

# Identification Biométrique Multimodale

Fatima MESSAOUDI

Département d'Informatique, Faculté des Sciences,  
Université des Sciences et de la Technologie d'Oran  
(USTO), Algérie  
fat\_messaoudi@yahoo.fr

Mohamed BENYETTOU

Département d'Informatique, Faculté des Sciences,  
Université des Sciences et de la Technologie d'Oran  
(USTO), Algérie  
med\_benyettou@yahoo.fr

**Résumé** — L'identification par la biométrie multimodale consiste à combiner plusieurs systèmes biométriques, elle permet de réduire certaines limitations des systèmes basés sur une seule modalité tout en améliorant de manière significative leurs performances. Dans cet article, des systèmes d'identification multimodaux sont implémentés en combinant les informations issues de deux sources biométriques à savoir le visage et la démarche aux niveaux des caractéristiques et des scores. Une étape de modélisation (défini les modèles constitutifs de la base de données) basée sur un algorithme hybride qui englobe les règles sociales dérivées de l'intelligence en essaim (Optimisation à Essaim de Particules) et les concepts de la sélection et l'évolution naturelle (Algorithme Génétique) est testée, de bonnes performances ont été obtenues.

*Mots clés-identification; biométrie multimodale ; algorithme génétique (AG) ; optimisation à essaim de particules (OEP).*

## I. INTRODUCTION

La capacité remarquable de notre système visuel humain nous permet de se reconnaître en utilisant les caractéristiques du corps visuellement perçues comme le visage et la démarche. Construire un système automatisé pour reconnaître des individus à partir d'images faciales et de démarches capturées revient à construire un système biométrique multimodal. Un tel système combine plusieurs systèmes biométriques monomodaux en fusionnant les informations fournies par ces derniers. Cette fusion se fait par diverses méthodes, à plusieurs niveaux du système [1]. La fusion avant la correspondance, correspond à la fusion des informations issues de plusieurs données biométriques au niveau du capteur (données brutes) ou au niveau des caractéristiques extraites, ce genre de fusion nécessite une homogénéité entre les données. La fusion après la correspondance comprend la fusion au niveau des scores fournis par chaque système et la fusion au niveau des décisions qui consiste en une confrontation des résultats de classification qui aboutit à une décision finale.

Dans cet article, nous étudions la fusion des informations issues des deux modalités visage et démarche au niveau des caractéristiques et au niveau des scores de correspondance. La reconnaissance du visage et la reconnaissance de la démarche consistent à faire une photographie pour en extraire un ensemble de facteurs qui se veulent propres à chaque individu en mouvement à une certaine distance. Les méthodes

de reconnaissance du visage peuvent être regroupées en deux familles principales : la première se compose des méthodes locales. Dans le cadre de ces méthodes, des caractéristiques locales tels que le nez, la bouche, les yeux, et de leurs coordonnées sont utilisées comme entrées du système de reconnaissance [2]. La seconde famille traite les visages de façon globale. Au lieu de comparer un nombre limité de points, c'est la totalité du visage qui cette fois est exploitée. De telles méthodes se basent principalement sur l'information pixel [3]. La reconnaissance par la démarche est un processus d'identification des individus par leur manière de marcher. Les approches de reconnaissance par la démarche sont classées en deux grandes familles: l'approche Model-based [4], consiste en une technique d'analyse de la démarche qui décrit la démarche du sujet en tant que modèle, dans la plupart des cas les paramètres du modèle sont des quantités significatives comme la longueur des parties du corps, la longueur du pas, ou les propriétés dynamiques comme les jointures d'angles. La seconde technique l'approche appearance-based [5], analyse directement l'image et extrait les caractéristiques.

Le processus des systèmes d'identification biométrique comporte deux phases : l'enrôlement au cours duquel l'information biométrique d'une personne est ajoutée au système et l'identification au cours de laquelle une nouvelle information biométrique est comparée à celles déjà enregistrées. La phase de l'enrôlement nécessite plusieurs échantillons de la biométrie afin de définir les modèles constitutifs de la base de données. Ces modèles doivent être un ensemble d'informations utiles, discriminantes et non redondantes. Dans ce travail, nous testons l'efficacité d'un algorithme hybride OEP-AG qui englobe les règles sociales dérivées de l'intelligence en essaim (Optimisation à Essaim de Particules) et les concepts de la sélection et l'évolution naturelle (Algorithme Génétique) pour retenir un modèle cohérent de l'ensemble des individus constituant la base de données.

