

RÉPUBLIQUE ALGÉRIENNE DÉMOCRATIQUE ET POPULAIRE  
MINISTÈRE DE L'ENSEIGNEMENT SUPÉRIEUR ET DE LA  
RECHERCHE SCIENTIFIQUE

UNIVERSITÉ ABOU BEKR BELKAID TLEMCEN

FACULTÉ DES SCIENCES

DÉPARTEMENT D'INFORMATIQUE



THÈSE



présentée en vue d'obtenir le grade de Docteur, spécialité  
« informatique »

par

Mourtada BENAZZOUZ

**ANALYSE INTELLIGENTE DES  
IMAGES MÉDICALES :  
APPLICATION AUX IMAGES  
MICROSCOPIQUES DE CYTOLOGIE**

Thèse soutenue publiquement le 06 Janvier 2014 devant le jury :

PR.	BEREKSI REGUIG FETHI	UABT TLEMCEN	Président
PR.	CHIKH MED AMINE	UABT TLEMCEN	Directeur
PR.	BESSAID ABDELHAFID	UABT TLEMCEN	Examineur
PR.	BENYETTOU MOHAMED	USTO. MOHAMED BOUDIAF ORAN	Examineur
PR.	TALEB NASREDDINE	U. DJILLALI LIABES SIDI-BEL-ABBES	Examineur
DR.	MAHMOUDI SAÏD	UNIVERSITÉ DE MONS BELGIQUE	Examineur

*À mon père Djilali, 20 ans déjà qu'il nous a quittés,  
à ma mère Anissa,  
à ma femme Rhym,  
à mes enfants : Mohamed Islam, Fatima Zohra et Youcef,  
à toute ma famille. . .*

# REMERCIEMENTS

SI on suppose que la thèse marque la fin des études, il serait affable d'être reconnaissant envers tous mes enseignants et témoigner de la gratitude à l'ensemble des personnes ayant participé à mon apprentissage depuis le premier instituteur qui m'a appris à lire! Cependant et pour des raisons pratiques, je me limiterai à ne citer que les personnes qui ont contribué de façon directe au travail présenté dans ce manuscrit. Aussi bien au niveau scientifique qu'au niveau humain.

Tout d'abord, je tiens à rendre hommage à mon directeur de thèse le Professeur Med Amine CHIKH pour avoir dirigé mon doctorat et guidé mes recherches. Tout en me laissant une autonomie, nonobstant des critiques et des encouragements, cette collaboration fut un réel plaisir tant nos échanges furent riches et ouverts.

J'adresse mes sincères remerciements à Monsieur Fethi BRIXI RE-GUIG, Professeur de Recherche et Directeur de notre laboratoire Génie Bio-Médical, qui m'a fait l'honneur de présider le jury de thèse.

J'exprime ma profonde reconnaissance à Monsieur Abdehafid BES-SAID, Professeur et chef d'équipe Imagerie médicale, Mohamed BENYETTOU Professeur à l'USTO Oran, Monsieur Nasreddine TALEB Professeur à l'Université Bel-Abbès et à Monsieur Saïd MAHMOUDI Professeur à l'Université de Mons Belgique pour l'intérêt qu'ils ont bien voulu porter à ce travail en acceptant de l'examiner et d'en être rapporteurs.

L'ensemble des travaux présentés dans ce mémoire n'auraient pas vu le jour sans le soutien et la participation du Docteur Nadia BENMANSOUR, docente au service d'hémobiologie au centre hospitalo-universitaire de Tlemcen, pour m'avoir accueilli dans ses locaux afin de réaliser l'acquisition des images et aider dans la lecture des cellules.

Encore une mention spéciale pour l'assistance et la contribution des actuels doctorants que j'ai eu le plaisir d'encadrer : Ismahan BAGHLI dans son master recherche et Amine BENOMAR dans son magister ; je les remercie pour la confiance qu'ils m'ont témoignée. Je tiens également à remercier Mohamed AMMAR pour sa coopération dans le projet SARCY.

En espérant n'oublier personne, je remercie chaleureusement les personnes membres du laboratoire Génie Bio-Médical pour leur sympathie, particulièrement l'équipe CREDOM. Et pour finir un grand merci à mes collègues enseignants au département d'informatique.

Tlemcen 2013.

# TABLE DES MATIÈRES

TABLE DES MATIÈRES	iv
LISTE DES FIGURES	viii
1 INTRODUCTION GÉNÉRALE	1
1 PRÉAMBULE . . . . .	2
2 CONTEXTE & MOTIVATION . . . . .	2
3 CONTRIBUTION . . . . .	4
4 PLAN DE LECTURE . . . . .	5
2 ÉTAT DE L'ART	7
1 HÉMATOLOGIE CELLULAIRE . . . . .	8
1.1 Généralités . . . . .	8
1.2 Cytomorphologie des cellules médullaires et sanguines . . . . .	8
1.2.1 Les frottis sanguin et médullaire . . . . .	8
1.2.2 La coloration May-Grünwald Giemsa . . . . .	9
1.2.3 Les cellules sanguines . . . . .	10
1.2.4 Les cellules médullaires . . . . .	12
1.3 Acquisition des images microscopiques . . . . .	14
1.4 Recherche de la zone de bonne lecture d'un frottis . . . . .	14
2 IMAGERIE MÉDICALE . . . . .	15
2.1 Les intérêts de l'imagerie médicale . . . . .	15
2.2 Les grands types d'imagerie . . . . .	15
2.2.1 Radiographie . . . . .	15
2.2.2 Échographie . . . . .	16
2.2.3 Scanner . . . . .	16
2.2.4 Imagerie par résonance magnétique (IRM) . . . . .	16
2.2.5 La médecine nucléaire . . . . .	16
2.3 Une sélection de travaux sur l'image cytologique . . . . .	17
3 SEGMENTATION D'IMAGES . . . . .	19
3.1 Définition . . . . .	20
3.2 Taxonomie des méthodes de segmentation d'image . . . . .	21
3.2.1 Contour . . . . .	22
3.2.2 Région . . . . .	23
3.2.3 Approches Structurales . . . . .	27
3.2.4 Forme . . . . .	28
3.2.5 Théorie des Graphes . . . . .	29
3.3 La classification pixellaire . . . . .	30
3.3.1 La classification par histogrammes . . . . .	31
3.3.2 Clustering . . . . .	31
3.3.3 Évaluation de la segmentation . . . . .	33

3.4	Panorama des méthodes de classification . . . . .	37
3.4.1	Définition d'un classifieur : . . . . .	37
3.4.2	Algorithme des k-moyennes . . . . .	38
3.4.3	Algorithme des C-moyennes floues . . . . .	39
3.4.4	Algorithme des k-plus proches voisins . . . . .	39
3.4.5	Algorithme des Réseaux de Neurones Multi Couches . . . . .	40
3.4.6	Algorithme des Machines à Vecteurs Sup- ports . . . . .	41
<b>3</b>	<b>VISION HUMAINE ET ESPACES COULEUR</b>	<b>45</b>
1	LA VISION HUMAINE . . . . .	46
1.1	La source lumineuse . . . . .	46
1.2	Le matériau . . . . .	48
1.3	Le récepteur humain : l'œil . . . . .	48
1.4	Le système d'interprétation : le cerveau . . . . .	49
2	LES MODÈLES DE REPRÉSENTATION . . . . .	51
3	LES ESPACES COULEUR . . . . .	52
3.1	Les systèmes de primaires . . . . .	53
3.1.1	L'espace RGB . . . . .	53
3.1.2	L'espace XYZ . . . . .	55
3.1.3	L'espace CMY . . . . .	56
3.2	Les systèmes luminance-chrominance . . . . .	57
3.2.1	Les espaces perceptuellement uniformes . . . . .	57
3.2.2	Les espaces antagonistes . . . . .	59
3.2.3	Les espaces de télévision . . . . .	59
3.3	Les systèmes perceptuels . . . . .	60
3.3.1	Les espaces de coordonnées polaires . . . . .	61
3.3.2	Les espaces de coordonnées perceptuelles . . . . .	61
3.4	Les systèmes d'axes indépendants . . . . .	63
<b>4</b>	<b>LA FUSION D'INFORMATIONS</b>	<b>66</b>
1	GÉNÉRALITÉS SUR LA FUSION D'INFORMATION . . . . .	67
1.1	Introduction . . . . .	67
1.2	Nécessités de la fusion . . . . .	67
1.3	Genèse de la fusion . . . . .	67
1.4	Synthèse de définitions de la fusion . . . . .	68
1.5	Notion d'information . . . . .	69
1.6	Imperfections de l'information . . . . .	69
2	SYSTÈMES DE FUSION ET TYPES D'ARCHITECTURE . . . . .	70
2.1	Le processus de fusion . . . . .	71
2.2	Position de la fusion dans la chaîne de traitement de l'in- formation . . . . .	71
2.3	Fusion Multi-Niveaux . . . . .	72
2.3.1	Niveaux de fusion . . . . .	72
3	FUSION DE HAUT-NIVEAU . . . . .	73
3.1	État de l'art . . . . .	74
3.1.1	Définition d'un classifieur dans le cadre de la combinaison . . . . .	74
3.1.2	Taxonomie des méthodes de combinaison . . . . .	74

	3.1.3	Combinaison de classifieurs différents . . .	76
	3.1.4	Combinaison de classifieurs faibles . . . . .	78
3.2		Approche bayésienne . . . . .	80
	3.2.1	Modélisation . . . . .	80
	3.2.2	Estimation . . . . .	81
	3.2.3	Combinaison . . . . .	81
	3.2.4	Décision . . . . .	82
	3.2.5	Intérêts . . . . .	82
	3.2.6	Limites de cette approche . . . . .	82
3.3		Théorie de l'évidence . . . . .	83
	3.3.1	Présentation de la théorie . . . . .	83
	3.3.2	Crédibilité, Plausibilité et Communalité . .	84
	3.3.3	Règle de combinaison de Dempster . . . . .	85
	3.3.4	Prise de décision . . . . .	86
4		FUSION DE BAS-NIVEAU . . . . .	87
	4.1	Concaténation . . . . .	87
	4.2	Réduction de dimension . . . . .	87
	4.2.1	Extraction de caractéristiques . . . . .	88
	4.2.2	Sélection de variables . . . . .	94
5		SEGMENTATION D'IMAGES CYTOLOGIQUES PAR FUSION	97
1		SEGMENTATION PAR FUSION DE DÉCISIONS . . . . .	98
	1.1	Formalismes de fusion proposés . . . . .	99
	1.1.1	Vote . . . . .	99
	1.1.2	Théorie de l'évidence . . . . .	99
	1.2	Expérimentation . . . . .	100
	1.3	Base d'apprentissage . . . . .	100
	1.4	Résultats . . . . .	101
	1.5	Discussion . . . . .	104
	1.6	Étude comparative : . . . . .	106
	1.7	Conclusion . . . . .	108
2		SEGMENTATION PAR FUSION D'ATTRIBUTS . . . . .	109
	2.1	Réduction de la dimension . . . . .	109
	2.1.1	Sélection de variables . . . . .	109
	2.1.2	Extraction de traits . . . . .	110
	2.2	Expérimentation . . . . .	111
	2.3	Ensemble d'apprentissage . . . . .	112
	2.4	Étapes de segmentation . . . . .	112
	2.5	Résultats et discussion . . . . .	113
3		CARACTÉRISATION DES CELLULES . . . . .	117
	3.1	Le plasmocyte . . . . .	117
	3.1.1	Description morphologique du plasmocyte	117
	3.2	Caractérisation du plasmocyte . . . . .	118
	3.2.1	Attributs de texture . . . . .	118
	3.2.2	Attributs de forme . . . . .	119
4		RECONNAISSANCE DES PLASMOCYTES . . . . .	120
	4.1	Le myélome multiple . . . . .	120
	4.1.1	Définition . . . . .	120
	4.1.2	Diagnostic . . . . .	121
	4.2	Identification des plasmocytes . . . . .	122

5	CONCLUSION . . . . .	123
	CONCLUSION GÉNÉRALE	125
	BIBLIOGRAPHIE	128
	LISTE DES TABLEAUX	140
	NOTATIONS	141

# LISTE DES FIGURES

1.1	un schéma de reconnaissance de forme . . . . .	3
1.2	un schéma de reconnaissance de forme . . . . .	4
1.3	Plate forme de reconnaissance de cellules cytologiques . . . . .	5
2.1	Préparation du frottis sanguin . . . . .	9
2.2	Globule rouge . . . . .	10
2.3	Aspect morphologique en microscopie optique(colorés au MGG) des éléments figurés du sang : (a) monocyte,(b) lymphocyte, (c) neutrophile, (d) éosinophile, (e) basophile, (f) hématies et (g) plaquettes . . . . .	12
2.4	Aspect morphologique en microscopie optique des cellules médullaires :(a) mégacaryocytes,(b) plasmocyte, (c) érythroblaste, (d) proérythroblaste, (e) myélocyte, (f) myéloblaste, (g) métamyélocyte (h) prolymphocytes et (i) promonocyte. . . . .	13
2.5	Recherche de la zone de bonne lecture : (a) grossissement $\times 10$ et (b) grossissement $\times 100$ . . . . .	14
2.6	Images médicales : ( a ) Scintigraphie osseuse, ( b ) Radiographie de la colonne vertébrale, ( c ) Vertèbre au scanner. . . . .	17
2.7	Nomenclature des méthodes de segmentation d'image. . . . .	22
2.8	Détection de contour . . . . .	23
2.9	Recherche des pics à travers des itérations mean shift. . . . .	25
2.10	Segmentation Mean shift d'image cytologique . . . . .	25
2.11	Principe de segmentation watershed . . . . .	27
2.12	Un exemple d'Hypergraphe . . . . .	29
2.13	Visualisation du nombre de classes à partir des images originales et vérité terrain. . . . .	32
2.14	Protocole d'apprentissage et test. . . . .	33
2.15	Variabilité des classe d'images en imagerie microscopique . . . . .	34
2.16	K-means clustering. . . . .	38
2.17	Segmentation C-moyennes floues couleur . . . . .	39
2.18	Classification pixellaire avec Kppv : (a) image originale et (b) image segmentée . . . . .	40
2.19	Hyperplan séparateur . . . . .	42
2.20	Les vecteurs de support . . . . .	42
2.21	Hyperplan optimal . . . . .	43
2.22	Linéairement et non linéairement séparable. . . . .	43
3.1	Prisme (optique) . . . . .	46
3.2	de la lumière à la vision . . . . .	47
3.3	Le spectre visible ou spectre optique . . . . .	47

3.4	coupe œil humain . . . . .	49
3.5	Les largeurs de bande spectrale des bâtonnets et cônes photorécepteurs . . . . .	50
3.6	Cerveau . . . . .	50
3.7	Cube des couleurs . . . . .	54
3.8	Diagramme de chromaticité ( $r_C, g_C$ ) de la CIE. . . . .	55
3.9	Diagramme de chromaticité ( $x, y$ ). . . . .	56
3.10	La représentation spatiale du modèle ( $L^*, a^*, b^*$ ) . . . . .	58
3.11	Espace de coordonnées polaires. . . . .	62
3.12	La représentation spatio-colorimétrique de l'espace HSL. . . . .	62
3.13	La représentation spatio-colorimétrique de l'espace HSV. . . . .	63
3.14	Les familles de systèmes de représentation de la couleur(Vandenbroucke 2000) . . . . .	65
4.1	Une hiérarchie cognitive extraite de organizational learning, knowledge and wisdom de Paul E. Bierley . . . . .	70
4.2	Représentation de la Fusion . . . . .	71
4.3	Niveaux de fusion . . . . .	73
4.4	Combinaison parallèle de classifieurs. . . . .	74
4.5	Taxonomie des méthodes de combinaison parallèle de classifieurs (Zouari et al. 2002) . . . . .	75
4.6	Extraction de caractéristiques. . . . .	88
4.7	Sélection de variables. . . . .	88
4.8	Exemple d'extraction de caractéristiques avec LDA et ACP. . . . .	92
4.9	Sélection des descripteurs par la méthode Filter . . . . .	94
4.10	Sélection des descripteurs par la méthode Wrapper . . . . .	95
4.11	Sélection des descripteurs par la méthode Embedded . . . . .	96
5.1	Image cytologique médullaire . . . . .	98
5.2	Original image (a), Ground truth image (b) . . . . .	100
5.3	Définition de portions de chaque classe. . . . .	101
5.4	Projection des classes . . . . .	102
5.5	(a) Image originale, (b) Résultat HSL, (c) Résultat HSV, (d) Résultat RGB, (e) Résultat LUV, (f) Résultat YUV, (g) Résultat Theory1, (h) Résultat Theory2, (i) Résultat Theory3, (j) Résultat Theory4, (k) Résultat Theory5, (l) Résultat Theory6. . . . .	104
5.6	Taux de correction . . . . .	105
5.7	(a) Résultat de Fusion, (b) Résultat du Post-traitement, (c) Vérité terrain. . . . .	106
5.8	(a) Image originale, (b) Région d'intérêt, (c) Région segmentée. . . . .	107
5.9	(a)Région noyau (b) Région cytoplasme (c) Région érythrocyte (d) Région Plasma. . . . .	112
5.10	Projection LDA . . . . .	113
5.11	(a)microscopic image (b) image vérité terrain . . . . .	114
5.12	(a) Original image, (b) Résultats sans selection, (c) Résultats reliefF, (d) Résultats mRMR, (e)Résultats SVM-RFE, (f) Résultats LDA . . . . .	115
5.13	(a) Image originale (b) Résultat d'aucune selection (c) Résultat ReliefF (d) Résultat mRMR (e) Résultat SVM-RFE (f) Résultat LDA . . . . .	115

5.14	(a)Image Originale, (b) LDA+Post-traitement (c) ReliefF+Post-traitement (d) Ground truth . . . . .	116
5.15	Extraction d'images à partir d'une image médullaire. . .	117
5.16	hématopoïèse. . . . .	118
5.17	Plasmocytes : (a,b,c) normaux, (d) dystrophique . . . . .	118
5.18	Exemple d'images mal interprétées : (a) cellule déchiquetée par l'étalement, (b) cellule mal segmentée, (c) cellule coupée sur le bord de l'image. . . . .	123

# INTRODUCTION GÉNÉRALE

1

On peut toujours apprendre ce qu'on ne sait pas, non ce qu'on croit savoir.

