

Chapitre 5

Comparaison & Evaluation

Sommaire

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

Résumé

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

I. Introduction.

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

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

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

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

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

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

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

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

II. Recalage d'images.

a. Définition.

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

avec u : le champ de déformation.

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

b. Types de recalage.

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

1. Recalage monomodal intra-patient.

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

2. Recalage multimodal intra-patient.

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

3. Recalage monomodal inter-patients.

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

4. Recalage multimodal inter-patients.

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

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

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

	Monomodal	Multimodal
Intra-patient	<ul style="list-style-type: none"> • 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'examens 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 (<i>Human Brain Mapping</i>). • Normalisation anatomo-fonctionnelle.

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

c. Structures homologues.

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

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

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

d. Le modèle de transformation.

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

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

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

1. Les transformations linéaires.

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

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.

i. La transformation rigide (isométrie).

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

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

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

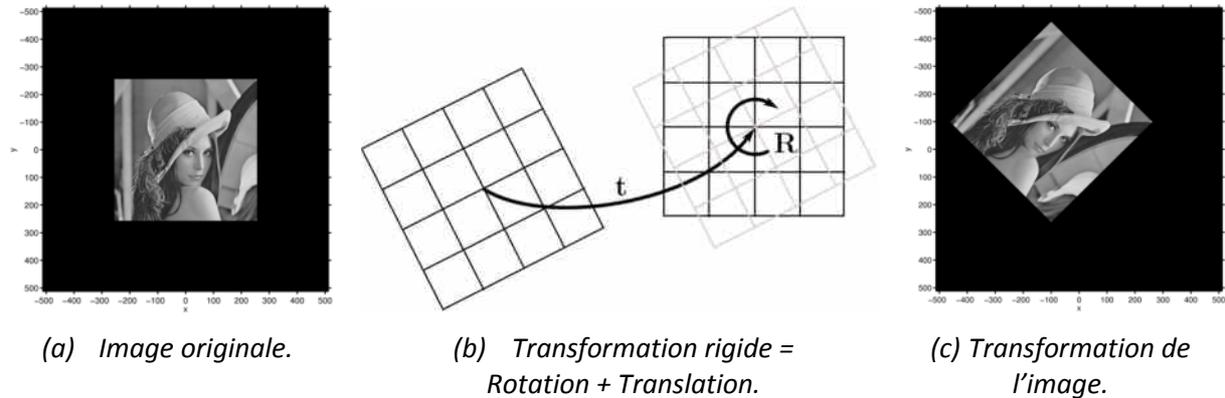


Figure II.1 - La transformation rigide (isométrie) [114].

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

ii. La transformation de similitude.

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

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

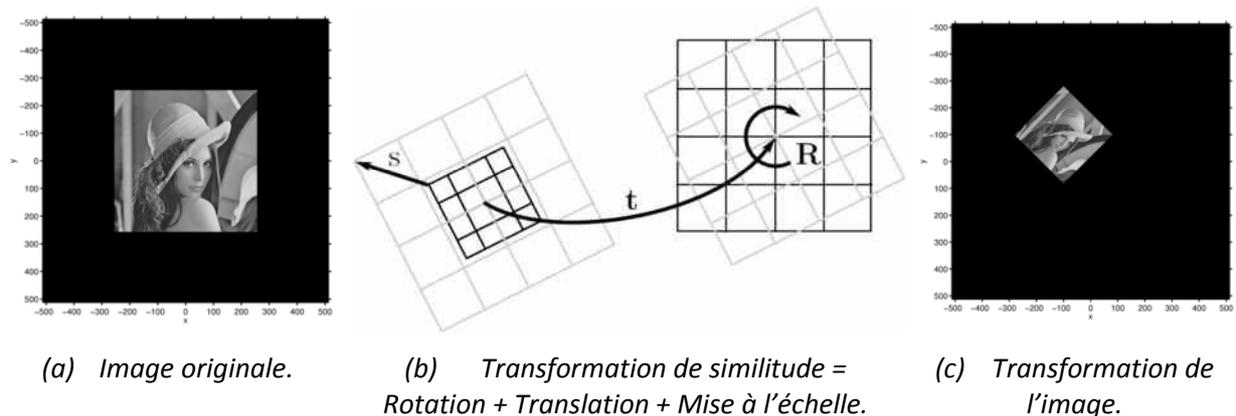


Figure II.2 - La transformation de similitude [114].

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

iii. La transformation affine.

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

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

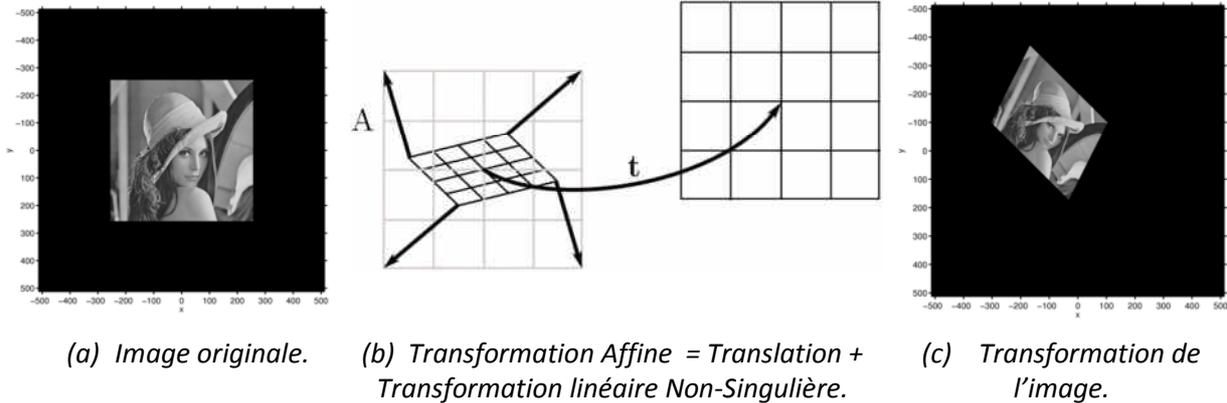


Figure II.3 - La transformation affine [114].

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

iv. La transformation projective.

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

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

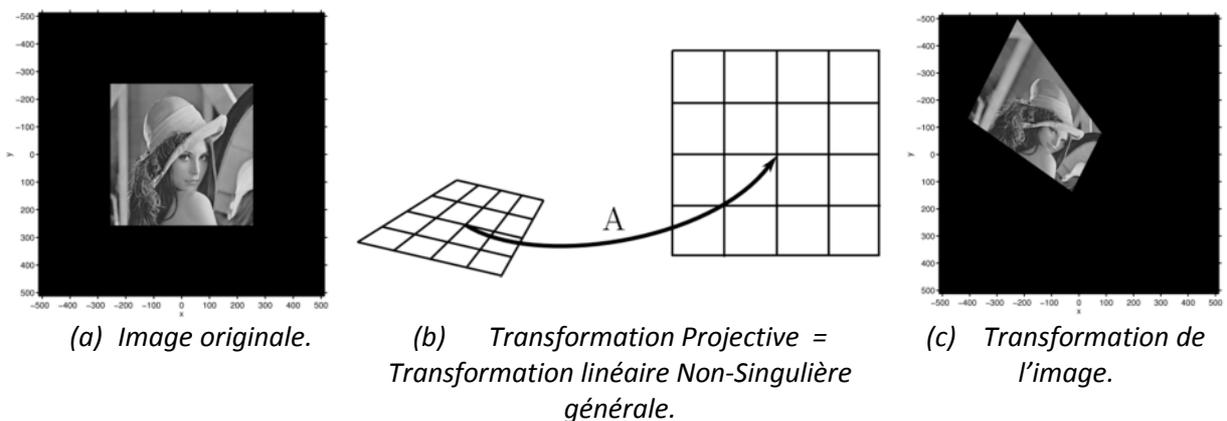


Figure II.4 - La transformation projective [114].

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

2. Les transformations non-linéaires.

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

i. La transformation polynomiale.

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

ii. La transformation libre.

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

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

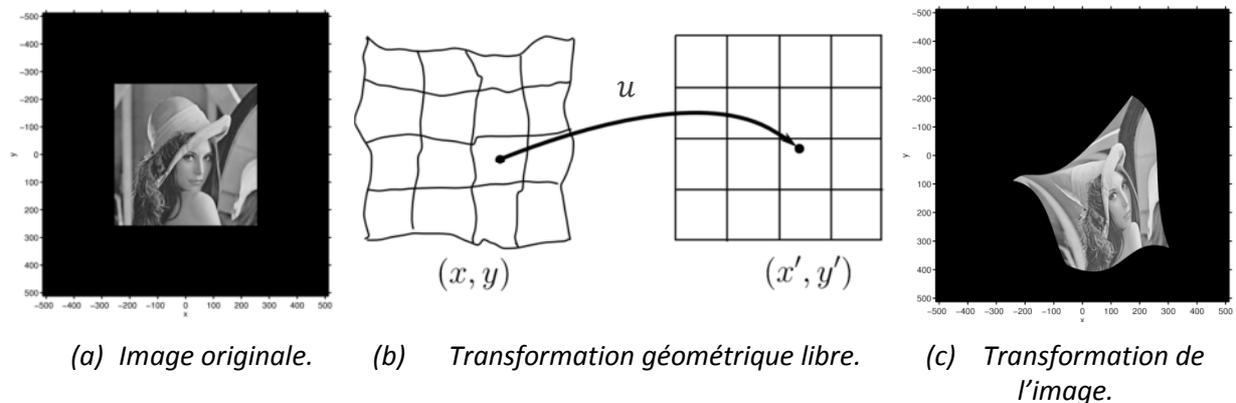


Figure II.5 - Les transformations libres [114].