## II. ALGORITHME GENETIQUE

Introduit en 1975 [6] par John Holland, les algorithmes génétiques sont des algorithmes d'optimisation s'appuyant sur des techniques dérivées de la génétique et des mécanismes d'évolution de la nature : croisement, mutation, sélection en se basant sur l'idée que seuls les plus forts subsistent dans une population.

Les algorithmes génétiques travaillent sur une population composée d'individus, tous différents, qui sont des solutions potentielles du problème à résoudre. Chaque individu (solution) est évalué. Cette évaluation permet de juger de la pertinence des solutions par rapport au problème considéré. Ceci conduit à éliminer les solutions jugées inutiles ou très mauvaises (mettre à l'écart les individus les plus faibles pour favoriser les plus performants). Une fois cette élimination effectuée, les gènes des solutions sélectionnées sont combinés pour obtenir une nouvelle population qui doit être, mieux adaptée à la résolution du problème que la population précédente. La population initiale donne ainsi naissance à des générations successives, mutés et hybridés à partir de leurs « parents ». Ce processus est réitéré jusqu'à ce que l'on obtienne une solution que l'on juge satisfaisante [7].

### III. OPTIMISATION A ESSAIM DE PARTICULE

L'optimisation à essaim de particules (PSO pour Particle Swarm Optimisation) est développée par Eberhart et Kennedy en 1995 [8]. Dans l'algorithme OEP, chaque particule dans l'essaim représente une solution candidate au problème d'optimisation. Cette particule se déplace dans l'hyperespace de recherche, ajustant sa position selon sa propre expérience et celle des particules voisines. Le déplacement s'effectue selon un trajet défini par une fonction de fitness qui encapsule les caractéristiques du problème d'optimisation.

La formule originale OEP définit chaque particule comme solution potentielle à un problème dans l'espace D-dimensionnel. La position de la particule  $i$  est représentée comme suit

$$X_i = (x_{i1}, x_{i2}, \dots, x_{iD}) \quad (1)$$

Chaque particule retient tout au long de son déplacement la position de la meilleure solution  $lbest$ , représentée comme suit :

$$P_i = (p_{i1}, p_{i2}, \dots, p_{iD}) \quad (2)$$

La meilleure position est mise à jour à chaque itération selon l'équation suivante :

$$P_i(t+1) = \begin{cases} P_i(t) & \text{si } f(X_i(t+1)) \geq f(P_i(t)) \\ X_i(t+1) & \text{si } f(X_i(t+1)) < f(P_i(t)) \end{cases} \quad (3)$$

Où le symbole  $f$  désigne la fonction de fitness;  $P_i(t)$  représente la meilleure valeur de fitness et la coordonnée où la valeur a été calculée,  $t$  désigne l'étape de génération.

Une particule dans un essaim est en mouvement; par conséquent, il y a une vitesse, qui peut être représentée comme suit :

$$V_i = (v_{i1}, v_{i2}, \dots, v_{iD}) \quad (4)$$

Pour le modèle  $gbest$ , la meilleure particule est déterminée à partir de l'essaim entier. Si la position de la meilleure particule est dénotée par le vecteur  $P_g$  alors:

$$P_g \in \{P_1, P_2, \dots, P_N\}$$

$$f(P_g(t)) = \min \{f(P_1(t)), f(P_2(t)), \dots, f(P_N(t))\} \quad (5)$$

Où  $N$  est le nombre total de particules dans l'essaim.

A chaque itération, les particules modifient leur vecteur de déplacement en direction de la position de  $lbest$  ( $P_i$ ) et de la position de  $gbest$  ( $P_g$ ) selon les équations suivantes:

$$V_i(t+1) = w * V_i(t) + c_1 * rand_1 * (P_i - X_i(t)) + c_2 * rand_2 * (P_g - X_i(t)) \quad (6)$$

$$X_i(t+1) = X_i(t) + V_i(t+1) \quad (7)$$

Où  $w$  est le facteur d'inertie,  $c_1$  et  $c_2$  sont les constantes d'accélération positive, avec  $c_1 + c_2 \leq 4$ ,  $rand_1$  et  $rand_2$  sont deux variables aléatoires uniformément distribuées dans l'intervalle  $[0,1]$ . L'algorithme OEP s'exécute jusqu'à un nombre d'itérations fixe ou une variation de vitesse proche de zéro [9].