Gustave Thibon

## 1 PRÉAMBULE

L'informatique et ses applications s'est imposé comme une discipline hégémonique, les solutions offertes ont boosté un développement technologique considérable en matière de communication, téléphonie et bien d'autre domaine, et spécialement la médecine moderne et l'imagerie. Cette dernière est présente quotidiennement sous différentes forme de notre vie familiale et professionnelle ; cela à entraîné un redoublement de prospection et d'investigation dans le traitement d'image. L'analyse de l'image est un terme générique pour définir une branche relativement ancienne se résumant dans les premiers temps par quelques opérations de filtrage et d'amélioration d'informations visuelles, s'est développée à travers les années avec l'irruption de l'informatique et des micro-ordinateurs. Ce développement a été escorté par l'évolution de l'image passant d'une image analogique à une image numérique représentée par un nombre fini de points élémentaires appelés pixel transcrits en niveau de gris ou en couleur. Au début de cette ère, les travaux se focalisaient sur des images au niveau de gris à cause de leur représentation simpliste, mais le progrès des techniques et des systèmes d'acquisition des images ainsi que la croissance continue des forces de calcul des ordinateurs conjugué aux larges dimensions d'espace de stockage, ont vu un engouement pour l'image couleur et ses applications. De nos jours, dans l'analyse de l'image deux catégories majeures de traitement peuvent avoir lieu : un premier dit de bas niveau opérant sur des valeurs numériques des pixels produisant des opérations comme le rehaussement des contours, le filtrage et la segmentation. Un deuxième dit de haut niveau qui s'effectue sur des informations symboliques définissant les régions différentes telles que la reconstruction 3D, la reconnaissance des formes et l'interprétation. Ainsi, Le champ d'application s'est ouvert sur plusieurs domaines : images industrielles, télédétection, militaire, robotique, radar, biologiques, aériennes etc. Le domaine médical n'a pas dérogé, plutôt c'est l'un des domaines qui a bénéficié le plus dans ses différentes spécialités : radiologie et rayon-x, IRM, hémobiologie, anatomie-pathologique.

## 2 CONTEXTE & MOTIVATION

Je ne saurais si je peux qualifier que de travailler sur ce domaine de recherche est une pure coïncidence. En fait après avoir achevé mon magistère ayant comme thème la reconnaissance de la parole, je voulais explorer un autre domaine qui me fascinait autant qu'est l'image ; pour moi l'idée est nait un jour en essayant d'aider ma femme hématologue de profession à trouver des images cytologiques pour parfaire son apprentissage, j'ai trouvé le domaine captivant, et qu'il était intéressant de s'y pencher. j'ai entamé mes premières recherches j'ai découvert que c'est une discipline récente puisque les travaux pionniers n'excédaient pas deux décennies.

Un médecin expert en cytologie pathologique investigate une lame contenant des cellules, essaye de disséquer minutieusement et dénombrer les différentes classes de cellules. Cette tâche manuelle exige de sa part une haute concentration et de manière continue puisque son diagnostic sera basé dessus. Dans le jargon médical spécialisé, le faux négatif est un cas de non détection d'une personne réellement malade et c'est précisément l'éventualité qu'on désire éviter pour ne pas mettre en danger la vie du patient ; un système informatique permettrait d'automatiser cette inspection visuelle fastidieuse en vue d'une aide au diagnostic : on ne cessera jamais de répéter qu'on n'a nullement l'intention de remplacer le médecin mais lui faciliter la tâche et l'assister. Un tel système réunira le traitement d'images, l'intelligence artificielle et évidemment la biologie ; en d'autres termes nous utilisons les images microscopiques de cytologie qui seront analysées par des techniques de traitement d'images afin de segmenter les cellules et permettre d'extraire des données numériques et symboliques qui seront spoliées grâce à des techniques d'intelligence artificielle en vue de les interpréter. La segmentation est une étape qui s'inscrit alors dans un processus préliminaire destiné à préparer l'image numérique à sa décomposition. La segmentation est un procédé réputé ardu en analyse d'image visant à trouver des partitions de l'image pour délimiter des régions associées aux entités significatives ; elle constitue une étape clé conditionnant toutes les parties subséquentes. Il n'y a pas de théorie qui s'applique à tout type d'image, d'où le besoin de réaliser un schéma inédit pour un type d'image bien défini. La caractérisation est une deuxième station dans notre processus et plutôt un passage obligé. Cette extraction des caractéristiques est une phase de mesure et de quantification pour obtenir, évaluer et estimer des vecteurs d'attributs qualitatifs et quantitatifs de la couleur, de la texture et des formes des objets segmentés précédemment. La classi-

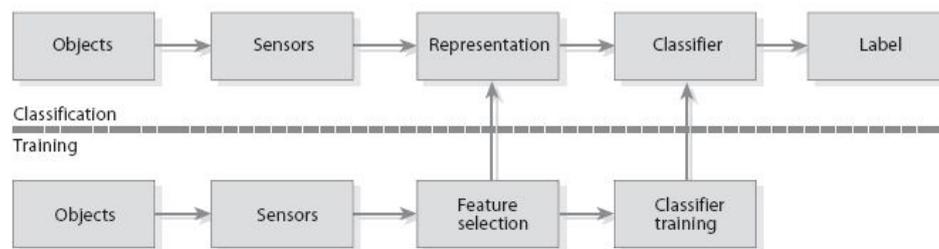


FIGURE 1.1 – un schéma de reconnaissance de forme

fication est l'ultime étape de notre système qui consiste à classer les objets et cellule selon un type cellulaire. Cette classification applique des règles de discrimination déterminées lors d'un apprentissage supervisé. Deux figures sont présentées pour synthétiser toutes les tâches effectuées tout au long de cette thèse : la figure 1.1 et la figure 1.2 illustrent un schéma de reconnaissance de forme grâce à un système de classification supervisée d'images, tandis que la figure 1.3 représente une plate forme d'analyse automatisée d'image microscopique pour les médecins hémobiologiste et hématologues.

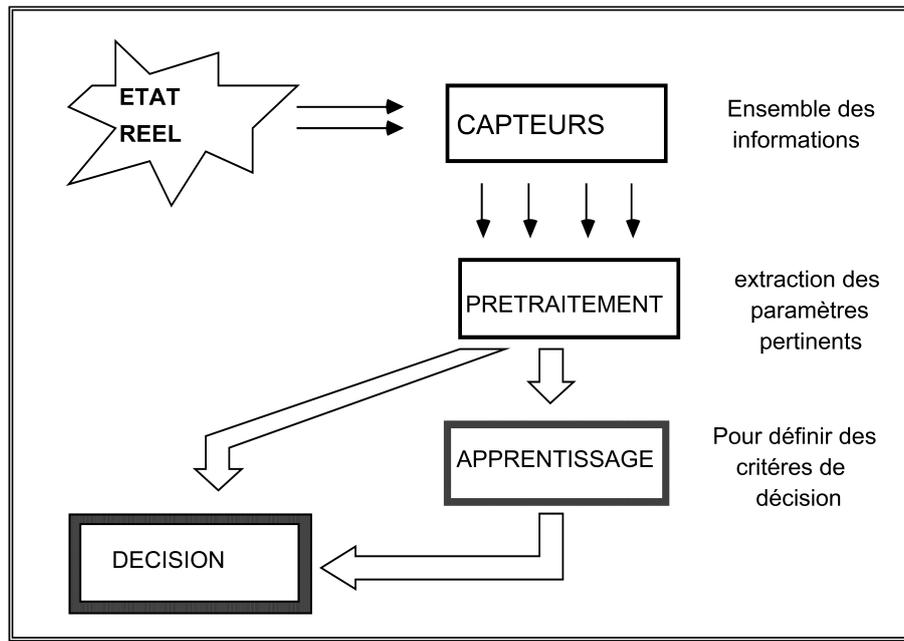


FIGURE 1.2 – un schéma de reconnaissance de forme

### 3 CONTRIBUTION

La première contribution majeure de cette thèse s'inscrit dans la conception et la mise en marche d'un système afin de donner une aide au médecin pour son diagnostic médical. Notre application en microscopie biomédicale correspond à une plate-forme technologique intégrée pour la segmentation, l'extraction des caractéristiques et la classification des cellules dans des frottis de moelle osseuse et de sang périphériques. Initié par le laboratoire de recherche Génie Bio-Médical GBM, un Projet National de Recherche (PNR) est inscrit en ce sens ; il s'agit du projet N°18-santé intitulé SARCYS (Développement d'un Système Adaptable pour la Reconnaissance des cellules Cytologiques). Ce projet est réalisé avec la collaboration du service d'hémobiologie du CHU Tlemcen, cette collaboration consiste en la construction et l'annotation d'une base de données images à partir des lames pour la validation de nos résultats. L'état de l'art sur le traitement d'image et précisément la segmentation des images médicales prouve qu'on ne peut trouver un consensus sur une méthode adaptable ou convenable à tout type de segmentation ; alternant entre les approches région ou contour, exploitant les attributs statistiques, optant pour les morphologies mathématiques et allant même jusqu'à hybrider pour optimiser les paramètres. Cette thèse propose donc un schéma de segmentation originale pouvant s'adapter avec le contexte et possédant des capacités de généralité. L'objectif principal de notre deuxième contribution, est de mettre en place une méthode de segmentation requérant le moins de paramètres possible afin de renforcer l'automatisation et l'indépendance de notre plateforme (voir figure 1.3). Cette segmentation doit être capable de s'adapter avec la complexité des images microscopiques de cytologie, cette complexité est liée très souvent aux chevauchements des cellules, variabilité des images acquises. L'idée de base de notre méthode réside dans l'exploitation optimale des attributs couleur qu'offre

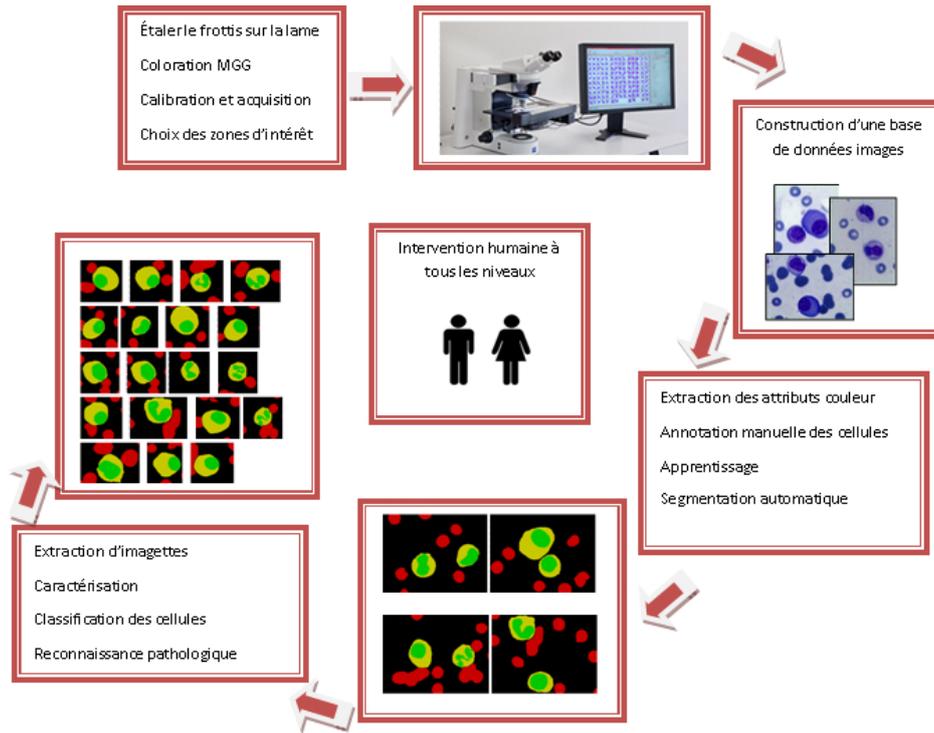


FIGURE 1.3 – Plate forme de reconnaissance de cellules cytologiques

ce type d'images, par conséquent plusieurs espaces couleur sont explorés pour profiter de la complémentarité de l'information avec l'application de quelques techniques de réduction de dimension pour diminuer la redondance et alléger la complexité des classificateurs et obtenir des performances satisfaisantes. La troisième contribution de la thèse se traduit par l'exploitation de la fusion de l'information, qui nous procure un auxiliaire pour une meilleure prise de décision en présence d'informations multiples. Ainsi nous adoptons des segmentations des images dans des espaces couleur indépendamment et séparément pour procéder par la suite à une fusion ; une autre alternative consiste à combiner les données issues des différents espaces pour une seule segmentation. Les résultats obtenus sont déjà publiés (Benazzouz et al. 2013, Baghli et al. 2011; 2012, Benomar et al. 2012).

#### 4 PLAN DE LECTURE

Cette thèse est composée de quatre grands chapitres auxquels s'ajoutent des conclusions où nous résumons nos principaux choix et résultats. En plus de cette partie d'introduction générale, on introduira dans le premier chapitre, le domaine de l'hématologie cellulaire en commençant par la coloration des lames, l'acquisition de l'image à l'aide de la caméra et du microscope, on détaillera ensuite, la cyto-morphologie des cellules.

Dans ce même chapitre, une partie sera consacrée à l'imagerie médicale, une dissertation succincte des différents travaux de segmentations portant sur plusieurs types d'images médicale. Une synthèse non exhaustive des nombreux travaux de la littérature qui décrivent ce domaine de

recherche est exposée, et nous tentons d'y montrer les avantages et les inconvénients de ces méthodes afin de situer notre contribution proposée par rapport à celles-ci. Nous essayons de cerner la segmentation d'images à l'aide d'une synthèse des méthodes prédestinées aux images en niveau de gris et en couleur. Pour notre part nous nous attelons sur la segmentation basée sur la classification pixellaire ainsi que plusieurs classifieurs supervisés et non supervisés et une dernière partie dans ce chapitre sera consacrée à l'évaluation de la segmentation.

Nous présentons dans le deuxième chapitre, les principes liés à la perception de la vision humaine et spécialement la couleur avant de traiter l'analyse d'image couleur. Pourquoi et comment arrivons-nous à voir le monde en couleur ? La deuxième partie exposera les espaces couleur ; puisque la chromatique d'un pixel peut être représentée en utilisant plusieurs systèmes, chacun ayant des propriétés différentes. Pour cela, nous rappelons les notions de base des différents espaces de représentation des images couleur qui seront utilisés par la suite.

Nous décrivons dans le chapitre 3 la fusion de données. Nous détaillons les concepts et les niveaux de fusion, ainsi que l'utilisation de la fusion dans le domaine de traitement d'images.

Dans le chapitre 4, concernant la segmentation, deux stratégies de fusion seront adoptées : la première visera à fusionner selon la théorie de l'évidence plusieurs segmentations issues d'espaces séparément. Une seconde stratégie qui consiste à fusionner les données des espaces avant de segmenter. Cette dernière fusion, peut être utile pour réduire les caractéristiques, cette réduction sera étudiée avec ses deux catégories : l'extraction et la sélection d'attributs. À la fin de ce chapitre, nous présentons résultats et discussions. La dernière partie concerne les méthodes d'extraction de caractéristiques appliquées sur les objets précédemment segmentés, afin de mesurer et de construire des attributs à partir de la couleur, de la forme et de la texture. Ces attributs serviront à dresser des critères de caractérisation des cellules, qui vont nous permettre de créer un modèle pour une classification supervisée des cellules.