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

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

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

e. Algorithmes de recalage.

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

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

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

1. Algorithmes de recalage manuel.

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

2. Algorithmes de recalage semi-automatique.

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

3. Algorithmes de recalage automatique.

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

❖ *Etat de l'art.*

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

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

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

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

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

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

❖ *Approche proposée.*

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

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

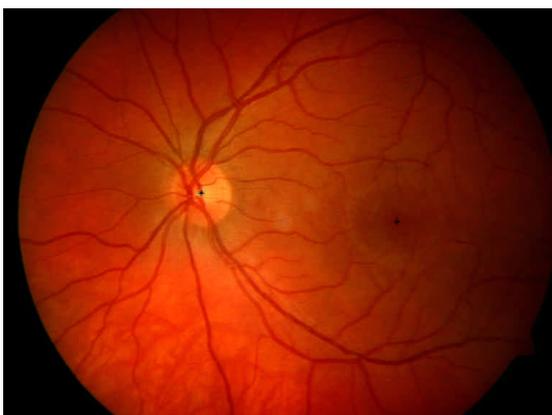
$$\begin{pmatrix} x_b \\ y_b \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \Delta x & s \cos \theta & -s \sin \theta \\ \Delta y & s \sin \theta & s \cos \theta \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1 \\ x_r \\ y_r \end{pmatrix} \quad (II.7)$$

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

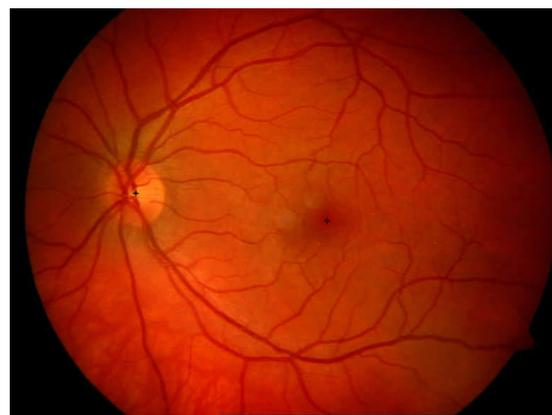
Cette transformation a besoin de 2 points de contrôle pour calculer ces 4 paramètres.

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

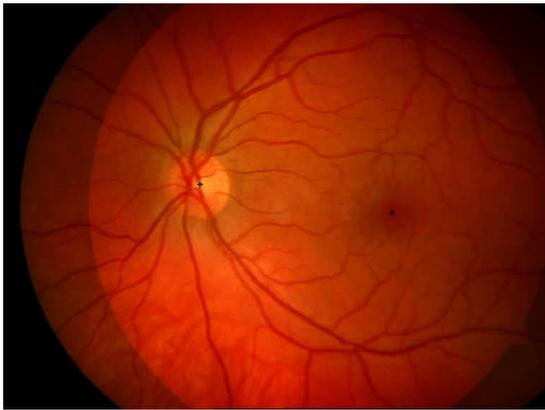
Nous avons testé cet algorithme sur deux images de la base ARIA [100] provenant de la même personne à des moments différents (Figure II.6). A priori, nous voyons bien dans la Figure II.6 (c) que cette méthode a donné des résultats très satisfaisants. Nous verrons par la suite, les résultats obtenus du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



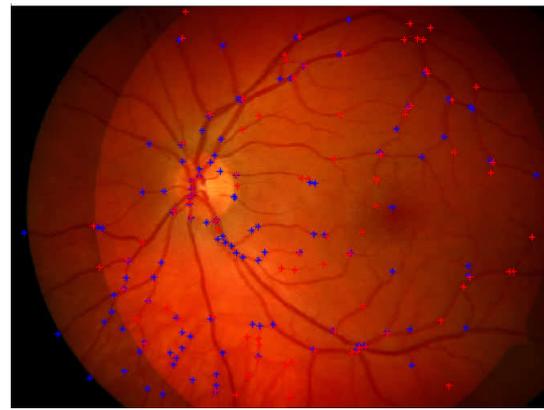
(a) Image d'une personne prise à l'instant t avec les points de contrôle (petits points noirs).



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



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



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

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

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

1. Principe.

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

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

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

2. Algorithme de *matching*.

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

Template Matching (T_1, T_2)

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

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

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

12. Retourner la valeur de *PMatch*.

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

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

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

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

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

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

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

IV. Evaluation du système biométrique.

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

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

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

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

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

¹ C'est le degré de similitude à partir duquel une correspondance est validée.

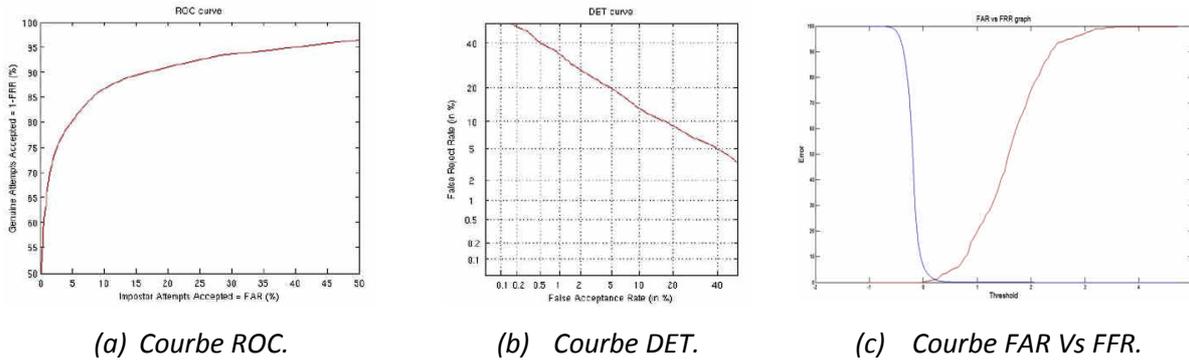


Figure IV.1 - Les courbes traditionnelles d'évaluation de performance des systèmes biométriques [112].

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

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

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

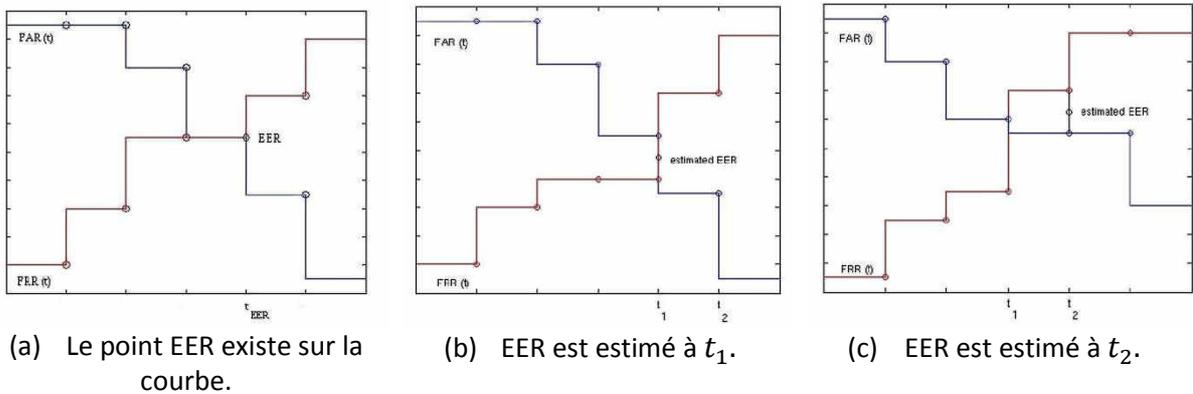


Figure IV.2 - La courbe FAR Vs FRR et les taux EER.

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

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

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

a. Expérimentation.

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

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

Afin d'évaluer le système, nous avons comparé ces images entre elles et calculé le degré de similarité entre chaque paire d'images. Nous avons procédé, alors, à un total de 25x25 itérations (ou plus exactement $[(25 \times 25 - 25) / 2]$ en éliminant les combinaisons redondantes et réflexives, ce qui nous fait un total de 300 itérations).

