles variations géométriques, la ST donne de bons résultats. Ce modèle de transformation est très efficace et répond parfaitement aux besoins d'un système de reconnaissance d'images rétiniennes. Elle peut modéliser la translation ($\Delta x, \Delta y$), la rotation (θ) et le facteur (S) de mise à l'échelle (« *Scaling* »). Elle est définie comme suit :

$$\begin{pmatrix} x_b \\ y_b \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \Delta x & S \cos \theta & -S \sin \theta \\ \Delta y & S \sin \theta & S \cos \theta \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1 \\ x_r \\ y_r \end{pmatrix} \quad (3.7)$$

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 recalibrer.

Comme précédemment décrit dans ce chapitre, la ST nécessite deux points de contrôle pour calculer ses 4 paramètres. Nous avons, donc pensé à utiliser 2 points caractéristiques propres à la rétine : le fovéa (centre de la macula) et le centre de la papille (disque optique) (voir figure 3.6).

Pour ce faire, il est nécessaire de localiser ces points dans les deux images à comparer.

3.3.1.1 Détection des points de contrôle

a) Le disque optique (papille)

La papille est un élément principal de la rétine ; sa détection est essentielle pour un système d'analyse de clichés rétiniens. Beaucoup d'algorithmes de détection de lésions se basent aussi sur la détection de la papille, parce qu'elle permet de dépister et de suivre l'évolution des maladies.

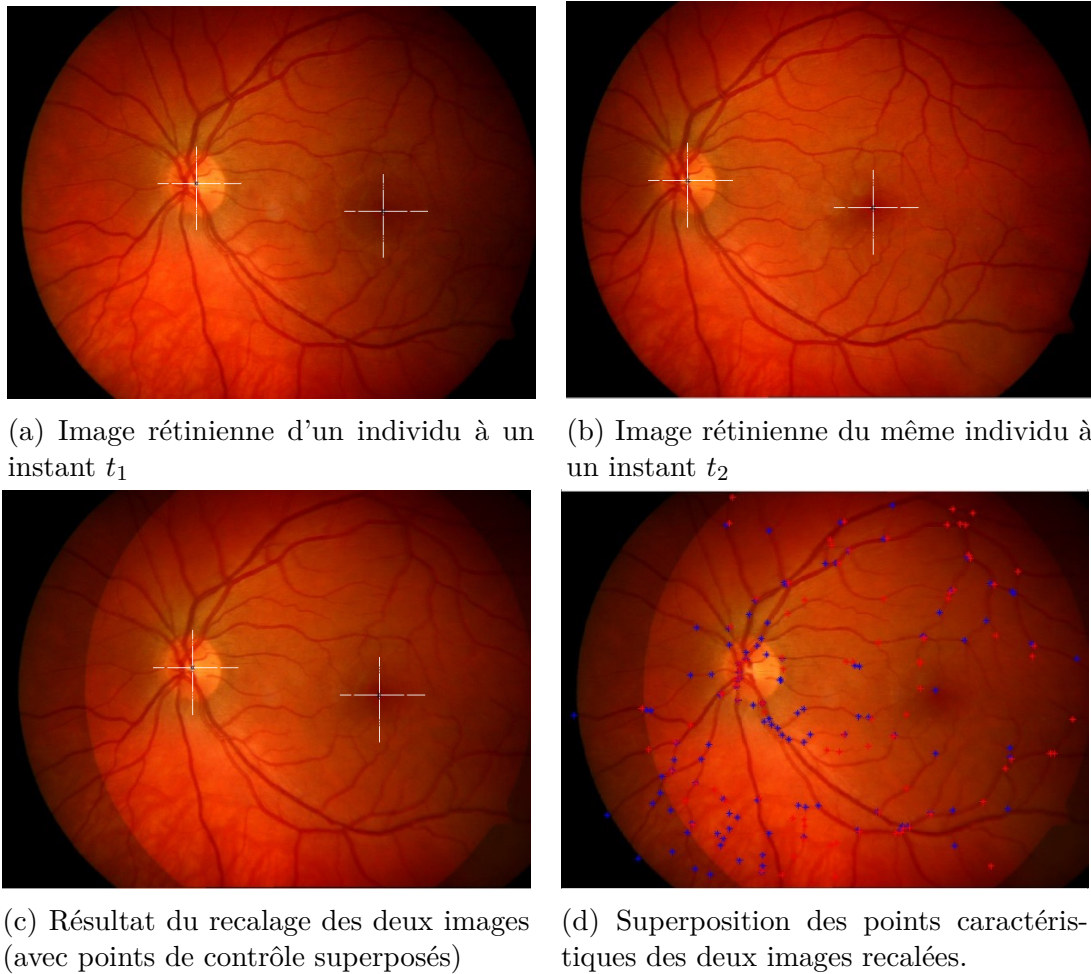


FIGURE 3.6: Exemple de recalage de deux images rétinienne d'une même personne à deux instants différents guidé par des points de contrôle.

En conséquence, il est possible d'utiliser cet élément comme point de référence dans le contrôle du recalage des images rétiniennes.

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 rétiniennes, 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 768×576 pixels. La papille est caractéristique par un fort contraste entre les vaisseaux sortants et la couleur jaune de la papille elle-même.

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 3.7, des différences dans l'apparence de la papille peuvent être observées. La papille montrée dans la figure 3.7a est bien contrastée, presque circulaire et de couleur jaune. C'est un objet très clair et sa détection, même avec des méthodes très

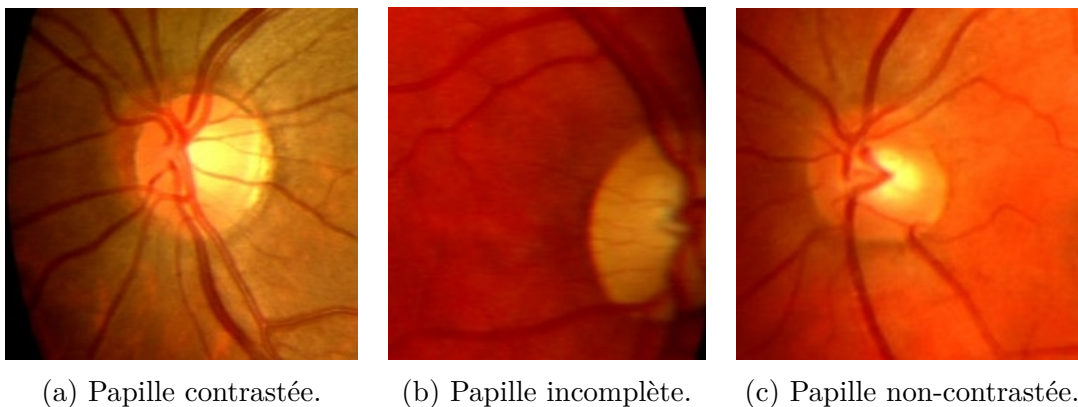


FIGURE 3.7: Exemples de papilles.

basiques, ne devrait pas poser beaucoup de problèmes. Dans la figure 3.7b, 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 3.7c a un très faible contraste : elle est à peine plus claire que ses alentours et ses contours se laissent juste deviner.

Beaucoup de méthode de détection de la papille existent dans la littérature. [Sinthanayothin *et al.* \(1999\)](#) ont proposé une approche qui localise 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. [Tamura *et al.* \(1988\)](#) ont utilisé un seuil par surface pour trouver le disque optique. Les contours sont ensuite détectés à l'aide de la transformation de »*Hough* ([Illingworth et Kittler, 1988](#)). 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 par [Pinz *et al.* \(1998\)](#) : 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 le travail de [Akita et Kuga \(1982\)](#), 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.

La méthode de [Mendels *et al.* \(1999\)](#) consiste à trouver les contours du disque optique 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.

[Osareh *et al.* \(2002\)](#) ont comparé 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.

[Walter \(2003\)](#) 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.

Nous avons opté pour ce dernier algorithme car il permet de détecter le contour de la papille. Le barycentre de la papille est alors calculé pour servir de point de contrôle

du recalage des images.

i) Algorithme de détection 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 B), 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). 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.

$$\nu(x) = \begin{cases} t_{max}, & \text{si } x \in V \\ t_{min}, & \text{si } x \notin V \end{cases} \quad (3.8)$$

$$l_1 = R_{f_l}(\delta^{sB}\nu \wedge f_l) \quad \text{avec } s = 5 \quad (3.9)$$

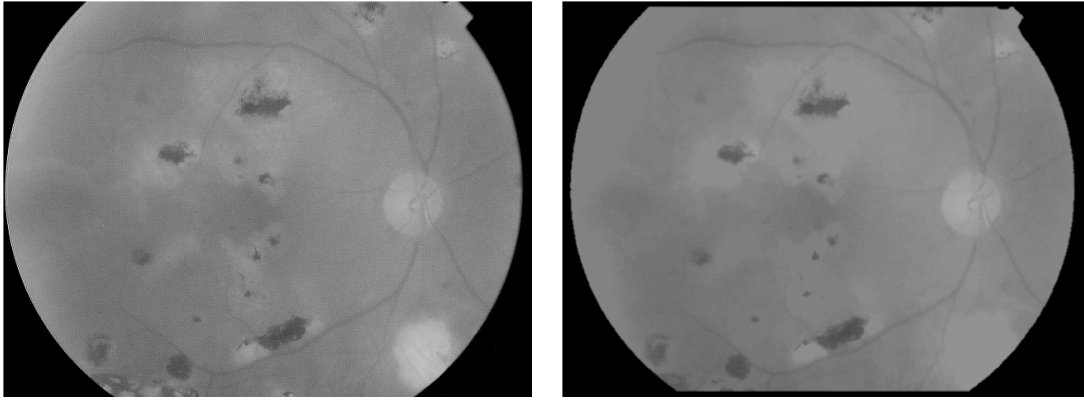
En effet, le réseau vasculaire doit être dilaté parce qu'il faut marquer les parties claires de la papille : ces parties sont à proximité du réseau vasculaire, mais elles ne contiennent évidemment pas de vaisseaux. Il est préférable de ne pas utiliser tout le réseau vasculaire V tel qu'il est extrait 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 3.8 : l'atrophie en bas à droite de l'image de la figure 3.8a est enlevée dans la figure 3.8b, 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 par Tamura *et al.* (1988); Walter et Klein (2001); Walter *et al.* (2002), la présence d'une telle structure aurait causé l'échec de l'algorithme de localisation.

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 :

$$L_1 = T_{[\alpha, t_{max}]}(l_1) \quad \text{avec } \alpha \text{ tel que } \#L_1 \geq K \quad (3.10)$$

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 :



(a) La luminosité d'une image rétinienne contenant une atrophie (en bas à droite). (b) La reconstruction à partir des vaisseaux.

FIGURE 3.8: La reconstruction de l'image à partir des vaisseaux. (Walter, 2003)

$$L \in \mathcal{C}(L_1) \quad \text{avec } \forall A \in \mathcal{C}(L_1) : \#L > \#A \quad (3.11)$$

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.

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 3.9a 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 3.9b et 3.9c (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 3.9: La décomposition en RVB de la région papillaire dans une image couleur. (Walter, 2003)

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.

Par la suite, f_r notera une sous-image du canal rouge centrée sur 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 **LPE**. 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 $\sigma = 4$) :

$$p_1 = \Gamma * f_r \quad (3.12)$$

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 768×576 , de bons résultats ont été obtenus pour $s_1 = 8$:

$$p_2 = \phi^{(s_1 B)}(p_1) \quad (3.13)$$

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 figures 3.9b et 3.9c). 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 :

$$p_3 = R_{p_2}(\varepsilon^{(s_2 B)}(p_2)) \quad (3.14)$$

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 :

$$\rho p_3 = \delta^{(B)}(p_3) - \varepsilon^{(B)}(p_3) \quad (3.15)$$

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 3.10d.

$$m(x) = \begin{cases} \rho p_3, & \text{si } x \in \{c\} \cup \text{Cercle}(c) \\ t_{max}, & \text{si } x \notin \{c\} \cup \text{Cercle}(c) \end{cases} \quad (3.16)$$

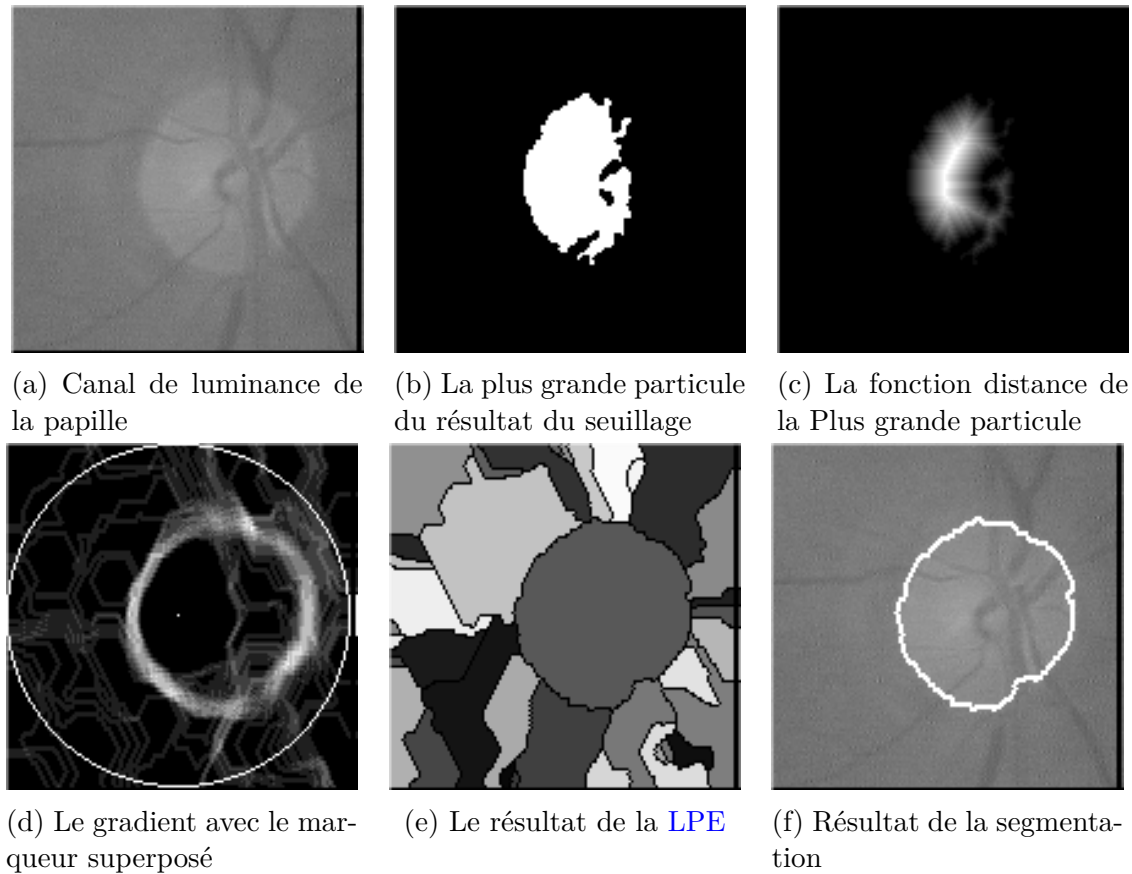


FIGURE 3.10: L'algorithme de détection des contours de la papille. (Walter, 2003)

Ensuite la LPE est calculée et les bassins versants sont déterminés (comme il est illustré dans la figure 3.10e). La papille correspond au bassin versant qui contient c :

$$P_{fin} = BV_i [R_{pp_3}^*(m)] \quad \text{avec } c \in BV_i \quad (3.17)$$

Le résultat de l'algorithme est montré dans la figure 3.10f.

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.

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 :

$$P_x = \frac{\sum_1^{\#P_{fin}} x_i}{\#P_{fin}} \quad \text{et} \quad P_y = \frac{\sum_1^{\#P_{fin}} y_i}{\#P_{fin}} \quad \text{avec } p_i(x_i, y_i) \in P_{fin} \quad (3.18)$$

Le deuxième point de contrôle du recalage est le centre de la macula (fovéa).

b) 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 rétinienne. 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 rétinienne 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 [Akita et Kuga \(1982\)](#) 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 768×576 . Le contraste de la tache sombre est également très varié : dans les images montrées dans la figure 3.11, cette différence de contraste est bien apparente. Dans la figure 3.11a, la tache est bien contrastée, alors que dans la figure 3.11b, 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.

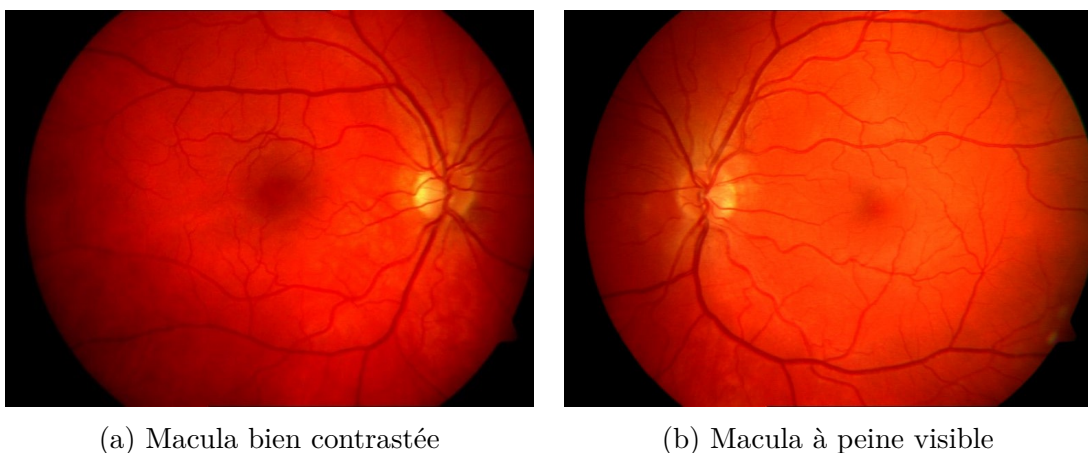


FIGURE 3.11: Les différences de contraste de la macula dans les images rétinienne. ([Farnell, 2006](#))

Malgré l'importance de la détection automatique de la macula, elle ne fait pas le

sujet de beaucoup de publications. Dans leur travail (Gagnon *et al.*, 2001), 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 les travaux de Ibañez et Simó (1999) et de Zana (1999), les auteurs ont cherché 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.

Pinz *et al.* (1998) ont proposé 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.

Walter (2003) 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.

i) Algorithme de détection La première chose qu'à déterminé Walter (2003), 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 (Goldbaum *et al.*, 1996). 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 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 768×567) comme montré dans la figure 3.12a.

Considérons maintenant l'intersection de l'arbre vasculaire V avec ce cercle (voir aussi la figure 3.12b) : 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 » :

$$B = C_i \in \mathcal{C}(A \cap V^c) \quad \text{avec } \#C_i > \#C_j \quad \text{pour } i \neq j \quad (3.19)$$

avec $\mathcal{C}(\cdot)$ l'ensemble des composantes connexes. La composante connexe la plus grande est montrée dans la figure 3.12c. La distance entre la papille et la macula est entre

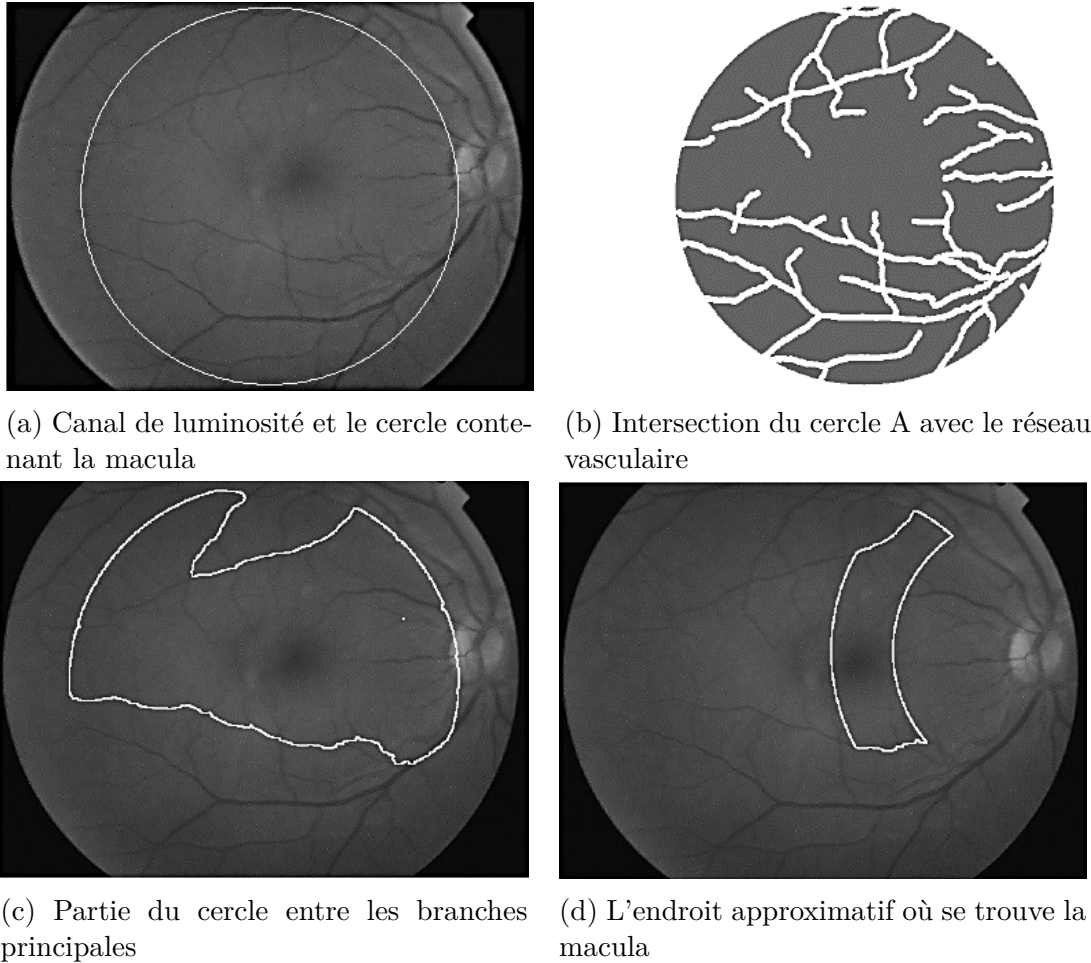


FIGURE 3.12: Marqueur pour segmenter la macula. (Walter, 2003)

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 3.12d.

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 (présentée dans l'annexe A) et le chapeau haut de forme associé, pour trouver la macula. D'abord, l'image est simplifiée par un filtrage avec une gaussienne et une fermeture morphologique :

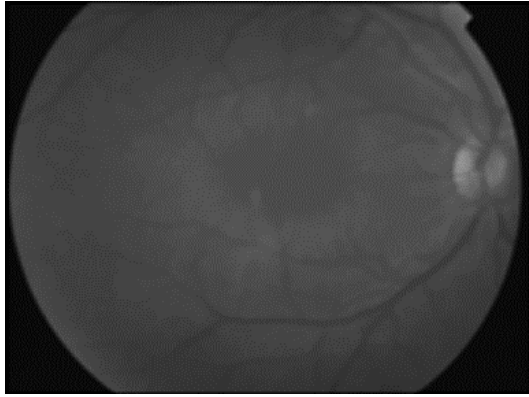
$$m_1 = \phi^{sB}(\Gamma * f_l) \quad (3.20)$$

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

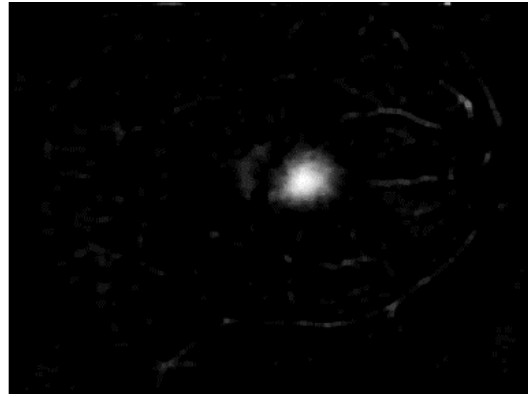
$$m_2 = \phi_\lambda^\circ(m_1) - m_1 \quad (3.21)$$

Le résultat de la fermeture par diamètre est montré dans la figure 3.13a : la macula est complètement « remplie ». Le chapeau haut de forme associé est montré dans la figure 3.13b.

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



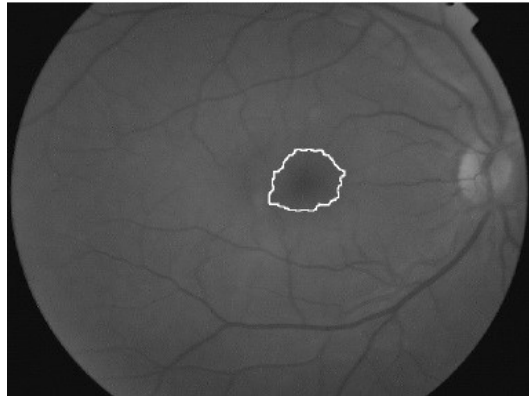
(a) Fermeture par diamètre du canal de luminance



(b) Le chapeau haut de forme associé



(c) Reconstruction du chapeau haut de forme à partir du marqueur



(d) Résultat de la segmentation

FIGURE 3.13: Détection de la macula. (Walter, 2003)

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 3.13c).

$$b(x) = \begin{cases} m_2(x), & \text{si } x \in B \\ t_{min}, & \text{si } x \notin B \end{cases} \quad (3.22)$$

$$m_3 = R_{m_2}(b) \quad (3.23)$$

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 :

$$M = C_i \in \mathcal{C}(T_{[\alpha, t_{max}]}(m_3)) \quad \text{avec} \quad \sum_{x \in C_i} m_3(x) > \sum_{x \in C_j} m_3(x) \quad \text{pour } i \neq j \quad (3.24)$$

Le résultat M de l'algorithme est montré dans la figure 3.13d. 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.

Comme pour le centre de la papille dans, les coordonnées cartésiennes du barycentre de la macula sont calculées avec la formule :

$$F_x = \frac{\sum_1^{\#M} x_i}{\#M} \text{ et } F_y = \frac{\sum_1^{\#M} y_i}{\#M} \quad \text{avec } p_i(x_i, y_i) \in M \quad (3.25)$$

Les limites de cet algorithme ont été évoquées par [Walter \(2003\)](#). 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.

3.3.1.2 Évaluation de l’approche

Afin d’évaluer cette approche nous avons d’abord testé les algorithmes de détection des points de contrôle sur la base publique *“Analysis Retinal Image Archive ”* (ARIA) ([Farnell, 2006](#)). C’est une base d’images de fonds d’œil, récoltée lors d’un projet de recherche unissant l’Unité St-Paul Eye, de l’Hôpital Universitaire Royal Trust de Liverpool, et le Département d’Ophtalmologie, Sciences Cliniques, Université de Liverpool, de la Grande-Bretagne. Elle se divise trois ensembles d’images rétinienne : le premier contient 92 images de sujets atteints d’une [dégénérescence de la macula due à l’âge \(DMLA\)](#), un deuxième contient 59 images de sujets diabétiques et le dernier contient 61 images de sujets sains. Toutes les images du fond d’œil ont été acquises avec une caméra « Zeiss FF450+ fundus camera », avec un champ visuel de 50° d’angle, initialement enregistrées sous le format TIFF. Ensuite, les images ont été converties dans le format compressé JPG pour la mise en ligne sur le site d’ARIA. Les images sont représentées dans un espace couleur RVB (8-bits), et ont une résolution de 768 × 576. En plus des images complètes du fond d’œil, la base ARIA contient deux jeux d’images du réseau vasculaire (segmenté manuellement par deux experts différents), et un jeu d’images indiquant le contour de la papille et le centre de la macula, pour chaque image couleur de la base.