# ÉTAT DE L'ART

# 2

## SOMMAIRE

1	HÉMATOLOGIE CELLULAIRE . . . . .	8
1.1	Généralités . . . . .	8
1.2	Cytomorphologie des cellules médullaires et sanguines . .	8
1.3	Acquisition des images microscopiques . . . . .	14
1.4	Recherche de la zone de bonne lecture d'un frottis . . . .	14
2	IMAGERIE MÉDICALE . . . . .	15
2.1	Les intérêts de l'imagerie médicale . . . . .	15
2.2	Les grands types d'imagerie . . . . .	15
2.3	Une sélection de travaux sur l'image cytologique . . . . .	17
3	SEGMENTATION D'IMAGES . . . . .	19
3.1	Définition . . . . .	20
3.2	Taxonomie des méthodes de segmentation d'image . . . .	21
3.3	La classification pixellaire . . . . .	30
3.4	Panorama des méthodes de classification . . . . .	37

## 1 HÉMATOLOGIE CELLULAIRE

### 1.1 Généralités

La pathologie du grec "pathos logos" se traduit par "*les mots de la souffrance*", c'est l'étude et la science des maladies. Elle donne un fondement scientifique pour la médecine clinique et sert de lien entre les sciences de base et les soins au patient.

L'anatomie pathologique est l'étude morphologique des lésions qui sont la cause ou la conséquence des maladies. On distingue deux types d'examens, l'examen histologique et l'examen cytologique. On peut avoir recours aux deux pour donner un diagnostic, mais parfois un seul des deux examens peut être déterminant.

L'histologie est l'observation de la coupe microscopique d'un tissu, alors que la cytologie examine un étalement de cellules isolées provenant de prélèvements.

La cytologie, science de l'observation des cellules (cyto signifie cellule en grec), a connu un développement considérable grâce à des techniques d'observation de plus en plus sophistiquées. Ces techniques permettent d'obtenir une multitude d'images : microscopie photonique, à contraste de phase, électronique, immunocytochimie, etc. . . Les images que nous aurons à analyser sont des images de cytologie (Larousse-Médical 2013).

### 1.2 Cytomorphologie des cellules médullaires et sanguines

Hématologie, étymologiquement en grec Haïma (sang), spécialité médicale qui étudie le sang et ses maladies (hémopathies). Plus précisément, l'hématologie se consacre à l'étude du sang mais également à celle de la moelle osseuse et des ganglions lymphatiques de façon générale (Larousse-Médical 2013).

Le sang est un fluide circulant dans les vaisseaux sanguins, constitué d'un milieu liquide (plasma 55%) dans lequel baignent les éléments figurés : les érythrocytes, les leucocytes et les plaquettes. Les éléments figurés du sang sont issus de la moelle osseuse suite à une cascade de procédés dite hématopoïèse. La morphologie des différents éléments de l'hématopoïèse peut être étudiée par frottis médullaire et sanguin.

L'analyse des différentes cellules sanguines commence d'abord par l'étude quantitative à l'aide de l'hémogramme (FNS : formule numération sanguine), complétée par l'étude qualitative via le frottis de sang. La découverte de certaines anomalies qualitative ou quantitative de ces cellules implique la réalisation d'un frottis médullaire (myélogramme).

#### 1.2.1 Les frottis sanguin et médullaire

Le frottis sanguin est l'étalement du sang sur une lame de microscope, alors que le frottis médullaire consiste à étaler de la moelle osseuse ; dans le but d'observer les cellules sanguines respectivement médullaires, et aussi de les dénombrer. Le principe est d'étaler une goutte de sang respectivement de moelle uniformément sur une lame de verre, de manière à obtenir une seule couche de cellules. Après coloration et fixation, on pourra effectuer l'étude morphologique des cellules, et déterminer s'il y a

anomalies de présence, d'aspect ou de nombre de cellules. La technique consiste à marquer la lame de verre, déposer une petite goutte de sang ou de moelle à 1 cm du bord de la lame, placer le bord de l'étaleur en contact avec la lame, puis entrer en contact avec la goutte de sang, pousser l'étaleur rapidement, régulièrement, et sans trop appuyer, tout en gardant la même inclinaison, soulever progressivement l'étaleur, en fin d'étalement, sécher immédiatement le frottis à l'air libre. Pour pouvoir observer et reconnaître les différents types cellulaires, colorer le frottis au MGG et le lire au microscope optique.

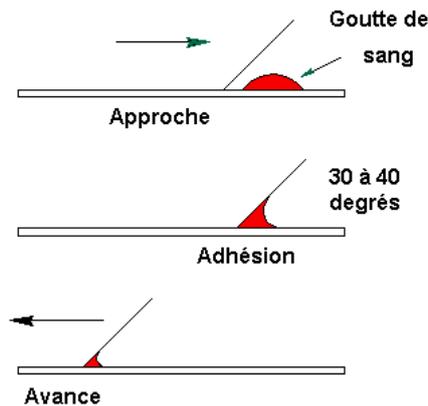


FIGURE 2.1 – Préparation du frottis sanguin

### 1.2.2 La coloration May-Grünwald Giemsa

La lecture microscopique en cytologie nécessite préalablement une coloration afin de différencier les cellules sanguines et médullaires ; un ancien consensus a montré l'intérêt de la coloration dite May-Grünwald Giemsa (appelée parfois Pappenheim) pour des applications médicales principalement en hématologie (Angulo-Lopez 2003). Cette coloration se fait en deux temps, préconisant l'emploi successif de deux mélanges complexes de colorants : la solution May-Grünwald, mélange neutre de l'éosine et de bleu de méthylène en solution alcoolique, et la solution Giemsa ajoutant au colorant précédant l'azur de méthylène, initialement inactifs dans l'alcool méthylique, après addition d'eau, les sels de ces deux colorants précipitent et se fixent électivement sur les constituants cellulaires. Les colorants basiques fixent les constituants cellulaires acides qui seront qualifiés de basophiles (ADN, cytoplasme des lymphocytes riche en ARN), les colorants acides fixent les constituants cellulaires basiques qui seront qualifiés d'acidophiles ou d'éosinophiles (de l'hémoglobine, des granulations des granulocytes éosinophiles) et les constituants fixant les deux types de colorants sont dits neutrophiles.

#### Résultat :

- Les noyaux sont de bleu à violet-noir ;
- Les granulations des granulocytes basophiles sont bleu-noir ;
- Les hématies sont beige-rosé, les granulations des granulocytes éosinophiles sont orangé ;
- Les granulations des granulocytes neutrophiles sont violet-lilas ;
- Les granulations des grands lymphocytes sont pourpres.

Il existe une autre coloration, dite de Papanicolaou utilisée en cytologie, en anatomie pathologique, notamment en gynécologie.

Nous allons décrire ci-dessous l'aspect morphologique en microscopie optique des types cellulaires présentes dans le sang périphérique

### 1.2.3 Les cellules sanguines

Une lame colorée d'échantillon de sang normal est généralement composée de globules rouges, globules blancs et plaquettes en suspensions dans le plasma (voir figure 2.3).

**Les globules rouges (érythrocytes ou hématies) :** le globule rouge est une cellule anuclée, ce qui lui permet de circuler dans les capillaires et atteindre les tissus humains, issus de la transformation des réticulocytes qui en sont des formes primitives, normalement très peu présentes dans le sang. Les érythrocytes ont pour seule fonction les échanges gazeux ; le transport du dioxyde de carbone du tissu aux poumons et le transport de l'oxygène des poumons au tissu. L'hémoglobine, protéine permettant ce transport est l'un des constituants essentiels de l'hématie. Sa durée de vie est de 120 jours, et ses normes sont de 4 à 5,5 millions / $mm^3$  variables selon l'âge et le sexe.

Sur le plan cytologique, ce sont des petites cellules anuclées de 7 à 9 micromètres, en forme de disque aplati dont les faces sont concaves ; c'est essentiellement un sac rempli par un pigment de couleur rouge, l'hémoglobine. Classiquement, le globule rouge apparaît entre lame et lamelle sous la forme d'un disque biconcave, ils ressemblent à de tous petits beignets.



FIGURE 2.2 – Globule rouge

**Les plaquettes :** appelées aussi thrombocytes, sont en fait des fragments cellulaires dépourvus de noyau et résultant de l'éclatement d'énormes cellules de la moelle osseuse, appelées mégacaryocytes, de 2 à 5 micromètres de diamètre ; on y distingue deux zones : le centre de la cellule (chromomère) contenant des granulations et la périphérie (hyalomère) plus homogène. Leur durée de vie est très brève, entre 5 et 10 jours et leur nombre varie entre 250.000 et 400.000 / $mm^3$  de sang. Les thrombocytes jouent un rôle extrêmement important dans de la coagulation sanguine.

**Les globules blancs ou leucocytes :** les leucocytes constituent les éléments cellulaires sanguins les moins nombreux, après les érythrocytes et les plaquettes, leur densité est de 5000 à 7000 / $mm^3$ . Ils sont caractérisés par une taille en général plus grande, et par la présence d'un noyau. Leur durée de vie dans le sang est de quelques jours en moyenne (2 à 3 jours). Le globule blanc est une cellule jouant un rôle dans la défense de l'organisme contre les corps étrangers, les agents pathogènes et les processus inflammatoires.

Les leucocytes se divisent en 2 groupes : granulocytes (polynucléaires)

et agranulocytes (mononucléaires). Le terme "granulocyte" est dû à la présence de granules dans le cytoplasme de ces cellules ; les granules varient selon les différents types de granulocytes, ce qui aide à les distinguer entre eux, de même pour la forme du noyau.

1. Les polynucléaires ou granulocytes : proviennent de la moelle osseuse. Leur cytoplasme est riche en granules qui prennent des couleurs particulières les rendant faciles à reconnaître. Le noyau est condensé en petites masses, ou lobes d'où le nom de polynucléaire. On compte trois types de granulocytes : les neutrophiles, les éosinophiles et les basophiles.
  - Polynucléaires neutrophiles : ont un rôle surtout dans la destruction des bactéries. Les neutrophiles ont un diamètre de 12 à 15  $\mu\text{m}$ , leur noyau est divisé de 2 à 5 lobes reliés par un mince filament nucléaire d'où l'appellation erronée de polynucléaire . Le cytoplasme est transparent, vu que ses granules sont minuscules et ont une légère teinte rosée.
  - Polynucléaires basophiles : participent dans certaines réactions allergiques en sécrétant des substances anticoagulantes et vasodilatatrices comme les histamines et la sérotonine. Les basophiles sont les leucocytes les plus rares, avec un taux de moins de 1%. leur diamètre est de 9 à 10  $\mu\text{m}$ . Le cytoplasme est très riche en granules qui prennent une couleur pourpre foncée. Le noyau compte deux ou trois lobes, mais il est difficile de le voir en raison du nombre de granules qui le cache.
  - Polynucléaires éosinophiles : sont destinés à la destruction de certains parasites et à la phagocytose des complexes antigènes-anticorps, ils sont assez rares dans le sang 1 à 3%. Leur taille est la même que celle des neutrophiles. Leur noyau comporte généralement deux lobes donnant l'aspect de noyau en lunettes. Le cytoplasme est rempli de granules qui prennent une couleur rose orangée caractéristique.
2. Les mononucléaires ou agranulocytes : normalement ces cellules semblent dépourvues de granules, elles ont un noyau compact et unique et un cytoplasme transparent. Il en existe deux types : les lymphocytes et les monocytes. On distingue :
  - Les monocytes : jouent un rôle dans les phénomènes immunitaires. Le monocyte naît dans la moelle osseuse, il est transporté par le sang jusque dans les tissus où il se transforme puis se fixe : il devient un macrophage. Les monocytes constituant 2 à 10% des leucocytes. Elles apparaissent arrondies, ayant un diamètre de 15 à 20 micromètres ; le cytoplasme est bleu grisâtre et a un aspect un peu granuleux. Le noyau est central, en fer à cheval ou en E.
  - Les lymphocytes : Ils ont un rôle fondamental dans les phénomènes de défense immunitaire. Ces lymphocytes vont reconnaître les éléments étrangers et vont déclencher une réaction dans le but de les éliminer. On en distingue :
    - Les lymphocytes T, en réponse à une stimulation immunitaire entraînent une prolifération cellulaire (immunité cellulaire).
    - Les lymphocytes B entraînent la formation d'anticorps (immunité humorale).

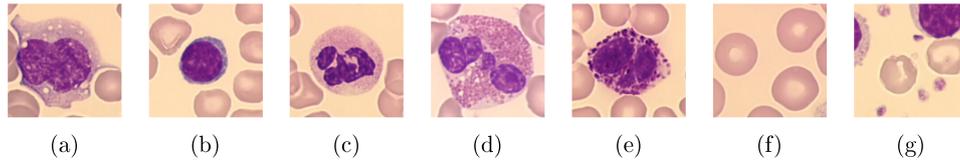


FIGURE 2.3 – Aspect morphologique en microscopie optique (colorés au MGG) des éléments figurés du sang : (a) monocyte, (b) lymphocyte, (c) neutrophile, (d) éosinophile, (e) basophile, (f) hématies et (g) plaquettes

La plupart des lymphocytes qui circulent dans le sang ressemblent à de petites cellules d'environ 7 micromètres de diamètre ayant un noyau circulaire compact qui occupe la quasi totalité du volume cellulaire donc un rapport nucléo/cytoplasmique élevé. Dans le cas normal, leur forme est régulière, arrondie, le noyau est sphérique et dense. Tous les lymphocytes sont semblables sur le plan morphologique. Les lymphocytes comptent de 20 à 40% de tous les leucocytes

La répartition normale des leucocytes sanguins est la suivante :

- Les globules blancs : 5 000 à 7 000 / $mm^3$ .
- Les lymphocytes : 25 à 33 %.
- Les monocytes : 2 à 6 %.
- Les polynucléaires neutrophiles : 60 à 70 %.
- Les polynucléaires éosinophiles : 1 à 3 %.
- Les polynucléaires basophiles : 0,25 à 0,5 %.

#### 1.2.4 Les cellules médullaires

Le frottis médullaire nous renseigne sur l'état de l'hématopoïèse<sup>1</sup> qui se définit comme étant l'ensemble des phénomènes qui concourent à la fabrication et au remplacement continu et régulé des cellules sanguines.

L'étude des cellules médullaires est réalisée à l'aide du myélogramme qui consiste en la confection d'un étalement de suc médullaire, prélevé par ponction sternale à l'aide d'un trocart puis étalé sur lame de verre, ensuite coloré au MGG. Les cellules médullaires ainsi fixées et colorées sont observées au microscope optique.

Le but de ce prélèvement est l'étude cytologique quantitative et qualitative des frottis médullaires réalisés après ponction aspiration de moelle osseuse afin d'apprécier la conformité de l'hématopoïèse. L'indication de cet examen de diagnostic hématologique, se pose toujours au vue des résultats d'un hémogramme préalable anormal ou d'une suspicion d'hémo-pathie maligne.

On peut se reporter à la figure 5.16 pour mieux comprendre toutes les lignées des cellules sanguines. La lecture d'un Myélogramme s'effectue schématiquement en 3 étapes successives :

1. L'appréciation de la richesse médullaire : appréciée par la densité cellulaire par champ à l'objectif 100, une moelle normale est entre les classes II et III sur une échelle de 0 à IV.

<sup>1</sup> L'hématopoïèse est le processus physiologique permettant la création et le renouvellement des cellules sanguines.

2. La numération des mégacaryocytes : nombre de mégacaryocytes sur 50 champs successifs à l'objectif 10.
3. la formule des éléments nucléés.

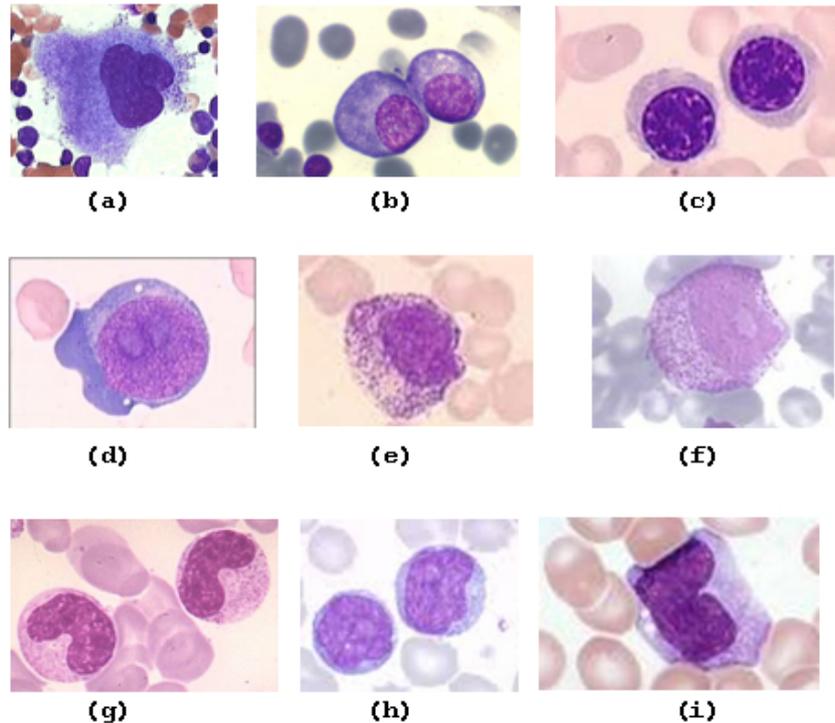


FIGURE 2.4 – Aspect morphologique en microscopie optique des cellules médullaires : (a) mégacaryocytes, (b) plasmocyte, (c) érythroblaste, (d) proérythroblaste, (e) myélocyte, (f) myéloblaste, (g) métamyélocyte (h) prolymphocytes et (i) promonocyte.

