Chapitre III

1. Introduction

Les systèmes de vérification de parenté sont considérés comme un système de reconnaissance de formes qui comprend plusieurs étapes à savoir le prétraitement des images, extraction de caractéristiques et la classification. L'un des problèmes les plus critiques de la reconnaissance de formes est la sélection de caractéristiques appropriées pour une représentation compacte et optimale de l'image. Pour cela, de nombreuses approches pour l'étape d'extraction de caractéristiques ont été proposées dans la littérature. En général, ces techniques peuvent être divisées en deux catégories différentes : techniques classiques (par exemple, **LBP**,**HOG**,**DCT**) et les techniques d'apprentissage en profondeur (par exemple, **CNN**, **PCANet** …).

Dans ce travail, nous avons proposé deux schémas de vérification de parenté. Le premier schéma comprend quatre méthodes de vérification de parenté basées sur les techniques classiques d'extraction de caractéristiques : **LBP**, **HOG** et deux variantes la technique **TPLBP** et **FPLBP**. Alors, le deuxième schéma de vérification de parenté est basé sur l'apprentissage profond (**CNN**) appliqué sur l'image globale et des régions locales.

L'objectif principal de cette étude est d'obtenir les vecteurs de caractéristiques qui peuvent représenter efficacement les caractéristiques discriminantes. Les deux bases de données KinFaceW-I et KinFaceW-II sont utilisées pour évaluer les performances des méthodes proposées. Enfin, nous avons analysé les résultats et les avons comparés à de multiples recherches de vérification de parenté.

2. Méthodologie et méthodes proposées

Dans cette section, nous présentons les différentes méthodes de vérification de parenté qui sont regroupées dans de deux classes de méthodes à savoir les méthodes basées sur les schémas classiques d'extraction de caractéristiques et les méthodes basées sur l'apprentissage en profondeur.

2.1. Vérification de parenté basée sur les schémas classiques d'extraction de caractéristiques

Le schéma général de système de vérification de parenté basé sur les schémas classiques d'extraction de caractéristiques est présenté dans la **figure 3.1**. La première étape est l'étape d'extraction de caractéristiques ou nous avons utilisé les techniques : **LBP**, **HOG**, **TPLBP** et **FPLBP**. La deuxième étape est l'application de l'Analyse des Composants Principales (**ACP**)

pour la sélection de caractéristiques. Enfin, une étape de classification, utilisant le classifieur KPPV basée sur la métrique de similarité ***Cosinus***, est utilisée pour tester les performances de différents schémas d'extraction de caractéristiques.

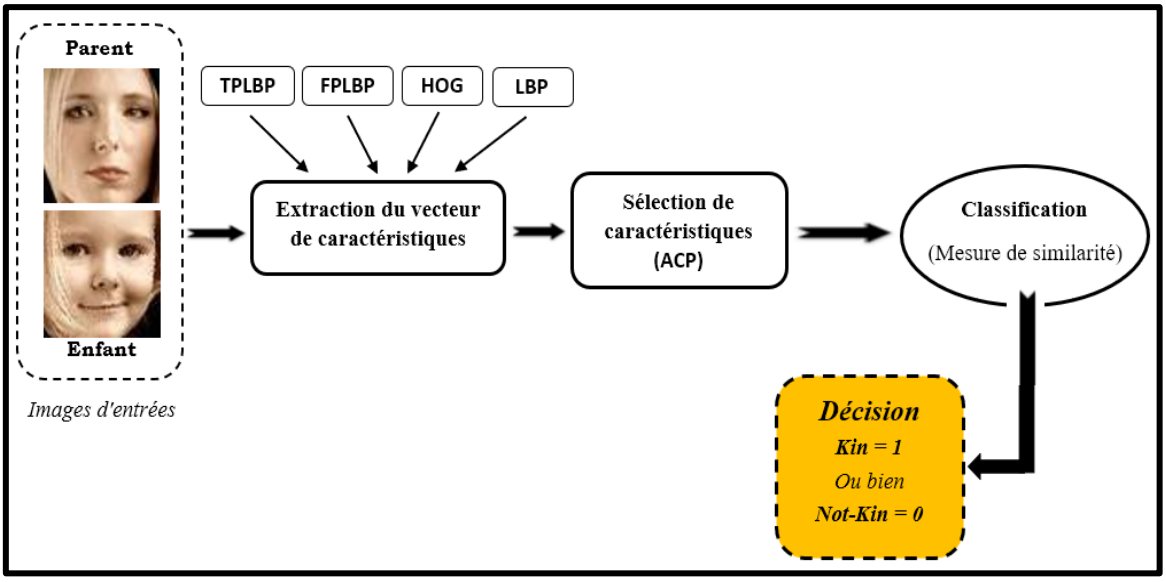


Figure 3.1 : Schéma général de vérification de parenté basé sur les méthodes classiques d'extraction de caractéristiques.

Dans ce qui suit, nous allons détailler chacune de ces étapes.

2.1.1. Extraction du vecteur de caractéristiques

L'extraction de caractéristiques est une étape cruciale dans toute application de reconnaissance de formes, car de bons résultats de classification sont directement liés à l'unicité et à la variabilité des caractéristiques extraites utilisées pour distinguer les différents modèles. Dans nos méthodes proposées, les techniques **LBP**, **HOG**, **TPLBP** et **FPLBP** sont utilisées. Notons que la description de ces méthodes est présentée dans le chapitre 2.

2.1.2. Sélection de caractéristiques

La représentation brute des informations de l'images de visage conduit à des vecteurs de caractéristiques de grandes dimensions, ce qui peut poser des problèmes de complexité de calcul et de capacité de stockage. Ainsi, il est parfois préférable de chercher à réduire la dimensionnalité et de sélectionner les caractéristiques discriminatoires et non redondantes d'un problème de classification pour améliorer ses performances. Plusieurs solutions sont préconisées dans la littérature pour sélectionner et réduire la taille de sa dimension [89]. Dans ce travail, nous avons utilisé l'analyse en composantes principales (**ACP**).

❖ *Analyse en Composantes Principales (ACP)*

L'Analyse en Composantes Principales (**ACP**) ou Principal Component Analysis (**PCA**) en anglais, est une méthode mathématique de réduction de dimensionnalité qui est souvent utilisée pour simplifier et réduire la dimensionnalité de grands ensembles de données et pour représenter efficacement les données (par exemple, images de visages).

L'idée principale de **PCA** consiste à mettre l'accent sur la variation et mettre en évidence les motifs forts dans le jeu de données, ceci en trouvant une nouvelle base de l'espace des données plus petit que l'ensemble original des données, qui néanmoins contient la plupart de l'information de l'échantillon sans perte, dans lequel tous les vecteurs sont indépendants les uns des autres (dites "non corrélées") et orthogonaux entre eux. Ces nouveaux vecteurs, appelés composantes principales ou axes, sont ordonnés dans le sens décroissant par fraction de l'information totale que chacun contient. Le premier de ces vecteurs correspond à la direction de variance maximale des données d'apprentissage. Les autres composantes sont déterminées par la contrainte d'orthogonalité entre les vecteurs tout en respectant une direction de variance maximum. Ainsi, au lieu de stocker une vectrice image de taille N, on stocke un vecteur de taille R ≤ nombre d'images d'apprentissage. Les étapes principales pour l'algorithme de **PCA** sont :

- Chaque image est représentée par un vecteur de taille N.

$$x^i = \left[x_1^i,\ x_2^i,\ x_3^i, \dots, x_N^i\right]^T \qquad (3.1)$$

- Toutes les images sont centrées en calculant la moyenne de toutes les images d'apprentissage et soustrayant l'image moyenne de chaque vecteur.

$$M = \frac{1}{p}\sum_{i=1}^{p} x^i \ \ , \bar{x}^i = x^i - M \qquad (3.2)$$

  Où M : moyenne de toutes les images d'apprentissage.

  Ces vecteurs sont combinés, côte-à-côte, pour créer une matrice $\boldsymbol{X}$ de données d'apprentissage de taille N × P (où P est le nombre d'images d'apprentissage, N la taille de la vectrice image).

- Le calcul de la matrice de covariance (C) qui est définie par la formule :

$$\boldsymbol{C} = \bar{X}\bar{X}^T \qquad (3.3)$$

- On calcule ensuite les vecteurs propres V_i $(i = 1 \dots N)$ etleurs valeurs propres λ_i de la matrice de covariance **C**, où ***i*** = *1…N.*

  Les valeurs propres de la matrice **C** représentent le taux de variation le long de l'axe du vecteur propre associé.

- Ne conservez que les premiers vecteurs propres ordonnés par ordre décroissant des valeurs propres correspondantes (les composants principaux), $k(k \ll N)X^k = V^k.X$

☞ Résoudre pour **PCA**

$$\lambda V_{X^T} = C_x V_{X^T} \quad (3.4)$$

La **PCA** est une technique rapide, simple et populaire dans l'identification de modèle, c'est l'une des meilleures techniques. Les projections de la **PCA** sont optimales pour la reconstruction d'une base de dimension réduite et son fonctionnement peut être considéré comme révélant la structure interne des données de manière à mieux expliquer la variance dans les données [90].

2.1.3. La classification

L'étape de classification est considérée comme on le sait, c'est la phase où la décision est prise, c'est ce qui la rend très importante dans les systèmes biométriques notamment en reconnaissance faciale. Lorsque notre objectif de classification est de comparer deux vecteurs de caractéristiques obtenus à partir du module d'extraction de caractéristiques d'une paire d'images de visage, nous pouvons effectuer deux mesures principales, soit la mesure de similarité (ressemblance), soit la distance (divergence), telle que Euclidienne, Hamming, Minkowski, Cosinus et autres. Dans nos tests, en raison de la spécificité des descripteurs de caractéristiques basés sur des histogrammes, nous sommes intéressés par une technique de mesure de similarité plus spécialisée. La mesure de similitude la plus fréquente pour l'appariement des histogrammes est la mesure du similarité cosinus [91]. Elle sert à mesurer la similarité entre deux vecteurs de N dimensions en trouvant l'angle entre eux.