Le tableau 3.2 recueille les résultats des algorithmes de détections des points de contrôle décrits précédemment.

TABLEAU 3.2: Résultats du test des algorithmes d’extraction sur la base ARIA

Sujets	Nombre d’images	Papille (Taux %)	Macula (Taux %)
Sains	61	92.3	87.1
Diabétiques	59	43.6	32.2
Atteints de DMLA	92	27.5	8.6

Bien que les algorithmes aient donné des résultats satisfaisants pour la détection automatique de la macula et de la papille dans les images provenant de sujets sains (figure 3.14c), ce n’est pas le cas pour les images pathologiques (figure 3.14f). En effet, nous avons constaté que cette approche s’avère inefficace quant à son utilisation dans un système de reconnaissance automatique par la rétine car elle ne garantit pas de résultats conséquents dans le cas des sujets pathologiques.

Ainsi, nous avons cherché un autre moyen de recalcr les images sans avoir recours aux méthodes utilisant ces points de contrôle. Nous nous sommes penché vers un algorithme qui a été utilisé dans plusieurs application de recalage d’images, notamment dans le recalage des images 3D. Cet algorithme est connu sous le nom de *“Iterative Closest Point ”* (ICP) ([Zhang, 2014](#)).

Nous présentons cet algorithme dans la section suivante.

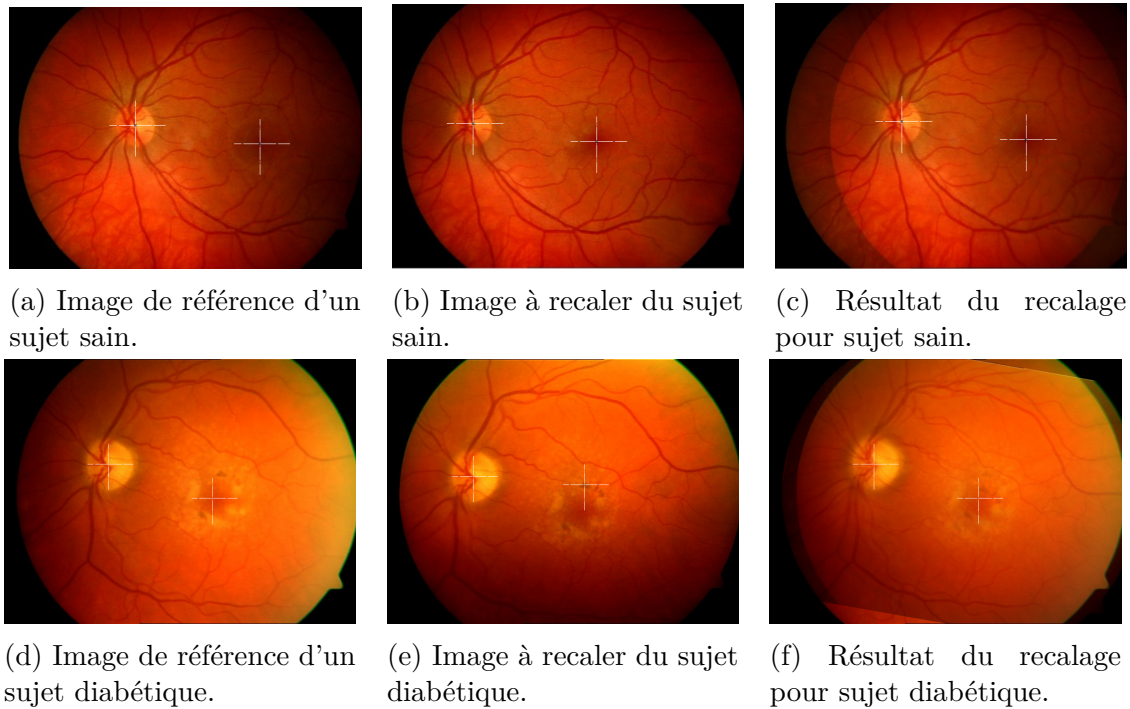


FIGURE 3.14: Exemple de recalage automatique guidé par des points de contrôle.

3.3.2 Recalage automatique par ICP

L'algorithme par itération du point le plus proche ou **ICP** a été inventé presque simultanément au début des années 90 par plusieurs groupes de recherches différents (Zhang, 1992; Besl et McKay, 1992). Depuis, il a été utilisé dans beaucoup d'applications telles que dans Stewart *et al.* (2003); Bouaziz *et al.* (2013); Krüsi *et al.* (2015); Yuan *et al.* (2016); Figueroa *et al.* (2016); Krell *et al.* (2017). **ICP** est un algorithme populaire qui permet d'aligner deux ensembles de courbes, deux ensembles de surfaces, ou deux ensembles de nuages de points (Zhang, 2014).

Cet algorithme de recalage est basé sur des points qui peuvent être exprimés par des mesures linéaires (x, y, z) par rapport à l'espace de l'image, des valeurs d'intensité dans les images médicales tridimensionnelles (3D) (Feldmar *et al.*, 1996; Grimson *et al.*, 1996) ou des éléments de bordures, coins et points d'intérêt (Schmid *et al.*, 1998) qui résument localement la structure géométrique des données.

L'**ICP** doit être utilisé lorsque les correspondances entre les ensembles de points ne sont pas connues et lorsque l'appariement basé sur les propriétés individuels des points (et de leur environnement) ne produit pas une correspondance unique pour aligner précisément les deux ensembles de données.

D'une manière plus simple, l'objectif de l'**ICP** est de minimiser itérativement la distance entre deux nuages de points.

3.3.2.1 Algorithme **ICP** classique

Pour mieux cerner l'idée de l'algorithme **ICP**, soit I_1 et I_2 deux ensembles de données et θ le vecteur de paramètres de la transformation depuis le système de coordonnées de I_1 vers le système coordonnée de I_2 . L'**ICP** itère deux étapes principales :

1. en utilisant une estimation fixe $\hat{\theta}$: la transformation est appliquée à chaque point de l'ensemble de données de l'image I_1 ; le point le plus proche trouvé

dans l'ensemble de données d'image I_2 est considéré comme une correspondance temporaire.

2. en utilisant les contraintes formées de ces correspondances, une nouvelle meilleure estimation $\hat{\theta}$ est calculé.

Ce processus est répété jusqu'à ce que l'estimation $\hat{\theta}$ se stabilise (figure 3.15).

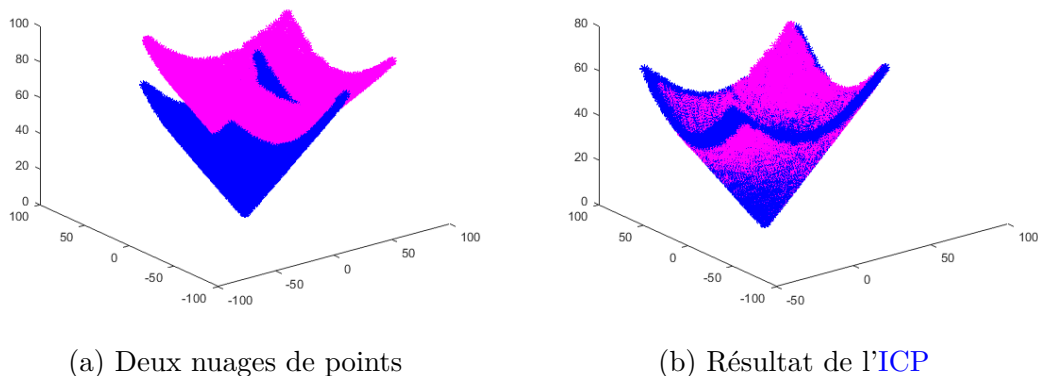


FIGURE 3.15: Exemple de recalage par ICP. (Kroon, 2009)

Les nombreuses variantes de l'algorithme ICP utilisent différentes combinaisons de points de l'image, des mesures de distance et des modèles de transformation. Ceci affecte les taux de convergence et de précision mais pas la structure générale de l'algorithme.

De toute évidence, en tant qu'analyseur de minimisation itératif, ICP nécessite une initialisation appropriée et une variété de techniques peuvent être utilisées, telles que :

- les contraintes spécifiques à l'application (Murino *et al.*, 2001),
- les mesures à l'échelle de l'image sur les ensembles de données tels que les moments statistiques et les attributs géométriques (Johnson et Hebert, 1998),
- les méthodes de multi-résolution (Feldmar *et al.*, 1996), et
- l'adaptation initiale des caractéristiques distinctives Shen *et al.* (2003).

3.3.2.2 Optimisation de l'algorithme ICP

Les approches axées sur les données utilisent les propriétés des nuages de points pour trouver les paramètres du recalage. Initialement introduit dans Chen et Medioni (1992); Besl et McKay (1992), l'ICP est un algorithme largement utilisé dans cette catégorie. Compte tenu de deux nuages de points (une référence et une source), l'algorithme détecte les correspondances 3D entre les nuages des points et essaie de déterminer les matrices de translation et de rotation dont l'application à la source peut conduire à la meilleure concordance sur la référence en termes de « distance minimale » (Marani *et al.*, 2016).

Bien que la méthode soit simple et facile à mettre en œuvre, un inconvénient réside dans le besoin de l'intervention d'un utilisateur pour valider des résultats, car il atteint souvent une mauvaise convergence. Précisément, une correspondance erronée d'un point des deux nuages peut augmenter la valeur de la fonction de distance en optimisation, même si les modèles se chevauchent.

De nombreuses techniques ont été présentées pour surmonter ce problème, telles que :

- l’utilisation de l’équation d’étalonnage du capteur (Blais et Levine, 1995);
- la pondération des données de profondeur de la surface en entrée pour l’intégration des vues dans une surface continue (Dorai *et al.*, 1996);
- l’inclusion des informations sur la couleur, si disponibles, ou plus généralement les intensités, dans la comparaison des ensembles de données (Johnson et Kang, 1999; Akca, 2005; Gómez-García-Bermejo *et al.*, 2013);
- l’extraction des caractéristiques invariantes pour la sélection des points (Sharp *et al.*, 2002);
- l’application de contraintes géométriques sur la colinéarité et la proximité du point (Liu, 2004);
- l’utilisation d’une mesure de cohérence globale pour détecter des correspondances incorrectes, mais localement cohérentes (Huber et Hebert, 2003);
- l’optimisation non linéaire à usage général, comme l’algorithme d’optimisation de “Levenberg-Marquardt ” (LM) (Fitzgibbon, 2003). Parallèlement, de nombreuses variantes accélérées de cette méthode ont également été présentées (Rusinkiewicz et Levoy, 2001), y compris l’approximation du problème d’optimisation non linéaire avec une moindre carrée linéaire (Low, 2004) et une évaluation efficace des points significatifs (Xin et Pu, 2010).

Toutes ces techniques peuvent également être utilisées dans le cas de recalage d’images qui sont individuellement soumises à des déformations locales Haehnel *et al.* (2003).

Dans notre approche nous utilisons l’algorithme LM, car il est facile à implémenter et permet d’accélérer considérablement l’algorithme du recalage.

Les paragraphes suivants montrent une brève description de l’algorithme LM. Cependant une analyse détaillée de l’algorithme LM dépasse le cadre de cette thèse et le lecteur intéressé est appelé à consulter Press *et al.* (1992); Madsen *et al.* (1999); Nielsen (1999); Kelley (1999) pour une description plus complète.

a) Algorithme de Levenberg-Marquardt (LM)

L’algorithme LM est une technique itérative qui localise le minimum d’une fonction multivariée qui est exprimée comme la somme des carrés de fonctions à valeurs réelles non linéaires (Levenberg, 1944; Marquardt, 1963). Il est devenu une technique standard pour les problèmes non linéaires des moindres carrés (Mittelmann, 2004), largement adopté dans un large éventail de disciplines. LM peut être considéré comme une combinaison de la descente la plus raide et la méthode de Gauss-Newton. Lorsque la solution actuelle est loin de la solution correcte, l’algorithme se comporte comme une méthode de descente la plus raide : lente, mais avec garantie de converger. Lorsque la solution actuelle est proche de la solution correcte, elle devient une méthode de Gauss-Newton (figure 3.16).

b) Description mathématique de l’algorithme LM

Dans ce qui suit, les vecteurs et les tableaux apparaîtront en gras; T est utilisé pour dénoter la transposition. Aussi, $\|\cdot\|$ et $\|\cdot\|_\infty$ représentent les normes 2 et infini, respectivement. Soit f une relation fonctionnelle qui relie un vecteur de paramètres $\mathbf{p} \in \mathcal{R}^m$ à un vecteur de mesures estimées $\hat{\mathbf{x}} = f(\mathbf{p})$, $\hat{\mathbf{x}} \in \mathcal{R}^n$. Un paramètre initial estimé \mathbf{p}_0 et un vecteur mesuré \mathbf{x} sont fournis et on souhaite trouver le vecteur \mathbf{p}_+

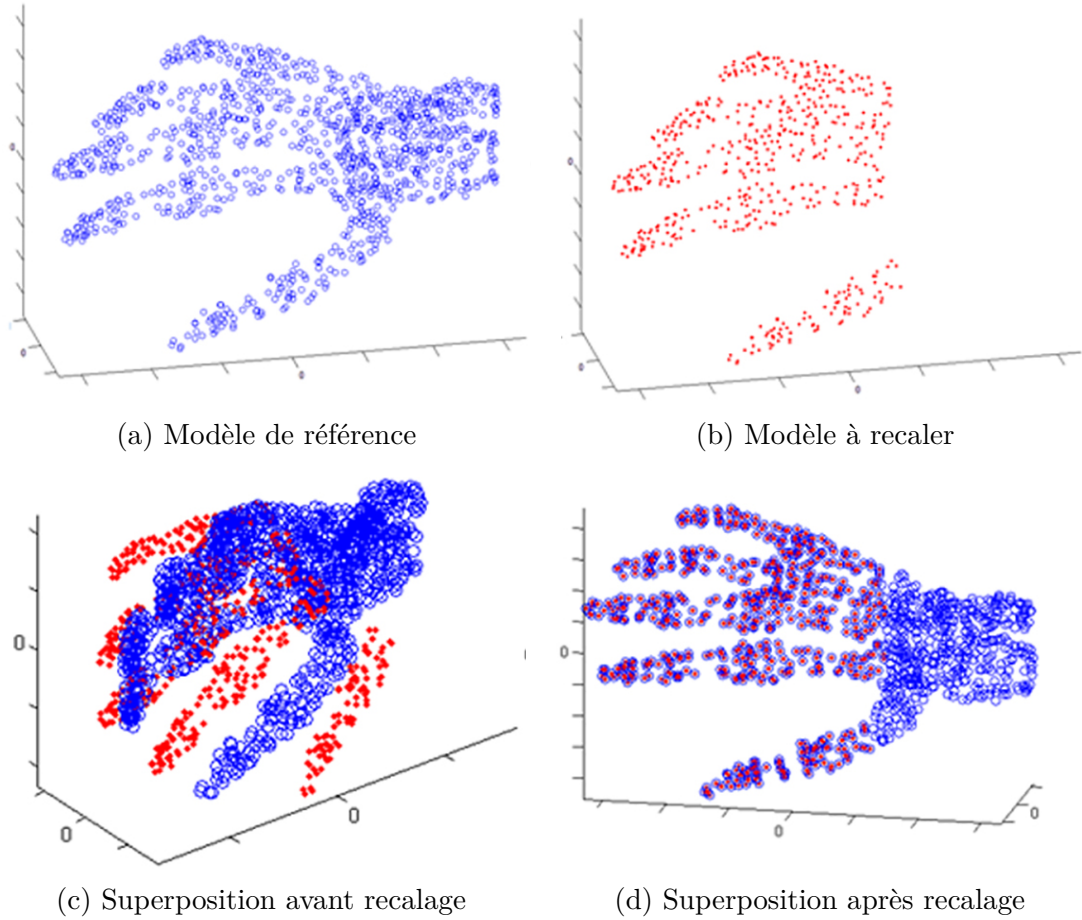


FIGURE 3.16: Exemple de recalage ICP optimisé par LM. (Mora *et al.*, 2016)

qui satisfait le mieux la relation fonctionnelle f , c'est à dire minimiser la distance quadratique $\epsilon^T \epsilon$ avec $\epsilon = \mathbf{x} - \hat{\mathbf{x}}$.

La base de l'algorithme LM est une approximation linéaire de f dans le voisinage de \mathbf{p} (Lourakis, 2005). Pour une petite $\|\delta_{\mathbf{p}}\|$, une expansion de la série Taylor conduit à l'approximation :

$$f(\mathbf{p} + \delta_{\mathbf{p}}) \approx f(\mathbf{p}) + \mathbf{J}\delta_{\mathbf{p}} \quad (3.26)$$

où \mathbf{J} est la matrice Jacobienne $\frac{\partial f(\mathbf{p})}{\partial \mathbf{p}}$. Comme toutes les méthodes d'optimisation non-linéaires, LM est itératif : Initié à un point de départ \mathbf{p}_0 , la méthode produit une série de vecteurs $\mathbf{p}_1, \mathbf{p}_2, \dots$, qui convergent vers un minimiseur local \mathbf{p}^+ pour f . Par conséquent, à chaque étape, il est nécessaire de trouver le $\delta_{\mathbf{p}}$ qui minimise la quantité $\|\mathbf{x} - f(\mathbf{p} + \delta_{\mathbf{p}})\| \approx \|\mathbf{x} - f(\mathbf{p}) - \mathbf{J}\delta_{\mathbf{p}}\| = \|\epsilon - \mathbf{J}\delta_{\mathbf{p}}\|$. Le $\delta_{\mathbf{p}}$ recherché est donc la solution à un problème linéaire de moindres carrés : le minimum est atteint lorsque $\mathbf{J}\delta_{\mathbf{p}} - \epsilon$ est orthogonal à l'espace de colonne de \mathbf{J} . Ceci conduit à $\mathbf{J}^T(\mathbf{J}\delta_{\mathbf{p}} - \epsilon) = 0$, qui produit $\delta_{\mathbf{p}}$ comme solution des équations dites normales (Van Loan, 1996) :

$$\mathbf{J}^T \mathbf{J} \delta_{\mathbf{p}} = \mathbf{J}^T \epsilon \quad (3.27)$$

La matrice $\mathbf{J}^T \mathbf{J}$ dans la partie gauche de l'équation (3.27) est l'hessienne approximative, c'est à dire une approximation de la matrice des dérivées du second degré. La méthode LM résout réellement une légère variation de l'équation (3.27), connue sous le nom d'équations normales augmentées :

$$\mathbf{N}\delta_{\mathbf{p}} = \mathbf{J}^T \epsilon \quad (3.28)$$

où les éléments hors-diagonaux de \mathbf{N} sont identiques aux éléments correspondants de $\mathbf{J}^T \mathbf{J}$ et les éléments diagonaux sont donnés par $\mathbf{N}_{ii} = \mu + [\mathbf{J}^T \mathbf{J}]_{ii}$ pour certains $\mu > 0$. La stratégie de modification des éléments diagonaux de $\mathbf{J}^T \mathbf{J}$ est appelée amortissement et on parle de terme d'amortissement μ . Si le vecteur de paramètres mis à jour $\mathbf{p} + \delta_{\mathbf{p}}$ avec $\delta_{\mathbf{p}}$ calculé à partir de l'équation (3.28) entraîne une réduction de l'erreur ϵ , la mise à jour est acceptée et le processus se répète avec une durée d'amortissement réduite. Sinon, le terme d'amortissement est augmenté, les équations normales augmentées sont résolues à nouveau et le processus itère jusqu'à ce qu'une valeur de $\delta_{\mathbf{p}}$ qui diminue l'erreur soit trouvée. Le processus de résolution répétée de l'équation (3.28) pour différentes valeurs du terme d'amortissement jusqu'à ce qu'une mise à jour acceptable du vecteur de paramètres soit trouvée correspond à une itération de l'algorithme LM.

Dans l'algorithme LM, le terme d'amortissement est ajusté à chaque itération pour assurer une réduction de l'erreur μ . Si l'amortissement est réglé sur une grande valeur, la matrice N dans l'équation (3.28) est presque diagonal et l'étape de mise à jour du LM $\delta_{\mathbf{p}}$ est proche de la direction de descente la plus raide. En outre, l'magnitude de $\delta_{\mathbf{p}}$ est réduite dans ce cas. L'amortissement gère également les situations où la jacobienne est classiquement déficiente et $\mathbf{J}^T \mathbf{J}$ est donc singulier. De cette façon, LM peut naviguer à la défensive dans une région de l'espace des paramètres dans laquelle le modèle est fortement non linéaire. Si l'amortissement est faible, l'étape LM se rapproche de l'étape quadratique exacte appropriée pour un problème totalement linéaire. LM est adaptatif car il contrôle son propre amortissement : il augmente l'amortissement si une étape ne se réduit pas ; sinon il réduit l'amortissement. De cette façon, LM est capable d'alterner entre une démarche de descente lente lorsqu'il est loin du minimum et une convergence rapide lorsqu'il est au voisinage minimum (Lampton, 1997).

L'algorithme LM prend fin lorsqu'au moins une des conditions suivantes est remplie :

- La magnitude du gradient de $\epsilon^T \epsilon$, i.e. $\mathbf{J}^T \epsilon$ dans la partie droite de l'équation (3.27) descend en dessous d'un seuil ϵ_1 .
- La variation relative dans la magnitude de $\delta_{\mathbf{p}}$ descend en dessous d'un seuil ϵ_2 .
- L'erreur $\epsilon^T \epsilon$ descend en dessous d'un seuil ϵ_3 .
- Un maximum de nombre d'itérations k_{max} est atteint.

Si la matrice de covariance $\Sigma_{\mathbf{x}}$ pour le vecteur mesuré \mathbf{x} est disponible, elle peut être incorporée dans l'algorithme LM en minimisant la norme $\Sigma_{\mathbf{x}}^{-1}$ quadratique $\epsilon^T \Sigma_{\mathbf{x}}^{-1} \epsilon$ au lieu de l'eulidienne $\epsilon^T \epsilon$. Par conséquent, le minimum est trouvé en résolvant le problème des moindres carrés pondérés définie par les équations normales pondérées :

$$\mathbf{J}^T \sum_{\mathbf{x}}^{-1} \mathbf{J} \delta_{\mathbf{p}} = \mathbf{J}^T \sum_{\mathbf{x}}^{-1} \epsilon \quad (3.29)$$

L'algorithme complet est présenté par Madsen *et al.* (1999) comme suit :

Entrée : Une fonction vecteur $f : \mathcal{R}^m \rightarrow \mathcal{R}^n$ avec $n \geq m$, un vecteur de mesure $\mathbf{x} \in \mathcal{R}^n$ et un paramètre initial estimé $\mathbf{p}_0 \in \mathcal{R}^m$.

Sortie : Un vecteur $\mathbf{p}^+ \in \mathcal{R}^m$ en minimisant $\|\mathbf{x} - f(\mathbf{p})\|^2$.

Algorithme :

$k := 0$; $\nu := 2$; $\mathbf{p} := \mathbf{p}_0$;

```

A := JTJ;  $\epsilon_{\mathbf{p}}$  :=  $\mathbf{x} - f(\mathbf{p})$ ;  $\mathbf{g}$  := JT $\epsilon_{\mathbf{p}}$ ;
stop := ( $\|\mathbf{g}\|_{\infty} \leq \varepsilon_1$ );  $\mu$  :=  $\tau * \max_{i=1,\dots,m}(A_{ii})$ ;
Tant que (non stop) et ( $k < k_{max}$ )
     $k := k + 1$ ;
    Répéter
        Résoudre  $(\mathbf{A} + \mu\mathbf{I})\delta_{\mathbf{p}} = \mathbf{g}$ ;
        Si ( $\|\delta_{\mathbf{p}}\| \leq \varepsilon_2\|\mathbf{p}\|$ )
            stop := vrai;
        Sinon
             $\mathbf{p}_{new} := \mathbf{p} + \delta_{\mathbf{p}}$ ;
             $\rho := (\|\epsilon_{\mathbf{p}}\|^2 - \|\mathbf{x} - f(\mathbf{p}_{new})\|^2) / (\delta_{\mathbf{p}}^T(\mu\delta_{\mathbf{p}} + \mathbf{g}))$ ;
            Si  $\rho > 0$ 
                 $\mathbf{p} = \mathbf{p}_{new}$ ;
                A := JTJ;  $\epsilon_{\mathbf{p}}$  :=  $\mathbf{x} - f(\mathbf{p})$ ;  $\mathbf{g}$  := JT $\epsilon_{\mathbf{p}}$ ;
                stop := ( $\|\mathbf{g}\|_{\infty} \leq \varepsilon_1$ ) ou ( $\|\epsilon_{\mathbf{p}}\|^2 \leq \varepsilon_3$ );
                 $\mu := \mu * \max(\frac{1}{3}, 1 - (2\rho - 1)^3)$ ;  $\nu := 2$ 
            Sinon
                 $\mu := \mu * \nu$ ;  $\nu := 2 * \nu$ ;
        Finsi
    Finsi
Fin Tant que
 $\mathbf{p}^+ = \mathbf{p}$ ;

```

Dans l'approche que nous avons proposée (Betaouaf *et al.*, 2017), l'algorithme de recalage par ICP optimisé par l'algorithme LM est appliqué sur deux nuages de points à deux dimensions (2D). Nous avons donc remplacé la 3^{ème} coordonnée des vecteurs de mesures et des paramètres par 0. La minimisation de l'erreur quadratique conduit à l'alignement des points de bifurcation et de croisement des branches du réseau vasculaire extraites de l'image de référence et l'image à vérifier. Les paramètres de la transformation de similitude sont obtenues par itération de l'ICP.

La figure 3.17 montre le résultat obtenu pour le recalage de deux ensembles de points provenant de deux images du même individu. Après 24 itérations de l'algorithme ICP, la transformation obtenue a permis d'aligner les deux nuages de points. Nous remarquons dans la figure 3.17d que la majorité des points sont confondus dans l'espace. Nous donnerons les détails des expérimentations effectuées sur notre système dans le chapitre suivant.

Une fois les nuages de points alignés, il est possible de comparer les signatures biométriques afin de décider de leur correspondance. La section qui suit décrit la prochaine étape de notre algorithme d'identification.