## IV. SYSTÈME BIOMÉTRIQUE COMPLET

### A. Identification du visage

Nous proposons de concevoir deux systèmes d'identification de visage (vu de face). Le premier système repose sur une approche locale où nous développons un modèle géométrique basé sur un ensemble de points caractéristiques extraits à partir de l'image du visage. L'extraction de ces points a été faite manuellement par FGNET<sup>1</sup> (Face and Gesture Recognition Working group) sur la base de données BioID<sup>2</sup>, une vingtaine de points caractéristiques ont été définis sur un visage humain. Nous construisons un vecteur de caractéristiques faciales de 14 composants qui peuvent caractériser chaque image de visage par des distances géométriques Fig.1(a) en se basant sur le modèle proposé par [2]. Ces distances sont calculées entre les 20 points caractéristiques du visage et 2 autres points déduits à partir de ces derniers. Les points choisis sont liés à la structure osseuse sous-jacente (le crâne), nous avons ignoré les caractéristiques qui varient trop selon l'expression du visage comme la largeur de la bouche.

Notre deuxième système d'identification de visage repose sur une approche globale qui se base sur l'information pixel. Nous optons pour l'utilisation de la Transformée en Cosinus Discrète (DCT) afin d'extraire les paramètres nécessaires à la modélisation. Les images utilisées dans nos expérimentations sont issues de la base de données ORL (Olivetti Research Laboratory), conçue par AT&T laboratoires de l'université de Cambridge en Angleterre. Le principe de la DCT est de transformer l'image d'origine en une décomposition fréquentielle. La transformation DCT est réalisée sur des blocs de  $8 \times 8$  pixels de l'image Fig.1(b). Si  $x$  et  $y$  désignent les dimensions spatiales de l'image,  $u$  et  $v$  les dimensions dans le domaine des fréquences de l'image,  $N$  le nombre d'échantillons en  $x$  et  $y$  ( $N=8$ ),  $I$  l'image (ou matrice) originale et  $J$  l'image transformée, la DCT fait correspondre à chaque valeur de  $I(x,y)$  une valeur de  $J(u,v)$  donnée par la formule :

<sup>1</sup> Groupe européen qui travaille sur la reconnaissance faciale et la reconnaissance du geste. <http://www.prima.inrialpes.fr/FGnet/html/>

<sup>2</sup> <http://www.bioid.com/support/downloads/software/bioid-face-database.html>

$$J(u, v) = \frac{2}{N} c(u)c(v) \sum_{x=0}^{N-1} \sum_{y=0}^{N-1} I(x, y) \cos\left(\frac{\pi}{n} u \left(x + \frac{1}{2}\right)\right) \cos\left(\frac{\pi}{n} v \left(y + \frac{1}{2}\right)\right) \quad (8)$$

Pour  $u, v = 0, 1, 2, \dots, N-1$

$$\text{Avec } c(w) = \begin{cases} \frac{1}{\sqrt{2}} & \text{si } w = 0 \\ 1 & \text{sinon} \end{cases}$$

La matrice J transformée par DCT regroupe les valeurs les plus élevées dans le coin supérieur gauche de la matrice et les valeurs les plus faibles dans le coin inférieur droit (hautes fréquences). Ainsi le maximum d'informations sur l'image se trouve concentré sur la partie supérieure gauche de la matrice [10]. Nous récupérons pour chaque bloc un vecteur de coefficients DCT selon un ordre décroissant en appliquant un parcours zigzag puis nous insérons le nouveau vecteur des coefficients DCT triés dans la matrice des coefficients DCT globale qui représente le modèle d'un individu.

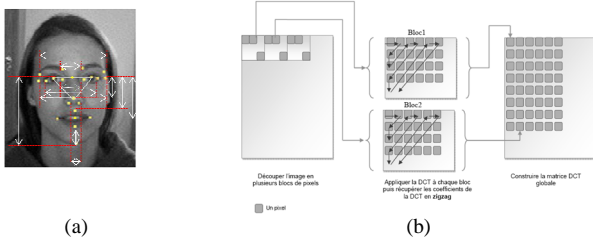


Figure1. (a) Distances géométriques. (b) Extraction de paramètres DCT

### B. Identification de la démarche

Nous proposons de concevoir un système d'identification biométrique de la démarche en se basant sur l'approche Model-based. Les images utilisées dans nos expérimentations sont issues de la base de données CASIA, créée par Chinese Academy of Sciences, Institute of Automation ou l'extraction de l'arrière plan est déjà faite. En se basant sur les propriétés anatomiques du corps [11], la hauteur (H) du corps humain est divisée selon la position verticale du cou (0.87H), l'épaule (0.818H), la poitrine (0.72H), la taille (0.535H), le bassin (0.48H), et genou (0.285H).