La mesure de similarité cosinus entre deux vecteurs $\mathbf{V_1}$ et $\mathbf{V_2}$ est défini comme :

$$Cos_{sim}(V_1, V_2) = \frac{V_1 . V_2}{\|V_1\| . \|V_2\|} = \frac{\sum_{i=0}^{n} x_i \, y_i}{\sqrt{\sum_{i=0}^{n} (x_i)^2} . \sqrt{\sum_{i=0}^{n} (y_i)^2}} \quad (3.5)$$

Où ‖. ‖ est la norme euclidienne. Une valeur élevée du score produit entre les deux vecteurs signifie une forte probabilité que la paire de visages appartienne à la même famille, cela signifie l'existence d'une relation de parenté.

2.2. Vérification de parenté basée sur l'apprentissage en profondeur

Les algorithmes classiques sur le sujet de la vérification de la parenté plus précisément l'extraction des caractéristiques à partir d'images faciales représentent généralement des visages avec plusieurs caractéristiques de bas niveau, suivis d'un modèle d'apprentissage superficiel. Cependant, ces caractéristiques manuelles générales ne peuvent pas bien découvrir les informations impliquées dans les images faciales pour la vérification de la parenté, et donc même les meilleurs résultats de ces algorithmes ne sont pas satisfaisants.

Dans la deuxième partie de nos travaux, nous avons proposé deux variantes de méthodes d'extraction des caractéristiques de haut niveau pour la vérification de parenté basée sur les réseaux neuronaux convolutionnells profonds. La première variante est basée sur l'extraction de caractéristiques des images globales de visage. Tandis, dans le deuxième schéma proposé, compte tenu de l'importance de points-clés (land-marks) faciaux sur la vérification de parenté, nous avons modifié la structure de **CNN** basique en une nouvelle structure nommé **KP-CNN** (Key Points CNN) basé sur les points clés de différentes régions du visage.

2.2.1. Vérification de parenté basée sur le CNN basique

La structure de base de CNN (**CNN-Basic**) utilisée dans ce travail comprend deux couches convolutives, suivies d'une couche entièrement connectée et d'une couche **sigmoïde**. Comme le montre la **figure 3.2**, l'entrée est une paire d'images **64 x 64** avec trois canaux (RVB). Suite à l'entrée, la première couche convolutive est générée après convolution de l'entrée via $\mathbf{N_1}$ filtres (kernels) avec un pas de **1** (Stride =**1**). Chaque filtre est de taille $\mathbf{(k_1 \times k_1 \times 6)}$. La deuxième couche convolutive filtre l'entrée de la couche précédente avec $\mathbf{N_2}$ filtres de taille $\mathbf{(k_2 \times k_2 \times N_1)}$. Après les couches convolutionnelles, une couche entièrement connectée (fully-connected) projette les caractéristiques extraites dans un sous-espace avec **F** unités (neurones). Les couches de **Max-pooling** qui sont caractérisées par un pooling de taille (**2** × **2**) et un pas de **1**, suivent les première et deuxième couches convolutionnelles pour réduire la dimension des caractéristiques résultantes (Features Map) et éviter le overfitting. Nous adoptons la fonction **ReLU** comme fonction d'activation des couches de convolution. Enfin, ce réseau est formé via un classifieur **sigmoïde** bidirectionnel (**2 neurones**) à la dernière couche pour vérifier la parenté de deux personnes.

L'architecture du **CNN** que nous avons proposée dans notre travail est la même pour les différentes relations de parenté (**F-S**, **F-D**, **M-S**, et **M-D**). Afin de choisir les meilleurs paramètres du **CNN** (nombre de filtres, taille de filtre et nombre d'unités dans la couche entièrement connectée), nous avons réalisé plusieurs tests avec différentes taille et nombres des filtres et nombres unités ($\mathbf{k_1}$, $\mathbf{k_2}$, $\mathbf{N_1}$, $\mathbf{N_2}$ et **F**).

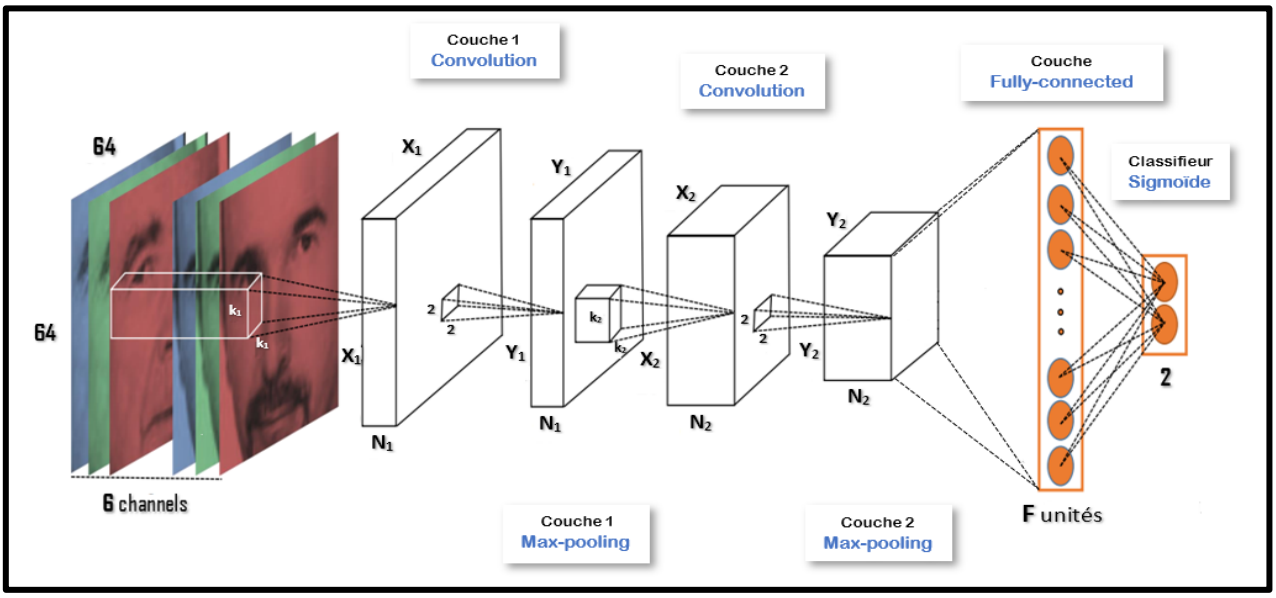


Figure 3.2 : Architecture proposée du **CNN** de base pour la vérification de parenté.

2.2.2. Vérification de parenté basée sur les points clés du visage (KP-CNN)

Dans la deuxième variante de vérification de parenté, nous basons sur des régions locales du visage tel que les yeux, le nez et la bouche. Nous avons considéré que des parties du visage ont un impact significatif sur l'analyse de parenté, et conçoivent ainsi une représentation des caractéristiques pour la vérification de la parenté.

Le principe de base de notre proposition est basé sur l'utilisation d'un algorithme de détection des points faciales nommé « **68 Landmarks predictor** » [92]. Cet algorithme est utilisé pour capturer les coordonnées de différentes régions comme les coins des yeux, bouche et nez, joues, menton, haut du nez et du front… (**Figure 3.3**).



Figure 3.3 : Les 68 points clés du visage.

Dans notre travail, nous avons utilisé uniquement les coordonnées correspondantes aux coins de chaque œil, les coins de la bouche et du nez afin de localiser ces trois régions dans le visage. Une fois ces régions sont définies, chaque région est rognée sur la zone couverte par les points

clés, la taille des images des trois régions a été redimensionnée pour avoir la même résolution comme suit : la région des yeux avec les dimensions (**60** × **25**), le nez avec (**25** × **35**) et la bouche avec (**40** × **30**), comme illustré à la **figure 3.4**.

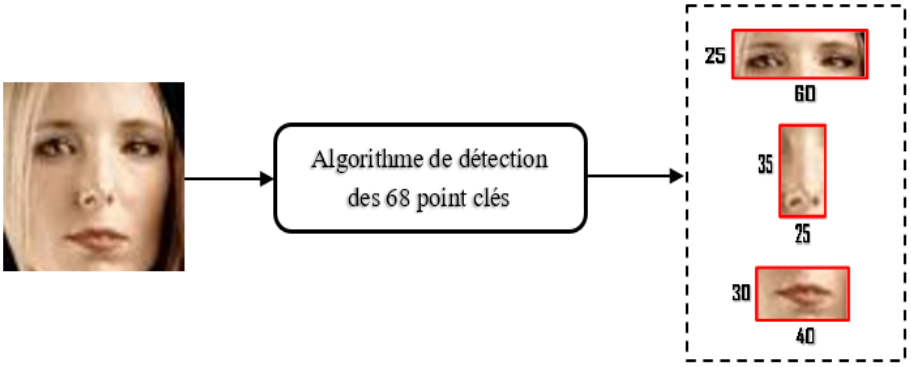


Figure 3.4 : Exemple des régions utilisées.

Afin d'améliorer la vérification de parenté avec ces régions du visage, nous proposons une nouvelle structure (**KP-CNN**) qui est illustré dans la **Figure 3.5**. La nouvelle structure contient 3 modèles **CNN** (**Eyes_CNN**, **Nose_CNN** et **Mouth_CNN**), dont chacun reçoit une paire de régions du visage, l'objectif de ces trois modelés est seulement d'extraire les caractéristiques de ces régions.