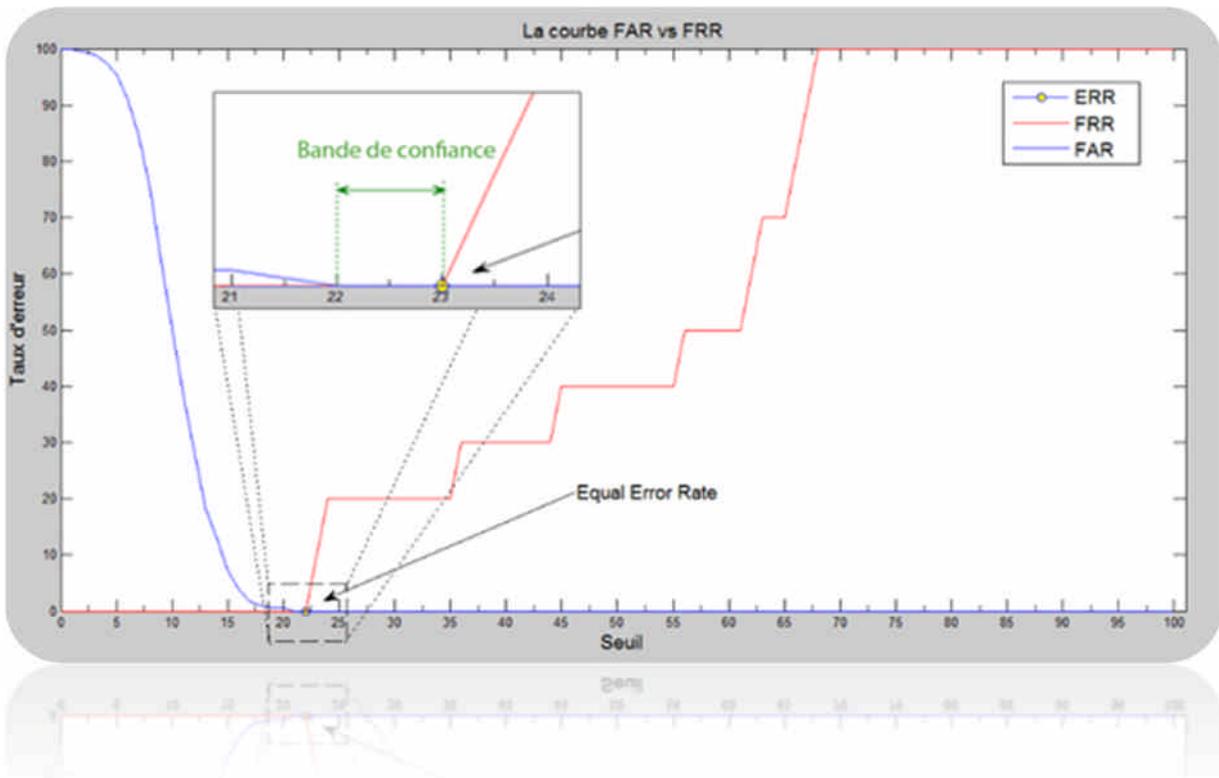
Pour ce faire, nous avons implémenté cet algorithme sous un environnement MATLAB (qui est un outil très puissant de calcul matriciel et de traitement d'images). Nous l'avons exécuté sur un ordinateur portable équipé d'un micro-processeur *Intel Core 2 Duo* d'une fréquence de 2 Ghz, et d'une mémoire RAM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

b. Résultats et interprétations.

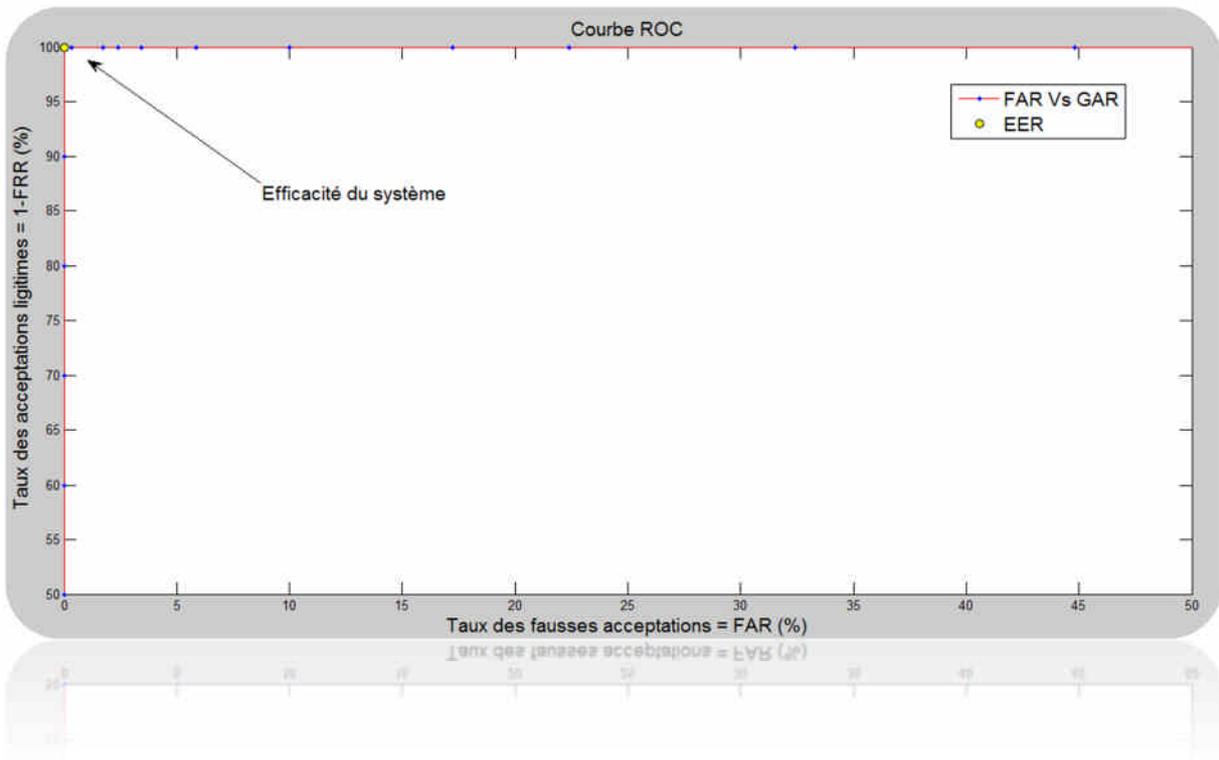
A la fin de l'exécution de l'algorithme d'évaluation, nous obtenons deux vecteurs de scores : le vecteur *Clients* qui contient les 10 degrés de similarité entre les images semblables et le vecteur *Imposteurs* pour les cas de non correspondance (un vecteur de 290 scores). Il faudrait noter que nous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

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

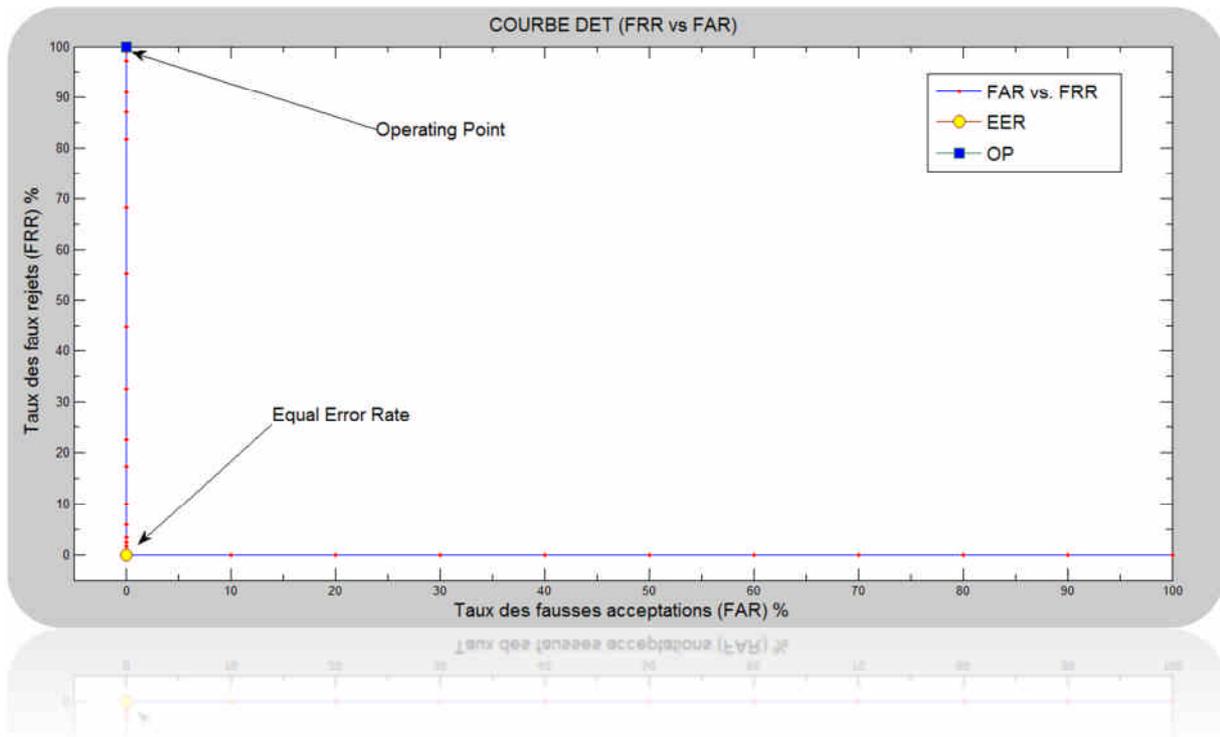
La première chose qui attire l'attention dans ces résultats, c'est la séparation parfaite entre les deux classes : Clients, Imposteurs. En effet, dans la Figure IV.3 (a) qui représente le FAR et le FRR, nous voyons bien que la probabilité d'avoir un seuil qui produit un faux rejet et une fausse acceptation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



(a) La courbe FAR vs FRR.