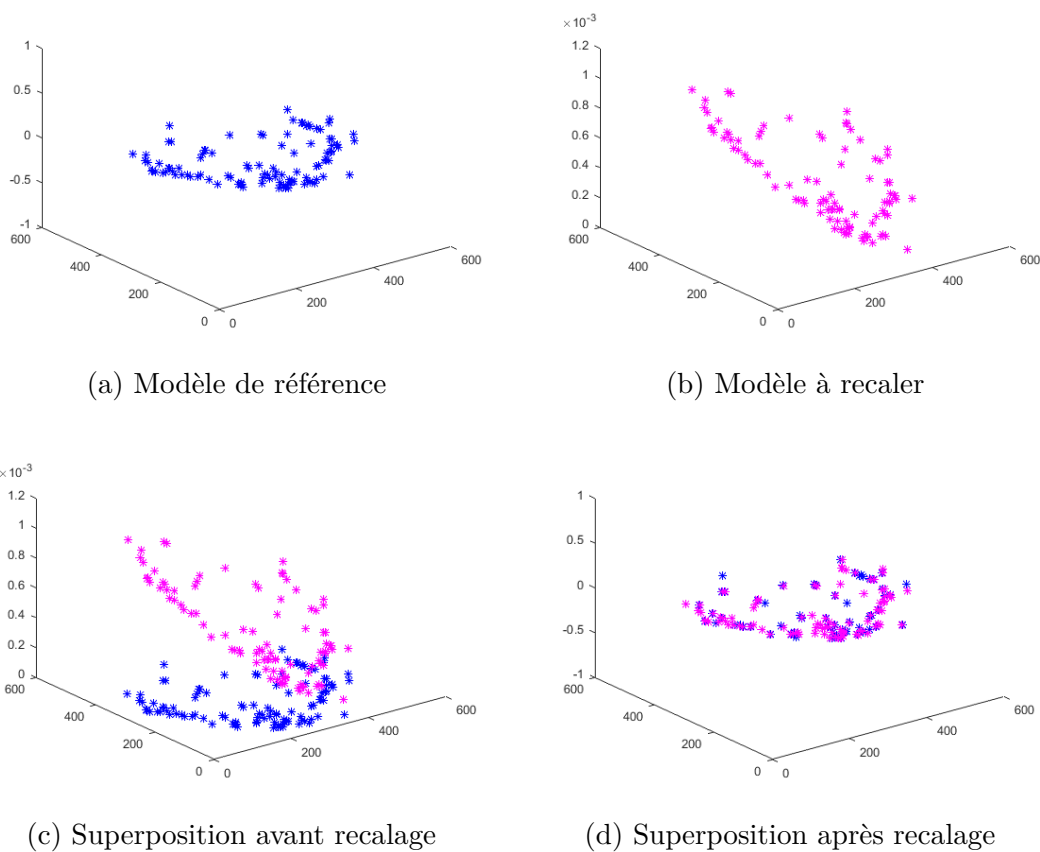


FIGURE 3.17: Résultat du recalage automatique par ICP des points de bifurcations du réseau vasculaire rétinien.

3.4 Comparaison des signatures

La comparaison (ou « *matching* ») est l'étape de l'algorithme qui a pour objectif de mesurer le taux de similarité entre deux signatures biométriques. Ce taux permettra au système de reconnaissance de distinguer entre une authentification et un rejet d'identité dans le cas d'une vérification d'identité ; il permet également de sélectionner le meilleur taux de similarité parmi un ensemble lors d'une identification d'un individu.

Le problème de la correspondance des caractéristiques et de l'estimation de la transformation est le dilemme de la poule et de l'œuf. Les deux problèmes peuvent être résolus progressivement par une approche d'essai et d'erreur.

Dans notre cas, il faudra procéder à une comparaison de la structure géométrique des nuages de points obtenus après recalage.

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.

Néanmoins, d'autres méthodes nécessitent le passage par un algorithme de comparaison afin d'établir un degré de similarité entre les signatures.

Parmi les algorithmes qui ont servi dans ce cas de figure, nous trouvons celui de [Farzin et al. \(2008\)](#) où les auteurs ont proposé d'introduire un indice de similarité calculé à partir de la corrélation modifiée entre les vecteurs des caractéristiques. Tandis, que [Dehghani et al. \(2013\)](#) ont choisi de calculer la distance euclidienne entre les moments

géométriques de Hu depuis les images à comparer.

Nous avons choisi d'appliquer un algorithme simple de parcours de voisinage, qui a été utilisé par Islam *et al.* (2009) et Latha *et al.* (2010) décrit dans le paragraphe suivant.

3.4.1 Algorithme de comparaison

L'idée générale de l'algorithme est de diviser chaque image en 8×8 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. Pour comparer deux modèles de signature (« *Templates* ») T_1 et T_2 , l'algorithme procède comme suit :

1. Initialiser la variable *Totalmatched* à 0.
2. Pour chaque sous-région S_1 dans le modèle (« *Template* ») T_1 et la région correspondante S_2 dans T_2 appliquer les étapes de 3 à 8.
3. Initialiser la variable *Matched* à 0.
4. Pour chaque point d'intersection (bifurcation ou croisement) I_1 dans S_1 effectuer les étapes de 5 à 7.
5. 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 .
6. Si $D_{min} \leq D_{th}$ et I_2 n'est pas déjà marqué, incrémenter *Matched*.
7. Marquer I_2 comme étant assorti (« *matched* »).
8. $Totalmatched = Totalmatched + Matched$
9. Calculer le pourcentage de points d'intersections assortis par l'équation :

$$Matching(T_1, T_2) = \frac{2 \times Totalmatched}{(P_1 + P_2) \times 100}$$

où P_1 et P_2 sont, respectivement, les nombre totaux de points d'intersection dans T_1 et T_2 . D_{th} est le seuil maximal de la distance entre 2 pixels assortis.

La figure 3.18 montre un exemple de comparaison de deux nuages de points de bifurcations et de croisement des branches rétiniennes. Les deux images à comparer sont divisées en 8×8 sous régions. Chaque sous-région de l'image de référence est comparée avec la sous-région correspondante dans l'image à vérifier, ainsi que les 8 sous-régions voisines.

L'algorithme précédent est exécuté une seconde fois en inversant les modèles T_1 et T_2 . Le plus grand degré de similarité (*SIM*) des deux opérations de comparaison est retenu.

$$SIM(\%) = \max\{Matching(T_1, T_2), Matching(T_2, T_1)\} \quad (3.30)$$

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). Plus le seuil est grand plus le nombre de points assortis augmente ce qui peut causer l'assortiment de points non similaires. Par observations, nous avons fixé ce seuil à une valeur de 10 pixels.

Le degré de similarité (« *score* ») obtenu par l'équation (3.30) représente le taux de correspondance en pourcentage des patterns, variant de 0 %, pour les patterns complètement différents, à 100 % pour les patterns parfaitement identiques.

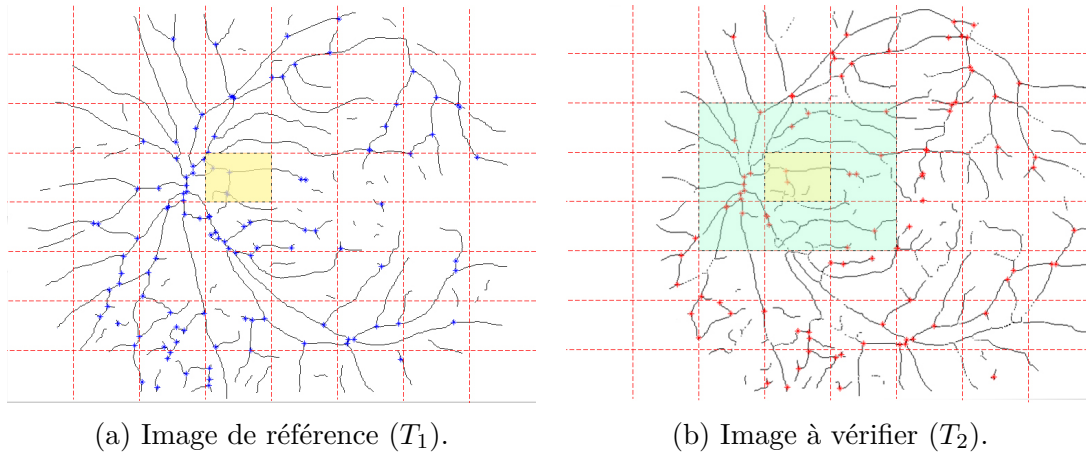


FIGURE 3.18: Algorithme de comparaison des signatures.

C'est à partir de ce taux, et selon un certain seuil de décision fixé automatiquement, que notre système d'identification déterminera si les deux images rétinienne correspondent à un seul individu (taux de similarité élevé entre les deux patterns) ou correspondent à deux individus différents (taux de similarité bas).

3.5 Conclusion

Nous avons vu dans ce chapitre que les algorithmes utilisés font face à la majorité des 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.

Comme pour la phase d'extraction des caractéristiques, 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'algorithmes, et qu'il est plus judicieux, dans notre cas, d'évaluer les résultats obtenus à la fin de son exécution.

Nous donnerons dans le chapitre suivant les détails sur les expérimentations opérées durant notre étude de cette méthode de reconnaissance biométrique et discuterons des résultats obtenus.

Nous procéderons également à l'évaluation de notre algorithme de vérification automatique des identités par le biais de la rétine humaine.

Chapitre 4

Évaluation du système biométrique

*« Pour atteindre la vérité, il faut
une fois dans la vie se défaire de
toutes les opinions qu'on a reçues, et
reconstruire de nouveau tout le
système de ses connaissances. »*

René Descartes

Sommaire

4.1 Introduction	92
4.2 Normes et critères d'évaluation	92
4.3 Bases d'images rétiniennes	94
4.4 Expérimentations	96
4.5 Résultats et discussions	97
4.6 Conclusion	104

4.1 Introduction

Comme pour tout système d'identification, il est primordial de tester sa performance et sa fiabilité avant de pouvoir procéder à son exploitation. Dans notre cas, le système est considéré comme un algorithme composé d'un ensemble de procédures allant de l'acquisition de l'image rétinienne jusqu'à la vérification de son authenticité en passant par les étapes de segmentations et de recalage automatique. Les signatures des images rétiniennes sont formées par les coordonnées cartésiennes d'un ensemble de points caractéristiques ; naturellement, le degré de similarité entre les deux signatures est calculé par rapport à la correspondance entre les points de bifurcation et de croisement des branches des réseaux vasculaires.

Afin d'évaluer l'efficacité de notre système biométrique, nous avons dû tester notre algorithme d'identification sur deux bases publiques d'images rétiniennes [ARIA](#) ([Farnell, 2006](#)) et "[Digital Retinal Images for Vessel Extraction](#)" ([DRIVE](#)) ([Staal et al., 2004](#)).

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 est divisée en 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.

4.2 Normes et critères d'évaluation

Comme évoqué précédemment, l'évaluation des systèmes biométriques se fait selon certains normes conventionnelles. En effet, il existe des standards permettant d'évaluer tout système biométrique en traçant et étudiant des courbes spécifiques ([Mayoue, 2007](#)).

La performance d'un système biométrique est quantifiée par le taux de deux erreurs fondamentales définies dans [Li et Jain \(2015\)](#) et [Jain et al. \(2007\)](#) par :

- *False Acceptation Rate* (FAR) : ou *False Match Rate* (FMR) dans certains ouvrages, ces taux déterminent la probabilité pour un système de « reconnaître » une personne qui normalement n'aurait pas dû être reconnue. C'est un ratio entre le nombre de personnes qui ont été acceptées alors qu'elles n'auraient pas dû l'être et le nombre total de personnes non autorisées qui ont tenté de se faire accepter.
- *False Reject Rate* (FRR) : ou *False No Match Rate* (FNMR), ces taux déterminent la probabilité pour un système donné de ne pas « reconnaître » une personne qui normalement aurait dû être reconnue. C'est un ratio entre le nombre de personnes légitimes dont l'accès a été refusé et le nombre total de personnes légitimes s'étant présentées.

Cela nous ramène à dire que la variation du seuil implique la variation inversement proportionnelle des deux taux [FAR](#) et [FRR](#) cités précédemment.

Dans un système biométrique, la minimisation simultanée des deux taux n'est pas possible, or le choix de minimisation d'un taux dépend de la qualité du système souhaitée. Pour un système de haute sécurité, par exemple, on s'intéresse à minimiser le [FAR](#), tandis que si la commodité est la préoccupation première, on minimise le [FRR](#).

Outre le [FAR](#) et le [FRR](#), il existe d'autres types d'erreurs dans les systèmes biométriques. Le *Equal Error Rate* (EER) est le taux qui définit un compromis généralement

retenu pour les applications civiles consistant à obtenir une égalité entre le FAR et le FRR (ou entre le FMR et le FNMR). Le *Genuine Acceptation Rate* (GAR) pour mesurer le taux des acceptations légitimes. Il y a aussi le *Failure To Enrol* (FTE) qui mesure la probabilité qu'une personne ne puisse être enrôlée pour des raisons physiques tenant à la personne ou techniques liées au dispositif de capture. Mais, l'augmentation du taux d'échec à l'enrôlement, lorsqu'elle est délibérée et destinée à éliminer les images de mauvaise qualité ne pouvant servir de référence pour les comparaisons futures, peut produire une diminution des taux d'erreurs. Ce phénomène peut aussi survenir lors de l'identification, à ce moment on parle d'une erreur *Failure To Acquire* (FTA).

L'efficacité du système est évalué en étudiant l'évolution de ces erreurs selon différentes représentations graphiques dont :

- La courbe FAR Vs. FRR : c'est la représentation des probabilités de fausses acceptations et des faux rejets par rapport au seuil (figure 4.1c). Quatre paramètres (deux courbes et deux valeurs) ont été retenus de l'état de l'art (Mansfield et Wayman, 2002), pour évaluer les performances d'un système biométrique :
- La courbe *Receiver Operating Characteristic* (ROC) : 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 (GAR) (c.-à-d. [1 - taux de faux rejet (FRR)]) sur l'axe des ordonnées (figure 4.1a). La courbe ROC est indépendante du seuil, permettant la comparaison des performances de différents systèmes sous des conditions similaires.
- La courbe *Detection Error Trade-off* (DET) : 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 4.1b). Elle distribue les valeurs d'une manière homogène et permet de comparer les performances de plusieurs systèmes de façon très claire (Martin et al., 1997).

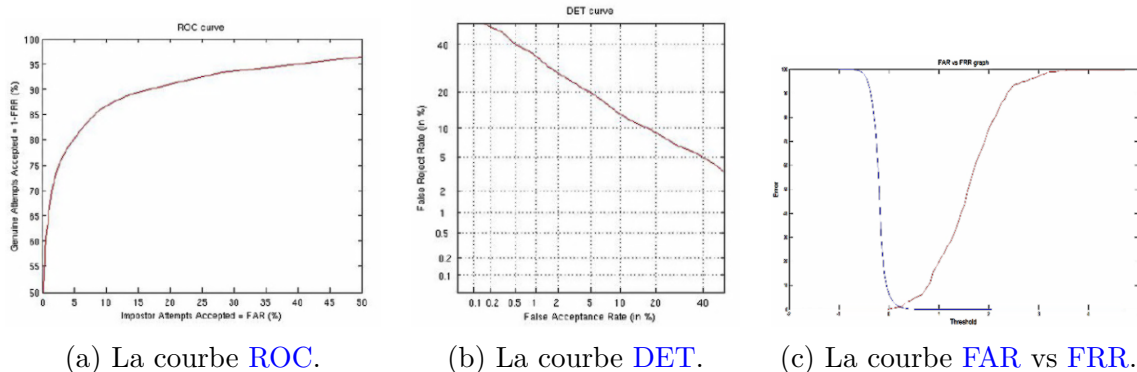


FIGURE 4.1: Les courbes conventionnelles d'évaluation de performance des systèmes biométriques (Mayoue, 2007).

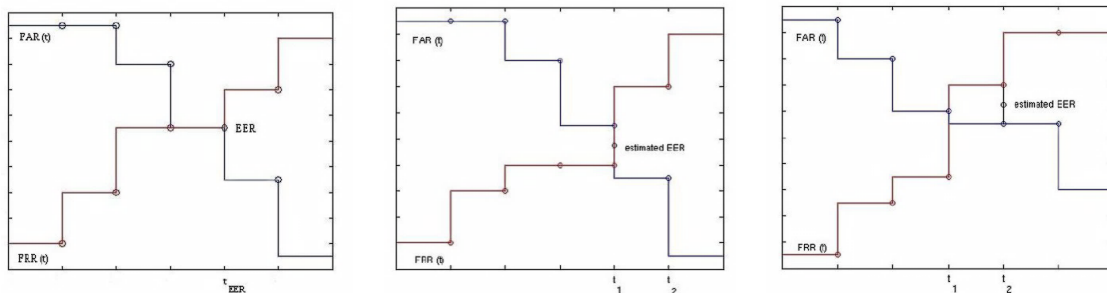
En plus de ces derniers, deux autres paramètres sont retenus pour évaluer les performances d'un système biométrique :

- Le taux d'égalité d'erreurs EER : qui représente le point où $FAR(t) = FRR(t)$ (figure 4.2a). 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 4.2a et 4.2b), le EER est calculé comme suit :

$$EER = \begin{cases} \frac{FAR(t_1) + FRR(t_1)}{2}, & \text{si } FAR(t_1) - FRR(t_1) \leq FAR(t_2) + FRR(t_2) \\ \frac{FAR(t_2) + FRR(t_2)}{2}, & \text{sinon} \end{cases} \quad (4.1)$$

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



(a) Le point EER existe sur la courbe. (b) EER est estimé à t_1 . (c) EER est estimé à t_2 .

FIGURE 4.2: La courbe FAR Vs FRR et les taux EER. (Mayoue, 2007)

- *Operating Point (OP)* : 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 :

$$OP_{(FAR=\alpha)} = FRR(t_{OP}) \mid t_{OP} = \max_{t \in S} \{t | \alpha \leq FAR(t)\} \quad (4.2)$$

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

Nous allons à présent, voir comment calculer les paramètres d'évaluation de notre système. Mais nous devons tout d'abord décrire les images utilisées dans nos expérimentations.

4.3 Bases d'images rétinienne

Les images utilisées, tout le long de notre travail de recherche, sont des images provenant de bases de données à usage publique (Niemeijer *et al.*, 2009). Le choix de la base d'images à utiliser s'est avéré complexe. Ceci est dû au fait que la majorité des bases publiques ont été construites pour des projets dans un contexte médical. Soit elles concernent des prises d'images de sujets pathologiques, soit la base ne contient qu'un seul échantillon par individu. Ceci dit, la seule base qui a semblé être la plus adaptée à nos besoins est la base ARIA (Farnell, 2006) car elle contient des images de mêmes individus à des instants différents.

Cette base est un ensemble d'images de fonds d'œil, récoltée lors d'un projet de recherche unissant l'Unité St-Paul Eye, de l'Hôpital Universitaire Royal Trust de Liverpool, et le Département d'Ophtalmologie, Sciences Cliniques, Université de Liverpool, de la Grande-Bretagne.

Elle est composée de trois ensembles d'images rétiniennes : le premier contient 92 images de sujets atteints d'une dégénérescence de la macula liée à l'âge ([DMLA](#)), un deuxième contient 59 images de sujets diabétiques et le dernier contient 61 images de sujets sains. Toutes les images du fond d'œil ont été acquises avec une caméra « Zeiss FF450+ fundus camera », avec un champ visuel de 50° d'angle, initialement enregistrées sous le format TIFF. Ensuite, les images ont été converties dans le format compressé JPG pour la mise en ligne sur le site d'[ARIA](#). Les images sont représentées dans un espace couleur [RVB](#) (8-bits), et ont une résolution de 768 × 576. En plus des images complètes du fond d'œil, la base d'[ARIA](#) contient aussi deux images du réseau vasculaire (segmenté manuellement par deux experts différents), et une image indiquant le contour de la papille et le centre de la macula, pour chaque image couleur de la base. Un aperçu des images couleur de la base d'[ARIA](#) est montré dans la figure [4.3](#).

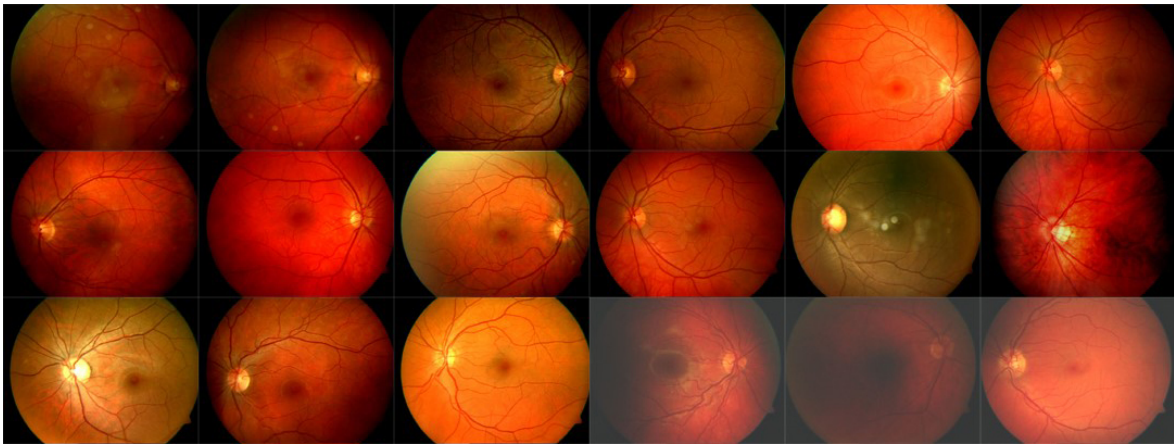


FIGURE 4.3: Echantillon de la base d'images [ARIA](#). ([Farnell, 2006](#))

L'inconvénient majeur de cette base est qu'il n'y a pas eu de travaux qui l'ont utilisée dans le contexte de la vérification biométrique. Il n'est donc pas possible d'utiliser les résultats obtenus pour les comparer aux autres algorithmes de la littérature.

Nous avons donc, dû tester notre système sur une autre base de données dénommée [DRIVE](#) qui a été utilisée comme « *benchmark* » dans plusieurs autres travaux. Les photographies de la base de données [DRIVE](#) proviennent d'un programme de dépistage de la rétinopathie diabétique aux Pays-Bas. La population de dépistage comprenait 400 sujets diabétiques âgés de 25 à 90 ans. Quarante photographies ont été sélectionnées au hasard, 33 ne montrent aucun signe de rétinopathie diabétique et 7 présentent des signes de rétinopathie diabétique précoce bénigne. Les images ont été acquises à l'aide d'une caméra 3CCD non mydriatique Canon CR5 avec un champ de vision de 45 degrés (FOV). Chaque image a été compressée en JPEG (figure [4.4](#)).

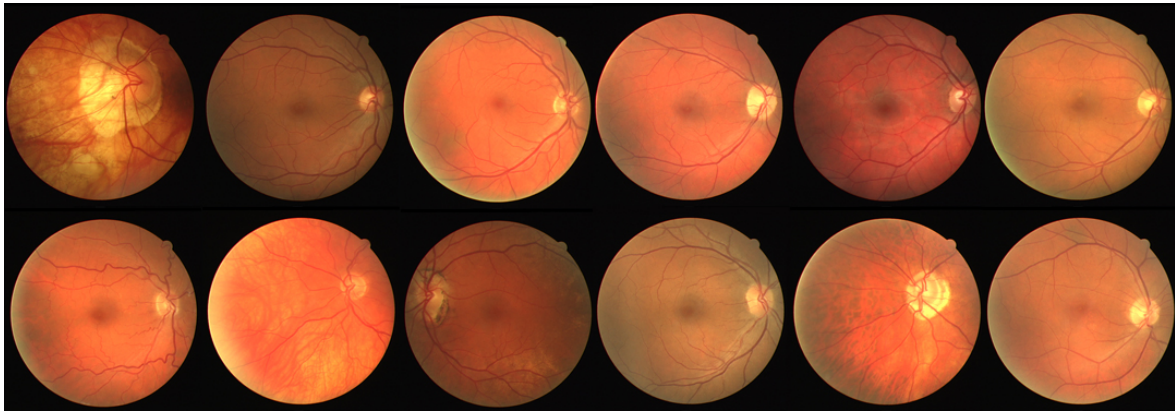


FIGURE 4.4: Echantillon de la base d'images DRIVE. (Staal *et al.*, 2004)

4.4 Expérimentations

Dans le travail que nous avons réalisé en 2013 pour évaluer la performance de notre système, nous avons dans un premier temps, choisi d'utiliser des images rétiniennes de la base ARIA (Farnell, 2006) décrite auparavant. Le choix de cette base reposait sur la variété des images (de sujets sains), vis-à-vis de leurs caractéristiques (couleur, contraste, luminosité) 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 25×25 croisements (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 couple d'images.

Bien que les résultats obtenus à l'issue de cette expérimentation furent assez intéressants (voir Betaouaf et Bessaid (2013)), il n'a pas été possible de les comparer avec d'autres algorithmes de la littérature car aucun d'eux n'avait utilisé cette base d'image rétinienne.

Afin de pouvoir valider notre système, il nous a fallu le tester sur la base d'images DRIVE. L'ensemble de 40 images (565×584 pixels) a été divisé en deux groupes de 20 images, l'un pour l'apprentissage et l'autre pour le test. Afin d'enrichir l'expérience nous avons ajouté pour chaque image de l'ensemble 2 images obtenues par variation des 3 paramètres géométriques (translation, rotation, variation échelle). L'algorithme a procédé dans chaque phase au croisement de $[(60 \times 60 - 60)/2] = 1770$ comparaisons.

L'expérience s'est déroulée, cette fois-ci, sur un ordinateur portable équipé d'un micro-processeur Intel I5 d'une fréquence de 2.66 Ghz, et d'une mémoire RAM de

6Go. Le traitement a duré 1h 28mn et 40s pour une durée moyenne de 3s environ par couple d'images.

Les résultats des expérimentations sont discutés dans la prochaine section.

4.5 Résultats et discussions

Partant du principe, qu'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.

Comme précédemment annoncé, les mesures de performance d'un système biométrique sont représentées par les différents taux d'acceptations et de rejets des identités prétendues. Afin de rendre un système de décision automatisé, notre algorithme devra classer l'image candidate comme authentique ou fausse, à partir de son score d'appariement et d'un seuil fixé. Le seuil d'acceptation (ou de rejet) est, tout simplement, la valeur du score qui permet de déterminer la classe d'un couple d'images. Si le score d'une combinaison est supérieur au seuil, les 2 images appartiennent au même individu sinon elles sont différentes.

Il faudra également noter que les couples d'images correspondantes au même individu sont étiquetées afin de pouvoir valider les résultats obtenus par l'algorithme.

A la fin de la phase d'évaluation de notre système sur les images, nous obtenons deux vecteurs de scores : le vecteur Clients qui contient les degrés de similarité entre les images semblables et le vecteur Imposteurs pour les cas de non correspondance.