Dans la région supérieure du corps incluant la tête, le cou, l'épaule et la poitrine, la coordonnée horizontale est calculée à partir de deux points de bordure comme suit [4]:

$$x_{centre} = x_s + (x_l - x_s)/2 \quad (9)$$

Où  $x_s$  et  $x_l$  représentent respectivement la position horizontale du premier et dernier pixel de la ligne balayée. Les coordonnées de la taille et du bassin sont calculées en fonction des coordonnées de l'épaule et de la poitrine comme suit [4]:

$$x_{taille} = x_{poitrine} + \frac{(x_{poitrine} - x_{épaule})}{y_{poitrine} - y_{épaule}} * (y_{taille} - y_{poitrine}) = x_{bassin} \quad (10)$$

Les coordonnées horizontales des genoux sont définies comme suit :

$$x_{centre1} = x_{s1} + (x_{l1} - x_{s1})/2 \quad (11)$$

$$x_{centre2} = x_{s2} + (x_{l2} - x_{s2})/2 \quad (12)$$

Où  $x_{s1}$  et  $x_{l2}$  représentent respectivement la position horizontale du premier et dernier pixel la ligne balayée.  $x_{l1}$  représente le dernier pixel avant  $(x_{s1} + x_{l2})/2$  et  $x_{l2}$  représente le premier pixel après  $(x_{s1} + x_{l2})/2$ .

Comme résultats, nous déterminons huit coordonnées dans le corps humain :  $(x_{tete}, y_{tete}), (x_{cou}, y_{cou}), (x_{épaule}, y_{épaule}), (x_{poitrine}, y_{poitrine}), (x_{taille}, y_{taille}), (x_{bassin}, y_{bassin}), (x_{genou1}, y_{genou1}), (x_{genou2}, y_{genou2})$ . Nous pouvons calculer quatre angles associés à ces jointures :  $\theta_{neck}, \theta_{back}, \theta_{high1}, \theta_{high2}$ . En général,  $\theta_l$  de la location  $(lx, ly)$  est calculée par

$$\theta_l = \tan^{-1}((l_x - x_c)/(l_y - y_c)) \quad (13)$$

Nous proposons de construire un vecteur de 8 composants qui peuvent caractériser chaque image par les jointures d'angles et les distances géométriques suivantes :

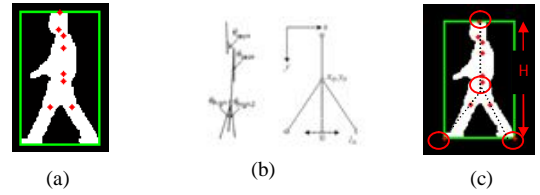


Figure2. (a) Signatures. (b) Jointures d'angles. (c) Distances géométriques

### B. Modélisation

Afin de construire un modèle représentant mieux un individu pour la phase d'identification, nous proposons l'évaluation de l'algorithme hybride OEP-AG. Notre algorithme est basé sur le mouvement des centres des classes dans un espace multidimensionnel et l'affectation des individus au plus proche centre. Chaque chromosome (ou particule de l'essaim) représente une solution potentielle pour la classification des individus, cependant la population initiale représente un nombre de candidats d'individus classifiés.

Une matrice  $X_i = (C_1, C_2, \dots, C_j, \dots, C_K)$  est associée à chaque solution, où  $C_j$  représente le vecteur de centroïde de la classe  $j$  et  $k$  est le nombre de classes. A chaque itération une solution ajuste ses vecteurs de centroïdes des classes dans l'espace de recherche. Sa qualité est mesurée par la fonction de fitness suivante :

$$f = \frac{\sum_{i=1}^{N_c} \left\{ \frac{\sum_{j=1}^{P_i} d(O_i, m_{ij})}{R_i} \right\}}{N_c} \quad (14)$$

Où  $m_{ij}$  est le  $j^{ème}$  vecteur individu appartenant à la classe  $i$ ;  $O_i$  se rapporte au vecteur des centroïdes de la  $i^{ème}$  classe;  $d(O_i, m_{ij})$  est la distance entre le vecteur individu  $m_{ij}$  et le centroïde de la classe  $O_i$ .  $R_i$  nombre d'individus appartenant à la classe  $C_i$ ;  $N_c$  nombre de classes.