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



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

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

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

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

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

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

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

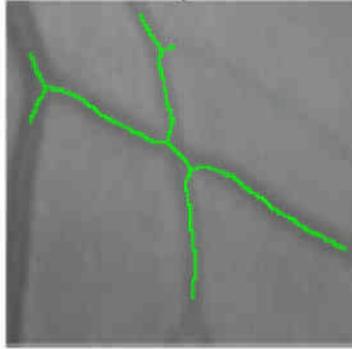
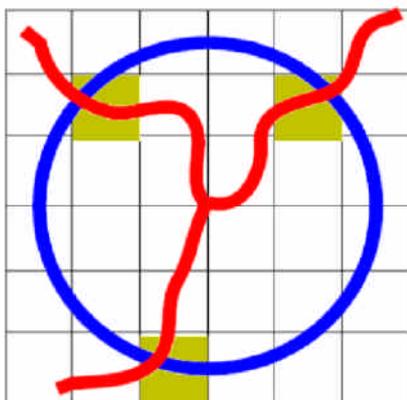


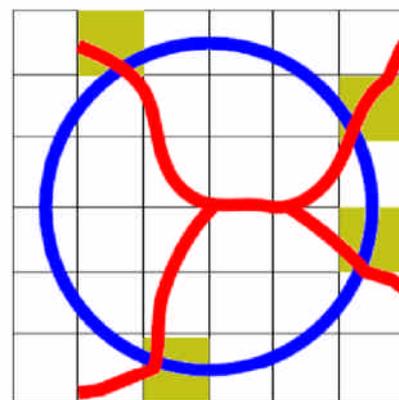
Figure IV.4 - La représentation réelle des points de croisement [16].

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

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



(a) Point de bifurcation normale.



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

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

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

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

V. Evaluation de l'approche de classification.

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

VI. Conclusion.

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

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

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

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

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

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

Conclusion et Perspectives

La biométrie par la rétine est une technique très fiable mais moins répandue que les autres à cause de son caractère invasif dans l'acquisition de l'image rétinienne, résolu par les nouveaux dispositifs d'acquisition. Dans ce mémoire un système d'identification automatique basé sur le réseau vasculaire est présenté. Un modèle biométrique est conçu et extrait, et un algorithme de matching est développé pour comparer les modèles. 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.

La convenance de l'arbre vasculaire rétinien en tant que caractéristique biométrique a été évaluée et examinée, depuis longtemps lors des études médicales, et l'utilisation d'une première méthodologie d'authentification basée sur la structure arborescente du réseau entier en tant que modèle biométrique. Une fois que la convenance a été prouvée, un modèle plus compact a été conçu, ce qui réduit les conditions de stockage et, en même temps, réduit le calcul de la correspondance. Au lieu d'employer une image de la structure arborescente du réseau (plis), des points caractéristiques ont été extraits, c.-à-d. des bifurcations et des croisements, et ont été utilisés en tant que nouveau modèle. Ainsi, des individus peuvent être sûrement caractérisés par un ensemble réduit de points caractéristiques de leurs rétines.

Une approche morphologique a été proposée pour l'extraction des caractéristiques. Ces algorithmes d'extraction ont donné des résultats satisfaisants. Dans la phase de matching un recalage est effectué sur les images à comparer, afin de pouvoir calculer la distance entre les points similaires et déterminer le degré de correspondance. Nous avons proposé une nouvelle méthode de recalage 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. L'algorithme de matching prend 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. Cette méthode a obtenu une meilleure performance que les approches précédentes. C'est, particulièrement, important dans le domaine de la biométrie, car la plus grande spécificité possible est exigée pour éviter de une mauvaise classification des points, qui mènera à une fausse acceptation ou à un faux rejet.

Une évaluation classique a été effectuée sur une base de données d'images rétiniennes, afin d'examiner les performances de notre système d'identification. Elle nous a permis de constater que ce système opère avec une efficacité totale dans un intervalle de décision selon le score. Nous avons, par la suite, choisi le meilleur seuil dans cette bande de confiance.

Ce système biométrique doté d'un seuil de décision joue un rôle de classifieur automatique. Nous avons jugé utile de tester sa performance dans la classification des individus en deux catégories différentes : les clients et les imposteurs. Avec une sensibilité et une spécificité de 100%, on ne peut que constater la robustesse de ce système biométrique dans la séparation parfaite entre ces classes.

Certes, l'étude que nous avons faite s'est portée beaucoup plus sur l'aspect conceptuel du système biométrique rétinale, que sur son application sur le terrain.

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 des individus. Il serait très intéressant aussi de tester des méthodes de parcours de la base de données, dans le cas d'une identification par reconnaissance, afin de réduire le temps de recherche dans la base (utiliser une technique d'indexation).

Dans le domaine de caractérisation de la rétine, il y a beaucoup d'alternatives envisageable pour la conception du modèle biométrique, telles que l'utilisation des coordonnées polaires des points de bifurcation au lieu des coordonnées cartésiennes, ou bien, utiliser les angles entre les branches du vaisseaux au lieu des coordonnées des points, ou, carrément, la fusion de ces modèles,...etc. Une étude de ces techniques pourrait s'avérer utile dans le but d'optimiser la précision de ce système.

Finalement, et comme tout système biométrique, la reconnaissance par la rétine a ses propres limites. En effet, le long de notre mémoire nous avons supposé que les images sur lesquelles nous appliquons ses algorithmes devaient provenir de sujets sains. Une étude de l'aptitude du système à identifier des individus présentant une anomalie au niveau de la rétine, due à une malformation ou à des rétinopathies, doit être effectuée.

Annexe A

Complément des outils morphologiques

Dans cette annexe, nous présentons les outils morphologiques qui ont été utilisés au cours de ce mémoire, en complément du chapitre 2, 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 dans [30], qui permet 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.

I. 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. Les ouvertures binaires par critère.

L'ouverture surfacique qui peut être considérée comme la première ouverture par critère a été présentée et étudiée par LUC VINCENT [63], [117]. L'ouverture surfacique binaire supprime toutes les composantes connexes d'une image binaire ayant une surface plus petite qu'un paramètre λ . Dans [63], l'auteur montre que cette opération peut être interprétée comme le supremum d'ouverture avec la classe d'éléments structurants ayant une surface supérieure ou égale à λ . BREEN et JONES généralisent le concept en introduisant les opérateurs par critère [118], [119]. Selon les caractéristiques du critère, l'opérateur résultant est une ouverture ou un amincissement. Cependant, les opérateurs par critère ont été anticipés déjà en 1988 par JEAN SERRA dans [71]. 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.

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 I.1

Soit $E \subset \mathbb{Z}^2$ et $C(E)$ l'ensemble des sous-ensembles connexes de E . un critère \mathcal{K} est une application de $C(E)$ dans $\{0,1\}$ qui assigne à chaque ensemble connexe $A \in C(E)$ 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 $A, B \in C(E)$:

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

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

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

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 $C(E)$. 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.

2. Les ouvertures et fermetures par critère.

Considérons maintenant des images binaires $X \in \mathcal{X}(E)$ 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 I.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 $C_x(X)$ la composante connexe de X contenant x si $x \in X$ et \emptyset sinon, l'ouverture par critère s'écrit de la manière suivante :

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

La fermeture par critère se définit par dualité :

$$\phi_{\mathcal{K}}(X) = [\gamma_{\mathcal{K}}(X^c)]^c \quad (I.4)$$

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 :

$$\phi_{\mathcal{K}}(X) = X \cup \{x \in X^c \mid C_x(X^c) \text{ ne remplit pas } \mathcal{K}\} \quad (I.5)$$

Il peut être démontré facilement que l'opérateur défini dans Définition I.2 est une ouverture, c'est-à-dire qu'il est idempotent, croissant et anti-extensif [119]. 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 I.1

Soit $E \subset \mathbb{Z}^2$ 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 :

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

DÉMONSTRATION 1

Selon un théorème de MATHERON (voir [71], p.106), toute ouverture algébrique γ peut s'écrire comme supremum d'ouvertures morphologiques avec une classe d'éléments structurants \mathcal{B}_0 :

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

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 translétés et ne serait donc pas dans \mathcal{B}_0 , mais dans $B \setminus \mathcal{B}_0$.

De plus, on a :

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

Car $\mathcal{B}_0 \subseteq \mathcal{B}$ et pour tous les $B \in \mathcal{B}$ et $B_0 \in \mathcal{B}_0$ on a $B \supseteq B_{0,h}$ (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 :

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

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

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

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 :

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

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

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

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

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

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 C_i :

$$X = \bigcup_i C_i$$

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

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 C_i . Chaque fois qu'un pixel $x \in C_i$ est trouvé, la valeur du buffer indexé par t_i est incrémentée¹.

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

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

Soit $f: D_f \subset \mathbb{Z}^2 \rightarrow T \subset \mathbb{Z}$ une image à teintes de gris. Comme toute ouverture binaire, les opérateurs décrits dans (a1) peuvent être appliqués également à f , en les appliquant aux ensemble dits sections $X_s^+(f) = \{x \in E \mid f(x) \geq t\}$ (comme cité dans le chapitre 2) 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 I.3

Soit $f: D_f \subset \mathbb{Z}^2 \rightarrow T \subset \mathbb{Z}$ 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 :

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

Et la fermeture par critère :

$$[\phi_{\mathcal{K}}(f)](x) = \inf\{s \geq f(x) \mid C_x[X_s^-(f)] \text{ remplit } \mathcal{K}\} \quad (\text{I.16})$$

Si le critère n'est pas croissant mais planaire, il est quand même possible d'appliquer la Définition I.3 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 [118]). Si le critère n'est pas planaire l'opérateur résultant n'est même pas forcément idempotent. L'araselement volumique proposé dans [64] par exemple ne l'est pas.

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 I.3 n'est pas adaptée. Il est préférable de travailler avec des inondations à l'aide des files d'attente hiérarchiques.