Par exemple pour la base [DRIVE](#) nous avons obtenus les vecteurs suivants :

$$\begin{aligned} Clients(\%) &= [80 \ 84.6 \ 83.0 \ 83.3 \ 76.4...88.4 \ 79.6 \ 86.6] \ (60 \ \text{scores}) \\ Imposteurs(\%) &= [6.3 \ 2.6 \ 15 \ 3.8 \ 9.6 \ 3.7...4 \ 5.6 \ 0 \ 6.9 \ 16.9] \ (1710 \ \text{scores}) \end{aligned} \quad (4.3)$$

A l'aide de ces deux vecteurs (4.3), il est possible de calculer les taux [GAR](#), [FAR](#) et [FRR](#). Ces taux sont calculés en variant le seuil des scores de 0 à 100 par un pas de 1. Le tableau 4.1 montre quelques exemples de la variation des taux en fonction du seuil d'acceptation.

Les résultats obtenus dans cette phase d'apprentissage nous ont permis de tracer les courbes représentatives des performance de notre système. Pour l'évaluation de l'algorithme sur la base [ARIA](#), la courbe représentant les taux des fausses acceptations ([FAR](#)) et des faux rejets ([FRR](#)) en fonction de la variation du seuil est montrée dans la figure 4.5.

Nous pouvons constater que pour les images de la base [ARIA](#), les deux courbes [FAR](#) et [FRR](#) se croisent au niveau du seuil 22% approximativement avec un taux d'erreur

TABLEAU 4.1: Présentation des valeurs GAR, FRR et FAR obtenus avec différents seuils.

Seuil (%)	GAR (%)	FRR (%)	FAR (%)
10	100	0	72.75
15	100	0	48.65
20	100	0	25.44
30	100	0	0.82
40	100	0	0
70	100	0	0
80	81.77	18.33	0
85	48.33	51.67	0
90	10	90	0
95	1.67	98.33	0

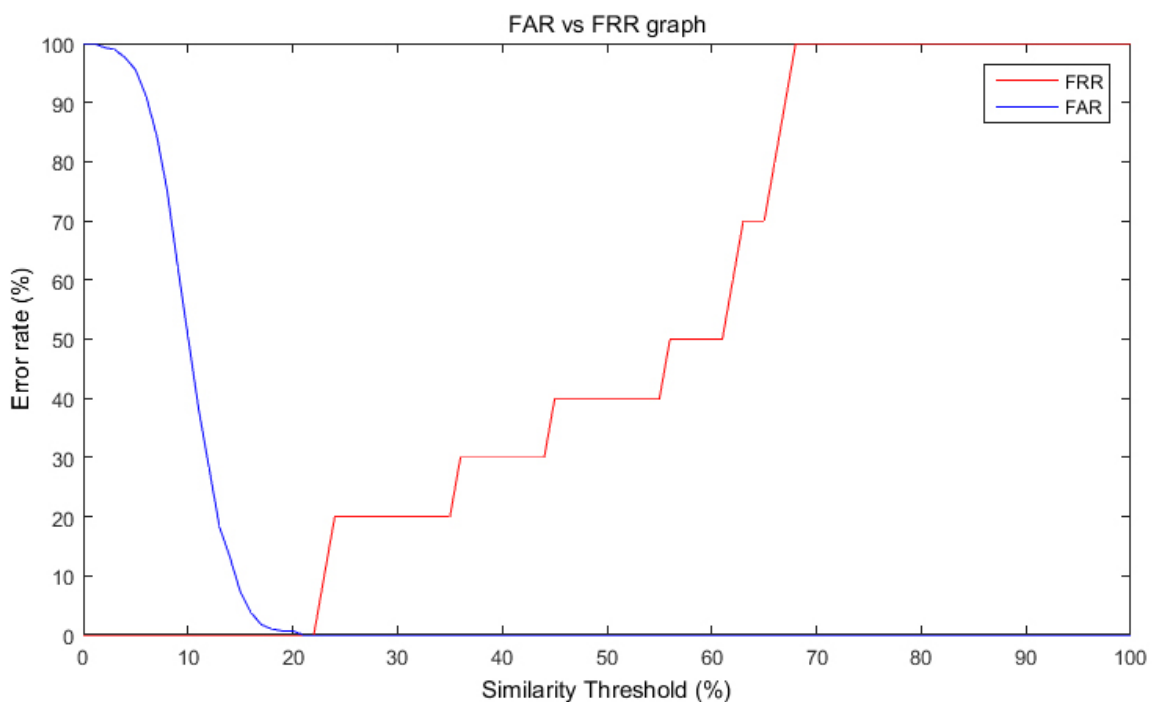


FIGURE 4.5: La courbe FAR vs FRR pour les images ARIA.

EER complètement nul. Il est donc très facile dans ce cas de séparer entre les deux classes Clients et Imposteurs. En d'autres termes, si le système est réglé à un seuil d'acceptation de 22% toutes les images de la base seront correctement classées.

Il en est de même pour les images de la base DRIVE (figure 4.6). L'écart entre les seuils minimal et maximal pour séparer les deux classes est plus important ($\approx [35 - 75]\%$). Cet écart est appelé « bande de confiance ». Plus la bande de confiance est large plus le système est fiable et moins il risque de commettre des erreurs de classification.

Dans le cas des images DRIVE, la bande de confiance est plus importante car les couples d'images similaires ont été obtenues par variations des images originales, contrairement à la base ARIA qui comporte des couples réels d'images du même individu. En conséquence, l'opération de recalage pour les images de la base ARIA ne donnent pas forcément un résultat parfait comme évoqué dans le chapitre 3.

Pour les deux autres courbes d'évaluation, nous avons obtenu les mêmes résultats

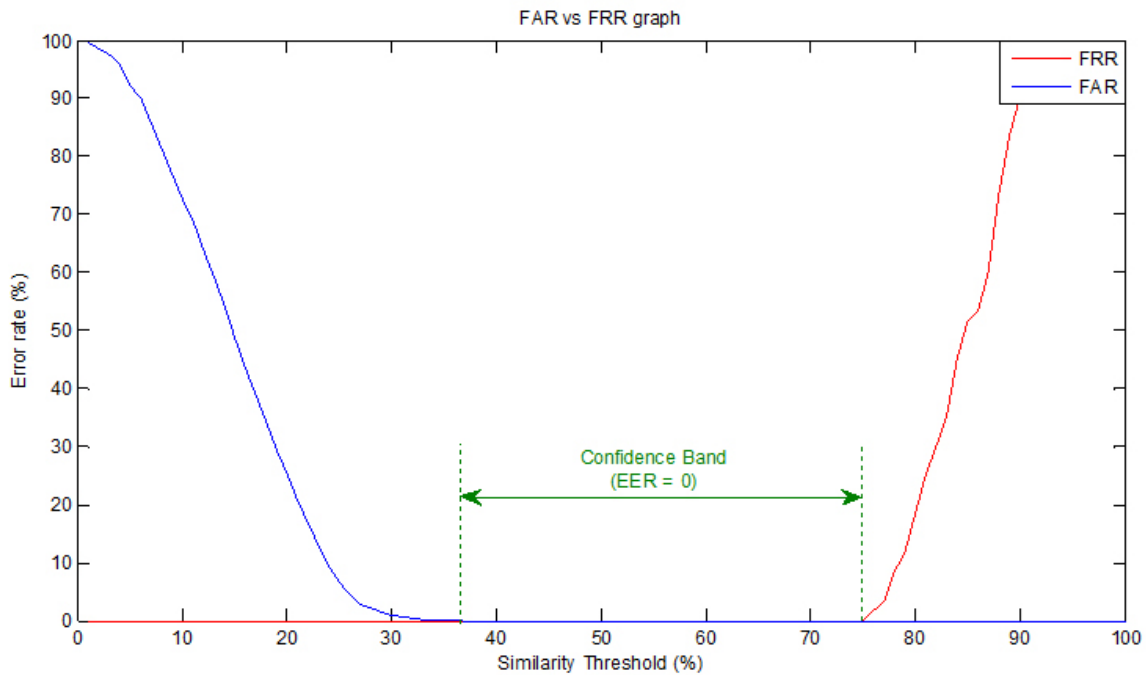


FIGURE 4.6: La courbe FAR vs FRR pour les images DRIVE.

pour les deux bases d'images. Ceci peut s'expliquer par le fait que bien que la bande de confiance n'est pas identique, le système est arrivé à séparer entre les deux classes Clients et Imposteurs.

La figure 4.7a représente la courbe ROC, où nous pouvons déduire que le système réagit parfaitement dans le cas où le seuil d'acceptation est choisi dans la bande de confiance. La courbe DET (figure 4.7b) nous fournit un EER nul et un point OP égal à 100% pour un FAR nul.

La deuxième phase qui permet d'évaluer les performances d'un classifieur automatique est la phase de test. Cette évaluation est basée sur la mesure des quatre paramètres suivants (tableau 4.2) :

TABLEAU 4.2: Tableau des paramètres de la validité intrinsèque d'un système.

	Client	Imposteurs
Acceptation	<i>Vrais Positifs (VP)</i>	<i>Faux Positifs (FP)</i>
Rejet	<i>Faux Négatifs (FN)</i>	<i>Vrais Négatifs (VN)</i>

VP : Nombre de clients acceptés.

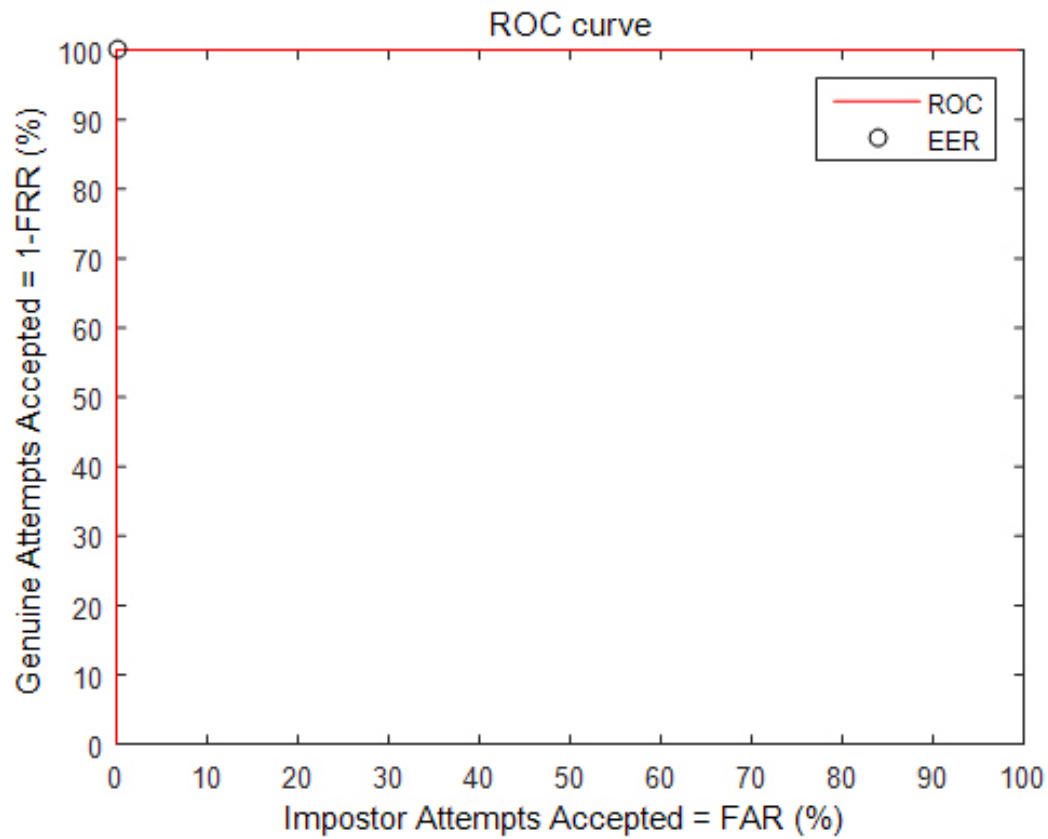
FN : Nombre de clients rejetés.

FP : Nombre d'imposteurs acceptés.

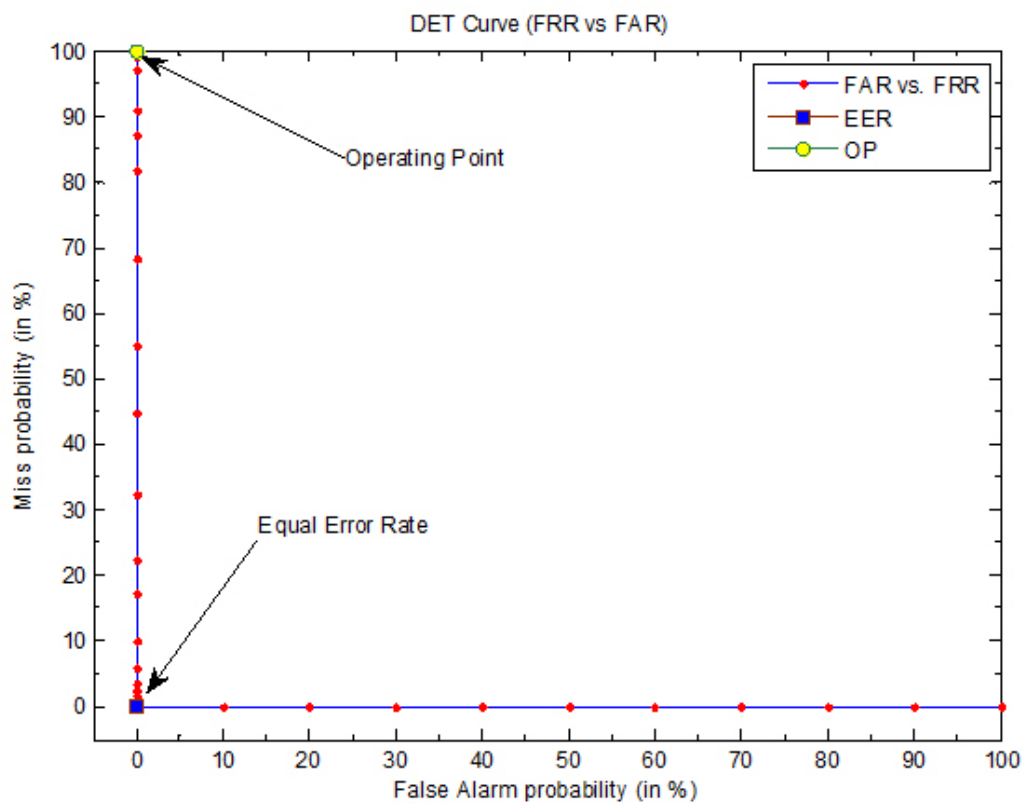
VN : Nombre d'imposteurs rejetés.

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



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



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

FIGURE 4.7: Courbes obtenues par l'algorithme d'évaluation.

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 :

$$\text{Sensibilité} = \frac{VP}{VP + FN} \quad (4.4)$$

- **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 :

$$\text{Spécificité} = \frac{VN}{VN + FP} \quad (4.5)$$

Au terme de la phase d'apprentissage supervisé, nous avons pu déterminer une bande de confiance dans la quelle le seuil de décision permet de classer correctement un couple d'images comparées. Ce seuil peut être fixé de manières différentes, le plus évident est le centre de la bande passante. Par exemple, pour la base **DRIVE**, un seuil de 50% est largement adapté aux images de cette base.

Nous avons alors procédé à un test du système de classification avec la deuxième partie de la base d'image **DRIVE**. C'est un autre ensemble de 20 images (différentes des premières) et comme pour la phase d'apprentissage, nous avons ajouté des images transformées géométriquement (translation, rotation, variation d'échelle). Le croisement (sans répétition) des 60 images implique un total de $[(60 \times 60 - 60)/2] = 1770$ combinaisons.

Nous avons implémenté un algorithme qui compare ces images entre elles et avons calculé les paramètres cités précédemment (**VP**, **VN**, **FP** et **FN**).

Les valeurs obtenues sont représenté dans le tableau 4.3.

TABLEAU 4.3: Tableau des résultats du test de performance.

VP	VN	FP	FN	Sensibilité	Spécificité
60	1710	0	0	100 %	100 %

Pour un seuil dans la bande de confiance, notre système réagit 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. Il faudra noter que ces taux ne sont pas garantis si les images utilisées ne sont pas de bonnes qualités (images bruitées, de faibles contraste...etc.).

Enfin et pour valider les résultats obtenus par notre système, nous les avons comparés à ceux obtenus par d'autres algorithmes de la littérature. Dans le domaine de la vérification de la rétine, nous pouvons trouver de nombreux algorithmes avec une bonne précision, comme celui de [Farzin *et al.* \(2008\)](#) ou les vaisseaux sanguins ont été utilisée comme modèle biométrique, ainsi que leurs diamètres, leurs positions et les angles formés par les branches. La taille de ce modèle est aux alentours de 1 Mo. [Ortega *et al.* \(2009\)](#) ont utilisé la structure vasculaire d'une taille de 438 Ko pour la comparaison des images. La bande de confiance obtenue avec cet algorithme était comprise entre 56% et 78%. [Oinonen *et al.* \(2010\)](#) et [Latha *et al.* \(2010\)](#) ont utilisé les attributs de localisation et d'orientation des points de bifurcation. La taille du motif a été considérablement réduite à environ 50 Ko. [Dehghani *et al.* \(2013\)](#) ont utilisé les coordonnées polaires des coins de l'image. Ils ont obtenu une petite bande de confiance (entre 20% et 30%) avec un modèle d'environ 250 Ko. Dans notre travail, en utilisant uniquement les coordonnées cartésiennes des points de bifurcation, nous avons obtenu une bande de confiance entre 37% et 75% avec une taille de motif inférieure à 200 octets.

Le tableau 4.4 résume la différence entre les résultats obtenus par notre méthode et ceux des algorithmes précédents. Dans la première colonne, nous avons cité les algorithmes les plus connus de vérification rétinienne. Dans la deuxième colonne, nous avons listé le modèle utilisé comme signature biométrique pour chaque individu. La troisième colonne concerne la taille moyenne du motif stocké par image dans le processus d'enrôlement. Le quatrième présente la précision de chaque algorithme. Et le dernier est pour comparer les bandes de confiance.

Ainsi, dans ce travail, nous avons pu déduire clairement que malgré la réduction de la taille du template (moins de 200 Octets), notre algorithme reste très compétitif par rapport aux précédents. Ceci est dû au fait que le nombre de points de bifurcation obtenus est largement suffisant pour l'opération de vérification. En effet, on remarque que la largeur de la bande de confiance, estimée à 40% (entre 35% et 75%), est aussi importante que les autres algorithmes. Ceci dit, cette comparaison doit être interprétée avec prudence car ces algorithmes n'ont pas tous été testés sur la même base d'images.

En outre et grâce à l'utilisation d'opérateurs morphologiques pour la segmentation du squelette vasculaire, et l'algorithme [ICP](#) pour le recalage automatique et l'appariement, notre algorithme a fourni un bon résultat de temps de vérification (environ 3s par image). Malheureusement, nous ne pouvons pas le comparer avec d'autres algorithmes de pointe, car la plupart ne donnent pas suffisamment de détails sur le temps de traitement ou n'utilisent pas les mêmes conditions expérimentales. Cependant, nous pouvons raisonnablement supposer que les méthodes précédentes ne sont pas aussi rapides que les nôtres car elles utilisent des algorithmes de suivi (« *tracking* ») ou de glouton.

On peut donc considérer que notre algorithme permet de vérifier de manière fiable deux images rétinienne uniquement en utilisant les coordonnées cartésiennes des points de bifurcation comme signature biométrique. Il n'est donc pas nécessaire de stocker l'image entière pendant la phase d'enrôlement. En pratique, cet algorithme peut être très utile pour implémenter un système de reconnaissance embarqué dans des micro-dispositifs puisque la taille de la mémoire utilisée pour la base de données d'inscription est considérablement réduite.

Cependant, nous avons trouvé que notre algorithme présente des problèmes d'instabilité si nous changeons la base de données des images rétinienne, car nous devons réajuster les paramètres de l'algorithme d'extraction des caractéristiques, déterminés empiriquement (paramètre de seuillage, taille de fenêtre du filtrage...etc.). Ce problème

TABLEAU 4.4: Résultats des différents algorithmes d'identification par la rétine.

Algorithme (Méthode)	Pattern utilisé	Taille (Oct.)	Précis. (%)	Bande de confiance
<i>Farzin et al. (2008)</i>	La configuration des vaisseaux sanguins, leurs diamètres, leurs emplacements et les angles relatifs.	3×360 K	99	Aucune
<i>Ortega et al. (2009)</i>	Structure vasculaire.	438 K	100	[0.56 - 0.78]
<i>Oinonen et al. (2010)</i>	Locations des bifurcation et de croisement et l'orientation des vaisseaux.	≈ 10 K	100	Non indiquée
<i>Latha et al. (2010)</i>	Les attributs de localisation et d'orientation des points de bifurcation.	≈ 50 K	100	[0.45 - 0.70]
<i>Dehghani et al. (2013)</i>	Coordonnées polaires des coins de l'image.	≈ 250 K	100	[0.20 - 0.30]
<i>Castaldi et al. (2014)</i>	Séries temporelles obtenues avec une valeur de grille en spirale.	≈ 150 K	98	Aucune
<i>Betaouaf et al. (2017)</i> (Notre algorithme)	Coordonnées cartésiennes des points de bifurcation.	< 200 K	100	[0.37 - 0.75]

peut éventuellement être résolu par des techniques automatiques d'ajustement des paramètres.

Toutefois, 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 4.8. Donc, par l'algorithme d'extraction des points, au lieu d'un seul point de croisement, nous obtenons deux points de bifurcation.

Pour remédier à cela, il est possible de fusionner les points de bifurcation produits par un croisement de branches. L'idée est de fusionner deux points avec les critères suivants (figure 4.9) :

- 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.

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

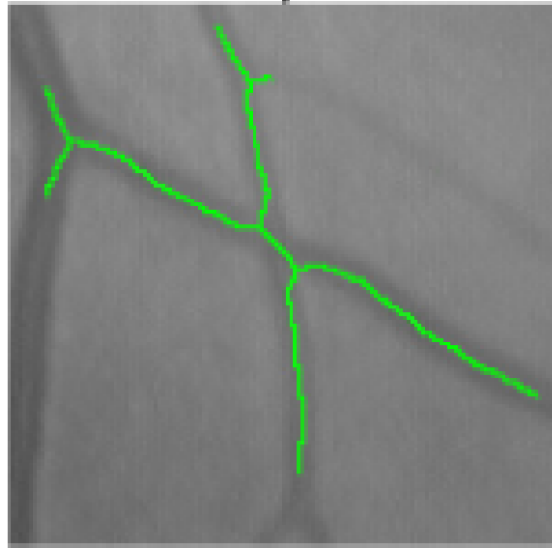
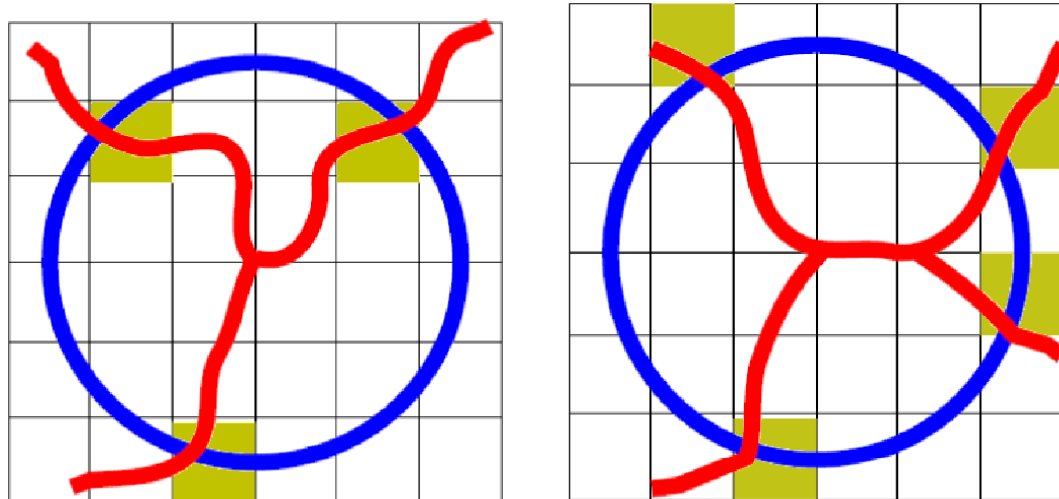


FIGURE 4.8: La représentation réelle des points de croisement.



(a) Point de bifurcation normale.

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

FIGURE 4.9: Détection et fusion des points de bifurcation produits par un croisement.

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.

4.6 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons présenté les résultats des expérimentations réalisées tout au long de nos travaux de recherche sur les systèmes d'identification biométriques par la rétine. Notre algorithme a été testé sur deux bases d'images rétiniennes à usage public [ARIA](#) et [DRIVE](#).

Nous avons pu 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 séparation des classes clients et imposteurs. La bande de confiance obtenue

pour les images de la base [DRIVE](#) est assez large et permet un choix fiable du seuil de décision.

Certes, les algorithmes d'extraction des caractéristiques ont donné de bons résultats, mais n'empêche qu'une simple analyse visuelle permet de constater une différence entre les résultats d'une extraction automatique et ceux d'une extraction manuelle par des experts (fournis avec les bases 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 des bases d'images « aménagées » 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.

Conclusion générale

L'identification des individus par la rétine est une technique très fiable mais moins répandue que les autres techniques de reconnaissance biométrique à cause de son caractère invasif dans l'acquisition de l'image rétinienne. Ce problème commence à être résolu par l'avènement des nouveaux dispositifs d'acquisition.

L'objectif principal de notre travail fût de concevoir un système biométrique basé sur l'analyse des caractéristiques des images du fond d'œil. La convenance de l'arbre vasculaire rétinien en tant que trait biométrique a été étudiée depuis longtemps lors des études anatomiques de la rétine humaine. L'utilisation d'une telle méthode d'authentification se répand de plus en plus étant donné que la structure arborescente du réseau vasculaire satisfait assez bien les critères de base d'un modèle biométrique.

Dans cette thèse, un algorithme complet de vérification d'identité a été proposé. Les différentes étapes de l'algorithme de vérification ont été décrites, depuis l'acquisition et l'amélioration des images jusqu'à la vérification des signatures en passant par le raclage automatique. Notre travail fut focalisé, d'une part, sur l'accélération du processus d'extraction des caractéristiques et celui du recalage automatique des modèles. Et d'autre part, nous voulions que le système biométrique utilise des modèles plus compacts constitués uniquement des coordonnées cartésiennes des points de bifurcation et de croisement des branches dans le but de réduire la taille de la base d'enrôlement.

Pour ce faire, nous avons combiné plusieurs techniques efficaces afin d'optimiser le rendu de l'algorithme. Le but était d'obtenir des résultats compétitifs avec les algorithmes trouvés dans la littérature, tout en réduisant la quantité d'informations à traiter. Malheureusement, les travaux avec lesquels nous avons comparé notre algorithme ne donnent pas suffisamment de détails sur le temps de traitement et la taille des données utilisées ou n'utilisent pas la même configuration de l'équipement expérimental. Autrement, il aurait été plus intéressant de comparer le rapport efficacité-vitesse des différentes méthodes. Cependant, nous avons conclu que pour un seuil fixé dans la bande de confiance, notre système de vérification de la rétine joue le rôle d'un classifieur automatique permettant de séparer parfaitement entre les deux classes clients et imposteurs. Le système est commode avec les requêtes authentiques et très efficace contre les tentatives d'intrusion. En effet, il assure une séparation de classe parfaite et préserve un rapport confort / sécurité maximal même avec des images de sujets pathologiques.