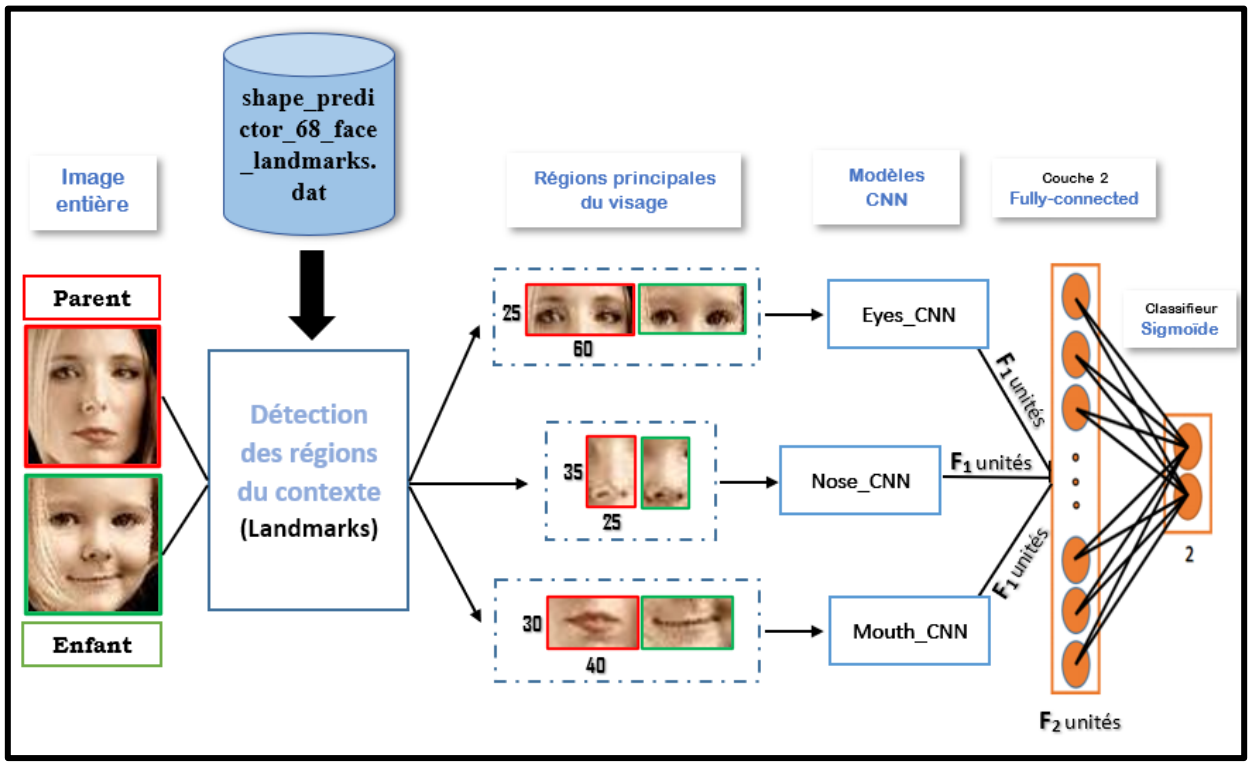


Figure 3.5 : Architecture proposée du **KP-CNN** pour la vérification de parenté.

A) Modèle proposé pour la région des yeux (Eyes_CNN)

L'architecture proposée dans ce modèle, illustrée dans la **figure 3.6**, l'entrée du modèle sera les deux régions des yeux du père et de l'enfant générés par l'algorithme de détection des points faciales (**landmarks**), ce modèle est composé de 6 couches réparties : 3 couches convolutions, 2 couches pooling et une couche entièrement connectée.

- La première couche convolutionnelle est destiné à l'extraction d'identité (feature extraction).il effectue une convolution avec $\mathbf{N_1}$ filtres de taille $\mathbf{k_1 \times k_1}$ pour filtrer les deux régions d'entrée de taille **60 × 25 × 6**. Cette couche est effectuée avec une stride de (**1,1**) avec un padding "same", la fonction d'activation utilisée est ReLU.
- La première couche de maxpooling occupe la deuxième position dans le modèle, elle se caractérise par un pooling de taille **2 × 2** et un stride (**1,1**).
- La deuxième couche convolutionnelle occupe la troisième position dans le modèle. Cette couche prend en entrée la sortie de la première couche convolutionnelle après une couche pooling avec $\mathbf{N_2}$ filtres de taille $\mathbf{k_2 \times k_2}$; et un pas (stride) de (**1,1**).
- La deuxième couche de pooling vient après la deuxième couche de convolution et elle dispose de mêmes paramètres que la couche de pooling précédente.
- La troisième couche occupe la cinquième position du modèle avec N_3 filtres de taille $\mathbf{k_3 \times k_3}$ avec un stride (**1,1**) en utilisant un padding avec l'application d'une fonction d'activation ReLU.
- Notre modèle se termine par une couche entièrement connectée (FC) avec F_1 unités, nous avons utilisé dans cette couche une fonction d'activation ReLU suivi par une couche dropout pour réduire le problème de overfitting.

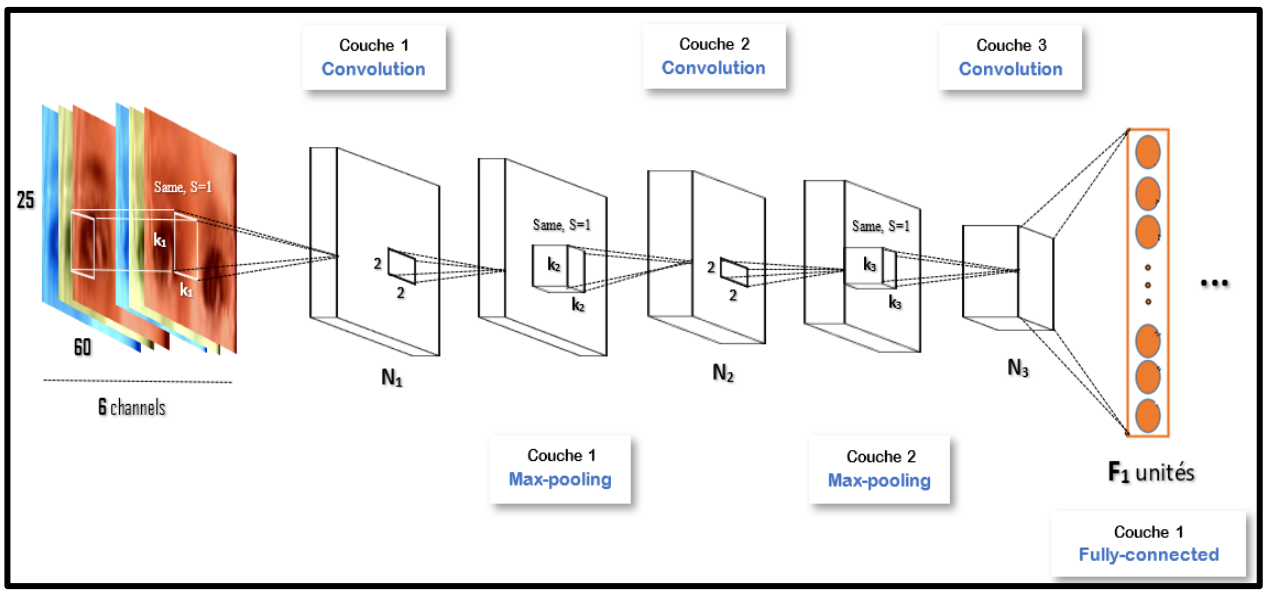


Figure 3.6 : Architecture proposée du modèle **Eyes_CNN**.

B) Modèle proposé pour la région de nez (Nose_CNN)

L'architecture proposée dans ce modèle, illustrée dans la **figure 3.7**, l'entrée du modèle sera les deux régions des nez du père et de l'enfant générés par l'algorithme de détection (**landmarks**), ce modèle est composé de 5 couches réparties : 2 couches convolutions, 2 couches pooling et une couche entièrement connectée. La seule différence entre cette architecture et la précédente est que dans ce modèle nous n'avons pas de troisième couche de convolution.

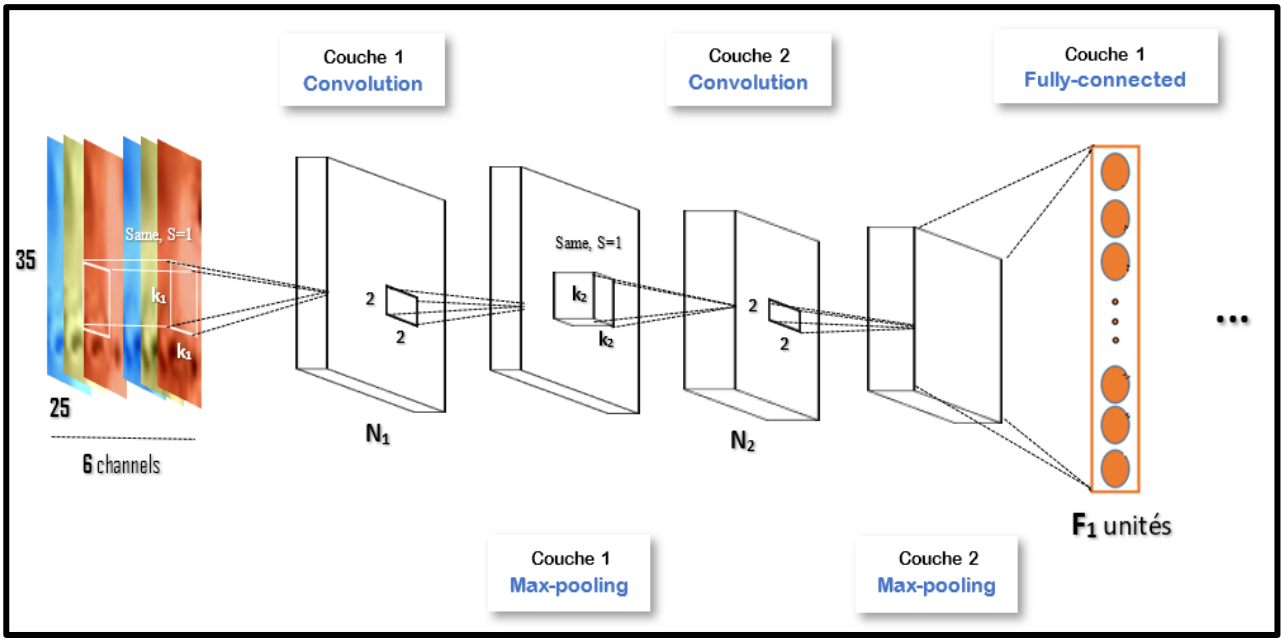


Figure 3.7 : Architecture proposée du modèle **Nose_CNN**.

C) Modèle proposé pour la région de bouche (Mouth_CNN)

L'architecture proposée dans ce modèle, illustrée dans la **figure** ci-dessous, l'entrée du modèle sera les deux régions des bouches du père et de l'enfant générés par l'algorithme de détection (**landmarks**), ce modèle est composé de 6 couches réparties : 3 couches convolutions, 2 couches pooling et une couche entièrement connectée. Ce modèle a la même architecture que celui choisi pour les régions des yeux.