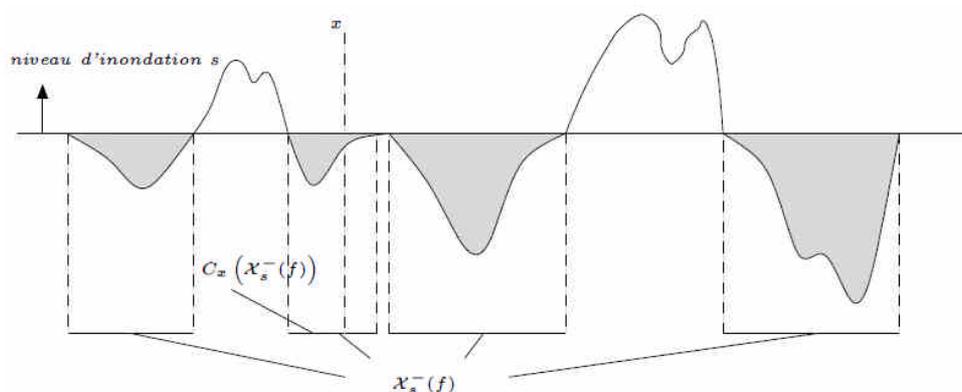


Figure I.1 - L'inondation pour une image f au niveau s [30].

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 $C_x[X_s^-(f)]$.

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 $C_x[X_s^-(f)]$ 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.

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 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.

i. 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 maximal ; 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 :

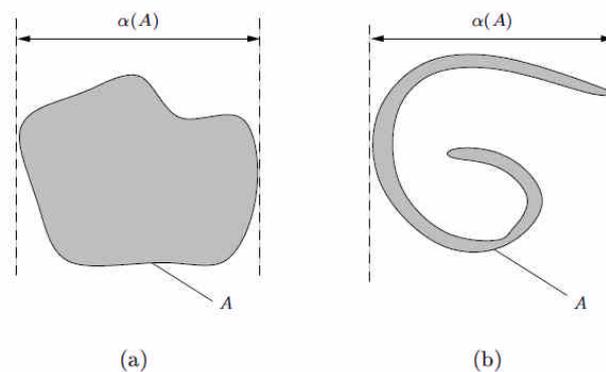


Figure 1.2 - Le diamètre $\alpha(A)$ [30].

DÉFINITION I.4

Soit $X \subset \mathbb{Z}^2$ 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 :

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

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 :

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

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.

ii. 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 :

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

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 I.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 .

iii. La fermeture par diamètre.

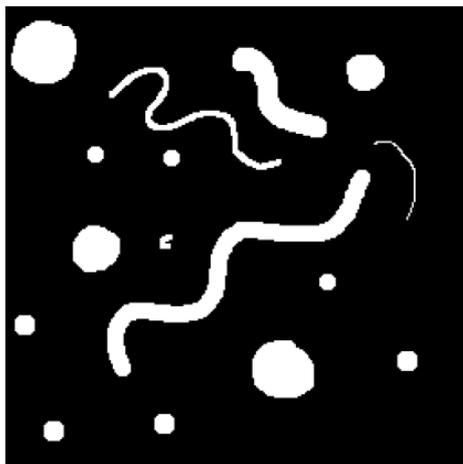
La fermeture par diamètre est l'infimum des fermetures morphologiques avec des éléments structurants d'extension maximale égale ou supérieure à λ :

$$\begin{aligned} [\phi_\lambda^\circ(X)](x) &= X \cup \{x \mid \alpha(C_x(X^c)) < \lambda\} \\ &= \bigcap \{\phi^B(X) \mid \alpha(B) \geq \lambda\} \end{aligned} \quad (I.20)$$

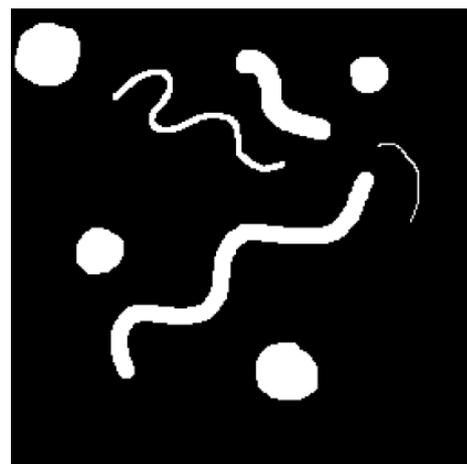
Pour des images à teintes de gris, l'ouverture/la fermeture par diamètre est respectivement :

$$\gamma_\lambda^\circ(f) = \sup\{s \leq f(x) \mid \alpha(C_x[X_s^+(f)]) \geq \lambda\} \quad (I.21)$$

$$\phi_\lambda^\circ(f) = \inf\{s \geq f(x) \mid \alpha(C_x[X_s^-(f)]) \geq \lambda\} \quad (I.22)$$



(a) Image binaire



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

Figure I.3 - L'ouverture par diamètre d'une image binaire : tous les éléments avec un diamètre inférieur ou égal à 15 sont enlevés [30].

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 1.4(b) 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 .

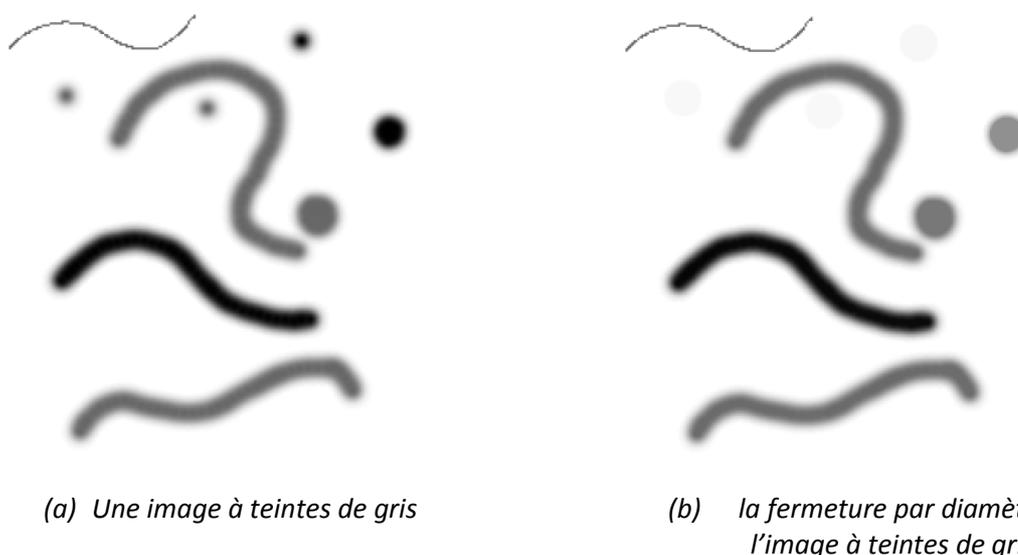


Figure 1.4 - La fermeture par diamètre d'une image à teinte de gris : tous les trous de diamètre plus petit que $\lambda = 20$ sont remplis [30].

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 [30], la fermeture par diamètre est appliquée à la détection des micro-anévrismes 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.

II. 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 [30].

a. 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.

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 II.1

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 :

$$BIF(S) = \{x \in S \mid \#(N_G > 2)\} \quad (II.1)$$

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 II.1 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 :



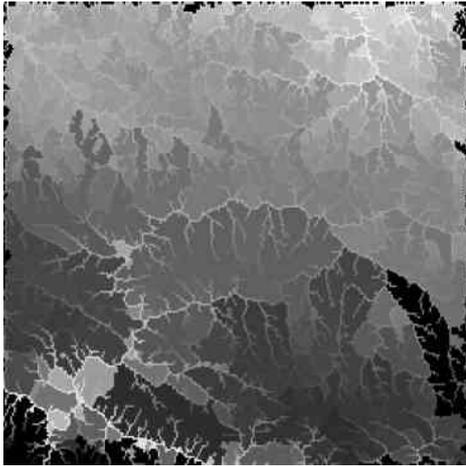
Figure II.2 - Un couple d'éléments structurants homotopiques (B_E) dans la trame hexagonale et ses rotations. B_1 contient seulement le centre (l'arqué en noir, les pixels de B_2 sont marqués en gris. L'élément structurant (le E de l'alphabet de Golay) est utilisé pour trouver les points finaux d'un squelette [30].

Remarque : selon la Définition II.2, 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.

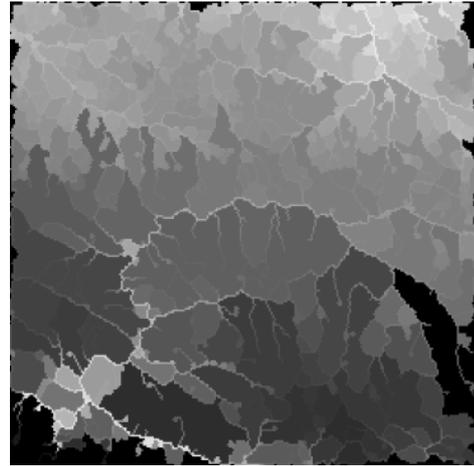
Le temps de calcul de cet algorithme peut être réduit considérablement en utilisant des files d'attente. La stratégie est exactement la même que pour un algorithme de squelettisation (voir [30]) : l'algorithme n'agit que sur les points qui sont susceptibles d'être enlevés par l'ébarbulage.

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 ([30]), 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 barbulles 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.