Pour l'extraction des caractéristiques, une approche morphologique a été proposée. Ces algorithmes d'extraction ont donné des résultats satisfaisants. Pour la phase de comparaison, il est impératif d'aligner d'abord les modèles afin de pouvoir les comparer. Au départ, nous avons proposé une nouvelle méthode de recalage automatique basée uniquement sur deux points de contrôle : les centres de la papille et de la macula. Cette méthode est plus rapide et a donné des résultats aussi pertinents que ces prédécesseurs mais a vite présenté des limites face aux images de mauvaise qualité (surtout quand il s'agit d'une image provenant d'une rétine atteinte de sérieuses patho-

logies). Nous avons, donc, proposé une autre méthode de recalage automatique plus fiable et plus robuste basée sur l'application de l'algorithme ICP optimisé. Quant à l'algorithme de comparaison, il évalue le degré de similarité entre les modèles comparés en prenant en considération les facteurs d'atténuation externes dans l'acquisition des images (changement des conditions d'illumination...). Il utilise une méthodologie des voisins locaux et l'information topologique pour le calcul du degré de similarité. Avec cette méthode nous avons obtenu une bonne performance du système biométrique. C'est, particulièrement, important dans le domaine de la biométrie, car la plus grande spécificité possible est exigée pour éviter une mauvaise classification des points, qui peut mener à une fausse acceptation ou à un faux rejet.

Les résultats expérimentaux obtenus dans ce travail prouvent que le système est performant pour l'usage de cette technique biométrique même dans des environnements de haute sécurité. En même temps, la signature biométrique est réduite à de simples coordonnées cartésiennes des points de bifurcation des branches du réseau rétinien. Cela équivaut à une réduction d'environ 1000 fois la taille du stockage pendant le processus d'enrôlement.

Finalement, la plupart des bases d'images rétiniennes à usage public ont été collectées pour des études pathologiques et ne sont pas adaptées à la biométrie car elles ne contiennent pas assez d'images des mêmes patients à différents moments. Comme perspectives, nous proposons d'étudier le comportement de ce système dans une application en temps-réel, c'est-à-dire sur des images rétiniennes acquises directement sur des individus en utilisant un scanner rétinien.

Annexe A

Opérateurs morphologiques

Dans cette annexe, nous présentons les outils morphologiques qui ont été utilisés au cours de cette thèse, en complément du chapitre 3, et qui sont assez généraux pour pouvoir s'appliquer à d'autres domaines qu'au seul traitement des images rétinienne. Nous présentons l'ouverture par diamètre, telle qu'elle a été présentée par [Walter \(2003\)](#), permettant d'extraire d'une image des objets selon leur extension maximale. Ensuite, nous présentons des algorithmes rapides pour le filtrage des squelettes applicables à des images binaires et à des images à teintes de gris.

A.1 L'ouverture par diamètre

Cette opération permet d'extraire, d'une image binaire, les composantes connexes avec une extension maximale supérieure ou égale à un paramètre λ . Il s'agit d'un opérateur croissant qui, par conséquent, peut également être appliqué à des images à teintes de gris. L'ouverture par diamètre est une ouverture par critère ; les opérateurs par critère sont présentés dans la première partie de cette section. Le représentant le plus éminent dans cette classe d'opérateur est l'ouverture surfacique.

A.1.1 Les ouvertures binaires par critère

L'ouverture surfacique qui peut être considérée comme la première ouverture par critère a été présentée et étudiée par [Vincent \(1990, 1993\)](#). L'ouverture surfacique binaire supprime toutes les composantes connexes d'une image binaire ayant une surface plus petite qu'un paramètre λ . Dans [Vincent \(1994\)](#), l'auteur montre que cette opération peut être interprétée comme le supremum d'ouverture avec la classe d'éléments structurants ayant une surface supérieur ou égale à λ . [Breen et Jones \(1996\)](#) généralisent le concept en introduisant les opérateurs par critère. Selon les caractéristiques du critère, l'opérateur résultant est une ouverture ou un amincissement. Cependant, les opérateurs par critère ont été anticipés déjà par [Serra \(1988\)](#). Dans cette présentation, l'ouverture est appelée « ouverture triviale ». Mais comme la mise en œuvre efficace par les files d'attente hiérarchiques n'a pas encore été inventée, l'extension aux images à teintes de gris n'était pas encore praticable.

A.1.1.1 Les critères

Un critère assigne à un ensemble connexe $A \subset E$ une variable booléenne : une caractéristique (comme par exemple la surface) de l'ensemble est extraite, et cette caractéristique est comparée avec une valeur de référence (le paramètre de l'algorithme).

Définition A.1. Soit $E \subset \mathbb{Z}^2$ et $\mathcal{C}(E)$ l'ensemble des sous-ensembles connexes de E . un critère \mathcal{K} est une application de $\mathcal{C}(E)$ dans $\{0, 1\}$ qui assigne à chaque ensemble connexe $A \in \mathcal{C}(E)$ un nombre $\mathcal{K}(A) \in \{0, 1\}$. Si $\mathcal{K}(A) = 1$ on dit que A remplit le critère \mathcal{K} .

Un critère \mathcal{K} est dit croissant si pour deux ensembles connexes $A, B \in \mathcal{C}(E)$:

$$A \subset B \Rightarrow \mathcal{K}(A) \leq \mathcal{K}(B) \quad (\text{A.1})$$

La surface d'un ensemble (le nombre de pixels contenus dans l'ensemble) permet la contraction d'un critère croissant :

$$\mathcal{K}(A) = \begin{cases} 1 & \text{si } A \geq \lambda \\ 0 & \text{sinon} \end{cases} \quad (\text{A.2})$$

Si dans cette définition, le \geq est remplacé par un $=$ ou un $<$, le critère \mathcal{K} n'est pas croissant. Il est alors possible d'assigner à la même mesure (la surface) des critères différents ayant des propriétés différentes. Un critère croissant qui est rempli par l'ensemble vide, est forcément rempli par tous les ensembles dans $\mathcal{C}(E)$. L'application d'un tel critère n'a aucun effet sur une image, et par conséquent nous pouvons supposer que $\mathcal{K}(\emptyset) = 0$ pour tous les critères croissants.

A.1.1.2 Les ouvertures et fermetures par critère

Considérons maintenant des images binaires $X \in X(E)$ et un critère croissant \mathcal{K} . une ouverture par critère enlève toutes les composantes connexes de cette image binaire qui ne remplissent le critère \mathcal{K} .

Définition A.2. Soit $X \subset E$ un ensemble et \mathcal{K} un critère croissant. Une ouverture $\gamma_{\mathcal{K}}$ par critère est l'union de toutes les composantes connexes de X qui remplissent le critère \mathcal{K} . avec $C_{\mathcal{X}}(X)$ la composante connexe de X contenant x si $x \in X$ et \emptyset sinon, l'ouverture par critère s'écrit de la manière suivante :

$$\gamma_{\mathcal{K}}(X) = \{x \in X \mid C_{\mathcal{X}}(X) \text{ remplit } \mathcal{K}\} \quad (\text{A.3})$$

La fermeture par critère se définit par dualité :

$$\phi_{\mathcal{K}}(X) = [\gamma_{\mathcal{K}}(X^C)]^C \quad (\text{A.4})$$

Seules les composantes connexes du fond (« les trous ») qui remplissent le critère \mathcal{K} sont gardées, ou autrement dit, toutes les composantes connexes du fond qui ne remplissent pas le critère sont ajoutées à l'ensemble X :

$$\phi_{\mathcal{K}}(X) = X \cup \{x \in X^C \mid C_{\mathcal{X}}(X^C) \text{ ne remplit pas } \mathcal{K}\} \quad (\text{A.5})$$

Il peut être démontré facilement que l'opérateur défini dans (A.5) est une ouverture, c'est-à-dire qu'il est idempotent, croissant et anti-extensif (Breen et Jones, 1996). Il est bien connu que toutes les ouvertures algébriques peuvent être écrites comme supremum d'ouvertures morphologiques avec une classe d'éléments structurants.

Le théorème suivant montre le lien entre le critère de l'ouverture et la classe d'éléments structurants de cette représentation.

Théorème A.3. *Soit $E \subset Z^2$ et \mathcal{K} un critère croissant. L'ouverture par critère $\gamma_{\mathcal{K}}$ est le supremum des ouvertures morphologique avec la classe d'éléments structurants (connexes) qui remplissent le critère :*

$$\gamma_{\mathcal{K}} = \bigcup_{B \in E} \{\gamma^B \mid \mathcal{K}(B) = 1\} \quad (\text{A.6})$$

Démonstration. Selon un théorème de MATHERON (voir [Serra \(1988\)](#), p.106), toute ouverture algébrique γ peut s'écrire comme supremum d'ouvertures morphologiques avec une classe d'éléments structurants \mathcal{B}_0 :

$$\gamma_{\mathcal{K}} = \bigcup \{\gamma^B \mid B \in \mathcal{B}_0\} \quad (\text{A.7})$$

Les éléments structurants $B \in \mathcal{B}_0$ sont invariants par rapport à l'ouverture γ : $\gamma(B) = B$. \mathcal{B}_0 s'appelle la base du domaine d'invariance \mathcal{B} de γ : toutes les images binaires invariantes par rapport à γ peuvent être générées par translation et union à partir des éléments $B \in \mathcal{B}_0$.

L'ouverture par critère agit sur les composantes connexes, qui doivent remplir le critère séparément pour être gardé. Par conséquent, \mathcal{B}_0 ne contient que des ensembles connexes ; si un $B \in \mathcal{B}_0$ contenait deux composantes connexes, les deux rempliraient le critère (nécessaire pour l'invariance), mais dans ce cas, B pourrait être écrit comme union d'invariants translatsés et ne serait donc pas dans \mathcal{B}_0 , mais dans $B \setminus \mathcal{B}_0$.

De plus, on a :

$$\gamma = \bigcup \{\gamma^B \mid B \in \mathcal{B}_0\} \quad (\text{A.8})$$

Car $\text{mathcal{B}}_0 \subseteq \text{mathcal{B}}$ et pour tous les $B \in \text{mathcal{B}}$ et $B_0 \in \text{mathcal{B}}_0$ on a $B \supseteq B_0(0, h)$ (avec $h \in E$) ce qui implique $\gamma^B \subseteq \gamma^{B_0}$. Donc, le supremum d'ouverture est le même pour $B \in \mathcal{B}$ et $B \in \mathcal{B}_0$. Soit \mathcal{B}' l'ensemble de tous les ensembles connexes invariants par rapport à γ . Il s'agit donc de tous les ensembles connexes qui remplissent le critère \mathcal{K} . Comme les ensembles dans \mathcal{B}_0 sont connexes, on a :

$$\mathcal{B}_0 \subseteq \mathcal{B}' \subseteq \mathcal{B} \quad (\text{A.9})$$

Avec les équations (A.7) et (A.8), on obtient donc :

$$\gamma = \bigcup \{\gamma^B \mid B \in \mathcal{B}'\} \quad (\text{A.10})$$

avec \mathcal{B}' l'ensemble de tous les ensembles connexes qui remplissent le critère \mathcal{K} .

Le théorème montre la puissance des ouvertures par critère : elle remplace tout un ensemble d'opérations morphologiques. L'ouverture surfacique par exemple, ne garde que les composantes connexes d'une image avec une surface supérieure ou égale à λ :

$$\gamma_{\lambda}^{surf} = \{x \in E \mid \text{Surf}(C_x(X)) \geq \lambda\} \quad (\text{A.11})$$

L'ouverture est le supremum de toutes les ouvertures avec des éléments structurants de taille égale ou supérieure à λ :

$$\gamma_{\lambda}^{surf} = \{\gamma^B(X) \mid \text{Surf}(B) \geq \lambda\} \quad (\text{A.12})$$

La fermeture par critère peut s'écrire comme infimum de fermetures avec les éléments structurants qui remplissent le critère :

$$\phi_{\mathcal{K}} = \bigcap \{\phi^B \mid \mathcal{K}(B) = 1\} \quad (\text{A.13})$$

□

A.1.1.3 La mise en œuvre

La mise en œuvre d'une ouverture par critère pour des images binaires est très simple. Il suffit d'étiqueter l'image binaire, c'est-à-dire d'assigner la même valeur de gris t_i à tous les pixels appartenant à la même composante connexe \mathcal{C}_i :

$$X = \bigcup_i \mathcal{C}_i$$

$$[L(X)](x) = \begin{cases} t_i & \text{si } x \in \mathcal{C}_i \text{ avec } t_i \neq t_j \text{ pour } i \neq j \\ 0 & \text{si } x \notin X \end{cases} \quad (\text{A.14})$$

L'image $L(X)$ permet de calculer facilement les critères pour les composantes connexes en parallèle : pour l'ouverture surfacique par exemple, il suffit de parcourir l'image étiquetée une seule fois de plus pour trouver les surfaces des composantes connexes ; t_i sert comme index d'un buffer qui contient les surfaces des composantes connexes \mathcal{C}_i . Chaque fois qu'un pixel $x \in \mathcal{C}_i$ est trouvé, la valeur du buffer indexé par t_i est incrémentée . L'image $L(X)$ permet de calculer facilement les critères pour les composantes connexes en parallèle : pour l'ouverture surfacique par exemple, il suffit de parcourir l'image étiquetée une seule fois de plus pour trouver les surfaces des composantes connexes ; t_i sert comme index d'un buffer qui contient les surfaces des composantes connexes \mathcal{C}_i . Chaque fois qu'un pixel $x \in \mathcal{C}_i$ est trouvé, la valeur du buffer indexé par t_i est incrémentée ¹.

A.1.2 Les ouvertures par critère pour des images à teintes de gris

Soit $f : D_f \subset \mathbb{Z}^2 \rightarrow T \subset Z$ une image à teintes de gris. Comme toute ouverture binaire, les opérateurs décrits dans A.1.1 peuvent être appliqués également à f , en les appliquant aux ensemble dits sections $X_s^+(f) = \{x \in E \mid f(x) \geq t\}$ au niveau s et en empilant le résultat.

Par contre, le critère \mathcal{K} peut maintenant dépendre soit uniquement d'une mesure des sections (comme la surface par exemple) soit des valeurs de f . Dans le premier cas, on parle d'un critère planaire, dans le deuxième cas on parle d'un critère non-planaire.

Définition A.4. Soit $f : D_f \subset \mathbb{Z}^2 \rightarrow T \subset Z$ une image à teintes de gris et \mathcal{K} un critère planaire et croissant. Une ouverture par critère \mathcal{K} s'écrit de la manière suivante :

$$[\gamma_{\mathcal{K}}(f)](x) = \sup\{s \leq f(x) \mid \mathcal{C}_{\mathcal{X}}[X_s^+(f)] \text{ remplit } \mathcal{K}\} \quad (\text{A.15})$$

Et la fermeture par critère :

$$[\phi_{\mathcal{K}}(f)](x) = \inf\{s \leq f(x) \mid \mathcal{C}_{\mathcal{X}}[X_s^-(f)] \text{ remplit } \mathcal{K}\} \quad (\text{A.16})$$

Si le critère n'est pas croissant mais planaire, il est quand même possible d'appliquer la définition A.4 aux images à teintes de gris. L'opérateur résultant n'est pas une ouverture, parce qu'il n'est pas croissant, mais il est toujours idempotent et anti-extensif ; donc, il s'agit d'un amincissement (voir Breen et Jones (1996)). Si le critère n'est pas planaire l'opérateur résultant n'est même pas forcément idempotent. L'arasement volumique proposé dans Vachier (1995) par exemple ne l'est pas.

1. En effet, il y a des moyens d'améliorer encore l'efficacité en calculant la surface des composantes connexes déjà pendant l'étiquetage.

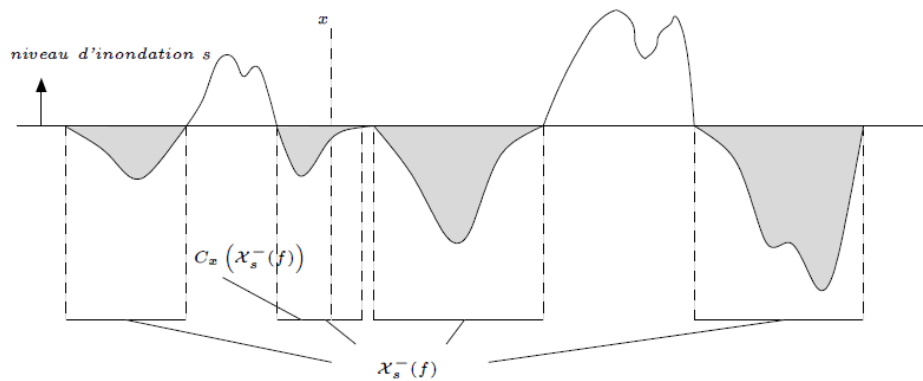


FIGURE 1.1: L'inondation pour une image f au niveau s . (Walter, 2003)

A.1.2.1 Les fermetures par critères et l'inondation d'images

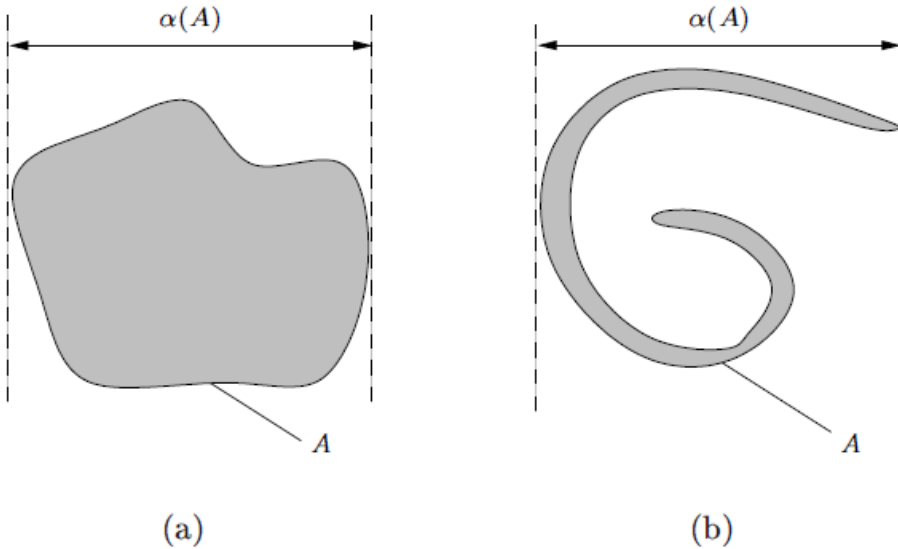
Pour mettre en œuvre une ouverture par critère pour des images à teintes de gris, la définition A.4 n'est pas adaptée. Il est préférable de travailler avec des inondations à l'aide des files d'attente hiérarchiques.

Le concept est plus facile à expliquer pour des fermetures par critère. Soit f une fonction numérique. Elle peut être interprétée comme un relief topographique dans lequel la valeur de gris d'un point x correspond à son altitude. Ce relief est inondé à partir de ses minima régionaux, la manière à ce que le niveau d'inondation s soit identique pour toute l'image (voir figure 1.1). Au cours de l'inondation il se forme des lacs partout où $f(x)$ est déjà inondée, c'est-à-dire où $f(x) \leq s$. L'ensemble des lacs correspond à la section $X_s^-(f) = \{x \in E \mid f(x) < t\}$ au niveau s et le lac qui contient x correspond à l'ouverture connexe de la section $C_{\mathcal{X}}[X_s^-(f)]$.

L'algorithme part des minima ayant les niveaux de gris les plus petits. Pour ce premier niveau d'inondation s , l'ensemble des lacs correspond alors aux minima globaux de l'image. Le critère est évalué pour tous ces lacs ; si un lac remplit le critère, l'image résultat prend la valeur s pour tous les points appartenant à ce lac (l'inondation « s'arrête » pour ce lac). Puis, s est incrémenté, les lacs existants sont étendus, de nouveaux minima locaux ayant la valeur s sont ajoutés, jusqu'à ce que tous les lacs $C_{\mathcal{X}}[X_s^-(f)]$ pour ce nouveau niveau s soient déterminés. Si deux lacs se rencontrent, ils fusionnent, et le critère est évalué pour le lac fusionné, comme s'il s'agissait d'un seul lac. Puis, le critère est évalué pour tous les lacs. De cette manière, toute l'image est inondée, jusqu'à ce qu'il n'y ait plus de lacs qui ne remplissent pas le critère. En pratique, des files d'attente hiérarchiques sont utilisées pour implémenter cette opération. L'algorithme est très efficace en termes de temps de calcul ; le seul point coûteux est l'évaluation du critère. Cela dépend essentiellement du critère lui-même : si le critère (comme la surface) est facile à recalculer quand un nouveau pixel est ajouté au lac, l'algorithme est en effet très rapide. Si par contre tous les pixels du lacs doivent être considérés pour recalculer le critère, la vitesse de l'algorithme baisse considérablement. Donc, les critères qui permettent une évaluation efficace sont d'un intérêt particulier. A partir de ces considérations, il est possible de définir l'ouverture par diamètre, ce qui est fait dans la section suivante.

A.1.2.2 L'ouverture/fermeture par diamètre

Dans la segmentation d'image, beaucoup de caractéristiques peuvent être utilisées pour trouver des régions d'intérêt. Une caractéristique très importante est la taille des

FIGURE 1.2: Le diamètre $\alpha(A)$. (Walter, 2003)

éléments à trouver ; elle est à la base de beaucoup d'opérations morphologiques. Par contre, on peut imaginer de nombreuses méthodes pour mesurer la taille, par exemple la surface, l'épaisseur ou la longueur.

a) Le diamètre d'un ensemble

La notion de diamètre d'un ensemble est liée à un cercle ; pour l'appliquer à un ensemble pas forcément de forme circulaire, il faut considérer soit le cercle extérieur minimal (le plus petit cercle qui contient l'ensemble), soit le cercle inférieur maximal (le plus grand cercle contenu dans l'ensemble), soit une approximation de l'ensemble par un cercle. Une ouverture morphologique par reconstruction avec un élément structurant circulaire peut être considérée comme une ouverture par critère avec comme critère le diamètre du cercle inférieur maximal (seules les composantes connexes qui peuvent contenir l'élément structurant sont gardées). Cette opération enlève toutes les structures qui ont une épaisseur inférieure à λ (avec λ le diamètre de l'élément structurant). Parfois, il est pourtant justement intéressant de pouvoir caractériser des ensembles par rapport à leur extension maximale ; notamment, si l'opérateur est censé distinguer des objets minces de forme allongée des petits objets. Il y a plusieurs méthodes de définir un diamètre approprié. Nous avons utilisé l'extension maximale d'un ensemble A :

Définition A.5. Soit $X \subset Z^2$ un ensemble connexe de points. L'extension maximale (ou diamètre) de X est définie comme la plus grande distance entre deux points appartenant à X :

$$\alpha(X) = \bigvee_{x,y \in X} \|x - y\| \quad (\text{A.17})$$

Dans cette définition, $\|\cdot\|$ est une norme quelconque. Pour des raisons de simplicité (surtout pour la mise en œuvre efficace de l'algorithme), nous considérons la distance discrète entre deux points $x = (x_1, x_2)$ et $y = (y_1, y_2)$ qui s'écrit :

$$\|x - y\| = |x_1 - y_1| \vee |x_2 - y_2| \quad (\text{A.18})$$

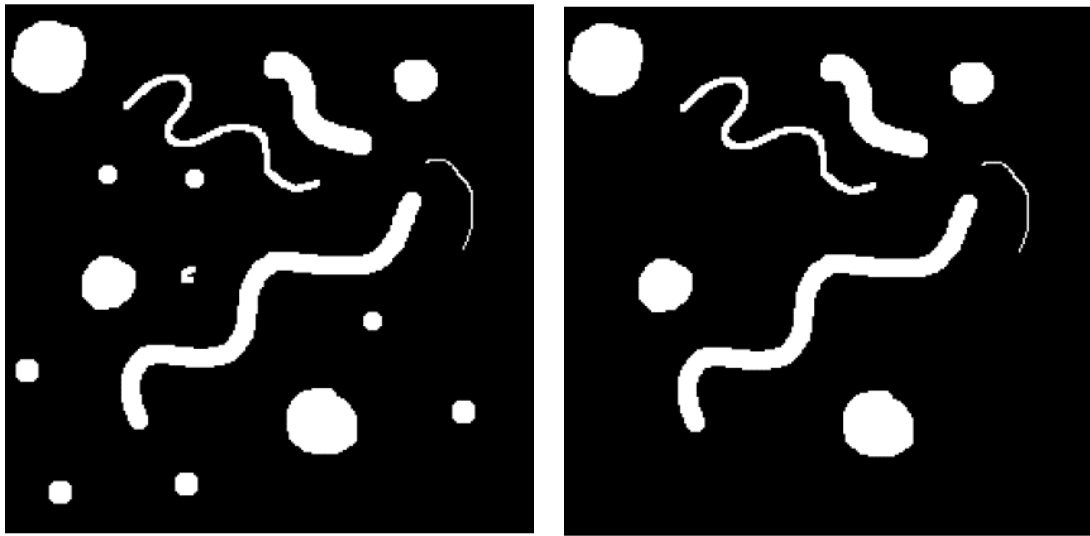
Cette interprétation du diamètre d'un ensemble est illustrée dans la figure 1.2. Ce diamètre a le grand avantage qu'il permet la construction d'un critère croissant, contrairement à la longueur géodésique et qu'il peut être calculé efficacement.

b) L'ouverture par diamètre

L'ouverture par diamètre garde les composantes connexes dont le diamètre est supérieur ou égale à λ ; elle équivaut au supremum des ouvertures morphologiques avec les éléments structurants ayant un diamètre égal ou supérieur à λ :

$$\begin{aligned} [\gamma_\lambda^\circ(X)](x) &= \{x \mid \alpha(\mathcal{C}_x(X)) \geq \lambda\} \\ &= \bigcup \{\gamma^B(X) \mid \alpha(B) \geq \lambda\} \end{aligned} \quad (\text{A.19})$$

L'ouverture par diamètre enlève toutes les composantes connexes d'une image binaire dont le diamètre (l'extension maximale) est plus petit que λ . Dans la figure 1.3, cet opérateur est illustré : contrairement à une ouverture par reconstruction ou une ouverture surfacique, l'image résultante contient toujours tous les éléments de forme allongée, même les éléments les plus minces, alors que les éléments de petit diamètre sont enlevés. En effet, l'opérateur enlève toutes les composantes connexes, qui peuvent être contenues dans un carré de longueur d'arête λ .