On réalise une formule complexe en comptant, tout d'abord le pourcentage respectif de chacune des trois lignées de l'hématopoïèse : érythroblastique, myélocytaire et lymphoïde puis le pourcentage de chacun des différents stades dans chaque lignée. Le pourcentage normal de chacune des trois lignées médullaires est le suivant :

- lignée granuleuse (ou myélocytaire) : 60 %.
- lignée rouge (ou érythroblastique) : 25 %
- lignées blanches non granuleuses (lymphocytes, plasmocytes et monocytes) : 15 %.

Des écarts de 10 % par rapport à ces chiffres n'ont pas de signification pathologique. Dans l'examen de la lignée érythrocytaire, le pourcentage des érythroblastes médullaires est compris entre 15 et 30 % dont :

- pro-érythroblastes 4 %.
- érythroblastes basophiles 16 %.
- érythroblastes polychromatophile 32 %.
- érythroblastes acidophiles 48 %.

Ceci est apprécié par le cytologiste qui donnera un commentaire plutôt que des chiffres mal connus du clinicien. Concernant l'examen de la lignée granulocytaire, on devra avoir :

- très peu de cellules souches (myéloblastes 1 %).
- un peu plus de promyélocytes (environ le double).
- beaucoup plus de myélocytes (4 à 6 fois plus) .
- puis les pourcentages doivent rester stables (métamyélocytes et polynucléaires traduisant la phase de maturation).

Dans la lignée non granuleuse, on devra compter des lymphocytes, des monocytes et des plasmocytes dont le taux à l'état normal ne doit pas dépasser 5%. Examen de la lignée mégacaryocytaire : Pour finir, l'examen de la lignée mégacaryocytaire représente normalement moins de 1 % des cellules de la moelle, les mégacaryocytes sont facilement repérables par leur taille gigantesque.

### 1.3 Acquisition des images microscopiques

Nous avons réalisé une acquisition des images au sein du Centre Hospitalo Universitaire de Tlemcen, au service d'hémobiologie, les images acquises sont des images couleurs RGB au format bmp de dimension 1024 par 768. Le système LAS EZ (Leica Application Suite 1.7.0) est un environnement logiciel qui permet d'acquérir des images de haute qualité à l'aide des microscopes et caméras Leica, reliés à un ordinateur fonctionnant sous Windows. Sur la base de 6 lames, correspondantes à 6 patients différents, colorées au MGG, nous avons récolté une banque d'un total de 108 images (base1 : 21 images, base2 : 27 images base3 : 17 images base4 : 15 images base5 : 6 images et base6 : 22 images). Une partie de ces images a été utilisée pour construire une base d'apprentissage pour la segmentation par classification pixellaire et l'autre pour une base de test.

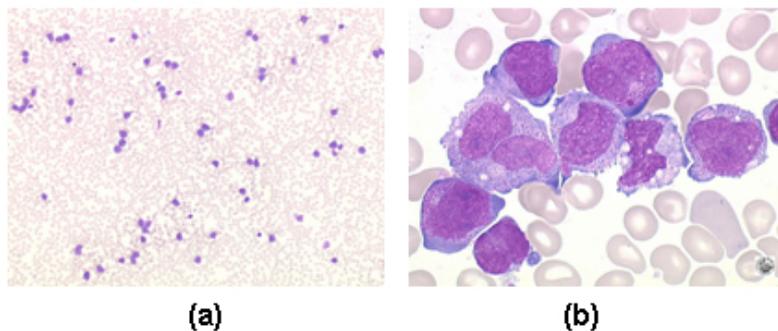


FIGURE 2.5 – Recherche de la zone de bonne lecture : (a) grossissement  $\times 10$  et (b) grossissement  $\times 100$ .

### 1.4 Recherche de la zone de bonne lecture d'un frottis

Une bonne lecture d'un frottis nécessite deux qualités : une zone de lecture suffisante (cellule bien étalée) et une bonne technique de coloration. Et dans les deux cas, les hématies jouent le rôle de témoin. La caméra est fixée sur un microscope Leica, dans un premier temps, un objectif de grossissement à  $\times 10$  est utilisé afin de repérer une zone de travail en évitant les zones cellulaires entassées pour une reconnaissance aisée des différents types cellulaires. Une fois que la zone optimale de lecture a été

obtenue, on change le zoom du microscope en augmentant le grossissement à  $\times 100$  ; afin de localiser les images intéressantes pour les acquérir et les stocker et les analyser ultérieurement (voir figure 2.5).

## 2 IMAGERIE MÉDICALE

Spécialité médicale consistant à produire des images du corps humain vivant et à les interpréter à des fins diagnostiques, thérapeutiques (imagerie interventionnelle) ou de surveillance de l'évolution des pathologies (Larousse-Médical 2013).

L'imagerie médicale est assurément une discipline qui s'est copieusement améliorée ces dernières années. La première image médicale est une image radiographique qui date de 1895 en utilisant des rayons X, elle été rejointe par d'autres technologies tout au long du XXe siècle, telles l'échographie, le scanner . . .

L'objectif est de créer une représentation visuelle intelligible des os, des tissus et des organes de façon toujours plus précise et moins invasive, elle offre aujourd'hui une vue imprenable sur ces mêmes organes en pleine action et permet de visualiser jusqu'au métabolisme cellulaire.

### 2.1 Les intérêts de l'imagerie médicale

L'imagerie médicale a révolutionné la médecine, et devient incontournable dans de nombreuses situations : non seulement établir un meilleur diagnostic, mais aussi évaluer la sévérité d'une pathologie et tester l'efficacité d'un traitement.

### 2.2 Les grands types d'imagerie

Il existe quatre types d'imagerie médicale qui reposent sur l'utilisation des rayons X, des ultrasons, du champ magnétique ou de la radioactivité naturelle ou artificielle.

#### 2.2.1 Radiographie

La radiologie est inventée en 1895 par le physicien allemand Wilhelm Conrad Röntgen, auteur des premières radiographies d'intérêt médical, son principe repose sur l'utilisation des rayons X, en enregistrant sur un film l'image projetée de transparence aux rayons X d'une région anatomique.

La sortie est une impression sur un film photographique des différences de densité d'un organe, le film sera plus ou moins noirci selon l'organe radiographié : les os apparaîtront blancs, les tissus mous seront dans différents tons de gris et l'air sera noir.

La radiographie est souvent utilisée en orthopédie, en rhumatologie et en orthodontie pour étudier les traumatismes osseux, les déformations du squelette ou les implantations dentaires. Elle permet également d'observer des anomalies sur certains organes comme des infections bactériennes ou virales ou encore des tumeurs au niveau des poumons ou des seins (mammographie).

### 2.2.2 Échographie

L'échographie, introduite en médecine dans les années 1950, est dérivée du principe du sonar. Les images résultent de l'émission et la réflexion des ultrasons sur les organes pleins de l'abdomen, le cœur et tous les organes non masqués par le squelette (globe oculaire, cerveau chez le nouveau-né) ou par les gaz.

L'échographie est utile à l'observation du fonctionnement des organes comme l'appréciation de la vitalité et de la morphologie du fœtus lors de la grossesse.

### 2.2.3 Scanner

Le scanner est découvert par l'ingénieur britannique Godfrey Newbold Hounsfield en 1972, se base sur des techniques informatiques de reconstruction. Il repose également sur l'utilisation des rayons X mais permet d'obtenir des images tridimensionnelles des organes ou des tissus (os, muscles ou vaisseaux) sous forme de coupes.

Grâce au scanner on visualise une modification de volume ou une anomalie de structure (infections, hémorragies, tumeur, ganglions, embolie). En cancérologie, il permet de suivre la réponse à la chimiothérapie. On l'utilise également pour guider les drainages et les biopsies.

### 2.2.4 Imagerie par résonance magnétique (IRM)

L'imagerie par résonance magnétique (I.R.M.) est apparue au début des années 1980, du phénomène de résonance magnétique nucléaire (R.M.N.) découvert en 1946 par les physiciens américains Edward Mills Purcell et Felix Bloch. Elle permet l'acquisition d'images en coupes, dans tous les plans de l'espace, ainsi que des représentations tridimensionnelles en visualisant différentes structures ; notamment en neuro-imagerie (cerveau, moelle épinière) et les tissus mous (viscères, muscles et tendons). L'appareil a aussi permis de bannir les interventions d'arthroscopie diagnostique, lors desquelles on incisait pour voir les dysfonctionnements d'une articulation.

### 2.2.5 La médecine nucléaire

La médecine nucléaire ou isotopique, est issue de la découverte, en 1896, de la radioactivité par le physicien français Henri Becquerel, dont les travaux furent repris par les physiciens français Pierre et Marie Curie.

L'introduction d'un isotope à vie brève, fixé sur une molécule à destinée connue, permet un marquage tissulaire électif dans l'organisme.

La scintigraphie, sorte de cartographie isotopique, recueille les radiations émises par des substances radioactives choisies en fonction de l'organe à visualiser et qui sont introduites dans l'organisme selon différentes voies (intraveineuse, respiratoire). Elle permet de diagnostiquer précocement des anomalies de fonctionnement d'un organe (poumons, os, glande thyroïde). Ces explorations exposent le patient à une irradiation très faible, comparable à celle reçue lors d'une radiographie classique. Grâce à la scin-

tigraphie on peut, par exemple, repérer des métastases et donc mesurer le niveau de dissémination d'un cancer dans l'organisme.

La tomographie par émission de positons (T.E.P.) est apparue récemment en clinique, consiste à observer la répartition et l'utilisation dans les tissus d'une molécule (telle que le glucose) marquée par un isotope radioactif (dit émetteur de positons). Après son administration au patient, cette molécule permet d'obtenir une image des organes et d'en étudier l'activité. Initialement conçue à l'exploration du fonctionnement du cerveau, cette technique d'imagerie, de très haute valeur informative, est aujourd'hui largement utilisée pour le diagnostic et le bilan d'extension de nombreux types de cancers (poumon, côlon, O.R.L., lymphome, mélanome).

Le PET-Scan est une hybridation, associant la T.E.P. et un scanner à rayons X, en fusionnant les images. Le scanner apporte une information anatomique précise, la T.E.P. apporte l'information isotopique spécifique. Cette technique d'imagerie, de très haute valeur informative, est aujourd'hui utilisée pour le diagnostic, le bilan d'extension et la surveillance sous traitement de nombreux types de cancers (poumon, côlon, O.R.L., lymphome, mélanome) (Larousse-Médical 2013).

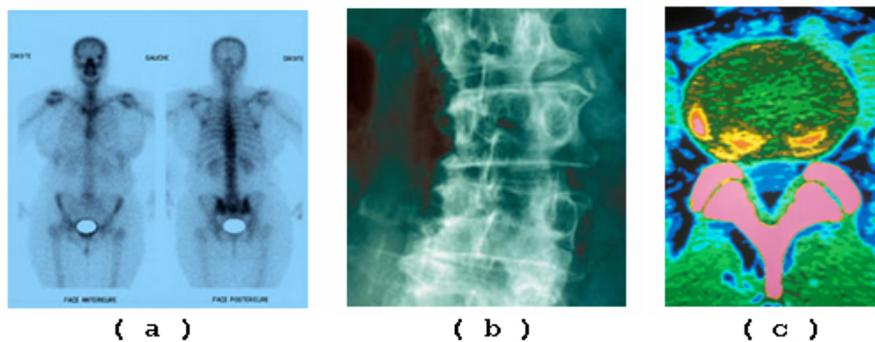


FIGURE 2.6 – Images médicales : ( a ) Scintigraphie osseuse, ( b ) Radiographie de la colonne vertébrale, ( c ) Vertèbre au scanner.

Existe-t-il une technique supérieure aux autres ? Loin d'être en concurrence les unes avec les autres, chaque modalité d'imagerie apporte une information différente et complémentaire.

### 2.3 Une sélection de travaux sur l'image cytologique

Les méthodes de segmentation ont été l'objet de nombreuses recherches, car elles débouchent sur de multiples applications pratiques. L'imagerie médicale est tout particulièrement concernée.

La maîtrise de la reconnaissance cytologique des cellules, notamment des cellules tumorales tels les plasmocytes et les blastes est indispensable pour l'orientation diagnostique de certaines maladies cancéreuses comme le myélome et la leucémie respectivement. La segmentation des images cytologiques sanguines et médullaires constitue un axe de recherche qui prend de plus en plus d'ampleur, cet engouement est dû essentiellement aux informations cruciales que peut apporter l'analyse de telles images aux experts humains (médecins cytologistes).

La majorité des travaux dans la littérature ayant trait à ce domaine

n'excède pas deux décennies, car cette discipline a beaucoup bénéficié du progrès d'acquisition d'images et des moyens informatiques, ainsi que le foisonnement des techniques de segmentation qui ont permis d'ouvrir une voie de développement très prometteuse.

Nous exposons dans cette section quelques travaux de segmentation et classification des WBC's dans les images sanguines et les images médullaires :

(Miller 1972) est le pionnier dans ce domaine, il met en place un processus de segmentation et de classification des WBC's inspiré des critères morphologiques.

(Montseny et al. 2004) commencent par étudier et analyser le comportement des couleurs dans les images médullaires, ils ont trouvé qu'il pouvaient modéliser les classes de l'image avec le flou en réalisant une transformation de l'image RGB vers l'espace HSI (Hue Saturation Intensity), Une classification des pixels est ensuite effectuée en mesurant leur degré de similarité.

(Sabino et al. 2004) proposent une méthode non supervisée pour détecter la région du noyau, en calculant l'histogramme dans le canal vert, ils optent pour la valeur de 100 de [0..255] pour trouver une discrimination des zones noyau et non noyau. Des régions d'intérêt sont découpés à partir des noyaux, le cytoplasme est obtenu en utilisant une segmentation supervisée dans l'espace CIELab. La caractérisation des cellules se fait en calculant la matrice de co occurrence GLCM, une sélection des attributs avec forward sequential selection (FSS) and backward sequential selection (BSS) est réalisée pour réduire le nombre de caractéristiques et enfin apprendre à un classifieur, les différentes classes de cellules.

(Zhang et al. 2005) et (Guo et al. 2007) se distinguent par l'utilisation d'images multispectrales. Ce type d'acquisition permet, par rapport à une image acquise et stockée en norme RGB, d'ajouter des attributs spatiales et déceler un spectre d'information unique pour chaque pixel. Ils effectuent un seuillage sur l'image convertie au niveau de gris afin d'éliminer le fond (classe plasma). Ensuite, ils ont eu recours à l'algorithme *sequential minimal optimization* (SMO) pour la sélection des attributs issus des bandes spectrales, et ce, pour réduire le temps d'apprentissage. Une segmentation peut enfin se faire, elle sera basée sur une classification des pixels par SVM.

Un autre cadre de segmentation d'image médullaire est proposé par (Theera-Umpon 2005). L'image est convertie au niveau de gris suivi d'une séparation de chaque WBC's en imagerie. On commence le traitement par une détection de contours (filtre de Canny), ensuite l'introduction de l'algorithme du *gradient vector flow* GVF snake afin d'extraire le noyau. Après une opération de remplissage des petits trous et une soustraction entre le noyau segmenté et l'imagerie, un seuillage est réalisé comme ultime étape pour obtenir le cytoplasme.

(Markiewicz et al. 2007) proposent un dénombrement des WBC's dans des images médullaires, en réalisant dans un premier temps des opérations morphologiques de fermetures et d'érosions afin de lisser les contours des cellules, appliquer juste après une segmentation couleur par ligne de partage des eaux et extraire chaque bassin dans une imagerie, cette dernière contiendra une seule cellule. Dans cet article, dix différents types de WBC's sont considérés, une étape de caractérisation est nécessaire afin de calcu-

ler les attributs de : forme, taille, granulation, texture, couleur et intensité des images associées aux différents types de cellules. Un classifieur svm est conçu pour apprendre et tester les images de quatorze patients, les auteurs terminent par dresser un tableau comparatif des myélogrammes des patients en montrant les performances de leur système automatisé par rapport aux experts humains.

(Wang et al. 2009) considèrent que l'image renferme six couleurs basiques, une pour le cytoplasme, deux pour les globules rouges et trois pour les plaquettes et leucocytes. Ils utilisent ces couleurs pour réaliser une distribution des pixels à l'aide de l'algorithme fuzzy clustering, ensuite une projection permet d'éliminer les globule rouges et le cytoplasme et ne laisser que les leucocytes et les plaquettes. Enfin, une reconnaissance des wbc's en supprimant les plaquettes du fait que leurs tailles sont nettement inférieures.