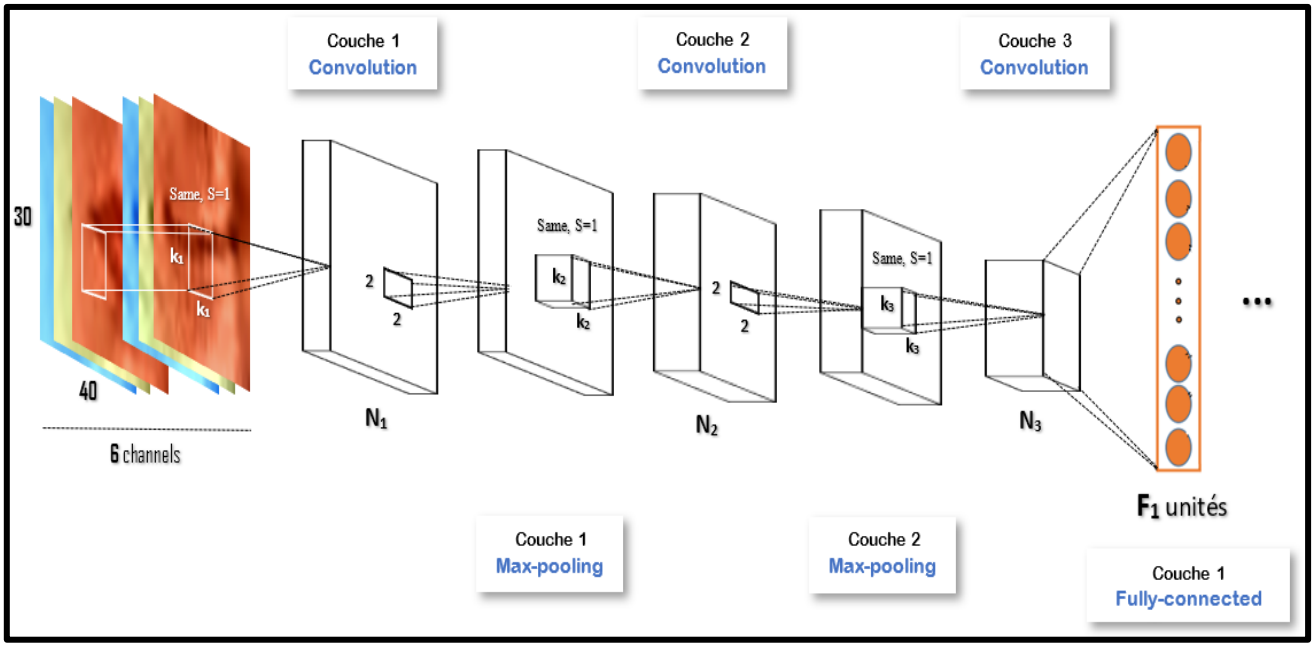


Figure 3.8 : Architecture proposée du modèle **Mouth_CNN**.

3. Expérimentations et résultats

Afin de montrer les performances des méthodes proposées, Une série d'expérimentation a été menée. Dans chaque expérimentation, nous avons évalué et comparé les performances des méthodes d'extraction de caractéristiques sur les deux bases de données KinFaceW-I et KinFaceW-II.

3.1. Bases de données

Pour évaluer les méthodes proposées, nous avons utilisés deux bases de données de parenté : KinFaceW-I et KinFaceW-II (Kin Face in the Wild). Les images de visage sont collectées sur Internet, y compris des images de visage de personnages publics ainsi que des images de visage de parents et d'enfants. Les images de visage sont capturées dans des environnements non contrôlés dans deux ensembles de données sans restriction en termes de pose, d'éclairage, d'arrière-plan, d'expression, d'âge, d'ethnicité et d'occlusion partielle. La différence de KinFaceW-I et KinFaceW-II est que les images de visage avec une relation de parenté ont été acquises à partir de différentes photos dans KinFaceW-I et de la même photo dans KinFaceW-II dans la plupart des cas. La **figure 3.9** montre des échantillons des deux bases de visage.



(a) (b)

Figure 3.9 : Exemples d'image du visage : (a) KinFaceW-I et (b) KinFaceW-II.

Dans ces bases d'images, il existe quatre relations de parenté dans deux ensembles de données : père-fils (**F-S**), père-fille (**F-D**), mère-fils (**M-S**) et mère-fille (**M-D**). Dans l'ensemble de données KinFaceW-I, il existe 156, 134, 116 et 127 paires d'images de parenté pour ces quatre relations. Pour l'ensemble de données KinFaceW-II, chaque relation contient 250 paires d'images de parenté. Pour faciliter l'utilisation, les coordonnées de la position des yeux de chaque image de visage ont été étiquetées manuellement, et la région du visage a été alignée et recadré en **64 x 64** pour supprimer l'arrière-plan. La **figure 3.9** montre des images de visage recadrées à partir des ensembles de données KinFaceW-I et KinFaceW-II, respectivement (de haut en bas se trouvent les relations de parenté F-S, F-D, M-S et M-D, et les deux images voisines dans chaque rangée sont avec la relation de parenté, respectivement). Ces deux bases de données de visages sont disponibles publiquement à l'adresse : https://www.kinfacew.com/datasets.html

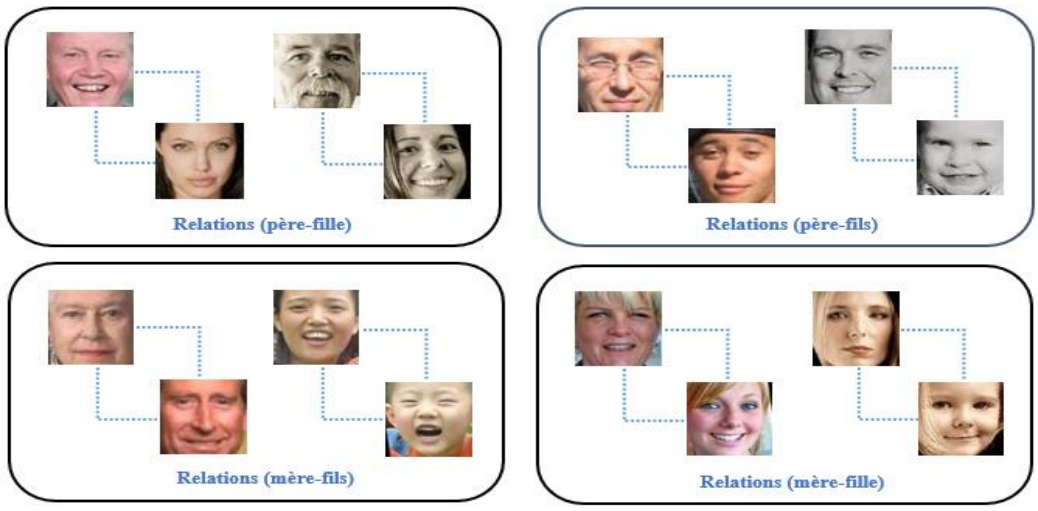


Figure 3.10 : Les quatre types de relations : père-fille, père-fils, mère-fils et mère-fille, qui définit les deux bases des images utilisées.

❖ **Format d'images**

Les images dans les deux bases de données utilisées dans notre travail sont stockées en tant que : (**fd** / **fs** / **md** / **ms**) _ **XXX**_ (**1** / **2**) .jpg

- **(fs / fd / ms / md) :** le type de relation, de « **fs** » désigne la relation père-fils, « **fd** » désigne relation père-fille, « **ms** » désigne relation mère-fils et « **md** » désigne relation mère-fille.
- **XXX :** l'identifiant unique des paires de images (même identifiant pour le parent et l'enfant), dans la base KinFaceW-II, varie de 001 à 250 pour chacune des quatre relations, et pour la base KinFaceW-I, le nombre de paires varie d'une relation à l'autre : père-fils (varie de 001 à 156), père-fille (de 001 à 134), mère-fils (de 001 à 116) et mère-fille (de 001 à 127).
- **(1 / 2) :** l'indice de l'identité de la personne dans la paire, avec « **1** » désigne le parent et « **2** » désigne l'enfant.

3.2. Protocole de tests

Afin d'avoir une comparaison crédible entre les méthodes proposées de vérification de parenté dans la littérature, le protocole de test basé sur la validation croisée K-fold (**k=5**) est fourni avec les deux bases des images KinFaceW-I et KinFaceW-II.

Dans ce protocole de test, chaque sous-ensemble (par exemple, relation père-fils (**F-S**)) de ces ensembles de données KinFaceW-I et KinFaceW-II était également divisé en cinq folds de sorte que chaque fold contienne à peu près le même nombre de paires de visages avec une relation de parenté. Pour évaluer les performances des modèles proposés, chacun des sous-ensembles ou relations et parmi les cinq folds, un seul fold est conservé comme données de test, et les quatre autres folds restantes sont utilisés comme données d'apprentissage. Le processus de validation croisée est répété cinq fois, jusqu'à ce que chaque fold des cinq folds ait été utilisé comme ensemble de test, avec le calcul de la moyenne les cinq résultats comme une estimation de la performance prédictive finale des modèles. Le **tableau 3.1** répertorie les plages d'index des numéros de visages de différents fold de ces deux ensembles de données.

Fold	KinFaceW-I				KinFaceW-II
	F-D	F-S	M-D	M-S	tout sous-ensemble (relations)
1	[1, 27]	[1, 31]	[1, 25]	[1, 23]	[1, 50]
2	[28, 54]	[32, 64]	[26, 50]	[24, 46]	[51, 100]
3	[55, 81]	[65, 96]	[51, 75]	[47, 69]	[101, 150]
4	[82, 108]	[97, 124]	[76, 101]	[70, 102]	[151, 200]
5	[109, 134]	[125, 156]	[102, 127]	[93, 116]	[201, 250]

Tableau 3.1 : Plages d'index des numéros de visages pour 5-folds des ensembles d'images de KinFaceW-I et KinFaceW-II [83].

Plus précisément, pour les images de visage dans chaque fold de ces ensembles de données, toutes les paires d'images de visage avec relation de parenté ont été utilisées comme échantillons positifs, et celles sans relation de parenté comme échantillons négatifs. Par conséquent, les échantillons positifs sont les vraies paires d'images de visage (l'une du parent et l'autre de l'enfant), et les échantillons négatifs sont de fausses paires d'images du visage (l'une du parent et l'autre de l'image de l'enfant qui n'est pas son véritable enfant du parent). En général, le nombre d'échantillons positifs est beaucoup plus faible que celui des échantillons négatifs. Dans notre étude, chaque image de visage de parent a été combinée au hasard avec une image d'enfant qui n'est pas son véritable enfant du parent pour construire une paire négative. De plus, chaque paire d'images de parents et d'enfants est apparue une fois dans les échantillons négatifs [83].