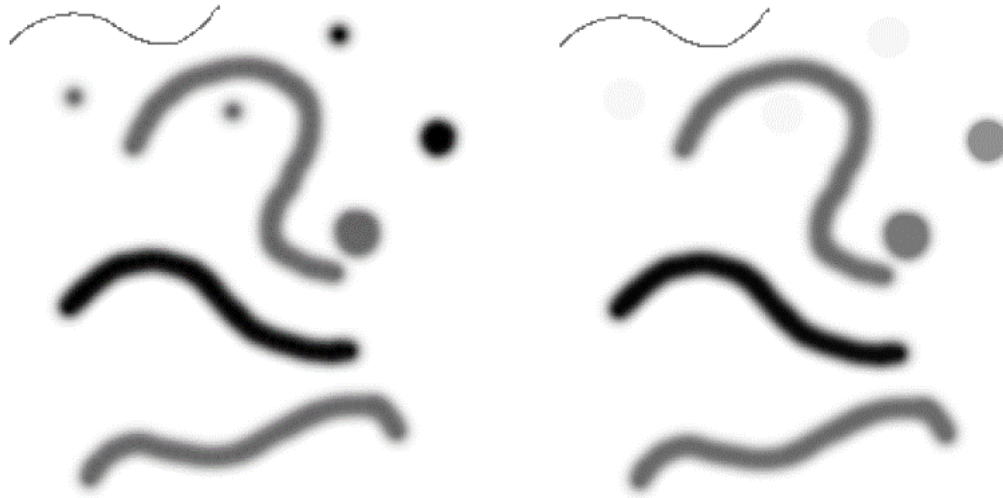
(a) Point de bifurcation normale.

(b) L'ouverture par diamètre de l'image binaire.

FIGURE 1.3: L'ouverture par diamètre d'une image binaire : tous les éléments avec un diamètre inférieur ou égal à 15 sont enlevés. (Walter, 2003)

L'effet de cet opérateur sur des images à teintes de gris est illustré dans la figure 1.4 (la fermeture par diamètre est montrée pour garder l'idée de l'inondation de l'image.) dans la figure 1.4b les petits trous isolés sont enlevés, les tranchées par contre (qui seraient également enlevées par une fermeture par reconstruction) sont conservées. Dans l'image résultante, tous les minima ont un diamètre supérieur ou égal à λ (ici $\lambda = 20$). La ligne très mince en haut de l'image serait également enlevée par une ouverture surfacique (si le paramètre est choisi de manière à ce que les petits trous soient enlevés). En effet, la fermeture par diamètre « bouche » tous les trous qui pourraient être compris dans un carré de longueur d'arête λ ; elle est l'infimum de

toutes les fermetures avec des éléments structurants ayant une extension maximale supérieure ou égale à λ .



(a) Une image à teintes de gris.

(b) La fermeture par diamètre de l'image à teintes de gris.

FIGURE 1.4: La fermeture par diamètre d'une image à teinte de gris : tous les trous de diamètre plus petit que $\lambda = 20$ sont remplis. (Walter, 2003)

Les ouvertures et les fermetures par diamètre sont appliquées dans le cas où des objets sont caractérisés par leur extension maximale, plutôt que par leur épaisseur. Dans Walter (2003), la fermeture par diamètre est appliquée à la détection des micro-anévrysmes qui correspondent à des « petits trous » dans la surface topographique elle permet donc de distinguer entre ces petits trous et les vaisseaux qui correspondent à des tranchées.

A.2 Les squelettes

Les squelettes peuvent être calculés par des amincissements successifs avec un couple d'éléments structurants adapté et ses rotations. Le problème est le temps de calcul, surtout pour des images à teinte de gris. Dans notre mémoire, nous avons utilisé la LPE pour calculer l'axe médian de l'arbre vasculaire. Nous allons nous contenter de présenter un algorithme pour le filtrage d'un squelette ; il s'agit d'un ébarbulage sélectif, dans lequel toutes les barbules qui ne dépassent pas une certaine longueur sont enlevées (Walter, 2003).

A.2.1 L'ébarbulage des squelettes

Les squelettes obtenus par les algorithmes présentés auparavant contiennent souvent des branches qui sont dues à des petites irrégularités du contour de l'ensemble initiale et non pas à des propriétés de l'objet qui puissent être utiles pour une analyse de forme. Il est intéressant de modifier le squelette pour garder que les branches essentielles. La méthode classique est l'ébarbulage ; nous présentons ici une mise en œuvre efficace à l'aide des files d'attente. Ensuite, nous présenterons une méthode d'ébarbulage plus sophistiquée pour enlever toutes les barbules ayant une longueur trop petite tout en gardant les autres entières. Pour pouvoir expliquer le concept de cet algorithme, il faut

d'abord définir quelques points caractéristiques du squelette, ce qui est fait dans le paragraphe suivant.

A.2.1.1 Les points caractéristiques d'un squelette

Un squelette $S(A)$ d'un ensemble A a quelques points caractéristiques :

- Les points de bifurcation,
- Les points finaux,
- Les branches.

Les points de bifurcations marquent l'endroit où deux branches du squelette se rencontrent. Comme au niveau des branches, l'épaisseur du squelette vaut 1, les points de bifurcation sont définis de la manière suivante :

Définition A.6. Soit S un squelette sur la trame hexagonale. Tous les points $x \in S$ qui ont plus de deux voisins $y \in N_G(x)$ avec $y \in S$ sont appelés points de bifurcation :

$$BIF(S) = \{x \in S \mid \#(N_G > 2)\} \quad (\text{A.20})$$

Une composante connexe $BIF_i(S)$ de $BIF(S)$ est appelée bifurcation.

Selon cette définition, l'endroit où deux branches d'un squelette se rencontrent ne consiste pas forcément en un seul point : il peut s'agir également d'un ensemble de points, comme il est montré dans la figure en effet, une bifurcation peut contenir jusqu'à 7 pixels pour la trame hexagonale. Le deuxième groupe de points caractéristiques d'un squelette sont les points finaux : ils peuvent également être définis par le nombre de voisins qui appartiennent au squelette :

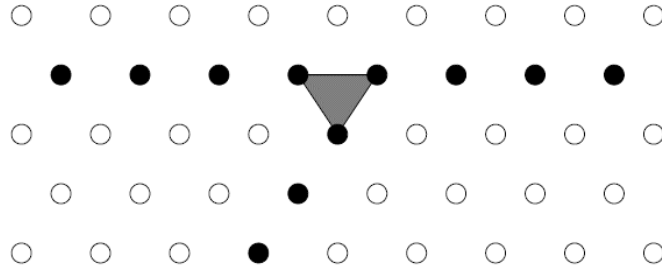


FIGURE 1.5: Un ensemble de trois points de bifurcation. (Walter, 2003)

Définition A.7. Soit S un squelette. Tous les points $x \in S$ qui ont un et seulement un voisin $y \in N_G(x)$ avec $y \in S$ sont appelés points finaux $FIN(S)$:

$$FIN(S) = \{x \in S \mid \#(N_G = 1)\} \quad (\text{A.21})$$

En partant de la définition des points de bifurcation, les branches peuvent être définies facilement :

Définition A.8. Les branches $F = F_i(S)$ d'un squelette S sont les composantes connexes de l'ensemble $S \setminus BIF(S)$. La branche qui contient le point x est désignée $F_x(S)$:

$$F_x(S) = \mathcal{C}_x(S \setminus BIF(S)) \quad (\text{A.22})$$

Les branches finales d'un squelette sont les branches qui contiennent au moins un point final du squelette.

A.2.1.2 L'ébarbulage classique

Pour enlever les « barbules » d'un squelette c'est-à-dire toutes les branches dont la longueur est trop petite, il existe une méthode classique : l'ébarbulage des squelettes qui se sert du couple d'éléments structurants B_E qui est montré avec ses rotations dans la figure 2.39b. Les points finaux d'un squelette sont enlevés par un amincissement avec ce couple d'éléments structurants B_E et ses rotations, et ce processus est itéré n fois. S'il est itéré jusqu'à l'idempotence, l'opérateur est appelé l'ébarbulage complet d'un squelette, et il donne comme résultat le squelette minimal. Avec $\circlearrowleft(B_1, B_2)$ la séquence d'amincissements par le couple (B_1, B_2) et toutes ses rotations, l'ébarbulage s'écrit de la manière suivante :

$$\begin{aligned} EB^{(n)}(S) &= (S_{\circlearrowleft}(B_1, B_2))^n \\ EB_C(S) &= (S_{\circlearrowleft}(B_1, B_2))^\infty \end{aligned} \quad (\text{A.23})$$

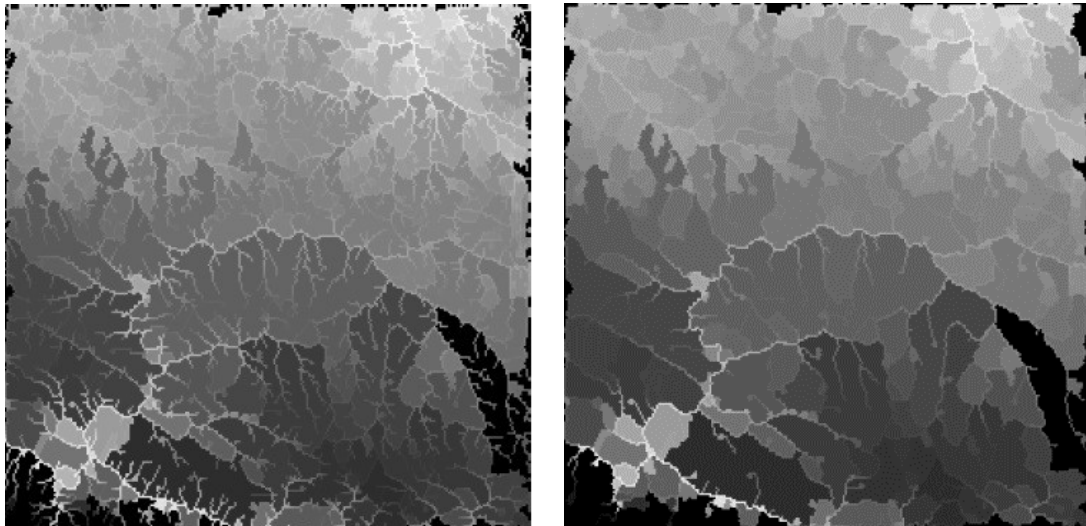


FIGURE 1.6: Un couple d'éléments structurants homotopiques (B_E) dans la trame hexagonale et ses rotations. B_1 contient seulement le centre (larqué en noir, les pixels de B_2 sont marqués en gris. L'élément structurant (le E de l'alphabet de Golay) est utilisé pour trouver les points finaux d'un squelette. (Walter, 2003)

selon la définition A.7, des points finaux sont les points d'un squelette qui ont exactement un voisin. L'amincissement avec le couple d'éléments structurants B_E peut enlever aussi des points qui ont deux voisins. En effet, ce sont des points qui correspondent à des points de bifurcation dans le squelette non ébarbulé. Ces points doivent être enlevés malgré tout, bien qu'ils aient plus d'un voisin. Le temps de calcul de cet algorithme peut être réduit considérablement en utilisant des files d'attente. La stratégie est exactement la même que pour un algorithme de squelettisation : l'algorithme n'agit que sur les points qui sont susceptibles d'être enlevés par l'ébarbulage.

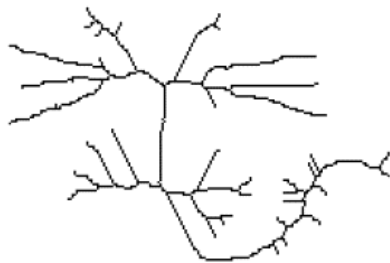
La file d'attente est initialisée avec tous les points finaux du squelette. Après l'initialisation, un pixel virtuel est mis dans la file d'attente : comme dans l'algorithme du calcul du squelette (Walter, 2003), ce pixel indique la fin de la file d'attente au moment de l'initialisation. Les pixels sont sortis l'un après l'autre dans la file, puis l'image est modifiée dans x , si les conditions d'un amincissement sont toujours remplies. Ensuite, les voisins sont considérés, et le voisin susceptible de subir un changement est mis dans la file. Quand le pixel virtuel est sorti de la file d'attente, toutes les barbules ont été raccourcies par 1 pixel. Si le nombre de pixels à enlever de chaque barbule n_{max} est supérieur à 1, le pixel virtuel est remis dans la file d'attente : le nombre de fois qu'il est sorti de la file d'attente correspond au nombre de pixels enlevés. Dans la figure 1.7, des résultats de l'application de cet opérateur à des images binaires et des images teintées de gris sont montrés.

L'inconvénient de l'ébarbulage est qu'un certain nombre de pixels est enlevé de toutes les branches qui contiennent un point final. Même si il s'agit d'une branche qui n'est pas due à une petite irrégularité, mais à une propriété importante de l'ensemble considéré, n pixels seront enlevés. Cela est souvent sans importance, mais notamment dans la détection des vaisseaux, des détections correctes sont enlevées du résultat, ce qui n'est pas satisfaisant.

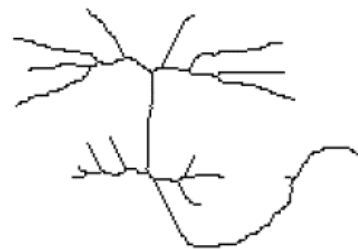


(a) Le squelette d'une image à teints de gris.

(b) Le squelette de l'image à teintes de gris.



(c) Le squelette d'une image binaire.



(d) Le squelette ébarbulé d'une image binaire.

FIGURE 1.7: L'ébarbulage des squelettes. (Walter, 2003)

A.2.1.3 Une nouvelle méthode d'ébarbulage sélectif de squelette

Un algorithme qui n'ébarbule que les branches ayant une longueur inférieure à n_{max} pixels tout en gardant les autres doit d'abord être capable de distinguer les uns des autres. Intuitivement parlant : pour distinguer entre la branche principale et « barbule à enlever ». Il va falloir se placer sur un point de bifurcation et considérer les branches de longueur $n \leq n_{max}$ qui se dirigent vers les points finaux de squelette. Parmi ces branches, nous ne garderons que les plus longues (voir figure 1.8).

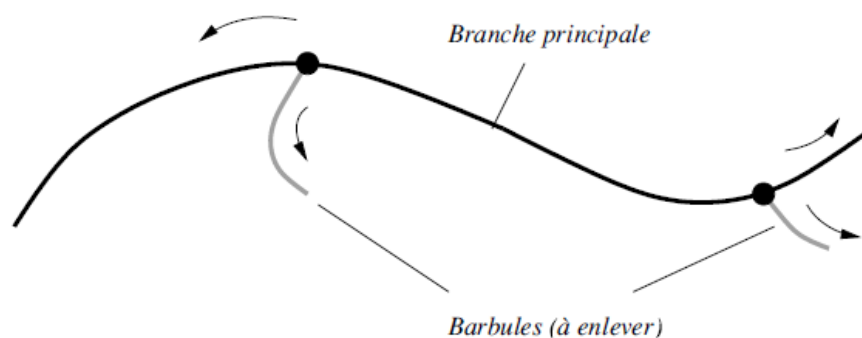


FIGURE 1.8: La branche principale (en noir) et les barbules (en gris). (Walter, 2003)

a) L'algorithme de Pierre Soille

Soille (2013) a proposé une méthode pour enlever toutes les barbules d'un squelette S qui ne font pas plus de n_{max} pixels de longueur tout en gardant les autres branches du squelette. La technique est la suivante : le squelette est ébarbulé de n_{max} pixels (voir la figure 1.9b), puis, les points finaux du squelette ébarbulé sont déterminés. Ensuite, toutes les parties du squelette qui ont été enlevées par l'ébarbulage et qui sont connexes à un point final du squelette ébarbulé sont reconstruites et ajoutées au squelette ébarbulé. Soit F l'ensemble des points finaux du squelette ébarbulé $RET^{(n_{max})}(S)$, le squelette filtré $\psi(S)$ se calcule de la manière suivante :

$$\begin{aligned} Res(S) &= S \setminus RET^{(n_{max})}(S) \\ \psi(S) &= RET^{(n_{max})}(S) \cup R_{Res(S) \cup F}(F) \end{aligned} \quad (\text{A.24})$$

L'idée derrière cette méthode est qu'une barbule qui a une longueur de $n \leq n_{max}$ n'est pas connexe à un point final du squelette ébarbulé, ou autrement dit : si une barbule est plus longue que n_{max} pixels, elle serait raccourcie par un ébarbulage supplémentaire de taille 1, alors qu'une barbule de longueur inférieure ou égale à n_{max} est déjà entièrement enlevée par $RET^{(n_{max})}(S)$, et un ébarbulage supplémentaire de taille 1 ne la raccourcit plus.

Dans la figure 1.9, un exemple est donné pour $n_{max} = 4$: les barbules ayant une longueur de $n \leq n_{max}$ sont enlevées, alors que les autres sont reconstruites et gardées entièrement. Par contre, l'algorithme ne donne pas toujours le résultat souhaité. Si en ébarbulant l'image, une bifurcation du squelette original est enlevée, toutes les branches qui y débouchent sont reconstruites. Si par exemple dans la figure 1.9, l'algorithme est appliqué pour $n_{max} = 6$, la barbule à gauche dont la longueur est $n = 3$ est gardée. Le problème est alors la reconstruction des barbules qui ne remplissent pas elles-mêmes les critères de longueur, mais qui sont connexes à des branches qui elles, remplissent le critère.

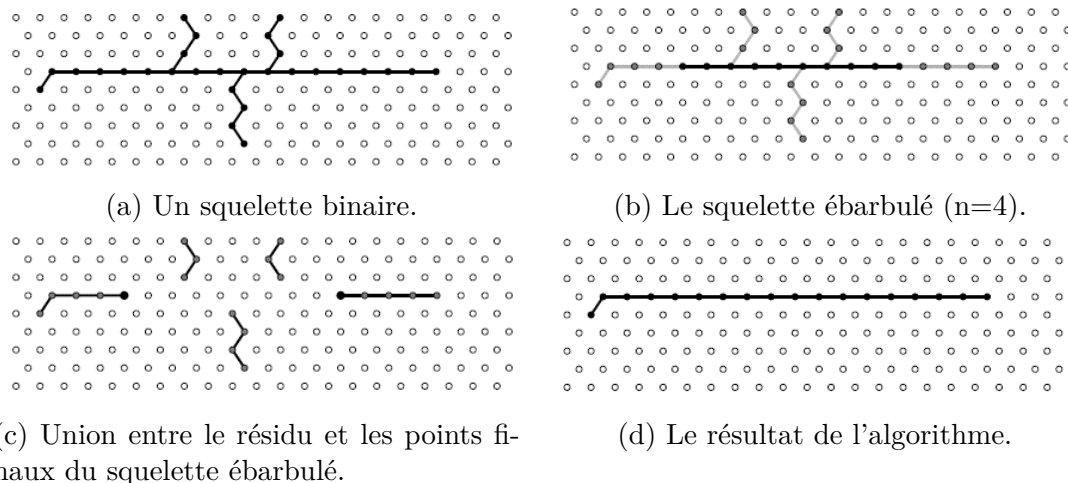


FIGURE 1.9: Le principe de l'algorithme proposé par Pierre Soille. (Walter, 2003)

b) Une nouvelle méthode d'ébarbulage sélectif

Soit S un squelette binaire, et B_E le couple d'éléments structurants pour enlever les points finaux d'un squelette (figure 1.6). Nous définissons d'abord une fonction $\mathfrak{X}(S)$

qui assigne à chaque point $x \in S$ le nombre n de séquence d'amincissement (avec le couple d'éléments structurants B_E et ses rotations) qui doit être effectué pour l'enlever de S . Pour les points finaux par exemple, cette fonction vaut 1, car après une séquence d'amincissement, ils sont enlevés. Pour tous les points $x \in S$, qui ne sont pas enlevés par n_{max} amincissements, la fonction $\mathfrak{X}(S)$ prend comme valeur $n_{max} + 1$.

$$\mathfrak{X}S(x) = \begin{cases} n & \text{si } x \in [S \circ B_E]^{(n-1)} \text{ et } x \notin [S \circ B_E]^{(n)} \text{ avec } n \leq n_{max} \\ n_{max} + 1 & \text{si } x \in [S \circ B_E]^{(n_{max})} \\ 0 & \text{si } x \notin S \end{cases} \quad (\text{A.25})$$

D'un point de vue algorithmique, cette fonction peut être en œuvre très facilement en modifiant l'algorithme de l'ébarbulage : chaque fois qu'un point x est enlevé du squelette, nous assignons à $\mathfrak{X}S(x)$ le nombre $n + 1$, avec n le nombre de séquence d'amincissement effectués (le nombre d'apparitions du pixel virtuel).

Cette fonction $\mathfrak{X}(S)$ permet de distinguer entre les parties à enlever et les parties à garder. Evidemment, les pixels x avec $\mathfrak{X}S(x) > n_{max}$ sont à conserver, puisqu'ils correspondent à des points du squelette qui n'ont pas été ébarbulés et qui appartiennent alors à des branches trop longues (ou des boucles).

Considérons maintenant les pixels avec $\mathfrak{X}S(x) \leq n_{max}$: supposons que dans un point de bifurcation deux barbules de longueurs différentes mais inférieures à n_{max} se rejoignent. L'ébarbulage qui est à la base de la construction de $\mathfrak{X}(S)$ est un processus parallèle. Donc, c'est la branche la plus courte qui « arrive en premier » au point de bifurcation. La branche a été enlevée entièrement par l'ébarbulage et puisqu'il n'y a plus de point final dans le voisinage du dernier pixel enlevé, l'ébarbulage s'arrête pour cette branche. De ce fait, les valeurs de $\mathfrak{X}(S)$ varient par 1 pour tous les pixels situés sur la branche principale BP :

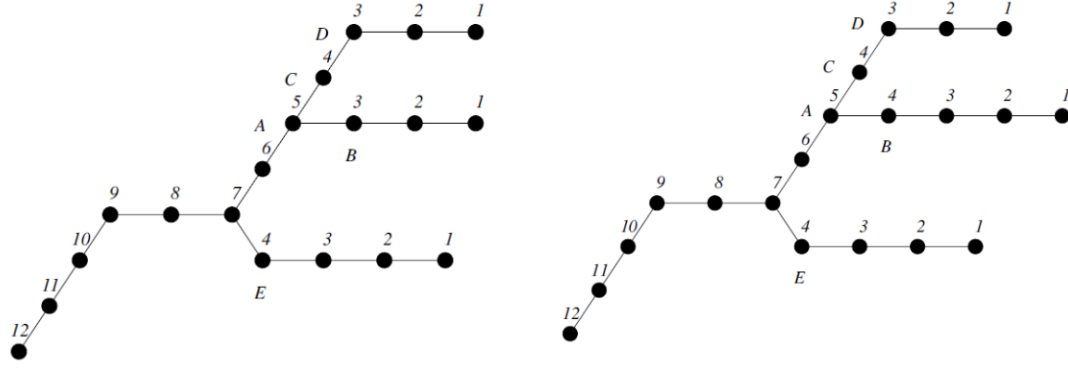
$$\forall x, y \in BP \subset S, \quad y \in N(x) : |\mathfrak{X}S(x) - \mathfrak{X}S(y)| \leq 1 \quad (\text{A.26})$$

alors que sur des branches plus courtes il y a au moins un pixel dans le voisinage qui varie par plus de 1 par rapport à la valeur assignée au dernier pixel enlevé. Nous enlevons alors tous les points du squelette pour lesquels $\max_{y \in N(x)} \mathfrak{X}S(y) - \mathfrak{X}S(x) > 1$; de cette manière, les barbules qui sont à enlever peuvent être déconnectées de la branche principale.

$$\psi_1 S = \{x \in S \mid \forall y \in N(x), \quad \mathfrak{X}S(y) - \mathfrak{X}S(x) \leq 1\} \quad (\text{A.27})$$

Cela est illustré dans la figure 1.10a : le point E est le dernier point enlevé de la branche en bas à droite, t la différence par rapport au prochain point de la branche principale est $7 - 4 = 3$. Le point E est alors enlevé par l'algorithme. Le point B fait partie de l'ensemble de points de bifurcation ; néanmoins, il a un voisin A pour lequel il prend la valeur 5, donc, la différence est 2, et il doit être enlevé, et de cette manière la branche sur laquelle il est situé (de longueur 3) est déconnectée de la branche principale. Le point C par contre est gardé.

Il reste un petit problème à résoudre : les branches qui débouchent dans une bifurcation peuvent avoir la même longueur. Dans ce cas nous pouvons soit laisser toutes les branches, parce qu'elles représentent la même « importance » selon nos termes, soit choisir l'une des branches au hasard . Nous avons cette dernière possibilité afin de ne pas alourdir l'algorithme après avoir déconnecté toutes les barbules comme décrit auparavant, nous considérons de nouveau les pixels x avec leurs voisins $y \in S$ du squelette et s'il y a plus d'un voisin avec $\mathfrak{X}S(y) = \mathfrak{X}S(x) - 1$, nous enlevons un au hasard :



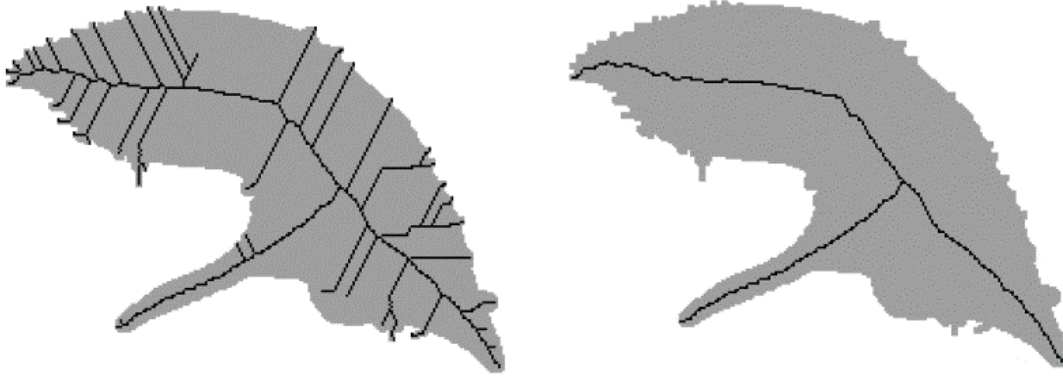
(a) La fonction $\mathfrak{X}(S)$ pour un squelette binaire S . Les branches qui correspondent à B et E sont enlevées.

(b) Ici, les branches qui correspondent à B et C ont la même longueur, et elles peuvent être enlevées dans une prochaine étape de l'algorithme.

FIGURE 1.10: Le principe de l'algorithme proposé par Pierre Soille. (Walter, 2003)

$$\begin{aligned} \psi_2 S = \psi_1 S \setminus \{y \in \psi_1 S \mid \exists x, y' \text{ avec } y, y' \in N(x), y' \in \psi_2 S \\ \text{et } \mathfrak{X}S(x) = \mathfrak{X}S(y') + 1 = \mathfrak{X}S(y) + 1\} \end{aligned} \quad (\text{A.28})$$

Nous constatons que ce deuxième pas ne peut être effectué que si le premier est déjà fait (sinon, par exemple, dans la figure 1.10a, le point D serait éventuellement enlevé, parce que $\mathfrak{X}S(b) = \mathfrak{X}S(d) = \mathfrak{X}S(c) - 1$ et le résultat ne serait donc pas correct ; il est important alors d'enlever B d'abord).



(a) La fonction $\mathfrak{X}(S)$ pour un squelette binaire S . Les branches qui correspondent à B et E sont enlevées.

(b) Ici, les branches qui correspondent à B et C ont la même longueur, et elles peuvent être enlevées dans une prochaine étape de l'algorithme.