L'Algorithme génétique appliqué à la classification est résumé comme suit :

- (1) Générer une population d'individus (solutions potentielles) de façon aléatoire

- (2) Evaluer l'adaptabilité  $f(x)$  de chaque solution selon l'équation (14).
- (3) Sélectionner  $n/2$  individus de la population selon la méthode "élitiste"
- (4) Croiser les parents pour obtenir des enfants selon la fonction  $c=F(a,b)=(\min\_fit(a,b)+(a+b)/2)/2$
- (5) Evaluer l'adaptabilité  $f(x)$  de chaque enfant selon l'équation (14).
- (6) Sélectionner  $n/2$  des enfants selon la méthode "élitiste" et les concaténés avec les parents sélectionnés précédemment
- (7) Muter la population obtenue par alternance (Muter, non, Muter)
- (8) On réitère les opérations précédentes (2--7) à partir de la nouvelle population jusqu'à ce qu'un critère d'arrêt soit satisfait.
- (9) On sélectionne l'individu le plus adapté.

L'algorithme OEP appliqué à la classification est résumé comme suit :

- (1) A l'étape initiale, chaque particule choisit aléatoirement  $k$  vecteur d'individu de la base de signature comme des vecteurs des centroïdes des classes.
- (2) Pour chaque particule :
  - a) Assigner chaque vecteur d'individu de la base des signatures au vecteur centroïdes le plus proche sur la base du minimum de distance.
  - b) Calculer la fitness de la particule selon l'équation (14).
  - c) Mettre à jour la meilleure position d'une particule selon l'équation (3).
  - d) Choisir la meilleure particule dans l'essaim.
  - e) Utiliser la vitesse et la position de la particule pour mettre à jour les équations (6) et (7) pour générer les solutions suivantes.
- (3) Répéter l'étape (2) jusqu'à un nombre d'itérations fixe.

La figure suivante illustre le fonctionnement de notre algorithme hybride OEP-AG.

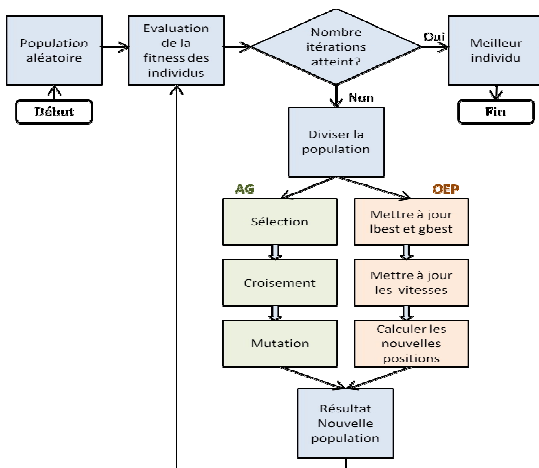


Figure3. L'Algorithme hybride OEP-AG

### C. Fusion multimodale

Nous avons implémenté deux systèmes biométriques multimodaux avec une fusion au niveau des caractéristiques et une fusion au niveau des scores. La fusion des caractéristiques consiste en une simple concaténation des deux vecteurs de caractéristiques normalisés (visage et de la démarche). Dans la fusion au niveau des scores, les résultats obtenus des  $M$  modules de comparaison sont  $M$  ensembles de  $N$  scores, où  $N$  représente le nombre de clients enregistrés dans la base de données des modèles. Ces scores de correspondance individuels sont combinés ensuite utilisés pour prendre la décision finale. La chaîne de traitement présentée dans figure suivante illustre notre choix de fusion.