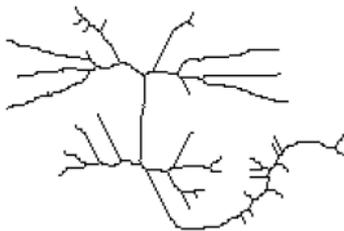
Dans la Figure II.3, des résultats de l'application de cet opérateur à des images binaires et des images à teintes de gris sont montrés. L'inconvénient de l'ébarbulage est qu'un certain nombre de pixels est enlevé de toutes les branches qui contiennent un point final. Même si il s'agit d'une branche 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.



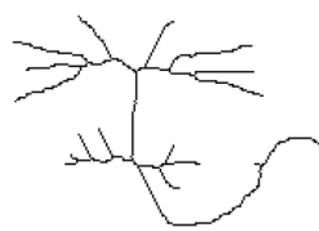
(a) Le squelette d'une image à teintes de gris



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



(c) Le squelette d'une image binaire

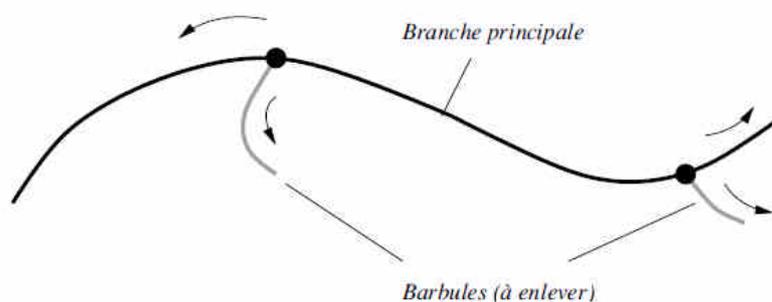


(d) Le squelette ébarbulé d'une image binaire

Figure 11.3 - L'ébarbulage des squelettes [30].

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 « barbu 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 11.4).

**Figure 11.4 - La branche principale (en noir) et les barbules (en gris) [30].**

i. L'algorithme de Pierre Soille.

Dans [120], l'auteur propose 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 II.5 (b)), 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 :

$$Res(S) = S \setminus RET^{(n_{max})}(S)$$

$$\psi(S) = RET^{(n_{max})}(S) \cup R_{Res(S) \cup F}(F) \quad (II.5)$$

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 II.5, 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 II.5, 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.

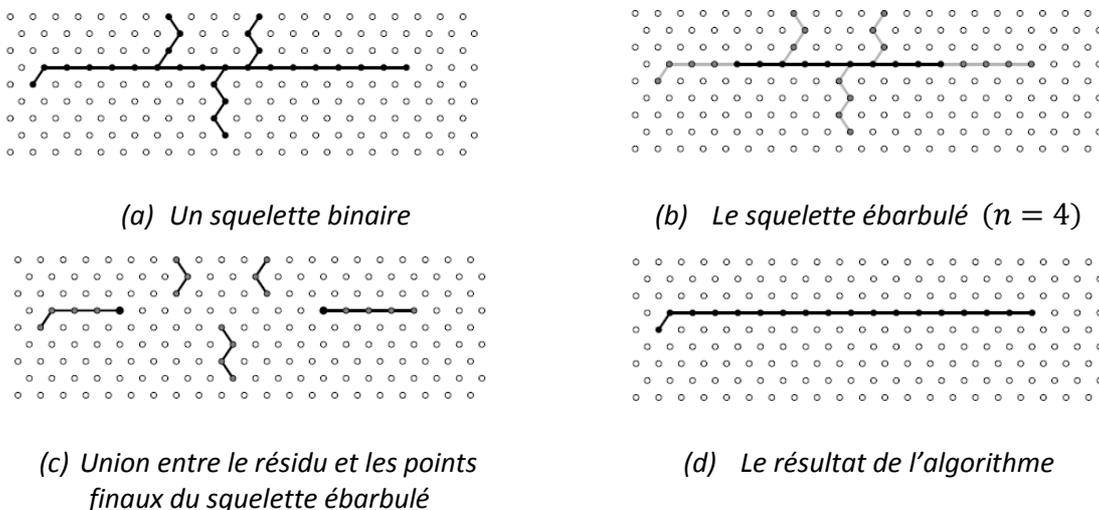


Figure II.5 - Le principe de l'algorithme proposé par PIERRE SOILLE [30].

ii. 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 II.2). 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 $n_{max} + 1$.

$$\mathfrak{X}S(x) = \begin{cases} n & \text{si } x \in [S \circ B_E]^{(n-1)} \text{ et } x \notin [S \circ B_E]^{(n)} \text{ avec } n \leq n_{max} \\ n_{max} + 1 & \text{si } x \in [S \circ B_E]^{(n_{max})} \\ 0 & \text{si } x \notin S \end{cases} \quad (II.6)$$

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 :

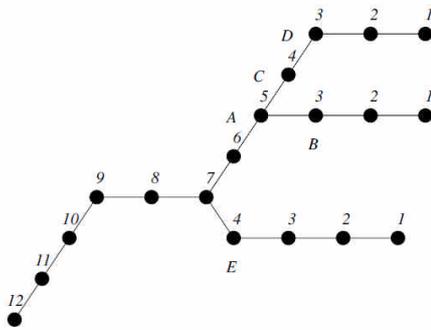
$$\forall x, y \in BP \subset S, \quad y \in N(x) : |\mathfrak{X}S(x) - \mathfrak{X}S(y)| \leq 1 \quad (II.7)$$

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.

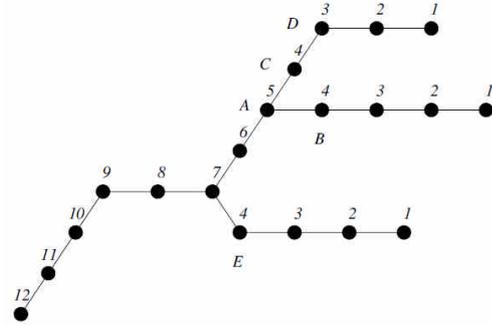
$$\psi_1 S = \{x \in S \mid \forall y \in N(x), \quad \mathfrak{X}S(y) - \mathfrak{X}S(x) \leq 1\} \quad (II.8)$$

Cela est illustré dans la Figure II.6 (a) : 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.



(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 II.6 - $\mathfrak{X}(S)$ pour deux squelettes S [30].

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 hasard¹. Nous avons cette dernière possibilité afin de ne pas alourdir l'algorithme après avoir déconnecté toutes les barbulles 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 $\mathfrak{X}(y) = \mathfrak{X}(x) - 1$, nous enlevons un au hasard :

$$\psi_2 S = \psi_1 S \setminus \{y \in \psi_1 S \mid \exists x, y' \text{ avec } y, y' \in N(x), y' \in \psi_2 S \text{ et} \\ \mathfrak{X}(x) = \mathfrak{X}(y') + 1 = \mathfrak{X}(y) + 1\} \quad (\text{II.9})$$

Nous constatons que ce deuxième pas ne peut être effectué que si le premier est déjà fait (sinon, par exemple, dans la Figure II.6 (a), le point D serait éventuellement enlevé, parce que $\mathfrak{X}(b) = \mathfrak{X}(d) = \mathfrak{X}(c) - 1$ et le résultat ne serait donc pas correct ; il est important alors d'enlever B d'abord).

¹ Nous pourrions bien sûr aussi appliquer d'autres critères dans ce cas, mais à ce moment, l'algorithme devient plus sophistiqué qu'un simple ébarbulage et par conséquent, plus lourd.



- (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 II.7 - Le résultat de l'ébarbulage sélectif pour $n_{max}=100$ [30].

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 ψ_2S :

$$\Xi(S) = R_{\psi_2S} (T_{[n_{max}, n_{max}+1]}\mathfrak{X}S) \quad (II.10)$$

Dans la Figure II.7 (a), une image binaire est montrée avec le squelette superposé. Dans la Figure II.7 (b), 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

Méthodes d'amélioration par augmentation du contraste

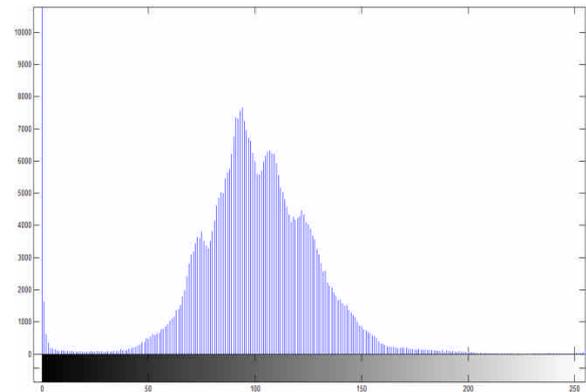
Dans cette annexe, nous allons présenter quelques techniques d'amélioration du contraste du canal vert dans les images rétiniennes. Ces améliorations sont basées, notamment, sur les modifications de l'histogramme pour augmenter le contraste et la luminosité globales de l'image. [29]

I. Expansion de la dynamique.

L'expansion de la dynamique est une technique basée sur la modification de l'histogramme. Elle permet d'élargir l'intervalle des niveaux de gris de l'image sur tout l'intervalle disponible [0 à 225], [31] dans le but d'améliorer le contraste (Figure I.1).