FIGURE 1.11: Le résultat de l'ébarbulage sélectif pour $n_{max} = 100$. (Walter, 2003)

Dans $\psi_2(S)$, toutes les barbules à éliminer sont déconnectées de la branche principale, et le résultat peut se calculer par une simple reconstruction de l'ensemble de tous les points x avec $\mathfrak{X}S(x) = n_{max} + 1$ sous $\psi_2 S$:

$$\Xi(S) = R_{\psi_2 S}(T_{[n_{max}, n_{max}+1]}\mathfrak{X}S) \quad (\text{A.29})$$

Dans la figure 1.11a, une image binaire est montrée avec le squelette superposé. Dans la figure 1.11b, l'application de l'opérateur proposé est montrée. Toutes les barbules ayant une longueur inférieure à $n_{max} = 100$ sont enlevées, par contre, les autres branches sont gardées entièrement. Le résultat contient les axes principaux du squelette initial. Cette réduction d'information peut être utile dans la description de forme et pour le filtrage des images binaires.

Annexe B

Espaces de représentation des images

Une image en couleur peut être représentée dans plusieurs espaces. Nous en citerons les plus connus dans cette annexe.

B.1 Espace RVB

La vision humaine est trichromatique ; i.e. la perception d'une couleur correspond à une superposition des trois stimuli provenant des trois types de cônes dans la rétine, dont les maxima de sensibilité se trouvent dans le rouge le vert et le bleu dans l'espace RVB, on utilise un codage de la couleur à partir de trois couleurs premières dont la sensibilité correspond approximativement aux sensibilités des cônes. Une couleur C est représentée dans l'espace RVB par un vecteur de trois composantes, le rouge, le vert et le bleu :

$$C = \begin{pmatrix} R \\ V \\ B \end{pmatrix} = R \cdot \begin{pmatrix} 1 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix} + V \cdot \begin{pmatrix} 0 \\ 1 \\ 0 \end{pmatrix} + B \cdot \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \\ 1 \end{pmatrix} = R \cdot \mathcal{R} + V \cdot \mathcal{V} + B \cdot \mathcal{B} \quad (\text{B.1})$$

Les trois vecteurs \mathcal{R} , \mathcal{V} et \mathcal{B} définissant un espace tridimensionnel. Comme R , V et B ne peuvent varier qu'entre 0 et 1¹, toutes les couleurs que l'on peut représenter dans ce système sont comprises dans un cube dans l'espace RVB (voir figure 2.1).

Dans ce cube, le point 0 correspond à la couleur qui est caractérisée par l'absence des stimuli ; il représente le noir. Les points (1,0,0), (0,1,0), (0,0,1) correspondent au rouge, vert et bleu respectivement. Le point (1,1,1) correspond au blanc. En effet, sur la diagonale que l'on peut tracer dans ce cube entre le point 0 et le point 1, on ne trouve que des couleurs pour lesquelles $R = V = B$. ce sont des teintes de gris. On parle aussi d'axe achromatique.

La représentation de couleur dans l'espace RVB découle directement du mécanisme dans la vision humaine, et c'est probablement pour cela qu'il est l'espace le plus répandu. Il est utilisé entre autre dans les caméras et dans les écrans vidéo. Par contre, il n'est pas forcément le plus utile quand il s'agit de traitement de couleur. En effet, il existe une multitude d'espaces couleur, qui découlent d'autres considérations que la proximité à la réalité physique. Ici, on ne donne pas l'introduction aux espaces les plus

1. Dans la plupart des applications, on travaille avec des images couleur de profondeur 24 bit, i.e. 8 bits par canal. Or, R , V et B varient entre 0 et 225, mais ceci ne change rien dans les considérations suivantes.

courants, on se limite à expliquer brièvement ceux qui sont utilisés dans ce mémoire. Pour plus d'information sur les espaces couleur, on consultera Pratt (1978) et Risson (2001).

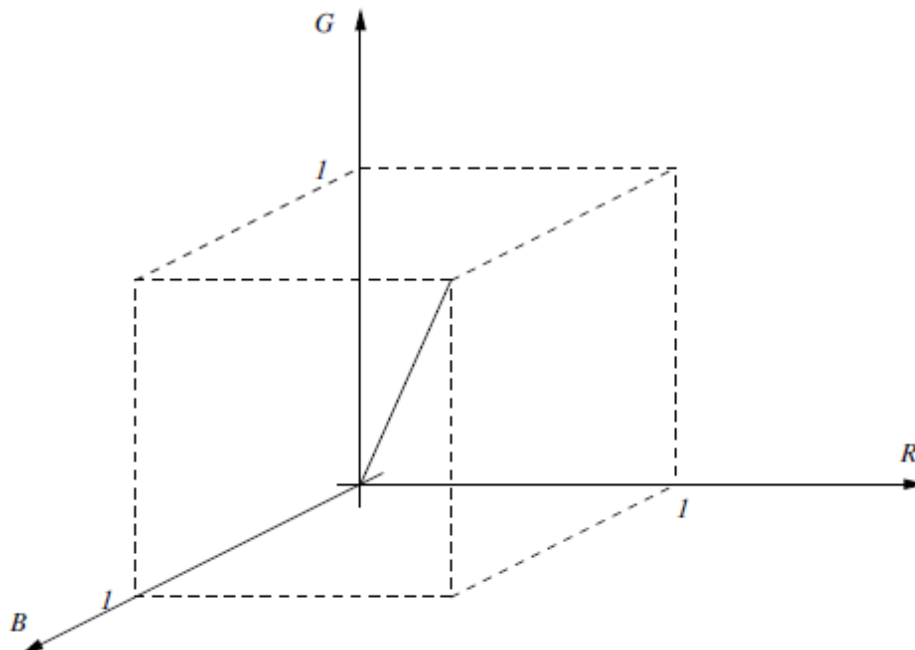


FIGURE 2.1: Le cube de couleurs dans l'espace RVB .

B.2 Les espaces de luminance, teinte et saturation

Bien que l'espace RVB découle du captage rétinien des couleurs, il n'est pas toujours adapté à la perception d'une couleur, i.e. bien que la couleur soit une superposition de trois couleurs primaires, ce n'est pas comme cela qu'on décrirait une couleur. Les concepts de luminance, teinte et saturation sont des décrypteurs plus « humains » : Intuitivement, une couleur peut - indépendamment de sa chrominance - apparaître plus claire ou plus sombre. La luminance (ou clarté) décrit cette caractéristique.

La teinte est l'une des caractéristiques chromatiques. Elle est la longueur d'onde dominante, i.e. la longueur d'onde de la couleur pure qui, mélangée avec du blanc, donne la couleur donnée.

La saturation est la deuxième caractéristique chromatique de la couleur ; elle décrit la pureté d'une couleur. Elle est maximale si la couleur est pure donc s'il n'y a pas de blanc qui est mélangé avec la couleur pure. Plus on ajoute du blanc, plus la couleur devient « pastel ». Le grand avantage de ce genre d'espace couleur est la séparation de deux informations complémentaires : d'un côté, on a la luminance, donc une information achromatique, et de l'autre côté la teinte et la saturation comme caractéristiques chromatiques. Cette séparation est très avantageuse pour des manipulations de l'image qui ne doivent pas introduire des fausses couleurs, pour la visualisation des images couleurs sur des écrans noir et blanc et pour des interfaces homme/machine.

B.3 L'espace HSV

A partir de l'espace RVB , on peut définir l'espace HSV (*hue, saturation, value*) de la manière suivante (Rissson, 2001) :

$$C = \begin{pmatrix} H \\ S \\ V \end{pmatrix} \quad (\text{B.2})$$

Avec :

$$\begin{aligned} V(C) &= \max(R, V, B) \\ S(C) &= \frac{\max(R, V, B) - \min(R, V, B)}{\max(R, V, B)} \quad S = 0 \text{ pour } C = 0 \\ H'(C) &= \begin{cases} \text{non défini} & \text{si } S = 0 \\ \frac{V-B}{\max(R, V, B) - \min(R, V, B)} & \text{si } R = \max(R, V, B) \\ \frac{B-R}{\max(R, V, B) - \min(R, V, B)} + 2 & \text{si } V = \max(R, V, B) \\ \frac{R-V}{\max(R, V, B) - \min(R, V, B)} + 4 & \text{si } B = \max(R, V, B) \end{cases} \end{aligned} \quad (\text{B.3})$$

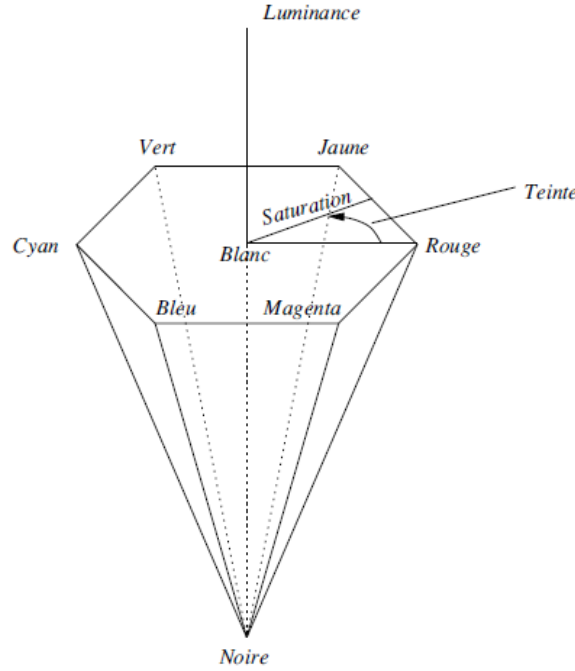
On obtient H en degrés en multipliant H' avec 60° : $H = 60^\circ \times H'$.

On a vu dans les paragraphes précédent que sur l'axe achromatique, qui est la diagonale du cube de couleur dans l'espace RVB , il n'y a que des couleurs achromatiques, i.e. des teints de gris. On assigne alors à tous les points sur cet axe une luminosité V . Le pont critique est maintenant le choix de points dans le cube RVB auxquels on assigne également cette luminosité. Avec la définition dans l'équation (B.3), les plans d'isoclarité sont les trois plans d'un subcube du cube RVB , qui ne touchent pas le point 0. Pour pouvoir visualiser le nouvel espace couleur, on projette ces plans sur un plan perpendiculaire à l'axe achromatique. On trouve un hexagone¹. Si on parcourt maintenant l'axe achromatique et si on empile les hexagones correspondant à toutes les valeurs de luminance, on obtient une pyramide de base hexagonale (voir figure 2.2).

La saturation est une mesure de distance entre la couleur donnée et l'axe achromatique, la teinte est définie comme angle (l'expression dans les équations (B.3) est une approximation)² : la teinte, la saturation et la luminance constituent un système de coordonnées cylindriques.

1. Il ne s'agit pas de l'intersection du plan perpendiculaire avec le cube RVB , qui, elle, ne serait pas un hexagone ; il s'agit de la projection des plans d'iso-clarté sur le plan perpendiculaire à l'axe achromatique.

2. En effet, la raison principale pour laquelle on fait cette approximation, est le temps de calcul. Les définitions dans l'équation B.3 datent des années 70. Aujourd'hui, les ordinateurs sont suffisamment puissants pour que cette simplification du calcul ne joue plus vraiment un rôle : on va travailler sur la teinte exacte, comme il a été proposé dans Hanbury (2002).

FIGURE 2.2: La pyramide de couleurs dans l'espace HSV .

B.4 L'espace HLS

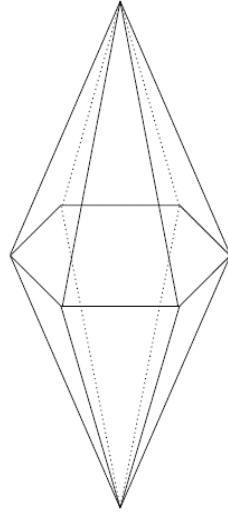
L'espace HLS est défini à partir de l'espace RVB de la manière suivante :

$$\begin{aligned}
 L(C) &= \frac{\max(R, V, B) + \min(R, V, B)}{2} \\
 S(C) &= \begin{cases} 0 & \text{si } \max(R, V, B) = \min(R, V, B) \\ \frac{\max(R, V, B) - \min(R, V, B)}{\max(R, V, B) + \min(R, V, B)} & \text{si } L \leq \frac{1}{2} \\ \frac{\max(R, V, B) - \min(R, V, B)}{2 - \max(R, V, B) - \min(R, V, B)} & \text{si } L > \frac{1}{2} \end{cases} \\
 H'(C) &= \begin{cases} \text{non défini} & \text{si } S = 0 \\ \frac{V - B}{\max(R, V, B) - \min(R, V, B)} & \text{si } R = \max(R, V, B) \\ \frac{B - R}{\max(R, V, B) - \min(R, V, B)} + 2 & \text{si } V = \max(R, V, B) \\ \frac{R - V}{\max(R, V, B) - \min(R, V, B)} + 4 & \text{si } B = \max(R, V, B) \end{cases} \quad H = H' \times 60^\circ
 \end{aligned} \tag{B.4}$$

Le solide de cet espace qui découle de l'équation (B.4) est montré dans la figure 2.3.

En travaillant sur les trois canaux teinte, luminance et saturation on rencontre deux problèmes majeurs :

- La teinte est une mesure angulaire donc le traitement de ce canal doit prendre en compte le caractère angulaire. Le travail d'[Hanbury et Serra \(2001\)](#); [Hanbury \(2002\)](#); [Hanbury et Serra \(2002\)](#) montre des possibilités de traitement morphologique de données angulaires, notamment de la teinte.
- Les pyramides de base hexagonale ne sont pas adaptés à un traitement numérique, car soit l'intervalle sur lequel la saturation est définie dépend de la luminance soit l'expression pour la saturation dépend de la luminance (comme dans les expansions cylindriques des pyramides qui donnent parfois des résultats surprenant ([Hanbury et Serra, 2002](#))).

FIGURE 2.3: La double pyramide de couleur dans l'espace *HLS*.

B.5 TYS – Un espace amélioré

Ici, on présente un espace amélioré par rapport aux espaces *HLS* et *HSV*. Il a été introduit par [Hanbury \(2002\)](#), et on se limite dans ce paragraphe à donner les définitions, sans approfondir le sujet.

B.5.1 La définition de l'espace couleur TYS

Partant des inconvénients mentionnés dans le paragraphe précédent, on définit tout d'abord la teinte exacte qui est l'angle entre le rouge et la couleur donnée, et qui est calculée en projetant le vecteur de la couleur et celui de la couleur rouge sur le plan perpendiculaire à l'axe chromatique contenant le point 0.

On obtient :

$$T' = \arccos\left(\frac{R - \frac{1}{2}V - \frac{1}{2}B}{\sqrt{R^2 + V^2 + B^2 - RV - RB - VB}}\right)$$

$$T = \begin{cases} 360^\circ - T' & \text{si } B > V \\ T' & \text{si } B \leq V \end{cases} \quad (\text{B.5})$$

Pour la luminance, on choisit la moyenne des trois canaux R, V, B :

$$Y = \frac{1}{3}R + \frac{1}{3}V + \frac{1}{3}B \quad (\text{B.6})$$

Les plans d'iso-clarté sont alors des plans perpendiculaires à l'axe achromatique. Pour la saturation, on choisit la définition également proposée dans [Hanbury \(2002\)](#) qui a l'avantage d'être indépendante de la luminance et d'éviter justement les erreurs qui sont introduites par l'usage des cylindres au lieu des pyramides :

$$S = 2\sin(120^\circ - T^*)\sqrt{\frac{1}{3}(R^2 + V^2 + B^2 - RV - RB - VB)}$$

$$T^* = T - k(C).60^\circ \quad (\text{B.7})$$

avec :

$$k(C) = \begin{cases} 0 & \text{si } R > V \geq B \\ 1 & \text{si } V \geq R > B \\ 2 & \text{si } V > B \geq R \\ 3 & \text{si } B \geq V > R \\ 4 & \text{si } B > R \geq V \\ 5 & \text{si } R \geq B > R \end{cases} \quad (\text{B.8})$$

B.5.2 Travailler avec la teinte

Pour travailler avec la teinte, il faut prendre en considération le fait qu'il s'agit d'une donnée angulaire. Le problème principal dans le traitement de ces données, est la périodicité : 359° et 0° différent de 1° , et non pas de 359° . Hanbury (2002) propose de prendre l'angle le plus petit entre les directions indiquées par les deux angles. La distance Δ entre deux angles α_1 et α_2 peut s'écrire alors :

$$\Delta(\alpha_1, \alpha_2) = \begin{cases} |\alpha_1 - \alpha_2| & \text{si } |\alpha_1 - \alpha_2| \leq \pi \\ 2\pi - |\alpha_1 - \alpha_2| & \text{si } |\alpha_1 - \alpha_2| \geq \pi \end{cases} \quad (\text{B.9})$$

Un problème survient quand on calcule des moyennes de teintes. En effet, il ne s'agit pas de la moyenne des valeurs angulaires, ce qui est encore une conséquence de la périodicité des données angulaires : la moyenne entre 0° et 350° n'est pas 175° , mais 355° . Ce problème a été traité par Fisher (1993). La moyenne des données circulaires est la direction moyenne qui résulte d'une superposition des vecteurs de longueur 1 ayant les directions données. Par la géométrie du problème on obtient les relations suivantes. Soient $\alpha_0, \alpha_1, \dots, \alpha_n$ des angles à partir desquels on veut calculer la moyenne, et soit :

$$A = \sum_{i=0}^n \cos \alpha_i \quad B = \sum_{i=0}^n \sin \alpha_i \quad (\text{B.10})$$

L'angle moyen μ_α peut s'écrire de la manière suivante :

$$\mu_\alpha = \begin{cases} \arctan \frac{B}{A} & \text{si } B > 0, \quad A > 0 \\ \arctan \frac{B}{A} & \text{si } A < 0 \\ \arctan \frac{B}{A} & \text{si } B < 0, \quad A > 0 \\ \frac{\pi}{2} & \text{si } A = 0, \quad B > 0 \\ \frac{3\pi}{2} & \text{si } A = 0, \quad B < 0 \end{cases} \quad (\text{B.11})$$

On utilisera cette définition de la moyenne dans cette thèse.

B.6 L'espace Lab

Une limitation des espaces présentés auparavant est le manque d'une métrique pertinente, car la sensibilité d'un observateur humain par rapport aux différences de couleur dépend non seulement de la différence elle-même, mais aussi des couleurs (de la position du stimulus dans l'espace).

Pour faire le lien entre les différences couleur et les différences dans leur perception, on a défini la variation minimale différentiable (*Just noticeable difference, JND*) pour

un observateur humain. Elle sert comme unité de base pour des espaces uniformes Lab et Luv .

Le grand avantage de cet espace couleur est alors le calcul des distances de couleur : en effet, l'espace est construit de manière à ce que la distance euclidienne corresponde à la distance dans la perception. Par conséquent, la distance de deux couleurs c_1 et c_2 s'écrit de la manière suivante :

$$d(c_1, c_2) = \sqrt{(L_1 - L_2)^2 + (a_1 - a_2)^2 + (b_1 - b_2)^2} \quad (\text{B.12})$$

Annexe C

Travaux scientifiques

C.1 Publication

Betaouaf Hichem., Decenciere Etienne et Bessaïd Abdelhafid « Automatic biometric verification algorithm based on the bifurcation points and crossovers of the retinal vasculature branches », International Journal of Biomedical Engineering and Technology, 2017.

C.2 Conférences Internationales

Betaouaf H. et Bessaïd A.. « Nouvel algorithme de vérification des identités biométriques par la rétine humaine» PHC-TASSILI SCIBOV Workshop (Système Conjoint de Compression et Indexation Basé-Objet pour la Vidéo), Djilali Liabes University, Sidi Bel Abbes, Algérie, December 02-03, 2015.

Betaouaf Hichem, Bessaid Abdelhafid. « Application Of Automatic Image Registration In A Retinal Biometric Identification Algorithm» 2nd International Conference on Distributed Systems and Decision (ICDSD'14), Oran, Algérie, Décembre 2014.

Betaouaf H., Feroui A. Bessaïd et A.. «Recalage Automatique Des Images Rétiniennes Par Géométrie Affine Pour L'authentification Biométrique Des Personnes », Biomedical Engineering International Conference (BIOMEIC'14), Tlemcen, Algérie, le 15 et 16 Octobre 2014.

Betaouaf Hichem, Bessaid Abdelhafid. « A Biometric Identification Algorithm Based On Retinal Blood Vessels Segmentation Using Watershed Transformation» 8th International Workshop on Systems, Signal Processing and their Applications (WOSS-PA'13), Alger, Algérie, du 12 au 15 Mai 2013.

Betaouaf H., Feroui A. et Bessaïd A.. « Approche d'identification biométrique par la rétine basée sur les points de bifurcation du réseau vasculaire », Biomedical Engineering International Conference (BIOMEIC'12), Tlemcen, Algérie, le 10 et 11 Octobre 2012.

C.3 Conférences Nationales

Betaouaf H. et Bessaïd A.. « Novel Verification Algorithm Based On Mathematical Morphology », 6ème Journée Doctorale de Génie Biomédical (JDGBM'16), Tlemcen, Algérie, le 06 Mai 2016.

Betaouaf H. et Bessaïd A.. « Feature Based Image Registration In A Retinal Biometric Identification », 5ème Journée Doctorale de Génie Biomédical (JDGBM'15), Tlemcen, Algérie, le 11 Juin 2015.

Betaouaf H. et Bessaïd A.. « Application Du Recalage Automatique D'images Rétiniennes Dans Un Algorithme D'identification Biométrique », 4ème Journée Doctorale de Génie Biomédical (JDGBM'14), Tlemcen, Algérie, le 15 Mai 2014.

Betaouaf H. et Bessaïd A.. « Identification biométrique des individus par analyse des caractéristiques de la rétine », 3ème Journée Doctorale de Génie Biomédical (JDGBM'13), Tlemcen, Algérie, le 23 Mai 2013.

522289-*+

Bibliographie

- ABRÀMOFF, M. D., GARVIN, M. K. et SONKA, M. (2010). Retinal imaging and image analysis. *IEEE reviews in biomedical engineering*, 3:169–208. [28](#)
- AKCA, D. (2005). Registration of point clouds using range and intensity information. *In The International Workshop on Recording, Modeling and Visualization of Cultural Heritage*, pages 115–126. [84](#)
- AKITA, K. et KUGA, H. (1982). A computer method of understanding ocular fundus images. *Pattern recognition*, 15(6):431–443. [39](#), [72](#), [77](#)
- AMIRI, M. D., TAB, F. A. et BARKHODA, W. (2009). Retina identification based on the pattern of blood vessels using angular and radial partitioning. *In International Conference on Advanced Concepts for Intelligent Vision Systems*, pages 732–739. Springer. [21](#)
- ASHBOURN, J. (2011). *Guide to Biometrics for Large-Scale Systems*. Springer. [8](#)
- AWARE (2017). *Qu'est-ce que la biométrie ?* [6](#)
- BARILLOT, C. (1999). Fusion de données et imagerie 3d en médecine [habilitation à diriger des recherches]. *IRISA, université de Rennes I, Rennes*. [64](#)
- BASTAWROUS, A., GIARDINI, M. E., BOLSTER, N. M., PETO, T., SHAH, N., LIVINGSTONE, I. A., WEISS, H. A., HU, S., RONO, H., KUPER, H. *et al.* (2016). Clinical validation of a smartphone-based adapter for optic disc imaging in kenya. *JAMA ophthalmology*, 134(2):151–158. [27](#)
- BEHAR-COHEN, F., KOWALCZUK, L., KELLER, N., SAVOLDELLI, M., AZAN, F. et JEANNY, J. (2009). Anatomie de la rétine. *Ophtalmologie*, pages 21–003. [16](#)
- BERTILLON, A. (1893). *Instructions signalétiques : identification anthropométrique*. Imprimerie administrative. [4](#)
- BESL, P. J. et MCKAY, N. D. (1992). Method for registration of 3-d shapes. *In Robotics-DL tentative*, pages 586–606. International Society for Optics and Photonics. [82](#), [83](#)
- BESSAID, A., FEROU, A. et MESSADI, M. (2009). Detection of blood vessels from retinal images using watershed transformation. *Journal of Mechanics in Medicine and Biology*, 9(04):633–642. [22](#), [28](#), [35](#), [36](#), [44](#), [48](#), [50](#), [54](#)
- BETAOUAF, H. et BESSAID, A. (2013). A biometric identification algorithm based on retinal blood vessels segmentation using watershed transformation. *In Systems, Signal Processing and their Applications (WoSSPA), 2013 8th International Workshop on*, pages 256–261. IEEE. [70](#), [96](#)

- BETAOUAF, H., DECENCIÈRE, E. et BESSAID, A. (2017). Automatic biometric verification algorithm based on the bifurcation points and crossovers of the retinal vasculature branches. *International Journal of Biomedical Engineering and Technology*. 87, 103
- BEUCHER, S. (1990). *Segmentation d'images et morphologie mathématique*. Thèse de doctorat, Ecole Nationale Supérieure des Mines de Paris. 43
- BEUCHER, S. et MEYER, F. (1992). The morphological approach to segmentation : the watershed transformation. *Optical Engineering-New York-Marcel Dekker Incorporated-*, 34:433–433. 43
- BEVILACQUA, V., CARIELLO, L., COLUMBO, D., DALENO, D., DELLISANTI FABIANO, M., GIANNINI, M., MASTRONARDI, G. et CASTELLANO, M. (2008). Retinal fundus biometric analysis for personal identifications. *Advanced Intelligent Computing Theories and Applications. With Aspects of Artificial Intelligence*, pages 1229–1237. 21
- BHUIYAN, A., NATH, B., CHUA, J. et RAMAMOHANARAO, K. (2007). Automatic detection of vascular bifurcations and crossovers from color retinal fundus images. *In Signal-Image Technologies and Internet-Based System, 2007. SITIS'07. Third International IEEE Conference on*, pages 711–718. IEEE. 54
- BLAIS, G. et LEVINE, M. D. (1995). Registering multiview range data to create 3d computer objects. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 17(8):820–824. 84
- BONDIAU, P.-Y. (2004). *Mise en oeuvre et évaluation d'outils de fusion d'image en radiothérapie*. Thèse de doctorat, Université Nice Sophia Antipolis. 69
- BOUAZIZ, S., TAGLIASACCHI, A. et PAULY, M. (2013). Sparse iterative closest point. *In Computer graphics forum*, volume 32, pages 113–123. Wiley Online Library. 82
- BREEN, E. et JONES, R. (1996). An attribute-based approach to mathematical morphology. *In International Symposium on Mathematical Morphology*, pages 41–48. 109, 110, 112
- BROWN, L. G. (1992). A survey of image registration techniques. *ACM computing surveys (CSUR)*, 24(4):325–376. 63
- CANNY, J. (1986). A computational approach to edge detection. *IEEE Transactions on pattern analysis and machine intelligence*, (6):679–698. 39
- CANTONI, V., DIMOV, D. et TISTARELLI, M. (2014). *Biometric Authentication : First International Workshop, BIOMET 2014, Sofia, Bulgaria, June 23-24, 2014. Revised Selected Papers*. Lecture Notes in Computer Science. Springer International Publishing. 26
- CASTALDI, F. M. V., FELIPE-RIVERON, E. M. et GÓMEZ, E. S. (2014). A new retinal recognition system using a logarithmic spiral sampling grid. *In Mexican Conference on Pattern Recognition*, pages 241–250. Springer. 103