3.3. Evaluation des performances

Les résultats expérimentaux que nous allons présenter dans cette section sont divisés dans deux grandes parties. La première partie contient les résultats expérimentaux des méthodes basées sur les techniques d'extraction classiques. Tandis que la deuxième partie regroupe les méthodes de vérification de parenté basée sur le **CNN**. Dans la fin de ces expériences une comparaison entre les meilleurs systèmes est faite afin de sélectionner le meilleur système.

3.3.1. Performances des méthodes basées sur les techniques d'extraction de caractéristiques classiques

Dans cette section, les performances des méthodes de vérification de parenté basées sur les méthodes d'extraction de caractéristiques classiques proposées sont évaluées. Comme nous l'avons déjà présenté dans la section précédente (**Figure. 3.1**), nous allons tester à chaque fois les résultats de l'un de divers descripteurs de texture récents : **LBP**, **HOG**, **TPLBP** et **FPLBP** sur les bases de données KinFaceW-I et KinFaceW-II. Ensuite, une étape de classification basée la métrique de ***similarité Cosinus*** est utilisé. Finalement, les descripteurs vont être comparés afin de mettre en évidence l'efficacité et la performance des caractéristiques.

A) Résultats obtenus utilisant le descripteur LBP

Nous avons mentionné dans le chapitre précédent que la technique **LBP** dépend de deux paramètres importants. Pour avoir des meilleurs paramètres (paramètres optimaux), nous avons testé le descripteur LBP avec différents nombres d'échantillons voisins et rayons (**N, R**), par exemple (4, 1), (4, 2), (8, 1), (8, 2), (12, 1), (16, 2). L'objectif de la variation dans ces paramètres est d'avoir des meilleurs résultats en fonction de la précision.

Paramètres du **LBP**		Relations de parenté				**Moyennes [%]**
		F-S	**F-D**	**M-S**	**M-D**	
Nombre d'échantillons voisins et rayon (N, R)	**(4, 1)**	67,3	62,6	68,1	71,8	67,5
	(4, 2)	67,0	63,4	68,1	70,8	67,3
	(8, 1)	70,2	69,0	70,7	75,2	71,3
	(8, 2)	69,5	66,8	69,4	71,9	69,4
	(12, 1)	70,2	69,8	**71,5**	75,2	**71,7**
	(12, 2)	**72,1**	68,6	70,7	72,3	70,9
	(16, 1)	70,2	**70,2**	70,3	**75,6**	71,5
	(16, 2)	70,8	66,0	68,9	73,9	69,9

Tableau 3.2 : Performance de la vérification de parenté utilisant le descripteur local **LBP** sur la base KinFaceW-I.

Paramètres du **LBP**		Relations de parenté				**Moyennes [%]**
		F-S	**F-D**	**M-S**	**M-D**	
Nombre d'échantillons voisins et rayon (N, R)	**(4, 1)**	71,2	71,0	70,0	69,0	70,3
	(4, 2)	70,4	69,4	67,8	69,8	69,4
	(8, 1)	77,0	**74,4**	**73,4**	73,4	**74,6**
	(8, 2)	74,6	73,8	72,2	72,2	73,2
	(12, 1)	77,8	72,8	73,2	**74,0**	74,5
	(12, 2)	75,0	73,8	**73,4**	72,2	73,6
	(16, 1)	**78,6**	72,0	73,2	73,6	74,4
	(16, 2)	76,2	73,6	73,0	72,4	73,8

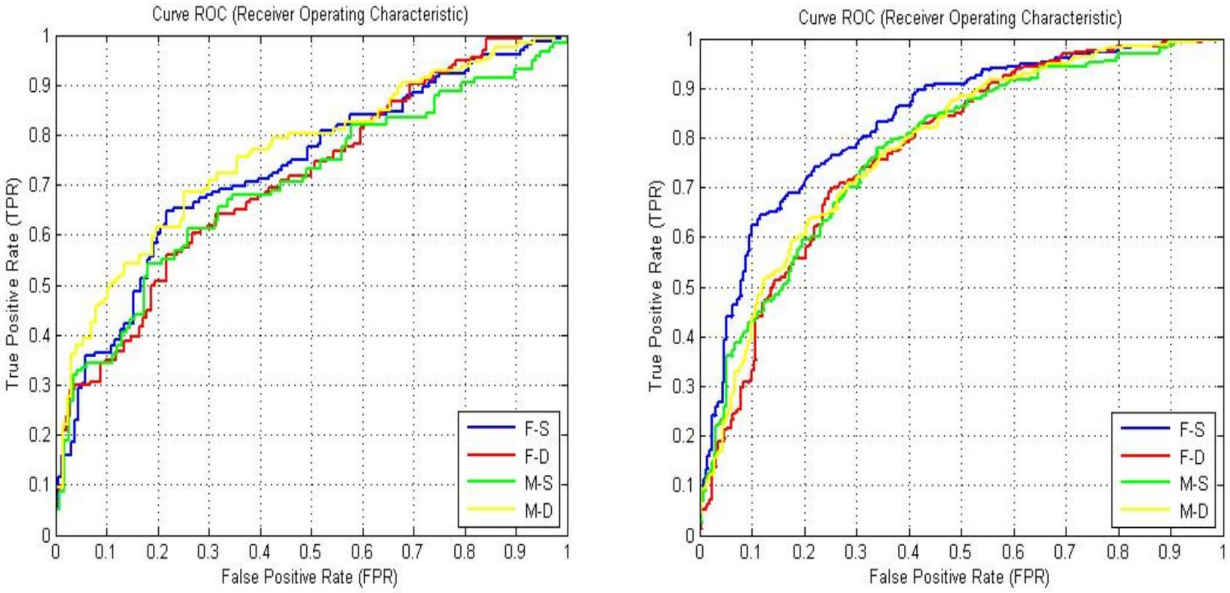
Tableau 3.3 : Performance de la vérification de parenté utilisant le descripteur local **LBP** sur la base KinFaceW-II.

Les **tableaux 3.2** et **3.3** représentent les différents résultats obtenus en fonction de plusieurs nombres d'échantillons et rayon (N, R) et la métrique (***Cosinus similarité)***

Pour la base des images KinFaceW-I, le **tableau 3.2** montre que la méthode proposée offre des résultats acceptables en terme de précision, où nous notons la plage des taux de précision est petite avec environ 5% de différence entre la valeur la plus élevée qui est 75,6% prise dans la relation M-D, pour un nombre d'échantillon égale à 16 et pour rayon égale à 1, et la plus basse 70,2% en la relation F-D avec les mêmes paramètres. Pour la relation F-S, le taux de vérification 70.2% a été obtenu avec un nombre d'échantillon égale à 12 et pour rayon qui égale à 2, le taux de vérification de parenté le plus proche était avec la relation M-S, avec une valeur de 71,5%, ce taux a été atteint avec un nombre d'échantillon égale à 12 et pour rayon égale à 1.

Pour la deuxième base des images KinFaceW-II, le **tableau 3.3** montre que les taux obtenus pour la vérification de parenté sont légèrement plus élevés que les résultats obtenus avec la base des images KinFaceW-I. La précision la plus élevée de 78,6% a été obtenue dans le F-S, par le pair de paramètres suivant (N = 16 et R = 1), le reste des relations était très proche en valeurs

de précision, F-D a atteint une précision de 74,4% avec 8 échantillons et un rayon de longueur 1, le taux de précision de M-D, était de 74,0%, il faut noter que la relation M-S atteignait la précision de 73,4 % avec deux pairs différents de paramètres (N = 8, R = 1) et (N = 12, R = 2). La **figure** suivante nous montre l'évolution de la méthode **LBP** avec des courbes ROC qui démontrent les taux de précision dans chaque relation avec les meilleurs paramètres, à la fois dans les bases de données W-I et II.



(a) **(b)**

Figure 3.11 : Courbes ROC représentant les précisions de la vérification de parenté utilisant le descripteur **LBP** dans les bases (a) KinFaceW-I et (b) KinFaceW-II.

B) Résultats obtenus utilisant le descripteur HOG

Avant d'évaluer les performances de la méthode proposée, une phase de sélection de paramètre concernant le descripteur **HOG** est exécutée. Ça dépend de deux paramètres importants qui sont la taille des blocs et le pourcentage de chevauchement entre les blocs adjacents. Ce que nous intéressent c'est bien la taille de bloc (plusieurs travaux montrent qu'un pourcentage de chevauchement égale à 50% est suffisant pour que l'algorithme fonctionne efficacement). Pour avoir des meilleurs paramètres (paramètres optimaux), nous avons testé le descripteur **HOG** avec des blocs de différents tailles, par exemple 10×10, 12×12,…,32×32 et avec le même pourcentage de chevauchement. L'objectif de la variation dans la taille des blocs est d'avoir des meilleurs résultats en fonction de la précision. Les tableaux suivants représentent les différents résultats obtenus avec les deux bases KinFaceW-I et KinFaceW-II, respectivement en utilisant plusieurs tailles des blocs et la métrique de similarité ***Cosinus***. Dans notre travail, la

sélection des paramètres de **HOG** est basée essentiellement sur le taux de vérification (c'est le paramètre d'évaluation le plus important dans les méthodes de vérification de la parenté).

Paramètres du HOG		Relations de parenté				Moyennes [%]
		F-S	F-D	M-S	M-D	
Taille du block (w×w)	**10*10**	82,4	72,8	73,2	77,2	76,4
	12*12	82,1	72,4	71,9	78,3	76,2
	14*14	82,1	71,7	71,5	75,6	75,2
	16*16	**84,0**	71,7	72,4	77,6	76,4
	18*18	82,4	73,2	71,9	77,9	76,3
	20*20	82,1	71,3	69,8	75,9	74,8
	22*22	83,7	72,8	71,1	75,9	75,9
	24*24	82,4	72,4	72,8	77,9	76,4
	26*26	82,7	73,2	74,2	**78,4**	**77,1**
	28*28	81,4	**73,5**	**73,3**	76,8	76,3
	30*30	81,1	72,8	71,1	75,9	75,2
	32*32	80,8	71,7	68,9	72,8	73,6

Tableau 3.4 : Performance de la vérification de parenté utilisant le descripteur local **HOG** sur la base KinFaceW-I.