(Pan et al. 2009) tentent d'expliquer que leur segmentation se différencie par rapport aux autres méthodes dites traditionnelles, en se focalisant sur des échantillons représentatifs plutôt que la totalité de l'image médullaire. Premièrement, trois procédures mean shift sont lancées pour rechercher des pics de densité correspondants respectivement aux régions de noyau, érythrocyte mature et plasma. Un svm est entraîné sur chaque région, dans le but de trouver plus de pixels noyau. Par la suite, la région cytoplasme est obtenue en dilatant (gradient) ce même noyau. Un nouveau svm est entraîné sur cette nouvelle région cytoplasme avec les trois régions précédentes pour extraire le leucocyte en entier.

(Hamghalam et al. 2009) considèrent qu'il existe cinq types de wbc's dans le frottis sanguin. Ils entament la segmentation avec un seuillage OTSU pour dessiner les limites du noyau, et l'algorithme des contours actifs pour trouver avec précision le cytoplasme. Plusieurs caractéristiques (texture, couleur, forme) sont utilisées pour identifier le leucocyte.

(Rezatofghi et al. 2010) lancent le challenge d'identifier automatiquement cinq types de wbc's dans les image sanguines. La méthode est basée sur *Gram-Schmidt orthogonalization* pour la segmentation, suivie par une combinaison avec l'algorithme *snake* pour délimiter les régions noyau et cytoplasme. Une variété de caractéristiques est extraites à partir des régions segmentées, ensuite une sélection par sfs (sequential forward selection) est lancée pour ne prendre que les plus pertinents, et la classification des cellules est faite par un classifieur neuronal.

Après leur travaux basés essentiellement sur la texture, (Dorini et al. 2012) simplifient l'image par régularisation des contours, cette opération est rendue possible grâce à l'opération Self-Dual Multiscale Morphological Toggle (SMMT). Ils segmentent le noyau avec deux approches bien connues : la ligne de partage des eaux et la méthode level set. Quant au cytoplasme, ils utilisent une analyse des granules pour le définir.

### 3 SEGMENTATION D'IMAGES

Une image est un recueil d'informations exposé sur un support photographique permettant le traitement, en différé, d'un phénomène fugace. Dès lors, le traitement d'images est né de l'idée de la nécessité de remplacer l'observateur humain par la machine pour atteindre ce qu'on appelle

communément la description structurelle. Il existe en nombre considérable des méthodes de détection permettant d'extraire des entités constituantes de l'image ; appelées méthodes de segmentation.

### 3.1 Définition

La segmentation partitionne l'image dans l'espace où elle est définie en zones homogènes au regard d'un critère que l'on s'est donné.

Formellement, la segmentation d'une image, de support  $E$ , peut-être définie comme étant la recherche d'une partition de  $E$  en sous ensembles  $E_i, i = 1, \dots, n$  vérifiant :

- $E = \bigcup_{i=1}^n E_i$
- $E_i$  connexe  $\forall i, i = 1, \dots, n$
- $P(E_i)$  vrai  $\forall i, i = 1, \dots, n$  où  $p$  est un prédicat d'uniformité défini préalablement.
- $p(E_i \cup E_j)$  faux,  $\forall (i, j)$  tels que  $i \neq j$

Actuellement, le problème réside dans le choix de la méthode de segmentation ; il est primordial d'opter pour l'algorithme approprié au type de l'image et à ses caractéristiques intrinsèques, car il n'existe pas de méthode spécifique à un type d'image. L'appréciation du spécialiste (agronome, météorologue, médecin, ...) reste le moyen par excellence de décision (Meziane 2002). Le choix d'une technique est lié :

- **à la nature de l'image :**
  - éclairage non homogène, reflets,
  - présence de bruit, de zones texturées,
  - contours flous, en partie occultés,
- **aux opérations situées en aval de la segmentation :**
  - localisation, mesure, calcul 3D,
  - reconnaissance de formes, interprétations,
  - diagnostic, contrôle qualité,
- **aux primitives à extraire :**
  - contours, segments, angles,
  - régions, formes, textures,
  - zones et scènes complexes,
- **aux contraintes d'exploitation :**
  - complexité algorithmique, fonctionnement en temps réel,
  - taille de la mémoire disponible en machine,

La segmentation d'images couleur s'inspire habituellement des techniques conçues dans le cadre des images en niveaux de gris. Ce type de segmentation est devenu très prisé depuis l'avènement du multimédia grand public.

L'utilisation de la couleur en segmentation dans les recherches est récente, ce regain d'intérêt est lié à l'évolution de la puissance et de la capacité de stockage des ordinateurs depuis quelques années. La couleur est une entité que l'on peut assigner immédiatement à une région, plu-

sieurs chercheurs évoquent qu'une segmentation couleur pourrait rendre ces régions plus significatives.

La littérature des algorithmes de segmentation couleur n'est pas aussi abondante que pour les images en niveaux de gris, mais la plupart des méthodes développées pour la segmentation en niveaux de gris peuvent être plus ou moins transposées pour une application couleur.

La segmentation d'images, ainsi définie est un domaine vaste où l'on retrouve de très nombreuses approches, qui selon plusieurs chercheurs peuvent être réparties en deux grandes familles :

- *Contour* : cette notion est associée à la recherche de discontinuités locales, de transitions entre différentes zones où certains paramètres sont différents comme la couleur, l'intensité et la texture. Le contour est la représentation dans l'image des frontières des objets, cette notion formule une fonction qui examine des variations locales et significatives détectées habituellement avec le célèbre principe de dérivée (Gradient ou Laplacien).
- *Région* : contrairement à la détection de contours qui s'intéressent aux frontières des objets, la segmentation par région se base sur les propriétés intrinsèques des constituants des objets ; ceci se résume par la prospection des regroupements de pixels connexes ayant des attributs communs (couleur, texture, etc). On citera les principales méthodes : par séparation (split), par fusion(merge), par croissance de régions, etc. . .

Mais ce découpage est considéré comme obsolète, vu les récentes avancées en matière de segmentation. Une nouvelle taxonomie de la segmentation est apparue ces dernières années et particulièrement l'imagerie médicale, pour les lecteurs intéressés, se reporter au livre de Dougherty (2011) où ils trouveront les notions de base nécessaires à la compréhension de ce vaste domaine. Nous nous sommes inspiré des travaux de Bayard and Causi (2007) et Barillot (2007) pour résumer dans la section suivante les nombreuses méthodes existantes dans la littérature contemporaine.

### 3.2 Taxonomie des méthodes de segmentation d'image

Le monde de la recherche est unanime en affirmant qu'il n'existe pas de méthode de segmentation universelle et valable pour tout type d'image. En effet, la connaissance a priori de l'image et du but recherché sont deux critères prépondérants dans le choix de la méthode à utiliser (présence ou non de texture ou de bruit, choix de l'espace couleur et de la métrique, extraction de contours ou de régions). Nous allons dans ce qui suit, présenter brièvement les approches les plus communément utilisées pour segmenter une image couleur, avant de passer à la segmentation par la classification pixellaire utilisée dans notre plateforme d'analyse d'images microscopiques. Nous signalons qu'à travers l'exploration de ces catégories que cette systématique n'est pas rigide et que certaines méthodes se situent à la frontière de nos cinq grands thèmes exposés dans la figure 2.10

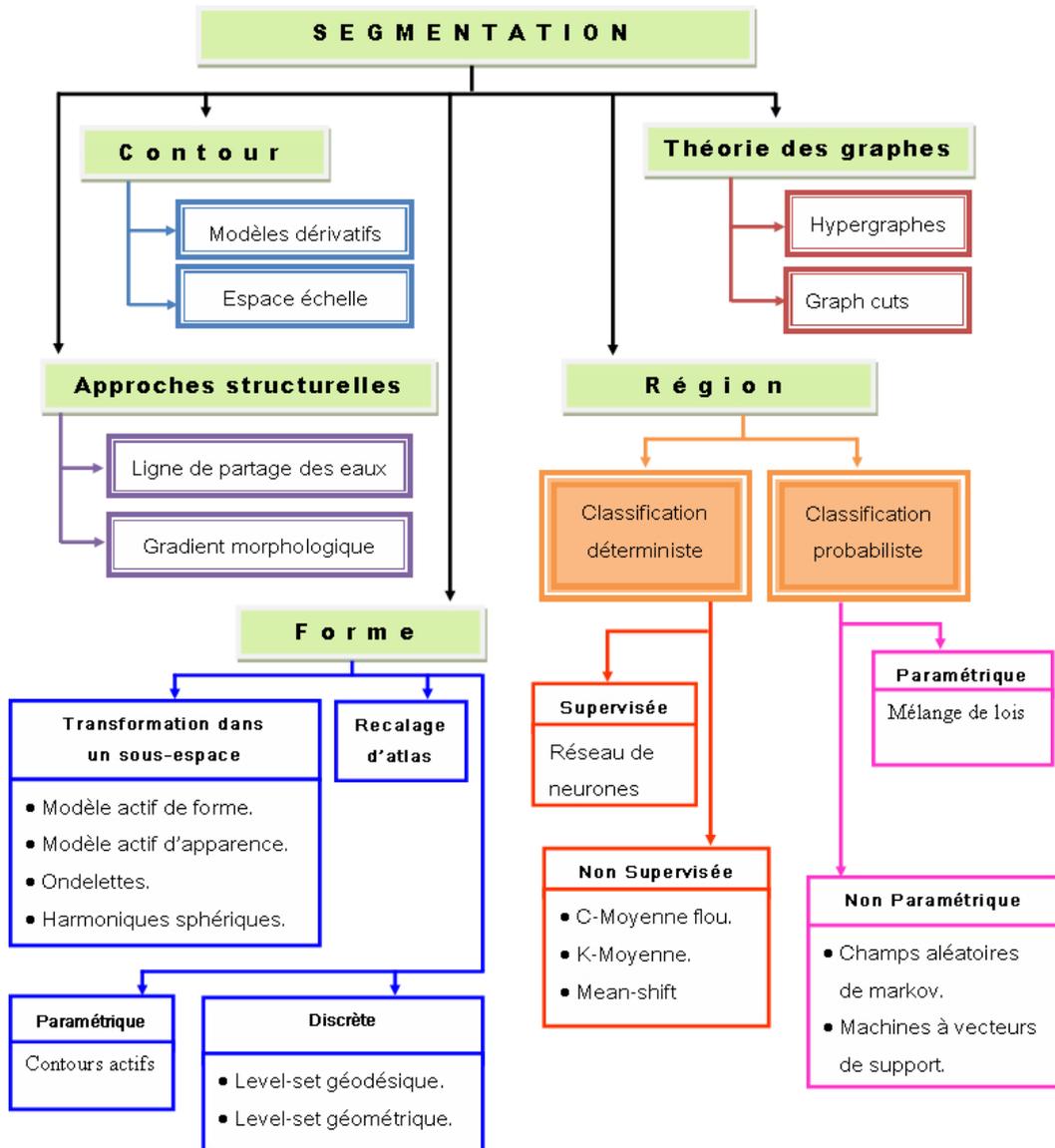


FIGURE 2.7 – Nomenclature des méthodes de segmentation d'image.

### 3.2.1 Contour

Cette approche considère que les primitives à extraire sont les lignes de contrastes qui séparent les régions et relativement homogènes. En pratique, il s'agit de reconnaître les zones de transition et de localiser au mieux la frontière entre les régions.

– *Espace-échelle* :

Le concept d'espace-échelle (scale-space) est appliqué dans diverses dimensions ; il consiste à associer un paramètre d'échelle  $t$  à chaque niveau dans la représentation du scale-space afin de manipuler et supprimer successivement des structures. La famille scale-space peut être générée à partir des solutions de l'équation de la chaleur, cette dernière est obtenue par la convolution de la représentation linéaire en scale-space par le noyau gaussien.

– *Modèles dérivatifs* :

Ils modélisent les contours en supposant que l'image numérique provient de l'échantillonnage d'une fonction scalaire à support borné et dérivable en tout point. Ces variations d'intensité sont dues aux différentes causes : un changement d'orientation, des ombres, absorption des rayons etc. Les contours simples sont de trois types : (a) Marche d'escalier : où le contour est net (contour idéal), (b) Rampe : avec un contour plus flou, (c) Toit : il s'agit d'une ligne sur un fond uniforme.

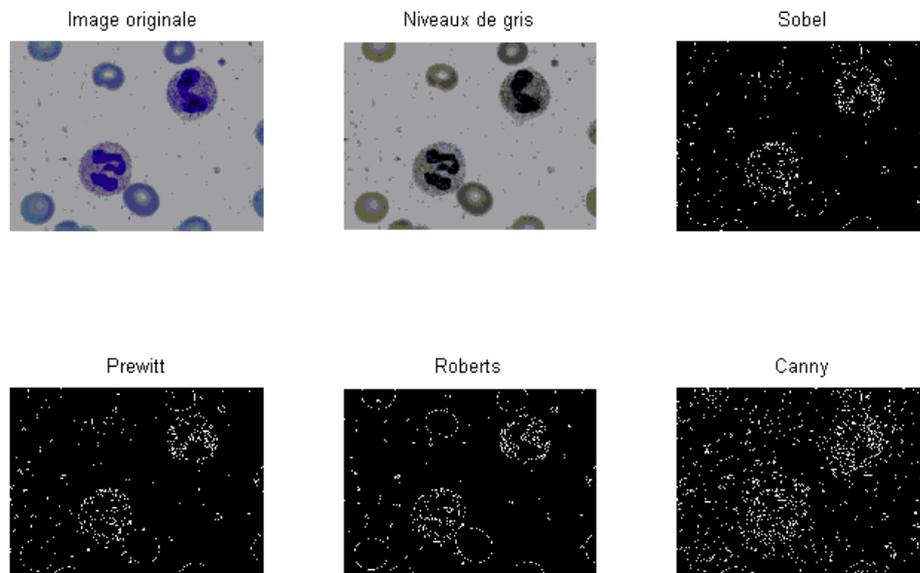


FIGURE 2.8 – *Détection de contour*

La détection de ces contours est réalisée à travers les célèbres opérateurs gradient (une fonction vectorielle : détermination du maximum) et laplacien (une fonction scalaire : passage par zéro). On ne peut pas passer sans citer les opérateurs de Roberts, Prewitt et Sobel qui estiment la dérivée directionnelle de l'image par rapport à un axe. Ils sont très sensibles aux bruits mais ils ont le mérite d'être les pionniers de la détection de contours. Quant au filtre de Canny, une optimisation est rajoutée pour satisfaire les critères de *bonne localisation* et *bonne détection*.

### 3.2.2 Région

La segmentation par l'approche région partitionne l'image en zones d'intérêts correspondantes à des objets de la scène. Elle utilise des techniques d'identification et de localisation d'entités connexes de pixels. La classification est une discipline qui a boosté le traitement d'image, puisque

cette dernière s'est retrouvée comme un de ses champs d'application. Les pixels de l'image sont séparés en plusieurs classes où chacune représentera une région. Nous dressons dans les prochaines sous-sections un panel des différentes théories de classification.

– *Classification Déterministe Supervisée :*

Le réseau de neurones artificiels est indéniablement l'une des méthodes supervisées les plus connues et reconnues pour ses performances. Les réseaux de neurones artificiels sont des réseaux fortement connectés de processeurs élémentaires fonctionnant en parallèle. Chaque processeur élémentaire(neurone) calcule une sortie unique sur la base des informations qu'il reçoit(couches précédentes). Toute structure hiérarchique de réseaux est évidemment un réseau. Les liaisons entre les neurones sont assurées par des synapses et chacun est associé à un poids synaptique.

En segmentation d'images médicales, les réseaux de neurones sont utilisés comme classifieurs supervisés et les poids synaptiques sont déterminés par apprentissage sur une base d'image dont le résultat de segmentation est connu, et la fonction de sortie introduit une non-linéarité à chaque étape.

– *Classification Déterministe Non-Supervisée :*

**k-moyennes** est un algorithme de partitionnement de données relevant des statistiques et de l'apprentissage automatique (plus précisément de l'apprentissage non supervisé).

Le principe de la méthode des k-moyennes (k-means), est que la classification se fait sur la base du critère des plus proches voisins. Elle a l'avantage d'être efficace et très rapide et l'inconvénient d'user toutes les ressources de l'ordinateur à l'instar des méthodes de classification hiérarchique. Elle procède par le calcul pour chaque point sa distance à tous les autres. Elle effectue ensuite un tri et enfin elle agrège les individus les plus proches.

La particularité de la méthode des "k-means", est que le nombre de classes(clusters)  $k$  doit être spécifié préalablement. L'algorithme commence par partitionner les points en  $k$  ensembles initiaux sur la base d'un tirage aléatoire sans remise de  $k$  individus à partir de la population à classifier, soit au hasard, soit en utilisant une heuristique (car la solution dépend grandement des ensembles initiaux). En terme de performance, cet algorithme ne garantit pas un optimum global.

L'algorithme des c-moyennes floues (**FCM - fuzzy c-means**) introduit par Dunn (1973) généralise l'algorithme des k-moyennes en permettant la classification floue basée sur la théorie des ensembles flous.