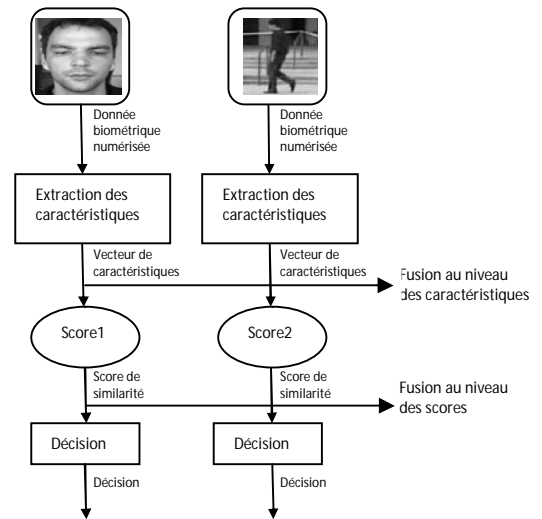


Figure4. Niveaux de fusion

## V. RÉSULTATS EXPÉRIMENTAUX

Nous disposons des bases de données suivantes : la base BIOID qui contient des images de visage de 20 personnes, avec 20 images (vue de face) pour chacune. La base ORL contenant des images de visage de 40 personnes, avec 10 images (vue de face) pour chacune. Nous proposons de diviser cette base en deux sous bases de 20 personnes: ORL\_A, ORL\_B. La base de la démarche CASIA, elle contient des images de silhouette de 20 personnes, avec 20 séquences pour la personne. Une séquence contient 10 images de silhouettes (direction parallèle). Le tableau suivant montre la répartition des images entre la phase d'enrôlement et de test :

TABLE I. REPARTITION DES IMAGES ENTRE LA PHASE D'ENROLEMENT ET DE TEST

Base	Phase	
	Enrôlement	Test
BIOID	10 images/personnes	10 images/personnes
ORL_A	5 images/personnes	5 images/personnes
ORL_B	5 images/personnes	5 images/personnes
CASIA	10 séquences/personnes	10 séquences/personnes

Un modèle visage BIOID permet de représenter chaque personne par un vecteur caractéristique de 14 composants, le modèle visage ORL permet de représenter chaque personne

par sa matrice des coefficients DCT globale. Tandis qu'un modèle démarche représente chaque personne par un vecteur caractéristique de 8 composants qui désigne la moyenne d'une séquence. Pour appliquer notre algorithme un certain nombre de paramètres doit être initialisé, ces paramètres affectent directement la qualité du résultat de la classification :

TABLE II. PARAMÈTRES OEP-AG

Taille de l'essaim	20
Coefficients d'accélération $c_1$	1.5
Coefficients d'accélération $c_2$	1.5
Facteur d'inertie $w$	0.75
Nombre d'itérations	100
Nombre de classes	20
Pas de mutation	0.025

Nous avons testé plusieurs distances, nous choisissons d'utiliser la distance cosinus pour l'identification faciale et la distance chebychev pour l'identification par la démarche.

Durant les différents tests que nous avons menés, la meilleure classification que nous avons pu avoir a été obtenue en sélectionnant  $n/2$  individus de la population selon la méthode "élitiste" qui représente l'essaim initial de l'algorithme OEP le reste sert de population initiale pour l'algorithme génétique. Comme résultat nous obtenons la meilleure solution (l'individu le plus adapté). Chaque vecteur de la meilleure solution est considéré comme le prototype de sa classe (modèle d'un individu). Le taux de classification obtenu pour les bases de visage et de démarche est donné par le tableau suivant :

TABLE III. RESULTATS DE LA CLASSIFICATION OEP-AG

	Base			
	BIOD	ORL_A	ORL_B	CASIA
AG	85%	87%	69%	53%
OEP	93%	92%	75%	59.5%
OEP-AG	94.5%	95%	80%	62.5%

Les résultats montrent que l'algorithme OEP-AG permet d'améliorer le taux de classification pour les différents systèmes. La solution donnée par cet algorithme est meilleure que les solutions données par l'algorithme génétique et l'algorithme OEP.

Dans la phase de test, nous avons calculé le taux de bonne identification des personnes pour nos différents systèmes unimodaux et multimodaux. Nous avons utilisé des bases virtuelles pour des raisons de non disponibilité de base réelle adaptée à nos besoins. Les différentes bases multimodales sont illustrées dans le tableau ci-dessous :

TABLE IV. BASES DE DONNÉES VIRTUELLES

Etiquette BD	Modalité visage	Modalité démarche
BC	BIOD	CASIA
OAC	ORL_A	CASIA
OBC	ORL_B	CASIA

Nous avons fusionné les caractéristiques extraites des deux vecteurs de caractéristiques normalisées du visage BIOD et de la démarche. La normalisation est donnée par:

$$S'_{ik} = \frac{1}{2} \left[ \tanh \left( 0.01 \frac{(S_{ik} - \mu)}{\sigma} \right) + 1 \right] \quad (15)$$

Où  $\mu$  est la moyenne arithmétique,  $\sigma$  l'écart-type des données et  $\tanh$  est le tangent hyperbolique.