Paramètres du HOG		Relations de parenté				Moyennes [%]
		F-S	F-D	M-S	M-D	
Taille du block (w×w)	**10*10**	79,4	71,8	76,2	71,2	74,7
	12*12	79,2	72,8	**76,4**	70,4	74,7
	14*14	79,0	70,6	74,6	71,2	73,9
	16*16	80,4	**73,8**	75,8	71,8	**75,5**
	18*18	**81,0**	72,6	74,8	**73,0**	75,4
	20*20	79,8	70,8	74,2	71,0	74,0
	22*22	77,8	72,6	73,8	69,4	73,4
	24*24	79,4	72,8	74,6	69,8	74,2
	26*26	80,2	73,0	74,4	71,2	74,7
	28*28	80,0	72,6	74,6	71,6	74,7
	30*30	79,2	70,8	74,2	70,2	73,6
	32*32	75,0	70,8	71,0	66,2	70,8

Tableau 3.5 : Performance de la vérification de parenté utilisant le descripteur local **HOG** sur la base KinFaceW-II.

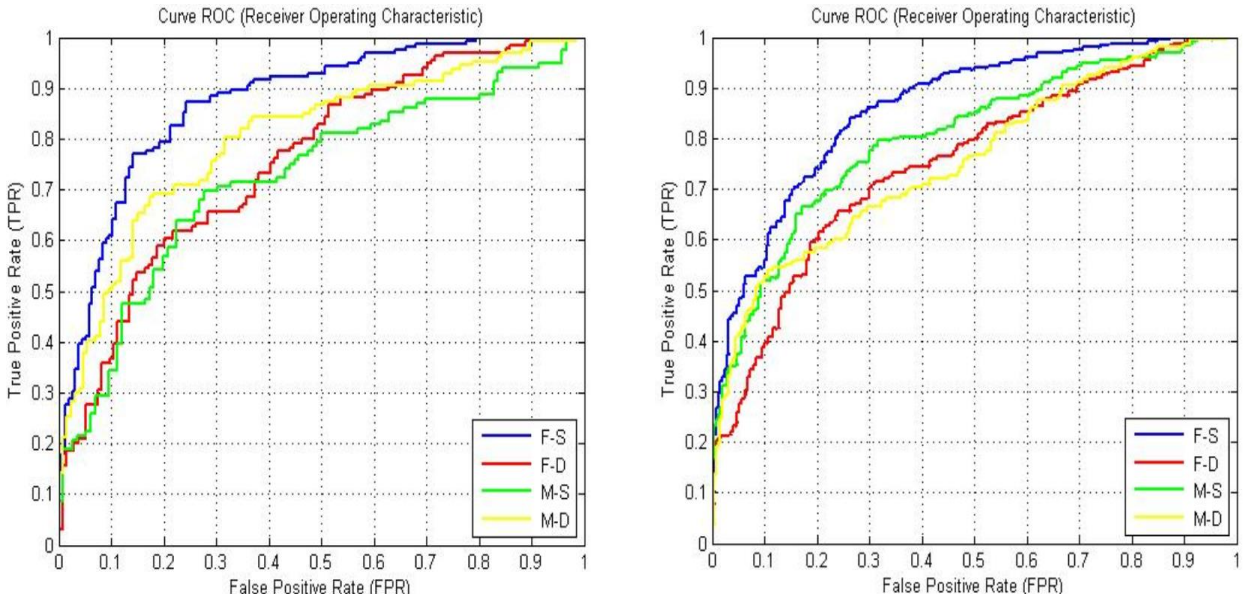
Les **tableaux 3.4** et **3.5** présentent les différents résultats obtenus avec les deux bases KinFaceW-I et KinFaceW-II, en utilisant plusieurs tailles des blocs.

Pour la base des images KinFaceW-I, le **tableau 3.4** montre que la méthode proposée offre de bons résultats en termes de précision et en particulier pour la relation F-S, avec la meilleure précision égale à 84.0% avec un bloc de taille 16×16. Les taux de vérification les plus petits

73.3%, 73.5% ont été obtenus en appliquant 28x28 comme taille de bloc dans les relations F-D et M-S, respectivement. Alors pour la dernière relation M-D, le taux de vérification de parenté était moyen avec 78.4% et une taille de bloc égale à 26x26.

Pour la deuxième base des images KinFaceW-II, les taux de vérification de parenté obtenus sont presque les mêmes que les résultats obtenus avec la base des images KinFaceW-I. Une précision égale à 81.0% est obtenu pour la relation F-S avec un bloc de taille 18×18. Avec une taille de bloc 12x12, la vérification de la relation M-S est acceptable avec une précision égale à 76.4%. Pour les taux de vérification des relations F-D et M-D étaient les moins précis avec des valeurs de 73.8% et 73.0% avec des tailles de bloc 16x16 et 18x18, respectivement.

Pour mieux illustrer l'efficacité de la méthode proposée pour la vérification de la parenté pour différentes relations, la **figure 3.8** montre les courbes ROC, qui clarifient l'évolution de la performance de classification du système avec le meilleur paramétrage pour chaque relation.



(a) **(b)**

Figure 3.12 : Courbes ROC représentant les précisions de la vérification de parenté utilisant le descripteur **HOG** dans les bases (a) KinFaceW-I et (b) KinFaceW-II.

C) Résultats obtenus utilisant le descripteur TPLBP

Afin d'extraire les caractéristiques de texture avec le descripteur **TPLBP**, quatre paramètres doivent être définis à savoir la taille de blocs, la taille des patchs w, le nombre de patchs distribués autour de l'anneau S et le rayon r. Dans nos expérimentations, la taille des blocs est fixée à 16 x 16. Notons que ce choix est maintenu après plusieurs tests empiriques. Nous devons aussi noter que les images sont de taille 64 x 64 et cela génère 16 blocs de taille 16 x 16.

Pour avoir des meilleurs paramètres, nous avons testé la technique **TPLBP** avec des patchs de différentes tailles, différents nombres de patchs voisins, et avec différents rayons. Par exemple (4, 3), (4, 5), (6, 3), (6, 5), (8, 3), (8, 5) et avec différents rayons de 1...6. L'objectif de la variation ces paramètres est d'avoir des meilleurs résultats en termes de précision.

Les tableaux suivants présentent les différents résultats obtenus avec les modifications apportées aux valeurs des paramètres par les tests empiriques sur les deux bases KinFaceW-I et KinFaceW-II.

Types de relations	Paramètres du **TPLBP**		*Nombre de patchs voisins et taille de patchs (**S, w**)*					
			(4, 3)	**(4, 5)**	**(6, 3)**	**(6, 5)**	**(8, 3)**	**(8, 5)**
F-S	*Rayon (**r**)*	**1**	66,7	64,8	73,4	74,1	73,7	74,0
		2	64,8	64,4	75,6	75,9	74,4	74,1
		3	64,8	64,7	74,9	75,9	77,9	**78,9**
		4	63,2	62,2	76,3	75,9	77,6	75,6
		5	64,1	63,8	74,9	74,7	74,9	76,3
		6	64,4	67,3	73,7	73,0	73,7	74,4
F-D	*Rayon (**r**)*	**1**	59,4	63,8	67,2	70,5	66,5	69,8
		2	59,3	63,0	66,8	67,2	67,6	67,9
		3	62,3	62,3	69,0	70,2	**70,6**	67,6
		4	62,7	59,7	66,8	66,5	68,7	67,9
		5	60,8	58,9	66,8	67,6	69,8	70,2
		6	61,9	62,3	68,3	66,4	70,2	70,2
M-S	*Rayon (**r**)*	**1**	61,6	66,4	68,9	68,1	66,8	67,7
		2	57,7	64,2	69,8	69,8	67,2	66,8
		3	61,2	66,3	69,4	72,4	67,2	66,8
		4	64,6	67,2	71,1	**73,6**	69,8	71,5
		5	67,2	65,1	71,5	73,2	72,3	**73,6**
		6	66,8	63,4	70,6	71,5	73,2	72,6
M-D	*Rayon (**r**)*	**1**	64,1	63,8	70,1	69,4	70,4	70,9
		2	60,6	63,8	71,3	71,3	70,9	71,3
		3	64,2	62,3	73,2	72,0	70,9	72,4
		4	65,3	63,1	72,4	73,5	75,9	73,9
		5	61,8	63,0	73,6	75,2	**76,4**	74,4
		6	65,3	65,4	73,9	73,2	74,4	74,0

Tableau 3.6 : Performance de la vérification de parenté utilisant le descripteur local **TPLBP** sur la base KinFaceW-I.

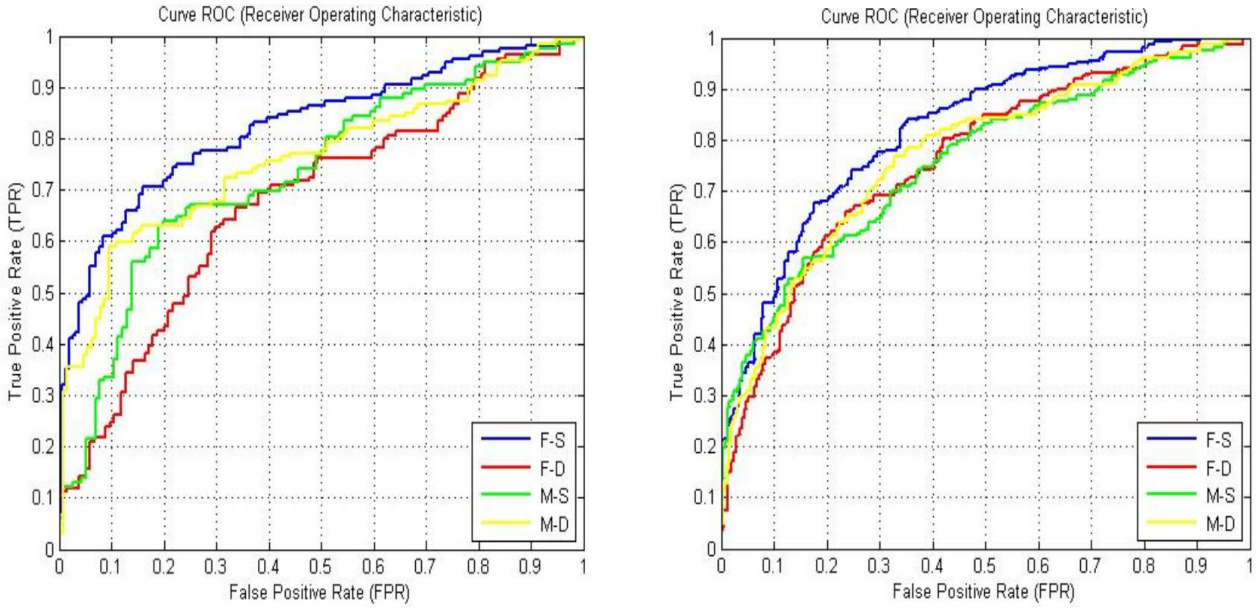
Types de relations	Paramètres du TPLBP		*Nombre de patchs voisins et taille de patchs (S, w)*					
			(4, 3)	**(4, 5)**	**(6, 3)**	**(6, 5)**	**(8, 3)**	**(8, 5)**
F-S	*Rayon (r)*	**1**	67,2	61,6	73,2	74,6	74,6	76,2
		2	61,6	63,2	77,6	77,2	76,0	75,8
		3	61,6	62,4	76,0	75,8	76,8	77,6
		4	61,6	62,0	76,0	76,6	76,4	**78,0**
		5	63,2	61,4	74,6	75,2	76,4	76,6
		6	61,4	62,6	74,8	73,4	77,4	77,8
F-D	*Rayon (r)*	**1**	61,6	61,2	62,4	65,2	64,0	65,4
		2	57,8	60,2	65,4	65,6	66,4	67,2
		3	57,0	59,2	68,0	69,0	65,4	68,0
		4	59,0	62,4	66,8	70,2	67,6	69,2
		5	59,6	61,6	67,8	69,8	70,0	72,0
		6	59,4	60,4	67,6	71,6	72,2	**73,6**
M-S	*Rayon (r)*	**1**	66,0	62,0	69,6	69,0	69,2	68,4
		2	62,0	58,4	70,4	70,8	70,0	69,2
		3	62,4	59,8	71,0	73,0	70,8	70,6
		4	58,6	61,0	71,0	71,0	71,8	72,0
		5	59,6	62,0	71,4	73,4	72,0	72,0
		6	61,6	62,8	72,8	73,0	71,6	**73,8**
M-D	*Rayon (r)*	**1**	65,4	61,2	67,4	68,0	65,8	67,8
		2	59,8	62,6	70,8	70,2	67,2	67,8
		3	63,0	61,8	70,0	71,2	68,0	70,6
		4	63,2	60,4	70,0	71,2	69,8	71,6
		5	63,6	59,0	71,0	72,2	71,2	72,8
		6	59,4	59,0	71,2	73,2	72,0	**73,6**