**Mean shift** est connu sous le nom de la fenêtre de Parzen dans la littérature de reconnaissance de formes(Duda et al. 2012), c'est une technique simple et non paramétrique pour l'estimation de la densité, qui a été proposée par (Fukunaga and Hostetler 1975) et récemment généralisée par (Comaniciu and Meer 2002). Son principe réside dans la recherche du "mode" ou le point de plus haute densité d'une distribution de données, et de localiser les maxima locaux d'une fonction de densité par la recherche des zéros de son gradient.

La procédure de segmentation dans ce cadre est la suivante :

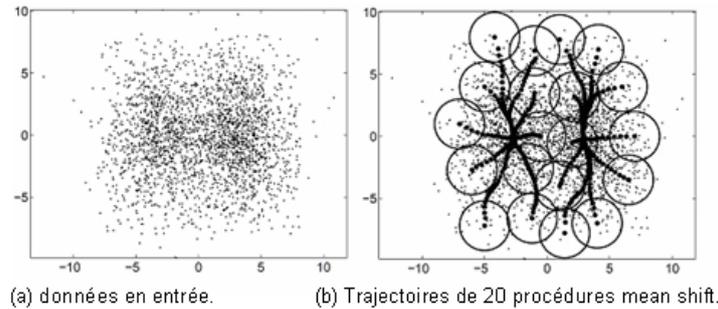


FIGURE 2.9 – Recherche des pics à travers des itérations mean shift.

1. Extraire des caractéristiques de l'image ( couleur, texture, etc.)
2. Choisir une répartition uniforme des fenêtres de recherche initiales.
3. Calculer le centroïde des données pour chaque fenêtre.
4. Centrer la fenêtre de recherche sur le centroïde de l'étape 3.
5. Répéter les étapes 3 et 4 jusqu'à convergence.
6. Fusionner les fenêtres se trouvant au même point final.
7. Grouper les données traversées par les fenêtres fusionnées.

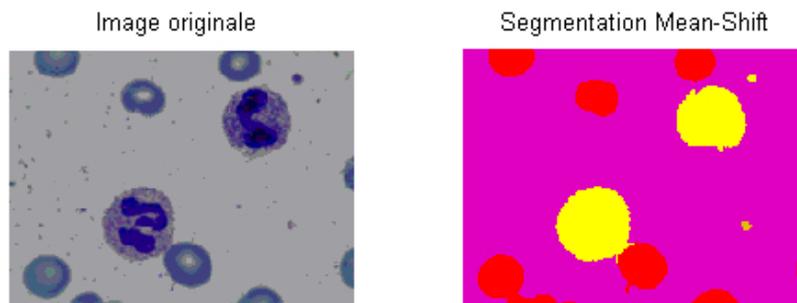


FIGURE 2.10 – Segmentation Mean shift d'image cytologique

Un exemple d'application de la procédure mean shift est lancé, les centres sont calculés, puis tailler pour délimiter les clusters, et enfin regrouper les régions avec la condition qu'elles appartiennent à la même fenêtre spatiale de rayon  $h_s$  et la même fenêtre range de rayon  $h_r$ . Une étape optionnelle peut être ajoutée à la fin du processus de segmentation, qui consiste à supprimer des régions ayant une superficie inférieure à un seuil ( $M$  à déterminer), cette étape peut nous aider à éliminer les plaquettes et les artefacts.

– *Classification Probabiliste Paramétrique :*

Dans les **modèles de mélanges**, très utilisés en classification automatique, on considère qu'un échantillon de données suit, non pas une seule loi de probabilité, mais une loi dont la fonction de densité est issue d'une densité mélange. Bien que n'importe quelle loi puisse être utilisée, la plus courante est la loi normale dont la fonction de densité est une gaussienne. On parle alors de mélange gaussien (GMM pour Gaussian Mixture Model). Formellement, le paramètre global du mélange est défini par  $\Phi = (\pi_1, \dots, \pi_g, \theta_1, \dots, \theta_g)$  où les  $\pi_i$  sont les proportions des différents groupes et  $\theta_i = (\mu_i, \Sigma_i)$  sont les paramètres de chaque loi normale et le nombre de groupes  $g$  étant fixé a priori.

La principale difficulté de cette approche consiste à déterminer le meilleur paramètre  $\Phi$ . Pour cela, on cherche habituellement le paramètre qui maximise la vraisemblance. L'estimation des paramètres peut être effectuée au moyen de l'algorithme EM (Expectation-maximisation). C'est un algorithme itératif permettant de dégager l'obstacle de la détermination de  $\Phi$ , l'algorithme alterne des étapes d'évaluation de l'espérance (E), où l'on calcule l'espérance de la vraisemblance en tenant compte des dernières variables observées, et une étape de maximisation (M), où l'on estime le maximum de vraisemblance des paramètres en maximisant la vraisemblance trouvée à l'étape E.

Une fois l'estimation effectuée, la classification passe par l'attribution de chaque individu à la classe à laquelle il appartient le plus probablement via la règle d'inversion de Bayes.

– *Classification Probabiliste Non-Paramétrique :*

À la différence des mélanges de lois qui ne tiennent pas compte de la répartition spatiale des pixels, le formalisme des **champs de Markov** permet d'effectuer une segmentation de l'image en prenant en compte les interactions avec les pixels voisins. Autrement dit, les caractéristiques d'un pixel dépendent aussi des caractéristiques des pixels voisins en se basant sur le calcul des probabilités conditionnelles locales obtenues par le théorème de Hammersley-Clifford grâce au champ de Gibbs en l'exprimant sous forme d'une énergie globale (Geman and Geman 1984).

Une image est considérée comme une réalisation d'un champ aléatoire  $E$  (champ des étiquettes) dont les variables sont indexées par l'ensemble des sites de l'image  $S$ , tel que chaque site prend ses valeurs dans l'ensemble des observations (niveau de gris, couleur, etc..). On utilise généralement les algorithmes de relaxation (stochastique de type Recuit Simulé) pour la fonction d'énergie globale.

**Support Vector Machines** traduit par l'appellation de Séparateurs à Vaste Marge (SVM) sont une classe d'algorithmes d'apprentissage définis pour la discrimination binaire. Basés sur la recherche de l'hyperplan de marge optimale qui sépare correctement les données tout en étant le plus éloigné possible de toutes les observations. Cette approche découle directement des travaux de Vapnik en théorie de l'apprentissage en ramenant le problème de la discrimination à celui, linéaire, de la recherche d'un hyperplan optimal. Deux étapes seront nécessaires : définir premièrement l'hyperplan comme solution d'un problème d'optimisation sous contraintes et la deuxième concerne la recherche de surfaces séparatrices non linéaires qui est obtenue par l'introduction d'une fonction noyau (kernel) réalisant une transformation non linéaire des données vers un espace intermédiaire (feature space) de plus grande dimension. Ce principe de séparation de l'espace de caractéristiques s'applique très bien à la segmentation d'images.

La **croissance de régions** (growing-region) est un procédé itératif, cette technique fait grossir progressivement les régions autour d'un point initial. L'algorithme commence par trouver les points de départ (seeds) des régions ensuite les accroître par agglomérations des pixels voisins.

Le choix des points de départ est l'étape critique de l'algorithme, il convient de les choisir dans des zones les plus homogènes possibles, au-

trement la mesure de similarité va produire de fortes variations et la croissance va s'arrêter très tôt. On peut utiliser le principe de décomposition utilisé dans l'algorithme split/merge, la décomposition finale produit une liste de blocs homogènes et le centre des plus gros blocs constituera de bons points de départ. L'étape de croissance définit un indicateur d'homogénéité qui contrôlera l'union avec les pixels voisins.

### 3.2.3 Approches Structurelles

#### – Gradient Morphologique :

La morphologie mathématique, offre un cadre intéressant pour l'approche contour de la segmentation, basée sur les deux opérations que sont l'érosion et la dilatation. Pour obtenir l'image érodée (respectivement dilatée), on attribue la valeur minimale (respectivement maximale) qu'elle prend dans le domaine de l'élément structurant B et ce, à chaque nouveau déplacement de B. L'érosion est une transformation qui a pour propriétés de réduire les "pics" et d'élargir les "vallées", alors que la dilatation comble les "vallées" et épaissit les "pics".

la détection des contours d'une image par gradient morphologique consiste à effectuer une dilatation et une érosion de l'image initiale, puis de soustraire ces 2 images. Cette méthode est plus intuitive : la dilatation agrandit les objets, l'érosion les rétrécit, la différence des deux, donne les contours.

#### – Ligne de Partage des Eaux :

Considère une image comme un relief topographique, dont on simule l'inondation. Cette approche suppose qu'on représente les images en termes géographiques, où l'on associe à chaque pixel une altitude relative à son niveau de gris (couleur ou texture). Il est alors possible de définir la ligne de partage des eaux (watershed) comme étant la crête formant la limite entre deux bassins versants.

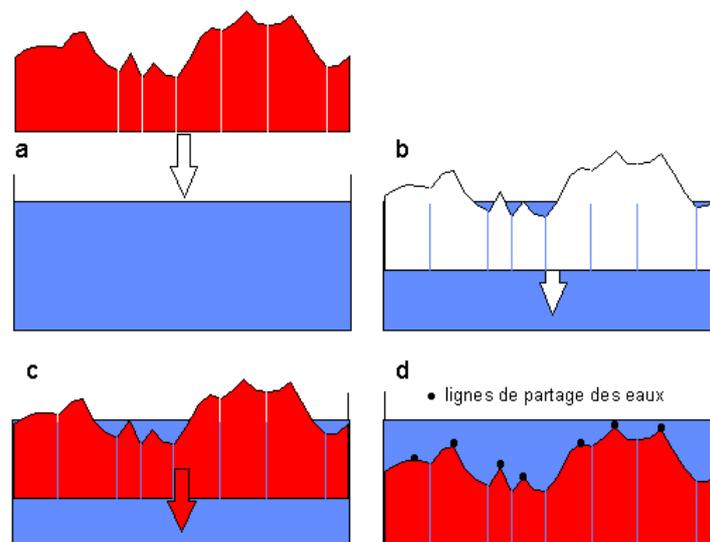


FIGURE 2.11 – Principe de segmentation watershed

Pour l'obtenir, il faut imaginer l'immersion d'un relief dans de l'eau, en précisant que l'eau ne peut pénétrer dans les vallées que par ses mi-

nima (voir figure 2.11). La ligne de partage des eaux est représentée par les points où deux lacs disjoints se rejoignent au cours de l'immersion. Elle possède l'avantage de fournir des régions délimitées par des contours fermés formant une partition de l'image, mais présente l'inconvénient d'observer une sur-segmentation de l'image, faisant apparaître des lignes de crête en dehors des objets, ainsi qu'à l'intérieur d'objets convexes.

### 3.2.4 Forme

Cette catégorie d'approches a tendance à privilégier la recherche d'une région qui dérive d'une forme particulière.

- *Recalage d'atlas* : Un appariement est réalisé entre l'image de référence (l'atlas) et l'image à segmenter via un algorithme de mise en correspondance. Une superposition des informations des deux images est effectuée pour avoir ce qu'on appelle un recalage.

Le recalage d'atlas est utilisé pour segmenter le cerveau, le cervelet des images IRM. Pour cela un atlas anatomique, constitué d'une représentation de l'anatomie associée à une image de celle-ci ; le recalage de cet atlas permet de contourner automatiquement les organes du patient et ainsi obtenir un gain de temps considérable.

- *Transformation dans un sous-espace* :

En restant constamment concentré sur la forme à extraire, ces méthodes consistent à transformer en sous espace et trouver des approximations.

La technique des **Ondelettes** est un outil mathématique avéré particulièrement efficace pour le débruitage, la compression et la mise en valeur de formes les plus significatives de l'image. C'est une décomposition en sous-bandes avec une transformation par projection sur des bases orthogonales ; ou encore une approximation avec une optimisation dans la fenêtre d'analyse qui est censée remplacer ou pallier certaines carences de la Transformée de Fourier Rapide (FFT :Fast Fourier transform ). Cette dernière décompose l'image en phase et en amplitude, tandis les ondelettes la décomposent en base orthogonale.

Il existe d'autres modèles qui s'intéressent à la forme, nous citons les **Harmoniques Sphériques** qui sont des fonctions harmoniques<sup>2</sup> particulières. Le **Modèle actif de Forme** consiste à tracer une forme initiale et à la déformer jusqu'à ce qu'elle coïncide avec un objet ou une région de l'image. Ce type exige que la courbe soit placée dans la zone d'intérêt de l'image ou autour d'un objet.

Le **Modèle Actif d'Apparence** est une méthode utilisée pour la segmentation dans les domaines de détection, reconstruction et reconnaissance d'objets. Elle utilise la connaissance a priori des variations de forme et de texture d'observations. À l'aide d'un modèle statistique de la forme et de son apparence, un appariement est réalisé pour trouver les paramètres qui minimisent la différence entre l'image et un prototype.

- *Forme paramétrique* :

Faire évoluer un contour ou une surface vers les frontières de la région d'intérêt. En effet, cette déformation est exprimée par des forces qui s'appliquent sur les points de contrôle du contour paramétré.

2. une fonction est dite harmonique lorsque son laplacien est nul.

Les **contours actifs** (snakes) utilisent un modèle de courbe déformable qui épouse la forme des objets. Introduit par Kass et al. (1988), Une courbe en deux dimensions est réalisée à partir d'une série de points mobiles, cette courbe sera positionnée dans la zone d'intérêt de l'image. Elle évolue itérativement en se déplaçant pour lui faire épouser une forme.

– *Forme discrète :*

Pour remédier aux faiblesses des snakes liées à leur incapacités de gérer les changements de topologies, les chercheurs ont proposé des contours actifs non-paramétriques, ou implicites, encore appelés ensemble de niveau. Les méthodes les plus connues sont : *Level Set Géométrique* ou *Level Set Géodésique*.

### 3.2.5 Théorie des Graphes

Un nombre important de travaux ont été publiés sur l'application de la théorie des graphes au traitement d'images, notamment en segmentation d'images. L'image peut être vue comme un graphe  $G = (V, E)$  où les pixels représentent les nœuds du graphe, leur similarité (affinité, adjacence, ressemblance) conditionne les poids  $w$  des arcs du graphe. Segmenter une image hiérarchiquement revient donc à partitionner récursivement le graphe correspondant.

– *Hypergraphes :*

Soient  $V = \{v_1, v_2, v_3, v_4, v_5, v_6, v_7\}$  un ensemble,  $E = \{e_1, e_2, e_3, e_4\} = \{\{v_1, v_2, v_3\}, \{v_2, v_3\}, \{v_3, v_5, v_6\}, \{v_4\}\}$  une famille de parties de  $V$ . Un hypergraphe  $H$  est un couple  $(V, E)$  tels que les éléments de  $V$  sont les sommets de  $H$ , les éléments de  $E$  sont les arêtes ou hyper-arêtes de  $H$ .

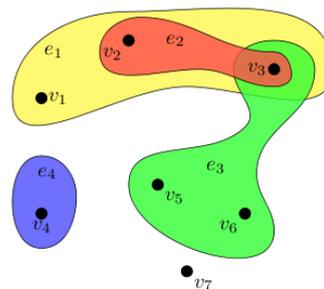


FIGURE 2.12 – Un exemple d'Hypergraphe

C'est une généralisation de la notion de graphe en introduisant le concept d'hyper-arête, où elles peuvent désormais relier plusieurs sommets. Berge (1973) propose une contribution pour le traitement d'image avec la notion d'hypergraphe de voisinage. Dans cet hypergraphe, les sommets sont les pixels de l'image et les hyper-arêtes relient les pixels voisins, s'il s'agit d'images couleur on peut ajouter un critère de distance colorimétrique (i.e. les hyper-arêtes ne contiennent que les pixels de couleurs "proches"), on obtient un hypergraphe de voisinage colorimétrique qui nous donne une notion de gradient d'intensité. La segmentation peut aussi bien se baser sur d'autres critères que la couleur comme les arêtes intersectantes dites étoiles (Bretto et al. 2002).

– *Graph Cuts* :

La segmentation d'images par Graph Cut permet d'obtenir très rapidement, par minimisation globale d'une fonction de coût appropriée, une partition binaire objet/fond d'une image 2D. Quand la forme de l'objet est connue et que les contours de l'objet sont mal définis, le processus de segmentation peut être efficacement guidé par un a priori.

La méthode Graph Cut présente une approche complètement différente en utilisant un graphe non orienté. Conceptuellement, l'image à segmenter est convertie en un graphe où chaque pixel est représenté par un nœud intermédiaire. Ensuite, un lien est créé entre chaque nœud intermédiaire voisin, exprimant le concept de voisinage dans l'image. Elle se base sur une approche markovienne, elle doit inclure implicitement les termes de vraisemblance et d'a priori à sa structure particulière. Le poids d'un lien reliant un nœud intermédiaire et un nœud terminal, représente le terme de vraisemblance du pixel vis-à-vis de la classe en question. Pour ce qui est du poids d'un lien reliant deux nœuds intermédiaires voisins, celui-ci exprime le terme d'a priori.