Le tableau suivant illustre le taux de classification après la fusion des caractéristiques :

TABLE V. TAUX DE CLASSIFICATION

Etiquette BD	AG	PSO	OEP-AG
BC	92.5%	95%	96.5%

D'après les résultats, nous constatons que la fusion au niveau des caractéristiques améliore le taux de classification des différents algorithmes. La courbe CMS (Cumulative Match Score) suivante permet de visualiser les performances des différents systèmes d'identification :

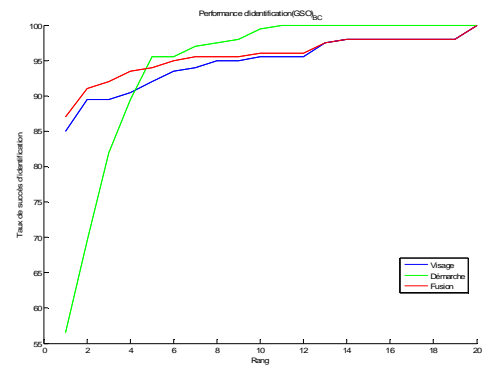


Figure5. Courbe CMS pour les différents systèmes d'identification

Le graphe montre bien que la modalité visage est plus performante que la démarche. Quant à la fusion au niveau des caractéristiques, elle permet toujours de surpasser les performances du visage et de la démarche pour les rangs valables 1 et 2, même si elle est légèrement supérieure à la modalité visage pour la valeur rang=1.

Nous avons appliqué aussi une fusion au niveau des scores. Les résultats obtenus des deux modules de comparaison sont deux ensembles de 20 scores normalisés (15) et combinés de manière à former un seul ensemble qui est ensuite utilisé pour prendre la décision finale. Nous avons testé les techniques de combinaisons de scores : maximum, minimum, somme, moyenne et la somme pondérée, pour cette dernière nous affectons au module de comparaison 1 celui du visage un poids optimal  $w_1^*$  et au module de comparaison de la démarche un poids  $w_2^* = 1 - w_1^*$ . Les poids optimaux  $w_1^*$  et  $w_2^*$  sont déterminés empiriquement.

Les performances de l'identification des différentes méthodes de fusion des scores sont visualisées par les courbes CMS suivantes :



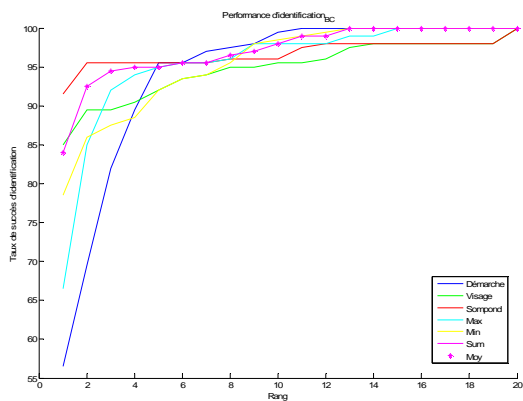


Figure6. Courbe CMS pour les différentes méthodes de fusion des scores (BC)

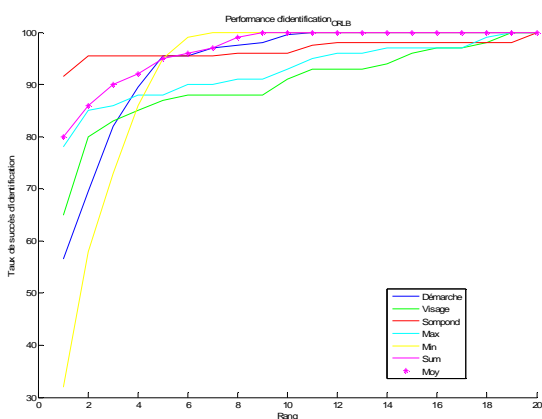


Figure7. Courbe CMS pour les différentes méthodes de fusion des scores (OBC)

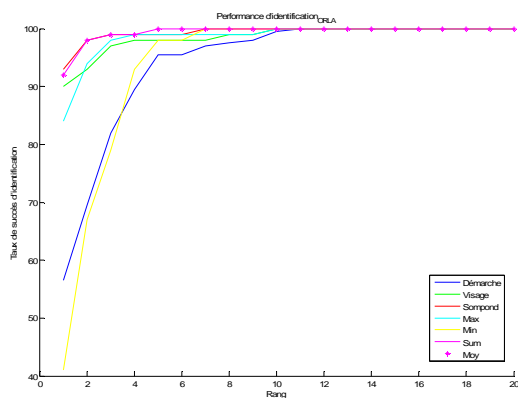


Figure8. Courbe CMS pour les différentes méthodes de fusion des scores (OAC)

Les différentes courbes montrent que l'attribution des poids proportionnels entraîne toujours une amélioration des performances des systèmes multimodaux.