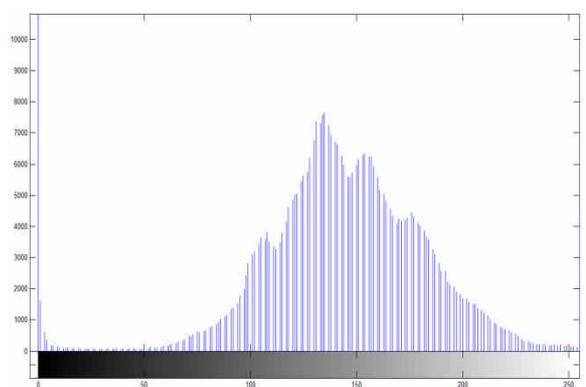
(a) Image en niveaux de gris



(b) Histogramme de l'image en niveau de gris



(c) Image améliorée



(d) Histogramme de l'image améliorée

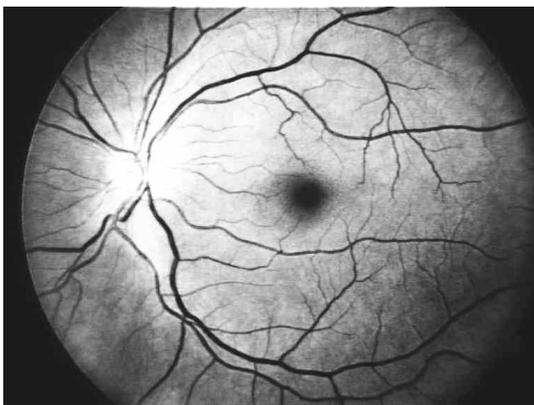
Figure I.1 - Expansion de la dynamique.

Dans l'histogramme de l'image en NG (Figure I.1 (a et b)), apparaissent deux pics importants. L'un correspond au fond sombre de l'image, et l'autre correspond à toutes les informations utiles de la rétine.

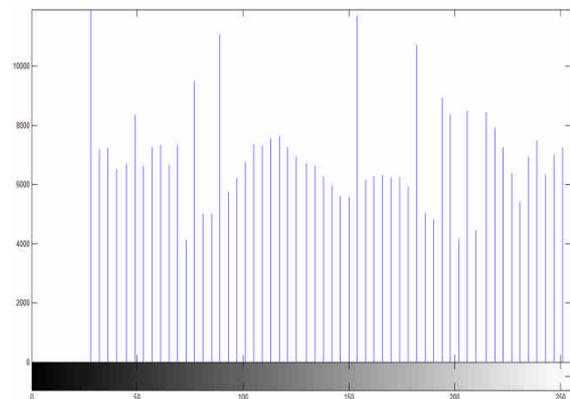
Par contre, dans l'histogramme de l'image améliorée (Figure I.1 (c et d)), on constate qu'il y a un accroissement de la dynamique de l'image en étendant les valeurs des pixels sur l'ensemble des NG, par conséquent, le contraste est augmenté et le contenu de l'image devient plus visible.

II. Egalisation de l'histogramme.

On peut améliorer l'image d'une meilleure façon, en utilisant la technique d'Egalisation d'histogramme. Celle-ci est obtenue en appliquant une transformation ponctuelle d'intensité qui consiste à rendre l'histogramme le plus plat possible [31], ce qui correspond à une répartition idéale des niveaux de gris dans l'image (Figure II.1).



(a) Image améliorée



(b) Histogramme de l'image améliorée

Figure II.1 - Egalisation de l'histogramme.

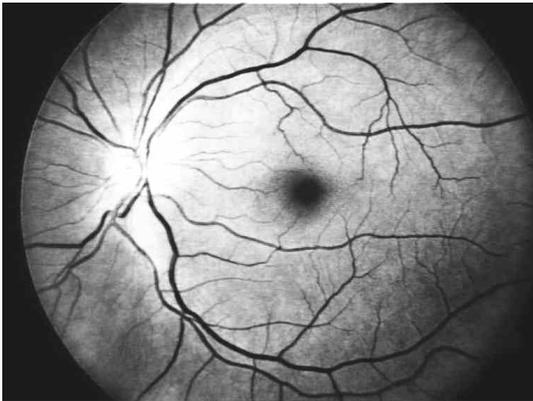
La dynamique a été diminuée autour des NG peu représentatifs, et augmentée autour des NG très représentatifs.

Cette méthode permet de s'affranchir de certaines variations d'éclairage pour permettre de comparer visuellement des images.

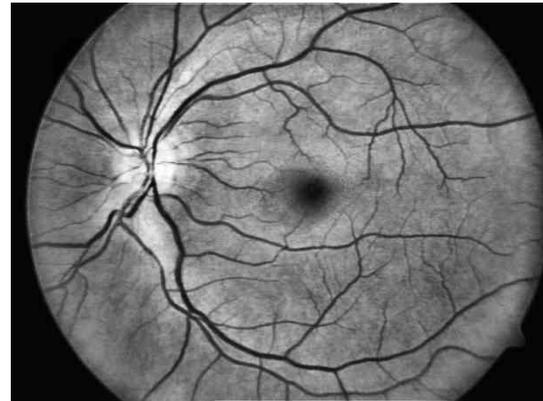
L'inconvénient de cette méthode est qu'elle ne prend pas en compte la répartition spatiale des niveaux de gris dans l'image, l'extraction du réseau vasculaire devient difficile sur les bords de l'image.

III. Egalisation adaptative.

Pour tenir compte de toute la répartition spatiale des niveaux de gris dans l'image, on fait appel à une autre technique issue de l'égalisation. L'idée consiste à subdiviser l'image en des régions rectangulaires non-chevauchantes, pour ensuite leur appliquer une égalisation locale d'histogramme (Figure III.1) [116].



(a) Image améliorée par l'égalisation d'histogramme



(b) Image améliorée par l'égalisation adaptative

Figure III.1 - Egalisation adaptative.

D'après la Figure III.1 (b), on constate que le contraste des gros vaisseaux, près de la papille et dans la région centrale de l'image, ainsi que les petits vaisseaux, aux bords de l'image, est augmenté par rapport au contraste de la Figure III.1 (a), et le réseau rétinien apparaît mieux.

IV. Seuillage.

Une étape clé du traitement de l'image est le seuillage, c'est à dire le passage de l'image en niveau de gris à une image binaire où les pixels à 1 correspondent aux objets et les pixels à 0 au fond de l'image.

Les traitements binaires sont destinés à définir, le plus précisément possible, les objets à analyser qui intéressent l'opérateur.

Dans les images couleur (réseau noir sur un fond sombre), il n'y a que les gros vaisseaux qui apparaissent, clairement, alors que les petits vaisseaux ne sont pas visible car ils ont un faible contraste et ils sont souvent corrompus par le bruit, en plus il existe une forte ressemblance des niveaux de gris de l'arbre vasculaire avec celle du fond de

la rétine (Figure IV.1 (a)), ce qui pose un problème lors de la localisation d'un seuil optimal.

D'après l'histogramme de l'image couleur améliorée du canal vert présenté dans la Figure IV.1(c). Une opération de seuillage ($S = 40$) permet de sélectionner les niveaux de gris correspondant au réseau vasculaire (Figure IV.1 (c)).

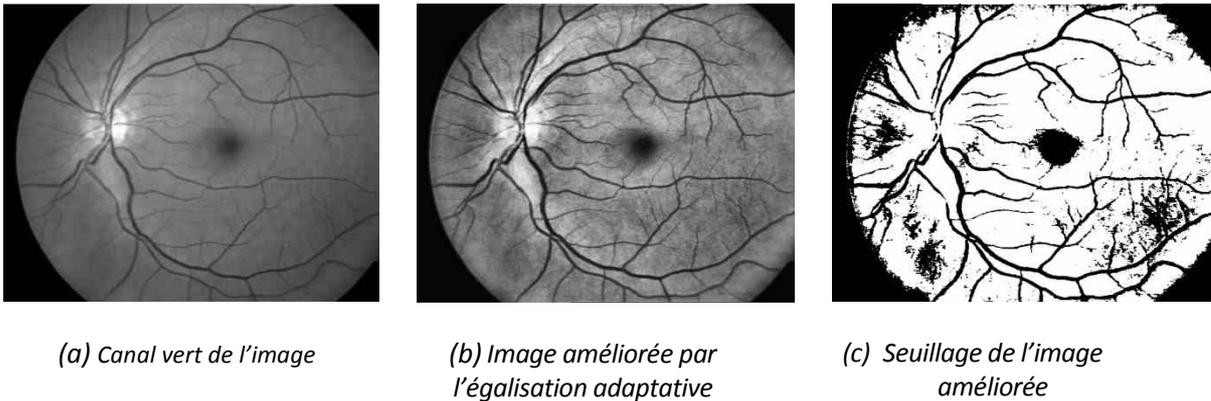


Figure IV.1 - Le seuillage sur l'image en niveaux de gris améliorée.

On constate que les vaisseaux des images obtenues par rétinographie sont difficiles à extraire par une simple opération de seuillage, car il y a beaucoup de fausses détections (des régions qui ne correspondent pas au réseau apparaissent sous formes de bruit).

La cause principale de cette mauvaise extraction du réseau rétinien provient de l'illumination non uniforme à cause de la géométrie de l'œil, qui rend la séparation entre les différents objets de l'image très difficile.

Pour résoudre ce problème, nous avons présenté dans le chapitre 3 une méthode qui permet de corriger l'illumination non uniforme de l'image, en augmentant leur contraste.

Annexe C

La représentation de la couleur dans le traitement d'images

Dans cette annexe, on donne une introduction à la représentation de la couleur dans le traitement d'images. On va décrire brièvement les espaces couleur utilisées dans ce mémoire, tels que présentés dans [30].