Une fois le graphe construit, la méthode Graph Cut utilise un algorithme d'optimisation nommé Max-Flow/Min-Cut servant à séparer le graphe en deux sections, chacune d'elles devant contenir un nœud terminal. La technique consiste à envoyer du flot d'un nœud terminal à l'autre jusqu'à saturation des liens du graphe (Max-Flow). Par la suite, l'algorithme détermine la coupe optimale du graphe, c'est-à-dire celle pour laquelle la somme des poids des liens coupés est minimale (Min-Cut). Puisque la coupe sépare le graphe en deux sections, chaque nœud appartient maintenant à la classe représentée par le nœud terminal auquel il est lié.

Cet algorithme cherche à minimiser l'énergie globale de la segmentation, et l'avantage de cette méthode est qu'elle converge toujours vers le minimum global de la fonction d'énergie. De plus, l'algorithme converge beaucoup plus rapidement (Boykov et al. 2001).

### 3.3 La classification pixellaire

La segmentation d'image basée sur la classification de pixels, est une technique qui consiste à affecter à chaque pixel de l'image une classe qui définit les régions à extraire de l'image. En effet, ces méthodes effectuent une séparation dans l'espace des paramètres caractéristiques, de telle sorte qu'une projection dans cet espace montre clairement l'existence des frontières linéaire ou non-linéaire entre les classes de l'image.

Notons toutefois qu'une frange de chercheurs ne peut pas considérer la classification pixellaire comme une technique de segmentation au sens strict du terme. Ce "*déni*" est justifié par le fait que cette méthode ne vérifie pas la connexité, qui est considérée un des prédicats de la segmentation. Par contre, ils pensent qu'elle constitue une technique de pré-segmentation, et qu'il est par conséquent nécessaire de la faire suivre par un post-traitement afin d'obtenir une segmentation complète satisfaisant tous les prédicats.

Plusieurs travaux sont apparus traitant différentes techniques de classification pixellaire (Panda and Rosenfeld 1978, Altunbasak et al. 1998,

Vandenbroucke et al. 2003, Phung et al. 2005), nous pouvons résumer les différentes approches dans une des deux grandes familles :

### 3.3.1 La classification par histogrammes

Premièrement l'histogramme à une dimension  $1D$  est souvent employé dans la segmentation d'images couleur car elle présente l'avantage de ne pas nécessiter de connaissance a priori sur l'image. Les méthodes d'analyse d'histogrammes se différencient par l'espace couleur choisi ou la composante couleur la plus significative. Deuxièmement, l'utilisation de classification par histogrammes  $3D$  semble plus appropriée à la segmentation d'images couleur que celle par histogrammes  $1D$ . En effet, l'information couleur étant tridimensionnelle, une classe de pixels séparable dans un espace couleur à trois dimensions, peut ne pas l'être par la projection selon une composante (Soille 1996, Shafarenko et al. 1998).

### 3.3.2 Clustering

Ce sont d'autres approches différentes par rapport à celles de l'histogramme, car elle présente l'espace couleur en sous-espaces homogènes selon un critère de ressemblance des couleurs de pixels. Ces méthodes analysent, dans l'espace couleur considéré, les nuages formés par les points associés aux pixels et tentent de retrouver  $k$  nuages correspondants aux  $k$  classes de pixels de l'image. Différents algorithmes de classification de pixels existent dans la littérature, on citera dans ce qui suit les algorithmes de classification de pixels non-supervisés et les algorithmes de classification de pixels supervisée.

- **La classification de pixels non supervisée** : est une classification sans apprentissage qui consiste à découper l'espace de représentation en zones homogènes selon un critère de vraisemblance entre les pixels. Cette approche est utilisée pour effectuer une classification de pixels, sans connaissance a priori sur l'image (Pappas 1992, Park et al. 1998).
- **La classification de pixels supervisée** : est bien évidemment avec apprentissage, elle consiste à définir une fonction de discrimination effectuant une séparation dans l'espace de représentation à partir d'une connaissance des classes de l'image. Ce type de classification nécessite la création d'une base d'apprentissage faisant intervenir ce qu'on appelle une segmentation vérité terrain (ground truth) (Panda and Rosenfeld 1978, Vandenbroucke et al. 2003).

Cependant, il y a certaines précautions liées à l'utilisation de la classification pixellaire : Commenant par la taille de la base, l'agrandissement de cette base d'apprentissage pour quelques algorithmes améliore sensiblement le taux de classification mais provoque en contre partie un temps d'apprentissage prohibitif et la complexité de la fonction de décision produite devient alors très gourmande en temps de calcul.

Le choix du nombre de classes est une tâche qui s'est avérée difficile pour la classification pixellaire, et cela dans le but d'extraire de façon précise les différents objets jugés importants d'une image. Une connaissance

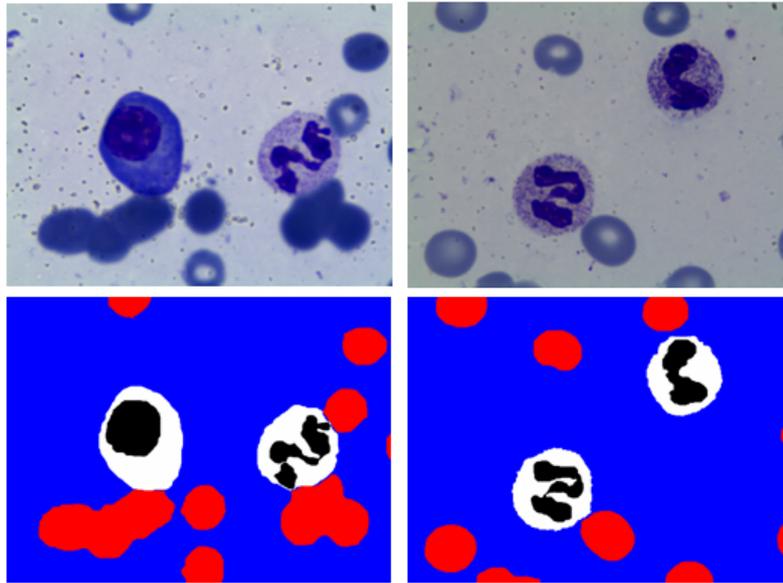


FIGURE 2.13 – Visualisation du nombre de classes à partir des images originales et vérité terrain.

a priori de l'image et du contexte applicatif est donc un facteur intéressant pour déterminer convenablement ce paramètre.

Il existe des travaux où l'on opte pour un nombre de classes plus important afin d'obtenir de très fines précisions de segmentation, et procéder subséquemment à une fusion de classes afin de remédier à cette pseudo sur-segmentation et revenir au nombre d'objets extraits désiré. A titre d'illustration, nous montrons dans la figure 2.13 que nous avons opté pour quatre classes d'objets dans la définition de notre plate-forme de cellules cytologiques. Le leucocyte (Globule blanc) est représenté par deux classes : noyau et cytoplasme, l'hématie (Globule rouge ou érythrocyte) par une seule classe et le plasma (fond de l'image ou background) par une classe. Il est important de signaler que nous avons omis de représenter les plaquettes par une classe à part entière. Ce choix est justifié par deux raisons majeures. La première est liée à leurs tailles jugées négligeables par rapport aux autres, la deuxième pour éviter d'altérer le paramétrage du classifieur, car il est impossible de réaliser un apprentissage sur cette classe ; de part sa sporadicité manifestée par une irrégularité colorimétrique engendrant une confusion avec les autres classes ainsi que les artéfacts.

Essentiellement dans le cadre d'une classification de pixels supervisée, il faudra également apporter une attention particulière à la confection de deux bases ; une pour l'apprentissage et l'autre pour le test.

1. **La base d'apprentissage** : est généralement construite à partir de certaines images (et non toutes les images existantes), contenant des objets d'une grande variabilité et segmentées manuellement par un ou plusieurs experts. Cette expertise permet d'attribuer une classe à chaque pixel de l'image de sorte que le système puisse effectuer un apprentissage pour qu'il soit en mesure d'associer de façon plus sûre une classe à un pixel non appris. Ainsi et pour des contraintes liées

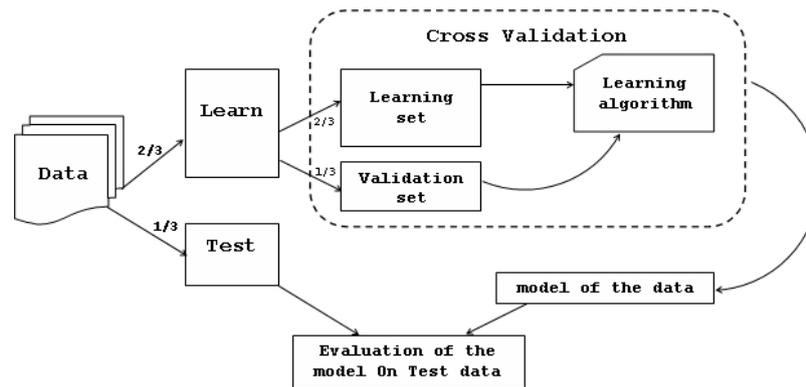


FIGURE 2.14 – Protocole d'apprentissage et test.

à la complexité et au temps de généralisation et de traitement, il est plus commode de sélectionner un ensemble représentatif de chaque classe plutôt que de prendre tous les pixels des images prédestinées à l'apprentissage.

2. **La base de tests** : est habituellement créée à partir d'images n'ayant pas contribuées à l'apprentissage et contenant des objets d'une grande variabilité. Cette base de tests a pour objectif d'éprouver la capacité de séparation des algorithmes de classification de pixels en comparant les résultats obtenus des images qui n'ont pas été apprises par le système avec les images de référence vérité terrain. On peut aussi bien utiliser cette base de tests dans le cadre de classification pixellaire non-supervisée.

Il est alors conseillé pour cette démarche d'utiliser des images représentatives mais variées de sorte que le système puisse apprendre tous les types d'objets sans en omettre, et permettre ainsi d'obtenir de bons taux de reconnaissance sur des images inconnues.

En illustration, nous montrons sur la figure 2.15 quelques images dévoilant la variabilité des classes sur différentes images. On peut remarquer une nette différence d'intensité lumineuse entre le plasma des images (a) et (b) et cela est dû principalement à l'éclairage du microscope. La concentration et l'entassement des hématies provoquent un contraste (sombre dans l'image c et plus clair dans l'image f). Les images (d), (e) et (f) renferment plusieurs leucocytes dont la classe cytoplasme présente une parfaite dissimilitude.

### 3.3.3 Évaluation de la segmentation

En traitement d'images toutes catégories confondues, nous assistons depuis plusieurs décennies à un foisonnement de méthodes pour la segmentation des images, le problème de l'évaluation est devenu crucial du moment que les chercheurs ont besoin de comparer un nouvel algorithme par rapport à ceux préexistants, ainsi que pour les utilisateurs afin de choisir un algorithme et régler ses paramètres en fonction du problème à résoudre.

Les critères d'évaluation quantitative découlent de deux groupes, à condition de disposer ou non d'une "vérité-terrain" qui constitue une segmentation de référence. L'évaluation visuelle de résultats de segmentation

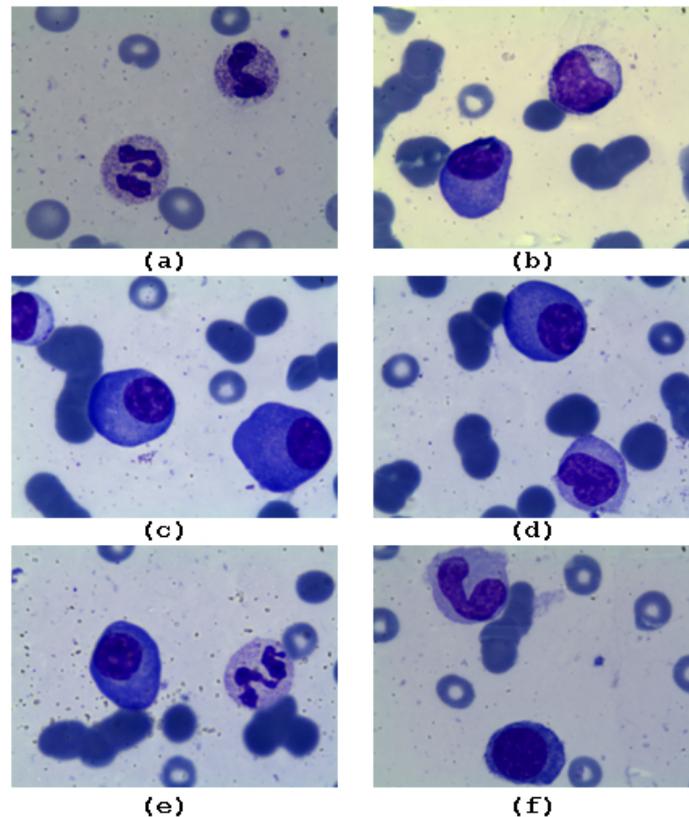


FIGURE 2.15 – Variabilité des classe d'images en imagerie microscopique

reste toujours présente et particulièrement dans domaine médical, mais présente l'inconvénient lié à sa mise en œuvre qui s'avère particulièrement longue et fastidieuse pour les experts. Il devient alors primordial de procéder à une évaluation complètement automatisée.

Nous allons présenter dès à présent, un état de l'art succinct des différentes méthodes d'évaluation existantes que nous classons dans les deux groupes précédemment cités, ensuite nous proposons une nouvelle méthode d'évaluation spécialement adaptée aux attentes des experts du domaine de la cytologie médullaire.

– **Sans vérité-terrain :**

Dans la littérature, plusieurs critères d'évaluation de segmentation sans vérité terrain ont vu le jour, qu'on peut classer dans deux archétypes. Soit basé sur des critères de *contraste* qui recherchent une variabilité inter-région, ou sur des critères d'*adéquation* à un modèle qui recherche une uniformité en intensité ou en couleur à l'intérieur des régions.

Ces évaluations cherchent à quantifier la qualité ou la lisibilité de l'image, ils ont l'avantage de ne pas nécessiter de vérité terrain ou de segmentation de référence. Leur utilisation est justifiée dans des domaines d'application où la construction d'une base de vérité terrain est délicate ou trop coûteuse en temps. Parmi les critères les plus couramment trouvés dans la littérature traitant de l'évaluation des méthodes de segmentation sans vérité terrain, on trouve :

1. Critère d'uniformité intra-région de Levine et Nazif : est basé sur

la minimisation de la somme des variances de régions (Levine and Nazif 1985);

2. Contraste inter-région de Levine et Nazif : basé sur le calcul la somme des contrastes des régions (Levine and Nazif 1985);
3. Contraste de Zeboudj : prend en compte le contraste intérieur et extérieur aux régions mesurées sur un voisinage de chaque pixel (Cocquerez and Philipp 1995);
4. Mesure de dissimilarité de Liu et Yang : intègre trois paramètres qui sont le nombre de régions, l'aire des régions et la couleur moyenne de chaque région (Liu and Yang 1994);
5. Critère de Borsotti et al. : est une amélioration de la mesure de Liu et Yang présentée ci-dessus qui avait pour inconvénient de pénaliser les segmentations ayant un nombre de régions trop importantes ou ayant des régions non homogènes en couleur (Borsotti et al. 1998);
6. Critère de Rosenberger : basé sur le calcul de la disparité intra-région et la disparité inter-région (Chabrier et al. 2004).

– **Avec vérité-terrain :**

Acquérir une segmentation de référence ou d'une vérité terrain est parfois difficile pour plusieurs causes. La première réside dans l'incapacité d'obtenir un nombre suffisant d'images pour constituer une base de référence du fait dans certains cas de la nature de ces images, la deuxième est liée au problème de concordance entre les experts (absence d'une harmonie), ou encore il est souvent pénible de délimiter les pourtours de régions (présence de flou lors de l'acquisition, de bruit, de débordement de coloration) et pour finir le temps excessif que doit passer un expert pour segmenter finement une seule image.

Étant donné qu'on dispose d'une segmentation de référence, les méthodes d'évaluations seront basées sur une mesure de similarité entre l'image segmentée et sa vérité terrain. La définition de cette mesure de similarité fera la différence entre les évaluations suivantes :

1. Mesure de Vinet et al. : s'appuie sur un appariement biunivoque entre les régions des deux segmentations à comparer, en d'autres termes, détermine des couples de régions assurant un recouvrement maximum entre deux segmentations dont l'une correspond à la vérité terrain (Cohen et al. 1989);
2. Mesure de Martin : mesure la cohérence entre deux segmentations en se basant sur l'erreur calculée en chaque pixel mesurée, soit par l'erreur locale de cohérence, soit par l'erreur globale de cohérence (Martin 2002);
3. Mesure de Yasnoff et al. : consiste à compter le nombre de pixels mal segmentés tout en tenant compte de leur position (Yasnoff et al. 1978);
4. Distance de Baddeley : repose sur le calcul de cette distance, qui prend en compte, non seulement la position du site dans l'image, mais également son intensité (Wilson et al. 1997).