Tableau 3.7 : Performance de la vérification de parenté utilisant le descripteur local **TPLBP** sur la base KinFaceW-II.

Les **tableaux 3.6** et **3.7** montrent les résultats des tests empiriques du la méthode proposée basée sur la technique **TPLBP** avec les changements des valeurs des différents paramètres. Nous observons que pour la base KinFaceW-I, une meilleure précision égale à 78.9%, est obtenus pour la relation F-S avec un rayon de 3, un nombre de patchs voisins égale à 8 et une taille de patchs égale à 5. Un taux moyen égale à 70.6 % a été obtenu en utilisant les valeurs r = 3, S = 8, w = 3 pour la relation F-D, tandis que pour la relation M-S, un taux égal à 73.6% a été obtenu avec deux paramétrages différents (r=4, S=6, w=5) et (r=6, S=8, w=5). Pour la dernière relation M-D, la précision était avec un taux de 76.4%, avec r=5, S=8 et w=3.

Pour la base des images KinFaceW-II, les taux de précision étaient dans la même plage que la première base de données, mais il y a eu quelques changements mineurs qui peuvent être remarqués, la meilleure précision égale à 78.0%, elle a été obtenu pour la relation F-S avec un rayon d'une longueur de 4, 8 patchs voisins et avec taille de patchs 5. Nous remarquons que les

trois relations restantes possèdent le même paramétrage (r=6, S=8, w=5), deux parmi eux (F-D et M-D) ont la même précision qui est 73.6%, cependant la relation M-S était plus précise avec 73.8%.



(a) **(b)**

Figure 3.13 : Courbes ROC représentant les précisions de la vérification de parenté utilisant le descripteur **TPLBP** dans les bases (a) KinFaceW-I et (b) KinFaceW-II.

La **figure 3.13** montre les courbes ROC représentant les taux de précisions pour la vérification de parenté pour chaque relation avec les valeurs optimales pour chaque paramètre dans les deux bases KinFaceW-I et II.

D) Résultats obtenus utilisant le descripteur FPLBP

D'une façon similaire que la méthode **TPLBP**, avant d'évaluer les performances de la méthode proposée, une phase de sélection de paramètre concernant l'algorithme **FPLBP** est exécutée. Ça dépend de cinq paramètres importants qui sont la taille des blocs, la taille des patchs w, le nombre de patchs S et deux rayons au lieu d'un (r1 et r2) formant les deux anneaux autour du pixel (extérieur et intérieur). Pour avoir des meilleurs paramètres (paramètres optimaux), nous avons testé l'algorithme **FPLBP** avec des patchs de différents nombres et tailles, par exemple (4, 3), (4, 5), (6, 3), (6, 5), (8, 3), (8, 5), (10, 3), (10, 5), (12, 3), (12, 5) et avec différents rayons (1, 2), (1, 4), (1, 6), (1, 8), (3, 4), (3, 6), (3, 8), (5, 6), (5, 8), (7, 8).
En raison du grand nombre de résultats obtenus, le **tableau 3.8** présente les meilleurs taux de précision obtenus pour chaque relation dans les deux bases d'images KinFaceW-I et II.

Types de relations	Paramètres du **FPLBP**		Précision [%]
	Taille et nombre de patchs ***(s,w)***	*Rayons des anneaux* ***(r_1,r_2)***	
	Bases d'images KinFaceW-I		
F-S	(12, 3)	(3, 4)	**76.3**
F-D	(12, 3)	(7, 8)	**73.2**
M-S	(12, 5)	(3, 6)	**75.5**
M-D	(10, 5)	(7, 8)	**78.8**
	Bases d'images KinFaceW-II		
F-S	(12, 5)	(1, 2)	**78.2**
F-D	(12, 5)	(1, 8)	**72.6**
M-S	(10, 5)	(1, 8)	**73.4**
M-D	(10, 5)	(7, 8)	**72.2**

Tableau 3.8 : Meilleurs performances de la vérification de parenté utilisant le descripteur local **FPLBP** sur les deux bases KinFaceW-I et II.

Le **tableau 3.8** montre que les résultats obtenus avec la méthode **FPLBP** sont meilleurs que ceux obtenus avec la méthode **TPLBP**, et c'était à propos de la base d'images KinFaceW-I. Cependant, dans la base d'images KinFaceW-II, les résultats étaient presque les mêmes. Les taux de précisions créés par les tests empiriques sur les modifications apportées aux valeurs des paramètres sont indiqués.

Afin de montrer les performances de la méthode **FPLBP** pour la vérification de parenté, nous avons présenté, dans la **figure 3.14**, une comparaison entre les quatre relations avec toujours les valeurs optimales pour le paramétrage dans les deux bases KinFaceW-I et II.

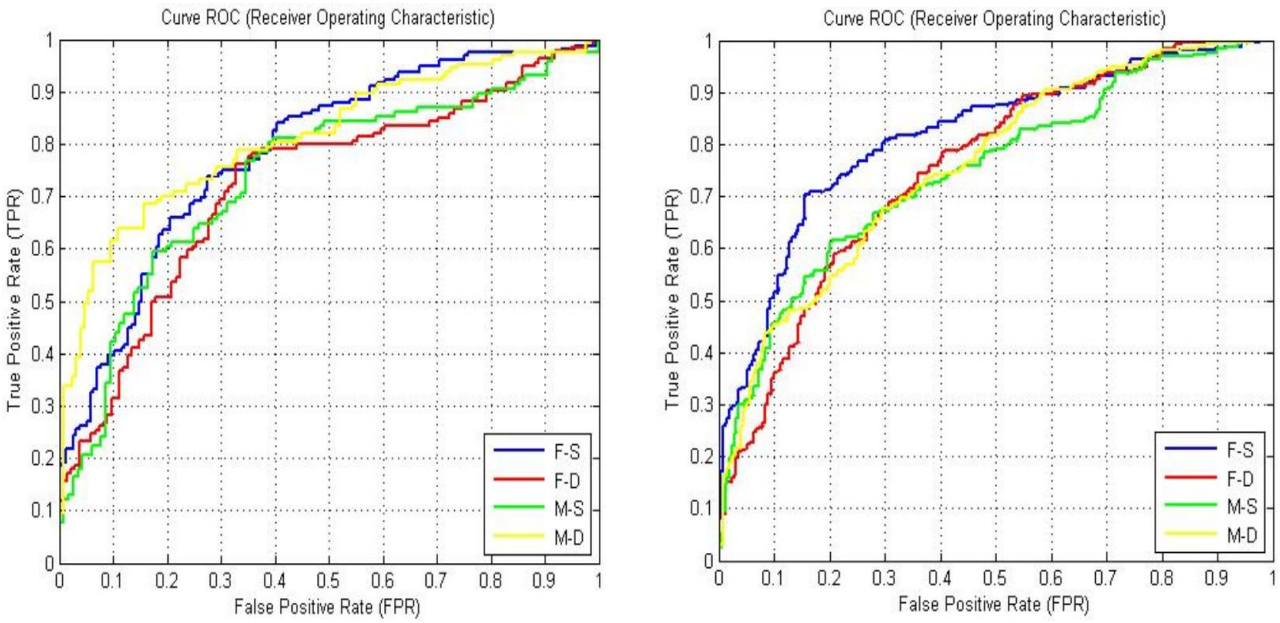


Figure 3.14 : Courbes ROC représentant les précisions de la vérification de parenté utilisant l'algorithme **FPLBP** dans les bases (a) KinFaceW-I et (b) KinFaceW-II.

3.3.2. Performances des méthodes basées sur l'apprentissage en profondeur

Dans cette section, nous présentons les performances du deuxième schéma de vérification de parenté basée sur les réseaux de neurones conventionnels en l'occurrence le **CNN** basique et le **KP-CNN** proposé.