I. L'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 :

$$C = \begin{pmatrix} R \\ V \\ B \end{pmatrix} = R \cdot \begin{pmatrix} 1 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix} + V \cdot \begin{pmatrix} 0 \\ 1 \\ 0 \end{pmatrix} + B \cdot \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \\ 1 \end{pmatrix} = R \cdot \mathcal{R} + V \cdot \mathcal{V} + B \cdot \mathcal{B} \quad (I.1)$$

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 I.1).

Dans ce cube, le point $\mathbf{0}$ 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 $\mathbf{0}$ et le point $\mathbf{1}$, 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

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.

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 courants, on se limite à expliquer brièvement ceux qui sont utilisés dans ce mémoire. Pour plus d'information sur les espaces couleur, on consultera [121] et [122].

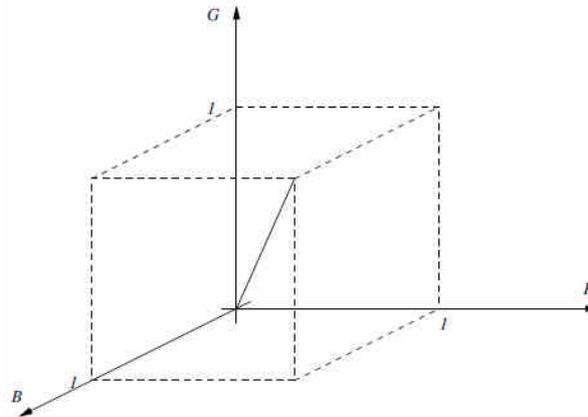


Figure I.1 - Le cube de couleurs dans l'espace RVB [30].

II. 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.

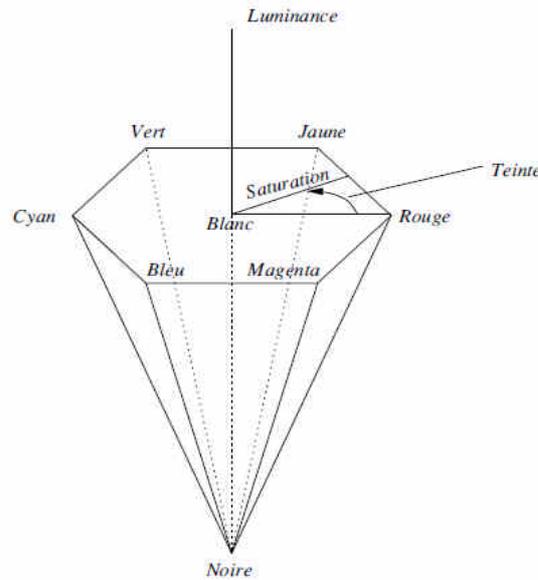


Figure II.1 - La pyramide de couleurs dans l'espace HSV[30].

III. L'espace HSV.

A partir de l'espace RVB , on peut définir l'espace HSV (hue, saturation, value) de la manière suivante [122] :

$$C = \begin{pmatrix} H \\ S \\ V \end{pmatrix} \quad (\text{III.1})$$

Avec :

$$V(C) = \max(R, V, B)$$

$$S(C) = \frac{\max(R, V, B) - \min(R, V, B)}{\max(R, V, B)} \quad S = 0 \text{ pour } C = 0$$

$$H'(C) = \begin{cases} \text{non défini} & \text{si } S = 0 \\ \frac{V - B}{\max(R, V, B) - \min(R, V, B)} & \text{si } R = \max(R, V, B) \\ \frac{B - R}{\max(R, V, B) - \min(R, V, B)} + 2 & \text{si } V = \max(R, V, B) \\ \frac{R - V}{\max(R, V, B) - \min(R, V, B)} + 4 & \text{si } B = \max(R, V, B) \end{cases} \quad (\text{III.2})$$

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 que des couleurs achromatique, i.e. des teins 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(III.2), les plans d'isoclarité sont les trois plans d'un subcube du cube RVB , qui ne touchent pas le point $\mathbf{0}$. 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 II.1).

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 (III.2) est une approximation)²: la teinte, la saturation et la luminance constituent un système de coordonnées cylindriques.

IV. L'espace HLS.

L'espace HLS est défini à partir de l'espace RVB de la manière suivante :

$$L(C) = \frac{\max(R, V, B) + \min(R, V, B)}{2}$$

$$S(C) = \begin{cases} 0 & \text{si } \max(R, V, B) = \min(R, V, B) \\ \frac{\max(R, V, B) - \min(R, V, B)}{\max(R, V, B) + \min(R, V, B)} & \text{si } \max(R, V, B) \neq \min(R, V, B) \\ \frac{\max(R, V, B) - \min(R, V, B)}{2 - \max(R, V, B) - \min(R, V, B)} & \text{si } \max(R, V, B) \neq \min(R, V, B) \end{cases}$$

$$H'(C) = \begin{cases} \frac{V - B}{\max(R, V, B) - \min(R, V, B)} & \text{si } R = \max(R, V, B) \\ \frac{B - R}{\max(R, V, B) - \min(R, V, B)} + 2 & \text{si } V = \max(R, V, B) \\ \frac{R - V}{\max(R, V, B) - \min(R, V, B)} + 4 & \text{si } B = \max(R, V, B) \end{cases}$$

$$H = H' \times 60^\circ \quad (IV.1)$$

Le solide de cet espace qui découle de l'équation (IV.1) est montré dans la Figure V.1.

En travaillant sur les trois canaux teinte, luminance et saturation on rencontre deux problèmes majeurs :

¹ Il ne s'agit pas de l'intersection du plan perpendiculaire avec le cube RVB , qui, elle, ne serait pas un hexagonale ; 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 (III.2) 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 (voir paragraphe II.V), comme il a été proposé dans [123]

- La teinte est une mesure angulaire donc le traitement de ce canal doit prendre en compte le caractère angulaire. Le travail d'ALLAN HANBURY montre des possibilités de traitement morphologique de données angulaires, notamment de la teinte [125], [123], [124].
- 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 (voir [125])

V. TYS – Un espace amélioré.

Ici, on présente un espace amélioré par rapport aux espaces *HLS* et *HSV*. Il a été introduit par ALLAN HANBURY dans [123], et on se limite dans ce paragraphe à donner les définitions, sans approfondir le sujet.

a. 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**.

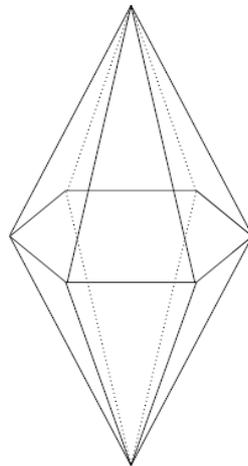


Figure V.1 La double pyramide de couleur dans l'espace *HLS*.

On obtient :

$$T' = \arccos \left(\frac{R - \frac{1}{2}V - \frac{1}{2}B}{\sqrt{R^2 + V^2 + B^2 - RV - RB - VB}} \right)$$

$$T = \begin{cases} 360^\circ - T' & \text{si } B > V \\ T' & \text{si } B \leq V \end{cases} \quad (\text{V.1})$$

Pour la luminance, on choisit la moyenne des trois canaux R, V, B :

$$Y = \frac{1}{3}R + \frac{1}{3}V + \frac{1}{3}B \quad (\text{V.2})$$

Les plans d'iso-clarté sont alors des plans perpendiculaires à l'axe achromatique.

Pour la saturation, on choisit la définition également proposée dans [123] 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 :

$$S = 2 \sin(120^\circ - T^*) \sqrt{\frac{1}{3}(R^2 + V^2 + B^2 - RV - RB - VB)}$$

$$T^* = T - \mathcal{K}(C) \cdot 60^\circ \quad (\text{V.3})$$

avec

$$\mathcal{K}(C) = \begin{cases} 0 & \text{si } R > V \geq B \\ 1 & \text{si } V \geq R > B \\ 2 & \text{si } V > B \geq R \\ 3 & \text{si } B \geq V > R \\ 4 & \text{si } B > R \geq V \\ 5 & \text{si } R \geq B > V \end{cases} \quad (\text{V.4})$$

b. 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° . Dans [36t], l'auteur 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 :

$$\Delta(\alpha_1, \alpha_2) = \begin{cases} |\alpha_1 - \alpha_2| & \text{si } |\alpha_1 - \alpha_2| \leq \pi \\ 2\pi - |\alpha_1 - \alpha_2| & \text{si } |\alpha_1 - \alpha_2| > \pi \end{cases} \quad (\text{V.5})$$

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 dans [126]. 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 :

$$A = \sum_{i=0}^n \cos \alpha_i \quad B = \sum_{i=0}^n \sin \alpha_i \quad (\text{V.6})$$

L'angle moyen μ_α peut s'écrire de la manière suivante :

$$\mu_\alpha = \begin{cases} \arctan \frac{B}{A} & \text{si } B > 0, \quad A > 0 \\ \arctan \frac{B}{A} & \text{si } A < 0 \\ \arctan \frac{B}{A} & \text{si } B < 0, \quad A > 0 \\ \frac{\pi}{2} & \text{si } A = 0, \quad B > 0 \\ \frac{3\pi}{2} & \text{si } A = 0, \quad B < 0 \end{cases} \quad (\text{V.7})$$

On utilisera cette définition de la moyenne dans cette thèse.

VI. 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 :

$$d(c_1, c_2) = \sqrt{(L_1 - L_2)^2 + (a_1 - a_2)^2 + (b_1 - b_2)^2} \quad (\text{VI.1})$$