Les performances de l'identification des systèmes monomodaux (visage et démarche) et les systèmes multimodaux (fusion des caractéristiques et fusion des scores) appliquée sur le corpus BC sont visualisées par la courbe CMS suivante :

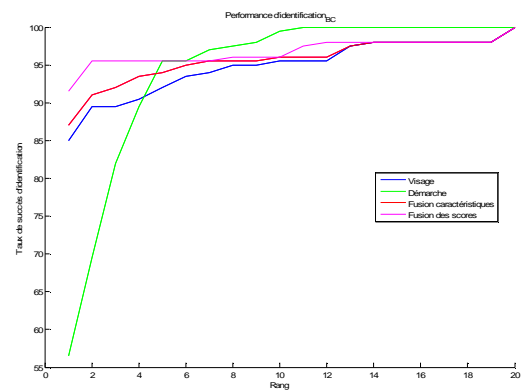


Figure9. Courbe CMS pour les différents systèmes d'identification (BC)

D'après le résultat, nous remarquons que l'intégration des données au niveau des scores de correspondances par la méthode somme pondérée surpasse les performances du système qui intègre les données au niveau des caractéristiques.

## VI. CONCLUSION

Nous avons présenté des systèmes d'identification multimodaux qui combinent les informations issues de deux sources biométriques : le visage et la démarche au niveau des caractéristiques et des scores. En termes de taux de succès de l'identification, les performances sont améliorées pour les deux niveaux de fusion. Nous avons testé un algorithme hybride OEP-AG, les résultats obtenus sont satisfaisants.

L'ensemble des tests effectués nous permet de conclure qu'on peut tirer partie de la fusion des deux modalités visage et démarche pour augmenter les performances du système d'identification à distance.

## RÉFÉRENCES

- [1] N. Morizet, "Reconnaissance biométrique par fusion multimodale du visage et de l'iris". Thèse de doctorat, l'Ecole Nationale Supérieure des Télécommunications de Paris. Mars 2009.
- [2] Kamel. M. S, Shen H. C, Wong A. K. C. and Campeanu R. I: "System for the recognition of human faces". IBM Systems Journal, Vol. 32, No 2, p. 307-320, 1993.
- [3] P. N. Belhumeur, J. P. Hespanha, and D. J. Kriegman, "EigenFaces vs FisherFaces: Recognition using class linear projection". IEEE Trans. Patt Anal. Mach. Intell. 19,696-710 – 1997.
- [4] J. Yoo, M.S. Nixon and C. J. Harris: "Extracting Gait Signatures based on Anatomical Knowledge". (2002) In: BMVA Symposium on Advancing Biometric Technologies.
- [5] L. Wang, T. Tan, H. Ning, and W. Hu. "Silhouette analysis based gait recognition for human identification". IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 25(12):1505–1518, 2003.
- [6] Hollande, J.H., "Adaptation in Natural and Artificial Systems". University of Michigan Press, Ann Arbor, Michigan, 1975.
- [7] G. Balmiss, "Les algorithmes génétiques". Septembre 2002.
- [8] J. Kennedy, R. Eberhart, "Particle Swarm Optimization", Proceedings of IEEE International Conference on Neural Networks, Perth, Australia, vol. 4, 1942-1948, 1995.
- [9] A. Sharma, and C.W. Omlin: "Determining Cluster Boundaries using Particle Swarm Optimization". International Journal of Applied Mathematics and Computer Sciences 1;2 Spring 2005.
- [10] B. Roue, P. Bas et N. Le Bihan, "Décomposition et codage hypercomplexes des images couleur". Stages\_dea\_theses. 2003.
- [11] W. Dempster and G. Gaughan. "Properties of body segments based on size and weight.". American Journal of Anatomy, 120(1):33–54, 1967.