A) Vérification de parenté basée sur le CNN basique

L'architecture de tous **CNN** est basée généralement de plusieurs paramètres dont les principaux : la taille des filtres et le nombre de filtres dans chaque couche de convolution ainsi que le nombre d'unités dans la couche entièrement connectée (FC). Dans notre travail, une série d'expérimentations a été réalisé pour chaque relation de parenté afin de sélectionner les meilleurs paramètres offrant les meilleurs taux de vérification de parenté exprimé en termes de précision. Dans nos expérimentations, pour chaque relation de parenté nous avons utilisé différents filtres de taille 3×3, 5×5, 7×7, et 11×11 et différents nombres de filtres de 2, 4, 8, 16, 32, 64, 128, et 256 et une couche entièrement connectée avec un nombre d'unités différentes dans le premier stage afin de sélectionner les meilleurs paramètres (taille et nombre de filtre). Ensuite, ce processus est répété dans le deuxième et troisième stage.

Notons que, dans une première étape, nous avons considéré une architecture de trois stages. Ensuite, nous avons remarqué après les tests effectués que le taux de la vérification de parenté pour les différentes relations ait été diminué dans le troisième stage. C'est la raison pour laquelle une architecture de **CNN** de deux stages a été maintenue.

Base KinFaceW-I

Type de relation	Stage 1 **(Conv1)**		Stage 2 **(Conv2)**		Nombre des unités **(F)**	**Accuracy** [%]
	Nombre de Filtre **(N_1)**	Taille de Filtre **(k_1)**	Nombre de Filtre **(N_2)**	Taille de Filtre **(k_2)**		
F-S	64	7×7	32	7×7	**640**	**79.33**
F-D	64	7×7	16	5×5	**320**	**71.26**
M-S	4	5×5	64	11×11	**640**	**65.28**
M-D	16	7×7	8	5×5	**320**	**82.95**

Tableau 3.9 : Performance de la vérification de parenté basée **CNN** basique dans la base KinFaceW-I.

D'une façon similaire les quatre relations sont évaluées pour la base KinFaceW-II et les résultats sont représentés dans le **tableau 3.10**. Les taux de vérification des relations sont meilleurs par rapport à ceux obtenus dans la base KinFaceW-I.

Base KinFaceW-II						
Type de relation	Stage 1 **(Conv1)**		Stage 2 **(Conv2)**		Nombre des unités **(F)**	**Accuracy** [%]
	Nombre de Filtre **(N_1)**	Taille de Filtre **(k_1)**	Nombre de Filtre **(N_2)**	Taille de Filtre **(k_2)**		
F-S	32	11×11	4	7×7	**160**	**87.99**
F-D	16	7×7	32	3×3	**640**	**83.19**
M-S	32	5×5	64	11×11	**640**	**85.69**
M-D	32	7×7	16	7×7	**320**	**90.40**

Tableau 3.10 : Performance de la vérification de parenté basée **CNN** basique dans la base KinFaceW-II.

B) Vérification de parenté basée sur le KP-CNN

L'architecture du **KP-CNN** proposée pour la vérification de parenté est basée sur trois **CNN** basique utilisés pour chaque région de l'image (yeux, nez, et la bouche). D'une façon similaire, une série d'expérimentations a été réalisé pour chaque modèle et pour chaque relation de parenté afin de sélectionner les meilleurs paramètres offrant les meilleurs taux de vérification de parenté exprimé en termes de précision. Dans nos expérimentations, dans chaque modèle et pour chaque relation de parenté nous avons utilisé différents filtres de taille 3×3, 5×5, 7×7, et 11×11 et différents nombres de filtres de 2, 4, 8, 16, 32, 64, 128, et 256 et différents nombres d'unités à la fois dans la première et la deuxième couche entièrement connectée dans le premier stage afin de sélectionner les meilleurs paramètres (taille et nombre de filtre). Ensuite, ce processus est répété dans le deuxième et troisième stage. En raison de grand nombre de résultats (4×3×3=36 tableaux), les **tableaux 3.11** et **3.12** présentes un récapitulatif des meilleurs précisons obtenues dans les deux bases d'images KinFaceW-I et KinFaceW-II en fonction de la taille et le nombre des filtres sélectionnés.

Le **tableau 3.11** indique que la méthode **KP-CNN** améliore la précédente méthode avec des taux d'amélioration de **0.9%** pour la relation **F-S**, **1.23%**, pour la relation **F-D**, **2.42%**, pour la relation **M-S**, et **0.75%** pour la relation **M-D** sur l'ensemble des images de KinFaceW-I.

Base KinFaceW-I									
Type de relation	Régions	Stage 1 (Conv1)		Stage 2 (Conv2)		Stage 3 (Conv3)		Fully-connected		Accuracy [%]
		Taille de Filtre (k_1)	Nombre de Filtre (N_1)	Taille de Filtre (k_2)	Nombre de Filtre (N_2)	Taille de Filtre (k_3)	Nombre de Filtre (N_3)	Nombres des unités (F_1)	Nombres des unités (F_2)	
F-S	Yeux	5×5	16	7×7	8	3×3	32	**320**	**1280**	**80.23**
	Nez	3×3	32	5×5	16			**160**		
	Bouche	5×5	32	3×3	16	5×5	64	**640**		
F-D	Yeux	5×5	64	7×7	16	3×3	64	**640**	**1280**	**71.60**
	Nez	3×3	16	5×5	32			**320**		
	Bouche	5×5	32	3×3	16	5×5	128	**640**		
M-S	Yeux	5×5	16	7×7	64	3×3	64	**640**	**1280**	**67.70**
	Nez	3×3	64	5×5	32			**320**		
	Bouche	5×5	32	3×3	16	5×5	64	**640**		
M-D	Yeux	5×5	16	7×7	8	3×3	16	**160**	**1280**	**83.70**
	Nez	3×3	32	5×5	16			**160**		
	Bouche	5×5	32	3×3	32	5×5	64	**640**		

Tableau 3.11 : Performance de la vérification de parenté basée **KP-CNN** dans la base KinFaceW-I.

D'une façon similaire, les résultats présentés dans le **tableau 3.12** indiquent que la méthode KP-CNN améliore les taux obtenus dans la méthode précédente avec des taux d'amélioration de **0.4%** pour la relation **F-S**, **0.21%**, pour la relation **F-D, 1.6%**, pour la relation **M-S**, et **3.21%** pour la relation **M-D** sur l'ensemble des images de KinFaceW-II.

Base KinFaceW-II									
Type de relation	Régions	Stage 1 (Conv1)		Stage 2 (Conv2)		Stage 3 (Conv3)		Fully-conncted		Accuracy [%]
		Taille de Filtre (k_1)	Nombre de Filtre (N_1)	Taille de Filtre (k_2)	Nombre de Filtre (N_2)	Taille de Filtre (k_3)	Nombre de Filtre (N_3)	Nombres des unités (F_1)	Nombres des unités (F_2)	
F-S	Yeux	5×5	32	7×7	8	3×3	128	**640**	**1280**	**88.0**
	Nez	3×3	32	5×5	16			**160**		
	Bouche	5×5	32	3×3	16	3×3	64	**640**		
F-D	Yeux	5×5	64	7×7	16	3×3	128	**640**	**1280**	**84.60**
	Nez	3×3	16	5×5	32			**320**		
	Bouche	5×5	32	3×3	16	5×5	128	**640**		
M-S	Yeux	5×5	16	7×7	64	3×3	64	**640**	**1280**	**87.70**
	Nez	3×3	64	5×5	32			**320**		
	Bouche	5×5	32	3×3	16	5×5	64	**640**		
M-D	Yeux	5×5	16	7×7	8	3×3	128	**640**	**1280**	**93.70**
	Nez	3×3	32	5×5	16			**160**		
	Bouche	5×5	32	3×3	32	5×5	32	**320**		

Tableau 3.12 : Performance de la vérification de parenté basée **KP-CNN** dans la base KinFaceW-II.

4. Etude comparative

Dans cette section, nous avons effectué une étude comparative concernant les différentes méthodes proposées. Le taux de vérification exprimé en précision (%) est le taux de comparaison.

Le but est de sélectionner la meilleure méthode pour réaliser un système de vérification de la parenté.

D'après le **tableau 3.13**, on peut dire que les résultats obtenus par les différentes méthodes sont acceptables et compétitifs. On remarque que les meilleurs résultats pour la vérification des quatre relations (F-S, F-D, M-S, et M-D) sont obtenus par la méthode proposée basée **KP-CNN** avec des taux **88.00 %**,**84.60 %**, **87.70 %**, et **93.97 %** sur l'ensemble des images de KinFaceW-II.

Tandis sur l'ensemble d'images de KinFaceW-I, les meilleurs taux de vérification des relations F-S et F-D sont donnés par la méthode basée **HOG** avec des taux de 84.00% et 73.50%, respectivement. Alors que la méthode proposée basée sur **FPLBP** offre le meilleur taux pour la relation M-S avec un taux de 75.50%. Une autre fois la méthode proposée basée **KP-CNN** offre le meilleur taux pour la relation M-D avec un taux de 83.70%.

Relation de parenté	Méthodes proposées basées sur					
	LBP	HOG	TPLBP	FPLBP	CNN	KP-CNN
	Bases d'images KinFaceW-I					
F-S	72.10	84.00	78.90	76.3	79.33	80.23
F-D	70.20	73.50	70.60	73.2	71.26	71.60
M-S	71.50	73.30	73.60	75.5	65.28	67.70
M-D	75.60	78.40	76.40	78.8	82.95	83.70
	Bases d'images KinFaceW-II					
F-S	78.60	81.00	78.00	78.2	87.99	88.00
F-D	74.40	73.80	73.60	72.6	83.19	84.60
M-S	73.40	76.40	73.80	73.4	85.69	87.70
M-D	74.00	77.00	73.60	72.2	90.40	93.70

Tableau 3.13 : Comparaison des méthodes proposées.

5. Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons proposé plusieurs méthodes de vérification de parenté basées sur des méthodes d'extraction classique (Handcraft) et d'autre basées sur l'apprentissage en profondeur. Ces différentes méthodes sont testées dans le but d'améliorer le taux de vérification de parenté pour chaque relation de parenté (F-S, F-D, M-S, et M-D). En validant ces méthodes sur les deux bases de données KinFaceW-I et KinFaceW-II, nous avons dégagé une amélioration considérable des taux de vérification de parenté avec la méthode **KP-CNN** avec l'ensemble des images de la base KinFaceW-II. Cette méthode a montré une amélioration remarquable par rapport aux d'autres méthodes proposées (**LBP**, **HOG**, **TPLBP**, **FPLBP**, et **CNN**). Tandis pour la base de données KinFaceW-I, les méthodes **LBP**, **HOG**, **TPLBP**, **FPLBP**, **CNN** et **KP-CNN** sont compétitives pour la vérification de différentes relations.