- CHAUDHURI, S., CHATTERJEE, S., KATZ, N., NELSON, M. et GOLDBAUM, M. (1989). Detection of blood vessels in retinal images using two-dimensional matched filters. *IEEE Transactions on medical imaging*, 8(3):263–269. [39](#), [40](#), [41](#)
- CHEN, L., HUANG, X. et TIAN, J. (2015). Retinal image registration using topological vascular tree segmentation and bifurcation structures. *Biomedical Signal Processing and Control*, 16:22–31. [2](#), [69](#)
- CHEN, Y. et MEDIONI, G. (1992). Object modelling by registration of multiple range images. *Image and vision computing*, 10(3):145–155. [83](#)
- CIDECIYAN, A. V. (1995). Registration of ocular fundus images : an algorithm using cross-correlation of triple invariant image descriptors. *IEEE Engineering in Medicine and Biology Magazine*, 14(1):52–58. [65](#), [69](#)
- COLLINS, S. H. (1973). Terrain parameters directly from a digital terrain model. *In Publication of : American Congress on Surveying and Mapping*. [43](#)
- DECENCIÈRE, E., ZHANG, X., CAZUGUEL, G., LAÿ, B., COCHENER, B., TRONE, C., GAIN, P., ORDONEZ, R., MASSIN, P., ERGINAY, A. *et al.* (2014). Feedback on a publicly distributed image database : the messidor database. *Image Analysis & Stereology*, 33(3):231–234. [28](#)
- DEGHANI, A., GHASSABI, Z., MOGHDDAM, H. A. et MOIN, M. S. (2013). Human recognition based on retinal images and using new similarity function. *EURASIP Journal on Image and Video Processing*, 2013(1):58. [2](#), [21](#), [88](#), [102](#), [103](#)
- DORAI, C., WANG, G., JAIN, A. K. et MERCER, C. (1996). From images to models : Automatic 3d object model construction from multiple views. *In Pattern Recognition, 1996., Proceedings of the 13th International Conference on*, volume 1, pages 770–774. IEEE. [84](#)
- ENGLMEIER, K.-H., BICHLER, S., SCHMID, K., MAURINO, M., PORTA, M., BEK, T., EGE, B., LARSEN, O. V. et HEJLESEN, O. (2002). Multiresolution retinal vessel tracker based on directional smoothing. *In Medical Imaging 2002*, pages 230–237. International Society for Optics and Photonics. [39](#)
- FARNELL, D. (2006). Aria online : Analysis retinal image archive. Royal Liverpool University Hospital Trust, and Ophthalmology Clinical Sciences. [19](#), [28](#), [29](#), [30](#), [52](#), [77](#), [81](#), [92](#), [94](#), [95](#), [96](#)
- FARZIN, H., ABRISHAMI-MOGHADDAM, H. et MOIN, M.-S. (2008). A novel retinal identification system. *EURASIP Journal on Advances in Signal Processing*, 2008(1): 280635. [88](#), [102](#), [103](#)
- FELDMAR, J., MALANDAIN, G., DECLERCK, J. et AYACHE, N. (1996). Extension of the icp algorithm to non-rigid intensity-based registration of 3d volumes. *In Mathematical Methods in Biomedical Image Analysis, 1996., Proceedings of the Workshop on*, pages 84–93. IEEE. [82](#), [83](#)
- FEROUI, A., MESSADI, M. et BESSAID, A. (2012). Improvement of the hard exudates detection method used for computer-aided diagnosis of diabetic retinopathy. *International Journal of Image, Graphics and Signal Processing*, 4(4):19. [22](#), [29](#), [30](#)

- FIGUEROA, R., ARMSTRONG, T. J., WOOLLEY, C., SUN, L., ZHOU, W. et SEBASTIN, S. (2016). Determining instantaneous centers of rotation for finger joints through different postures using the iterative closest point algorithm (icp). *In Proceedings of the Human Factors and Ergonomics Society Annual Meeting*, volume 60, pages 1470–1474. SAGE Publications. [82](#)
- FISHER, N. (1993). *Statistical analysis of circular data*—cambridge university press. Cambridge, UK. [129](#)
- FITZGIBBON, A. W. (2003). Robust registration of 2d and 3d point sets. *Image and Vision Computing*, 21(13):1145–1153. [84](#)
- GAGNON, L., LALONDE, M., BEAULIEU, M. et BOUCHER, M.-C. (2001). Procedure to detect anatomical structures in optical fundus images. *In Medical Imaging 2001*, pages 1218–1225. International Society for Optics and Photonics. [39](#), [78](#)
- GAO, X. (2013). Retinal vessel segmentation using an improved multi-scale line detection. *International Journal of Biomedical Engineering and Technology*, 13(3):240–256. [21](#)
- GOLDBAUM, M., MOEZZI, S., TAYLOR, A., CHATTERJEE, S., BOYD, J., HUNTER, E. et JAIN, R. (1996). Automated diagnosis and image understanding with object extraction, object classification, and inferencing in retinal images. *In Image Processing, 1996. Proceedings., International Conference on*, volume 3, pages 695–698. IEEE. [39](#), [78](#)
- GÓMEZ-GARCÍA-BERMEJO, J., ZALAMA, E. et FELIZ, R. (2013). Automated registration of 3d scans using geometric features and normalized color data. *Computer-Aided Civil and Infrastructure Engineering*, 28(2):98–111. [84](#)
- GOSHTASBY, A. A. (2005). *2-D and 3-D image registration : for medical, remote sensing, and industrial applications*. John Wiley & Sons. [46](#)
- GREGORY, P. et SIMON, M. A. (2008). *Biometrics for dummies*. John Wiley & Sons. [5](#), [8](#), [9](#)
- GRIMSON, W. E. L., ETTINGER, G. J., WHITE, S. J., LOZANO-PEREZ, T., WELLS, W. et KIKINIS, R. (1996). An automatic registration method for frameless stereotaxy, image guided surgery, and enhanced reality visualization. *IEEE Transactions on medical imaging*, 15(2):129–140. [82](#)
- HAEHNEL, D., THRUN, S. et BURGARD, W. (2003). An extension of the icp algorithm for modeling nonrigid objects with mobile robots. *In IJCAI*, volume 3, pages 915–920. [84](#)
- HANBURY, A. (2002). *Morphologie Mathématique sur le Cercle Unité, avec applications aux teintes et aux textures orientées*. Thèse de doctorat, École Nationale Supérieure des Mines de Paris. [126](#), [127](#), [128](#), [129](#)
- HANBURY, A. et SERRA, J. (2002). A 3d-polar coordinate colour representation suitable for image analysis. *Computer Vision and Image Understanding*, 11:39. [127](#)
- HANBURY, A. G. et SERRA, J. (2001). Morphological operators on the unit circle. *IEEE Transactions on Image Processing*, 10(12):1842–1850. [127](#)

- HART, W. E. et GOLDBAUM, M. H. (1994). Registering retinal images using automatically selected control point pairs. In *Image Processing, 1994. Proceedings. ICIP-94., IEEE International Conference*, volume 3, pages 576–580. IEEE. 69
- HEACOCK, G. (2002). System for capturing an image of the retina for identification. US Patent App. 10/038,168. 26
- HILL, R. B. (1978). Apparatus and method for identifying individuals through their retinal vasculature patterns. US Patent 4,109,237. 20, 26
- HILL, R. B. (2006). *Biometrics : personal identification in networked society*, volume 479, chapitre 6. Springer Science & Business Media. 20, 27
- HOOVER, A., KOUZNETSOVA, V. et GOLDBAUM, M. (2000). Locating blood vessels in retinal images by piecewise threshold probing of a matched filter response. *IEEE Transactions on Medical imaging*, 19(3):203–210. 28, 39
- HUBER, D. F. et HEBERT, M. (2003). Fully automatic registration of multiple 3d data sets. *Image and Vision Computing*, 21(7):637–650. 84
- IBAÑEZ, M. V. et SIMÓ, A. (1999). Bayesian detection of the fovea in eye fundus angiographies. *Pattern Recognition Letters*, 20(2):229–240. 78
- ILLINGWORTH, J. et KITTLER, J. (1988). A survey of the hough transform. *Computer vision, graphics, and image processing*, 44(1):87–116. 72
- INTERNATIONAL BIOMETRIC GROUP, o. (2007). Biometrics market and industry report 2009-2014. 15
- ISLAM, M. N., SIDDIQUI, M. A. et PAUL, S. (2009). An efficient retina pattern recognition algorithm (rpra) towards human identification. In *Computer, Control and Communication, 2009. IC4 2009. 2nd International Conference on*, pages 1–6. IEEE. 21, 54, 89
- JAIN, A., BOLLE, R. et PANKANTI, S. (2006). *Biometrics : personal identification in networked society*, volume 479. Springer Science & Business Media. 7
- JAIN, A., FLYNN, P. et ROSS, A. A. (2007). *Handbook of biometrics*. Springer Science & Business Media. 5, 92
- JLASSI, H. et HAMROUNI, K. (2005). Caractérisation de la rétine en vue de l'élaboration d'une méthode biométrique d'identification de personnes. *SETIT-2005, mars*. 26, 54
- JOHNSON, A. E. et HEBERT, M. (1998). Surface matching for object recognition in complex three-dimensional scenes. *Image and Vision Computing*, 16(9):635–651. 83
- JOHNSON, A. E. et KANG, S. B. (1999). Registration and integration of textured 3d data. *Image and vision computing*, 17(2):135–147. 84
- KABIR, S. R., RAHMAN, R., HABIB, M. et KHAN, M. R. (2004). Person identification by retina pattern matching. *Proceedings of ICECE-2004, Dhaka, Bangladesh*, pages 522–525. 1, 21
- KELLEY, C. T. (1999). *Iterative methods for optimization*. SIAM. 84

- KRELL, G., SAEID NEZHAD, N., WALKE, M., AL-HAMADI, A. et GADEMANN, G. (2017). Assessment of iterative closest point registration accuracy for different phantom surfaces captured by an optical 3d sensor in radiotherapy. *Computational and Mathematical Methods in Medicine*, 2017. [82](#)
- KROON, D. (2009). Iterative closest point using finite difference optimization to register 3d point clouds affine. [83](#)
- KRÜSI, P., BÜCHELER, B., POMERLEAU, F., SCHWESINGER, U., SIEGWART, R. et FURGALE, P. (2015). Lighting-invariant adaptive route following using iterative closest point matching. *Journal of Field Robotics*, 32(4):534–564. [82](#)
- LAMPTON, M. (1997). Damping–undamping strategies for the levenberg–marquardt nonlinear least-squares method. *Computers in Physics*, 11(1):110–115. [86](#)
- LATHA, L., PABITHA, M. et THANGASAMY, S. (2010). A novel method for person authentication using retinal images. In *Innovative Computing Technologies (ICICT), 2010 International Conference on*, pages 1–6. IEEE. [21](#), [69](#), [89](#), [102](#), [103](#)
- LEVENBERG, K. (1944). A method for the solution of certain non-linear problems in least squares. *Quarterly of applied mathematics*, 2(2):164–168. [84](#)
- LI, S. Z. et JAIN, A. (2015). *Encyclopedia of biometrics*. Springer Publishing Company, Incorporated. [1](#), [5](#), [8](#), [92](#)
- LIU, Y. (2004). Improving icp with easy implementation for free-form surface matching. *Pattern Recognition*, 37(2):211–226. [84](#)
- LOURAKIS, M. I. (2005). A brief description of the levenberg-marquardt algorithm implemented by levmar. *Foundation of Research and Technology*, 4(1). [85](#)
- LOW, K.-L. (2004). Linear least-squares optimization for point-to-plane icp surface registration. *Chapel Hill, University of North Carolina*, 4. [84](#)
- MADSEN, K., NIELSEN, H. B. et TINGLEFF, O. (1999). Methods for non-linear least squares problems. [84](#), [86](#)
- MAINTZ, J. A. et VIERGEVER, M. A. (1998). A survey of medical image registration. *Medical image analysis*, 2(1):1–36. [63](#), [68](#)
- MALANDAIN, G. (2006). Les mesures de similarité pour le recalage des images médicales. *Habilitation à diriger des recherches, Université Nice Sophia-Antipolis*. [62](#)
- MANSFIELD, A. J. et WAYMAN, J. L. (2002). Best practices in testing and reporting performance of biometric devices. [93](#)
- MARANI, R., RENÒ, V., NITTI, M., D’ORAZIO, T. et STELLA, E. (2016). A modified iterative closest point algorithm for 3d point cloud registration. *Computer-Aided Civil and Infrastructure Engineering*. [83](#)
- MARIÑO, C., PENEDO, M. G., PENAS, M., CARREIRA, M. J. et GONZALEZ, F. (2006). Personal authentication using digital retinal images. *Pattern Analysis and Applications*, 9(1):21. [1](#), [21](#)

- MARQUARDT, D. W. (1963). An algorithm for least-squares estimation of nonlinear parameters. *Journal of the society for Industrial and Applied Mathematics*, 11(2): 431–441. [84](#)
- MARR, D. et HILDRETH, E. (1980). Theory of edge detection. *Proceedings of the Royal Society of London B : Biological Sciences*, 207(1167):187–217. [39](#)
- MARTIN, A., DODDINGTON, G., KAMM, T., ORDOWSKI, M. et PRZYBOCKI, M. (1997). The det curve in assessment of detection task performance. Rapport technique, National Inst of Standards and Technology Gaithersburg MD. [93](#)
- MARTINEZ-PEREZ, M. E., HUGHES, A. D., THOM, S. A., BHARATH, A. A. et PARKER, K. H. (2007). Segmentation of blood vessels from red-free and fluorescein retinal images. *Medical image analysis*, 11(1):47–61. [41](#)
- MAYOUE, A. (2007). Biosecure tool : Performance evaluation of a biometric verification system. *Biosecure 1. 0.* [92](#), [93](#), [94](#)
- MENDELS, F., HENEGHAN, C. et THIRAN, J. (1999). Identification of the optic disk boundary in retinal images using active contours. In *Proceedings of Irish Machine Vision and Image Processing Conference (IMVIP) 1999*, numéro EPFL-CONF-86621, pages 103–115. IEEE. [72](#)
- MEYER, F. (1991). Un algorithme optimal de ligne de partage des eaux. *Actes du*, 2:847–859. [43](#)
- MILLER, B. (1997). Everything you need to know about automated biometric identification. *Security Technol. Design*. [19](#)
- MITTELMANN, H. (2004). The least squares problem. *World Wide Web Site* <http://plato.asu.edu/topics/problems/nlolsq.html>. [84](#)
- MORA, H., MORA-PASCUAL, J. M., GARCÍA-GARCÍA, A. et MARTÍNEZ-GONZÁLEZ, P. (2016). Computational analysis of distance operators for the iterative closest point algorithm. *PloS one*, 11(10):e0164694. [85](#)
- MORIZET, N. (2009). *Reconnaissance biométrique par fusion multimodale du visage et de l'iris*. Thèse de doctorat, Télécom ParisTech. [7](#)
- MURINO, V., RONCHETTI, L., CASTELLANI, U. et FUSIELLO, A. (2001). Reconstruction of complex environments by robust pre-aligned icp. In *3-D Digital Imaging and Modeling, 2001. Proceedings. Third International Conference on*, pages 187–194. IEEE. [83](#)
- NANAVATI, T. (2002). *Biometrics*. John Wiley & Sons. [5](#)
- NIELSEN, H. B. (1999). Damping parameter in marquardt's method. Rapport technique, Informatics and Mathematical Modelling, Technical University of Denmark, DTU. [84](#)
- NIEMEIJER, M., ABRÀMOFF, M. D. et van GINNEKEN, B. (2009). Publicly available retinal image data and the use of competitions to standardize algorithm performance comparison. In *World Congress on Medical Physics and Biomedical Engineering, September 7-12, 2009, Munich, Germany*, pages 175–178. Springer. [94](#)

- NIEMEIJER, M., STAAL, J., van GINNEKEN, B., LOOG, M. et ABRAMOFF, M. D. (2004). Comparative study of retinal vessel segmentation methods on a new publicly available database. *In SPIE medical imaging*, volume 5370, pages 648–656. SPIE. [27](#)
- OINONEN, H., FORSVIK, H., RUUSUVUORI, P., YLI-HARJA, O., VOIPIO, V. et HUTTUNEN, H. (2010). Identity verification based on vessel matching from fundus images. *In Image Processing (ICIP), 2010 17th IEEE International Conference on*, pages 4089–4092. IEEE. [102](#), [103](#)
- ORCHARD, J., GREIF, C., GOLUB, G. H., BJORNSON, B. et ATKINS, M. S. (2003). Simultaneous registration and activation detection for fmri. *IEEE transactions on medical imaging*, 22(11):1427–1435. [63](#)
- ORTEGA, M., MARINO, C., PENEDO, M., BLANCO, M. et GONZALEZ, F. (2006). Biometric authentication using digital retinal images. *In proceedings of the 5th WSEAS International Conference on Applied Computer Science (ACOS 06)*, page 422427. [2](#), [69](#)
- ORTEGA, M., PENEDO, M. G., ROUCO, J., BARREIRA, N. et CARREIRA, M. J. (2009). Retinal verification using a feature points-based biometric pattern. *EURASIP Journal on Advances in Signal Processing*, 2009(1):235746. [28](#), [102](#), [103](#)
- ORTEGA, M. H. (2009). *Automatic system for personal authentication using the retinal vessel tree as biometric pattern*. Thèse de doctorat, Universidade da Coruña. Departamento de Computación. [21](#)
- OSAREH, A., MIRMEHDI, M., THOMAS, B. et MARKHAM, R. (2002). Colour morphology and snakes for optic disc localisation. *In The 6th medical image understanding and analysis conference*, pages 21–24. BMVA Press. [72](#)
- PETSATODIS, T. S., DIAMANTIS, A. et SYRCOS, G. P. (2006). A complete algorithm for automatic human recognition based on retina vascular network characteristics. *In Era1 International Scientific Conference, Peloponnese, Greece*, pages 16–17. [21](#), [54](#), [69](#)
- PEUCKER, T. K. et DOUGLAS, D. H. (1975). Detection of surface-specific points by local parallel processing of discrete terrain elevation data. *Computer Graphics and image processing*, 4(4):375–387. [43](#)
- PINZ, A., BERNOGGER, S., DATLINGER, P. et KRUGER, A. (1998). Mapping the human retina. *IEEE Transactions on medical imaging*, 17(4):606–619. [39](#), [72](#), [78](#)
- PRATT, W. K. (1978). Image feature extraction. *Digital Image Processing : PIKS Scientific Inside, Fourth Edition*, pages 535–577. [125](#)
- PRESS, W. H., TEUKOLSKY, S. A., VETTERLING, W. T. et FLANNERY, B. P. (1992). Numerical recipes in c : The art of scientific computing (new york. *Cambridge University Press*, pages 636–9. [84](#)
- PUECH, M. (2014). *Imagerie en ophtalmologie*. Elsevier Health Sciences France. [27](#)
- REMY, A. (2016). *Anatomie Pathologique de L’Oeil*. Sciences Series. Hachette Livre - Bnf. [16](#), [18](#)

- RHODES, H. T. F. (1956). *Alphonse Bertillon, father of scientific detection*. Abelard-Schuman. 5
- RISSE, V. (2001). *Application de la morphologie mathématique à l'analyse des conditions d'éclairage des images couleur*. Thèse de doctorat, École Nationale Supérieure des Mines de Paris. 125, 126
- RUSINKIEWICZ, S. et LEVOY, M. (2001). Efficient variants of the icp algorithm. In *3-D Digital Imaging and Modeling, 2001. Proceedings. Third International Conference on*, pages 145–152. IEEE. 84
- SARRUT, D. (2000). *Recalage multimodal et plate-forme d'imagerie médicale à accès distant*. Thèse de doctorat, Lyon 2. 64
- SCHMID, C., MOHR, R. et BAUCKHAGE, C. (1998). Comparing and evaluating interest points. In *Computer Vision, 1998. Sixth International Conference on*, pages 230–235. IEEE. 82
- SCHMITT, M. et MATTIOLI, J. (2013). *Morphologie mathématique*. Presses des MINES. 43, 45
- SERRA, J. (1988). Image analysis and mathematical morphology : Theoretical advances, image analysis and mathematical morphology. 109, 111
- SERRA, J. et SOILLE, P. (2012). *Mathematical morphology and its applications to image processing*, volume 2. Springer Science & Business Media. 22
- SHARP, G. C., LEE, S. W. et WEHE, D. K. (2002). Icp registration using invariant features. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 24(1): 90–102. 84
- SHEN, H., STEWART, C. V., ROYSAM, B., LIN, G. et TANENBAUM, H. L. (2003). Frame-rate spatial referencing based on invariant indexing and alignment with application to online retinal image registration. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 25(3):379–384. 83
- SIMON, C. et GOLDSTEIN, I. (1935). A new scientific method of identification. *New York state journal of medicine*, 35(18):901–906. 1, 19
- SINTHANAYOTHIN, C., BOYCE, J. F., COOK, H. L. et WILLIAMSON, T. H. (1999). Automated localisation of the optic disc, fovea, and retinal blood vessels from digital colour fundus images. *British Journal of Ophthalmology*, 83(8):902–910. 39, 72
- SOILLE, P. (2004). Filtering. In *Morphological Image Analysis*, pages 241–265. Springer. 54
- SOILLE, P. (2013). *Morphological image analysis : principles and applications*. Springer Science & Business Media. 120
- STAAL, J., ABRÀMOFF, M. D., NIEMEIJER, M., VIERGEVER, M. A. et VAN GINNEKEN, B. (2004). Ridge-based vessel segmentation in color images of the retina. *IEEE transactions on medical imaging*, 23(4):501–509. 28, 92, 96

- STEWART, C. V., TSAI, C.-L. et ROYSAM, B. (2003). The dual-bootstrap iterative closest point algorithm with application to retinal image registration. *IEEE transactions on medical imaging*, 22(11):1379–1394. [82](#)
- TAMURA, S., OKAMOTO, Y. et YANASHIMA, K. (1988). Zero-crossing interval correction in tracing eye-fundus blood vessels. *Pattern recognition*, 21(3):227–233. [39](#), [72](#), [73](#)
- TOWER, P. (1955). The fundus oculi in monozygotic twins : report of six pairs of identical twins. *AMA archives of ophthalmology*, 54(2):225–239. [1](#), [18](#), [19](#), [53](#)
- VACHIER, C. (1995). *Extraction de caractéristiques, segmentation d'image et morphologie mathématique*. Thèse de doctorat, Ecole Nationale Supérieure des Mines de Paris. [22](#), [112](#)
- VAN LOAN, C. F. (1996). Matrix computations (johns hopkins studies in mathematical sciences). [85](#)
- VILLALOBOS-CASTALDI, M. et FELIPE-RIVERÓN, E. M. (2009). Fast automatic retinal vessel segmentation and vascular landmarks extraction method for biometric applications. In *IEEE International Conference on Biometrics, Identity and Security*. [54](#)
- VINCENT, L. (1990). *Algorithmes morphologiques à base de files d'attente et de lacets : extension aux graphes*. Thèse de doctorat. [44](#), [109](#)
- VINCENT, L. (1993). Grayscale area openings and closings, their efficient implementation and applications. In *First Workshop on Mathematical Morphology and its Applications to Signal Processing*, pages 22–27. [109](#)
- VINCENT, L. (1994). Morphological area openings and closings for grey-scale images. In *Shape in Picture*, pages 197–208. Springer. [109](#)
- WALTER, T. (2000). Détection de pathologies rétinienne à partir d'images couleur du fond d'œil. *Rapport d'avancement de thèse, Ecole des Mines de Paris, Centre de Morphologie Mathématique, Paris, France*. [39](#), [41](#)
- WALTER, T. (2003). *Application De La Morphologie Mathématique Au Diagnostic De La Rétinopathie Diabétique A Partir D'images Couleur*. phdthesis, Centre De Morphologie Mathématique, Ecole Des Mines De Paris. [38](#), [40](#), [41](#), [44](#), [47](#), [50](#), [72](#), [74](#), [76](#), [78](#), [79](#), [80](#), [81](#), [109](#), [113](#), [114](#), [115](#), [116](#), [117](#), [118](#), [119](#), [120](#), [122](#)
- WALTER, T. et KLEIN, J.-C. (2001). Segmentation of color fundus images of the human retina : Detection of the optic disc and the vascular tree using morphological techniques. In *International Symposium on Medical Data Analysis*, pages 282–287. Springer. [22](#), [30](#), [31](#), [32](#), [33](#), [34](#), [35](#), [36](#), [40](#), [73](#)
- WALTER, T., KLEIN, J.-C., MASSIN, P. et ERGINAY, A. (2002). A contribution of image processing to the diagnosis of diabetic retinopathy-detection of exudates in color fundus images of the human retina. *IEEE transactions on medical imaging*, 21(10):1236–1243. [22](#), [73](#)

- XIN, W. et PU, J. (2010). An improved icp algorithm for point cloud registration. *In Computational and Information Sciences (ICCIS), 2010 International Conference on*, pages 565–568. IEEE. [84](#)
- YUAN, C., YU, X. et LUO, Z. (2016). 3d point cloud matching based on principal component analysis and iterative closest point algorithm. *In Audio, Language and Image Processing (ICALIP), 2016 International Conference on*, pages 404–408. IEEE. [82](#)
- ZANA, F. (1999). *Une approche morphologique pour les détections et Bayesienne pour le recalage d'images multimodales : Application aux images rétiniennes*. Thèse de doctorat. [78](#)
- ZANA, F. et KLEIN, J.-C. (1999a). A multimodal registration algorithm of eye fundus images using vessels detection and hough transform. *IEEE transactions on Medical Imaging*, 18(5):419–428. [64](#), [69](#)
- ZANA, F. et KLEIN, J.-C. (1999b). A registration algorithm of eye fundus images using a bayesian hough transform. [69](#)
- ZANA, F. et KLEIN, J.-C. (2001). Segmentation of vessel-like patterns using mathematical morphology and curvature evaluation. *IEEE transactions on image processing*, 10(7):1010–1019. [39](#), [41](#)
- ZHANG, Z. (1992). *Iterative point matching for registration of free-form curves*. Thèse de doctorat, Inria. [82](#)
- ZHANG, Z. (2014). *Iterative Closest Point (ICP)*, pages 433–434. Springer US, Boston, MA. [81](#), [82](#)
- ZHOU, H., WU, J. et ZHANG, J. (2010). *Digital Image Processing : Part II*. Bookboon. [54](#)
- ZHOU, L., RZESZOTARSKI, M. S., SINGERMAN, L. J. et CHOKREFF, J. M. (1994). The detection and quantification of retinopathy using digital angiograms. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 13(4):619–626. [39](#)
- ZITOVA, B. et FLUSSER, J. (2003). Image registration methods : a survey. *Image and vision computing*, 21(11):977–1000. [63](#), [65](#)