– **Une méthode d'évaluation adaptée à la cytologie médullaire :**

Dans un système d'aide à la décision et particulièrement le domaine médical, la méthode d'évaluation des résultats est capitale pour établir un diagnostic fiable. À cet effet, nous allons établir une méthode d'évaluation spécialement adaptée cytologie médullaire. L'utilisation d'images microscopiques et notamment de cytologie médullaire requiert un critère d'évaluation adapté à la nature des images à traiter et donc plus performant que ceux précités. Puisque notre segmentation des images cytologiques médullaires s'inspire de l'approche de segmentation par classification pixelaire, il convient alors d'opter pour une évaluation de segmentation basée sur des évaluations des performances du classifieur. Nous rappelons que notre classification pixelaire a été réalisée avec un classifieur supervisé, et par conséquent nous présentons ci-dessous les critères d'évaluation les plus communément utilisés.

On se base sur un appariement des pixels des images segmentés et vérité terrain, et on calcule le nombre de pixels correctement identifiés et les pixels mal classés. On entend par un mal classé, soit un pixel de la classe C dans l'image de référence n'est pas reconnu comme étant de la même classe dans l'image segmentée, ou bien un pixel n'étant pas de la classe C dans l'image segmentée est reconnu comme étant de la classe C dans l'image de référence.

On définit dans un test de classification binaire, un résultat est dit :

- Vrai Positif (TP : True Positif) lorsqu'un item est correctement détecté par le test ;
- Faux Positif (FP : False Positif) est le résultat pour un item déclaré positif alors qu'il ne l'était pas ;
- Faux Négatif (FN : False Negatif) pour un item déclaré négatif alors qu'il était en réalité positif ;
- Vrai Négatif (TN : True Negatif) est l'item correctement déclaré comme négatif.

– **Matrice de confusion deux classes :**

		Réel	
		Positive	Negative
Prédit	Positive	<i>TP</i>	<i>FP</i>
	Negative	<i>FN</i>	<i>TN</i>

– **Précision, Rappel et Accuracy :**

Dans une tâche de classification, la "*Précision*" d'une classe est le nombre de vrais positifs (c'est à dire le nombre d'éléments correctement étiquetés comme appartenant à la classe positive) divisé par le nombre total d'éléments étiquetés comme appartenant à la classe positive (la somme de vrais positifs et des faux positifs, qui sont des éléments incorrectement étiquetés comme appartenant à la classe). Le "*Rappel*" dans ce contexte est défini comme le nombre de vrais positifs divisé par le nombre total d'éléments qui appartiennent réellement à la classe positive (c'est à dire la somme des vrais positifs et des faux négatifs. Ces derniers sont des items qui ne sont pas étiquetés comme appartenant à la classe positive mais aurait dû l'être).

$$Precision = \frac{TP}{TP+FP}$$

$$Rappel = \frac{TP}{TP+FN} \quad (2.1)$$

$$Accuracy = \frac{TP+TN}{TP+FN+FP+TN}$$

– **Sensibilité et Spécificité :**

En statistique, la sensibilité d'un test mesure sa capacité à donner un résultat positif lorsqu'une hypothèse est vérifiée. Elle s'oppose à la spécificité, qui mesure la capacité d'un test à donner un résultat négatif lorsque l'hypothèse n'est pas vérifiée. Ces notions sont d'une importance majeure en épidémiologie.

$$Sensibilite = \frac{TP}{TP+FN}$$

$$Specificite = \frac{TN}{FP+TN} \quad (2.2)$$

– **Matrice de confusion Multi-classes :**

		Réel					
		C <sub>1</sub>	C <sub>2</sub>	...	C <sub>i</sub>	...	C <sub>n</sub>
Prédit	C <sub>1</sub>	c <sub>1</sub> <sup>1</sup>	c <sub>1</sub> <sup>2</sup>		c <sub>1</sub> <sup>i</sup>		c <sub>1</sub> <sup>n</sup>
	C <sub>2</sub>	c <sub>2</sub> <sup>1</sup>	c <sub>2</sub> <sup>2</sup>		c <sub>2</sub> <sup>i</sup>		c <sub>2</sub> <sup>n</sup>
	...						...
	C <sub>i</sub>	c <sub>i</sub> <sup>1</sup>	c <sub>i</sub> <sup>2</sup>		c <sub>i</sub> <sup>i</sup>		c <sub>i</sub> <sup>n</sup>
	...						...
	C <sub>n</sub>	c <sub>n</sub> <sup>1</sup>	c <sub>n</sub> <sup>2</sup>		c <sub>n</sub> <sup>i</sup>		c <sub>n</sub> <sup>n</sup>

- Prédiction correcte :  $c_i^i$
- Prédiction incorrecte :  $c_i^j$  avec  $i \neq j$

– **Précision, Rappel et Accuracy :**

$$Rappel(c_i) = \frac{c_i^i}{\sum_{j=1}^n c_j^i}$$

$$Precision(c_i) = \frac{c_i^i}{\sum_{j=1}^n c_i^j} \quad (2.3)$$

$$Accuracy = \frac{\sum_{i=1}^n c_i^i}{\sum_{i,j=1}^n c_i^j}$$

La méthode proposée fournit un indice de qualité sur la reconnaissance de toutes les classes de l'image, mais on donnera une attention particulière aux deux classes noyau et cytoplasme puisque celles-ci représentent la région d'intérêt.

### 3.4 Panorama des méthodes de classification

#### 3.4.1 Définition d'un classifieur :

Un classifieur est un algorithme  $f$ , qui pour toute entrée  $x \in S$ , retourne l'indice  $i$  de la classe dans laquelle se trouve  $x$  ( $x \in W_i$ ). Si  $\forall i \notin W_i$ , le classifieur ne retourne rien. Il désigne tout outil de reconnaissance qui

pour un vecteur reçu en entrée, donne des informations sur sa classe d'appartenance. Les réponses fournies par un classifieur qu'il soit non-supervisé ou supervisé peuvent être de type classe, rang ou mesure.

Dans tout ce qui suit, on considère la réponse fournie directement en sortie de classification pixellaire de type classe. Nous obtenons alors via une classification de pixels non-supervisée ou supervisée, pour chaque pixel de l'image, sa classe d'appartenance parmi les classes disponibles. Différents algorithmes de classification existent dans la littérature et peuvent postuler à une classification pixellaire, nous dressons une vue d'ensemble de quelques classifieurs supervisés et non-supervisés.

### 3.4.2 Algorithme des k-moyennes

L'algorithme des k-moyennes (k-means), appelé aussi algorithme des centres mobiles, est l'un des algorithmes de clustering les plus connus. Il est basé sur la méthode des centroïdes (ou centres de gravité); il partitionne automatiquement des pixels de l'image en  $k$  classes homogènes (MacQueen et al. 1967).

On se donne pour commencer,  $k$  centres arbitraires  $c_1, c_2, \dots, c_k$  où chaque  $c_i = \frac{1}{n_k} \sum_{z \in C_k} z$ , représente le centre de chaque classe  $C_k$  ayant  $n_k$  membres.

Après cette initialisation, on effectue une deuxième partition en regroupant les individus autour de nouveaux centres  $m_j$  qui prennent alors la place des  $c_j$  ( $m_j$  est le centre de gravité de la classe  $C_j$ , calculé en utilisant les nouvelles classes obtenues). Le processus est ainsi réitéré jusqu'à atteindre un état de stabilité où aucune amélioration n'est possible.

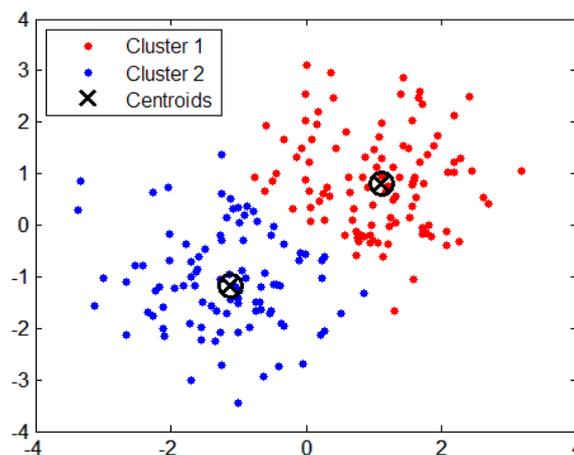


FIGURE 2.16 – K-means clustering.

Cet algorithme converge et présente l'avantage du point de vue calcul, mais il dépend essentiellement de :

- le paramètre  $k$  correspondant au nombre de classes, est soit fixé par l'utilisateur en utilisant des connaissances a priori sur l'image, soit de manière empirique en essayant différentes valeurs de  $k$  et en choisissant celle qui maximise un critère de qualité du clustering obtenu.
- la partition initiale des centres de gravité des différentes classes, elle est généralement initialisée de façon aléatoire. Une alternative consiste à fixer manuellement, basée sur des valeurs proches des cou-

leurs moyennes des pixels de chaque région. Cette alternative évite par exemple d'obtenir une classe vide si la position initiale de son centre de gravité est trop isolée dans l'espace des couleurs.

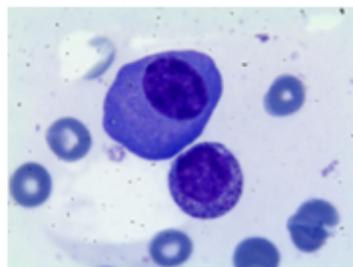
### 3.4.3 Algorithme des C-moyennes floues

L'algorithme des C-moyennes floues (FCM : Fuzzy C-means) a été proposé suite aux travaux de Bezdek (1973), son principe ne diffère pas beaucoup de l'algorithme des k-moyennes, si ce n'est qu'il est basé sur une classification floue.

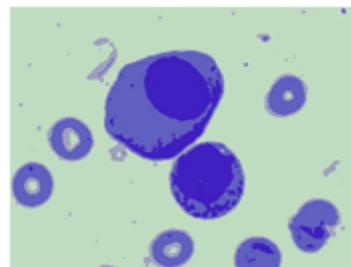
Cet algorithme utilise le degré d'appartenance à une classe dans l'intervalle  $[0,1]$ , il constitue une extension directe de l'algorithme classique c-means. L'idée est de former à partir des pixels non étiquetés  $c$  des clusters dont les pixels sont les plus semblables possibles. Le nombre de classes  $k$ , doit être connu avant de commencer, ainsi que l'indice de flou  $m$  (fuzziness) constituent les paramètres d'entrée. L'objectif est une optimisation du critère quadratique où la somme des écarts quadratiques intra-classes  $J(m)$  est à minimiser :

$$J_m(U, v) = \sum_{k=1}^n \sum_{i=1}^c (u_{ik})^m (d_{ik})^2 \quad (2.4)$$

où  $u_{ik}$  est le degré d'appartenance de l'échantillon  $k$  à la classe  $i$  et  $v_i$  est un vecteur à  $p$  composantes qui représente le centroïde de la  $i^{\text{ème}}$  classe.



**Image cytologique  
médullaire**



**Segmentation Fuzzy C-means  
m = 2, c = 4**

FIGURE 2.17 – Segmentation C-moyennes floues couleur

### 3.4.4 Algorithme des k-plus proches voisins

Fix and Hodges (1951) sont à l'origine de la méthode k-ppv (KNN : k-nearest neighbor), considérée comme une estimation non paramétrique de densité. Le pixel à classer est comparé aux autres pixels ayant déjà été classés, et on lui affecte la classe la plus représentée parmi les  $k$  plus proches. Dans le cas particulier  $k=1$ , c'est la classe de la forme la plus proche de la forme à classer qui est affectée à cette dernière. Pour que l'algorithme puisse démarrer, il faut utiliser un certain nombre d'exemples dont la classe est connue, auxquels vont être comparés les premiers pixels à classer. Les différents paramètres de l'algorithme, réglables par l'utilisateur, sont :

- le nombre d'exemples dont la classe est connue, utilisés au démarrage de l'algorithme ;
- la valeur de  $k$  ;
- la mesure de similarité (ex. : distance euclidienne).

**Algorithme :**

1. Choisir des exemples initiaux, dont la classe est connue
2. Pour chaque vecteur à classer :
  - Mesurer la similarité entre le pixel à classer et tous les pixels déjà classés ;
  - Déterminer les  $k$  pixels pour lesquels la similarité est la plus grande ;
  - Déterminer la classe la plus représentée parmi ces  $k$  pixels et affecter cette classe au pixel à classer.

**Propriétés :**

- Le premier inconvénient est dans le coût de calcul qui augmente avec le nombre de pixels déjà classés.
- Le résultat de classification dépend de l'ordre de présentation des exemples, d'où l'importance de faire une initialisation correcte.
- Le choix de  $k$  constitue un compromis : une petite valeur permet de définir des frontières compliquées entre les classes, mais présente une grande sensibilité au bruit ; une grande valeur permet de définir des frontières lisses et de présenter une insensibilité au bruit, mais ne permet pas de traiter le cas de classes possédant un effectif réduit (car dans ce cas il faut beaucoup d'exemples initiaux).
- La règle d'affectation définie dans l'algorithme comporte de nombreux cas indécidables. Par exemple, les cas où il n'y a pas une classe plus représentée que les autres dans les  $k$  plus proches voisins (exemple :  $k=3$  et nombre de classes = 3 également). Dans de tels cas, on peut soit imposer que la valeur de  $k$  respecte quelques contraintes par rapport au nombre de classes (par exemple il ne doit pas être un multiple du nombre de classes), ou choisir une règle de décision supplémentaire, comme par exemple les distances minimales.

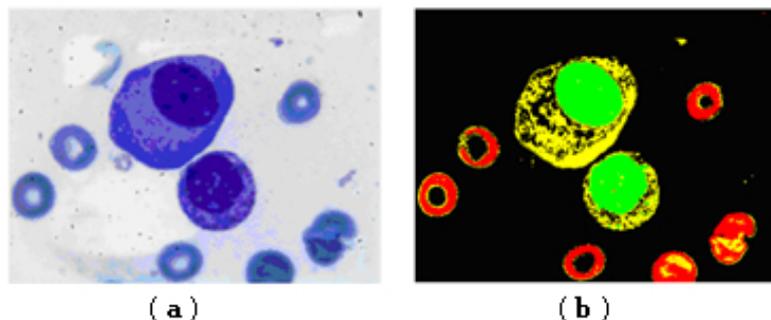


FIGURE 2.18 – Classification pixelaire avec  $K_{ppv}$  : (a) image originale et (b) image segmentée

### 3.4.5 Algorithme des Réseaux de Neurones Multi Couches

Les réseaux de neurones multicouches avec rétro-propagation de l'erreur du gradient (MLP : Multi Layer Perceptron) est un ancien algorithme,

très connu dans le domaine de classification et de régression. Cet algorithme a joui d'une grande popularité à une certaine époque, de part ses excellents résultats, la littérature abonde en termes d'applications

Le réseau est constitué d'une couche d'entrée (ex : paramètres caractéristiques du pixel), une ou plusieurs couches cachées (augmenter les capacités d'apprentissage), et une couche de sortie (fournir la classe). L'apprentissage se résume à modifier les poids reliant les neurones de façon à ce que la classe en sortie corresponde à celle du pixel présenté en entrée. Cette modification est effectuée par un algorithme de rétro-propagation. Afin d'obtenir une bonne généralisation, il reste deux paramètres à régler : la durée de l'apprentissage et le nombre de neurones cachés. Ils sont choisis de façon à minimiser le risque d'erreur déterminé à partir d'une base de tests. En plus de nombreux avantages que présente cet algorithme, nous citons quelques inconvénients :

- Modèle boîte noire (causalité descripteur / variable à prédire);
- Difficulté de paramétrage (nombre de neurones dans les couches cachées);
- Problème de convergence (optimum local);
- Danger de sur-apprentissage (utiliser impérativement un fichier de validation)

### 3.4.6 Algorithme des Machines à Vecteurs Supports

Les SVM (Support Vector Machines) constituent la forme la plus notoire des méthodes à noyaux, inspirées de la théorie statistique de l'apprentissage de Vladimir Vapnik. C'est un algorithme d'apprentissage supervisé, permettant d'apprendre un séparateur afin de réaliser une classification binaire. Cette méthode fut introduite par Vapnik (1995), elle constitue une alternative récente parmi les nombreux algorithmes dans le domaine de la classification.

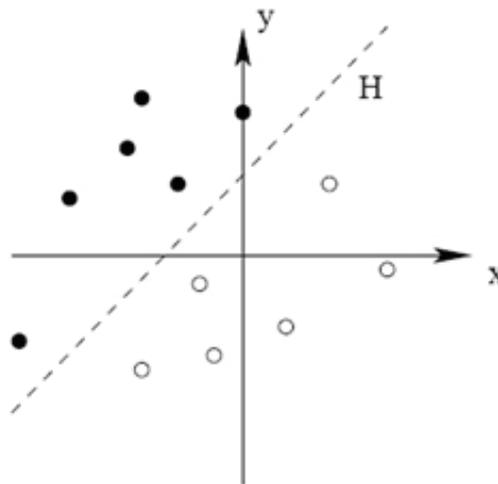
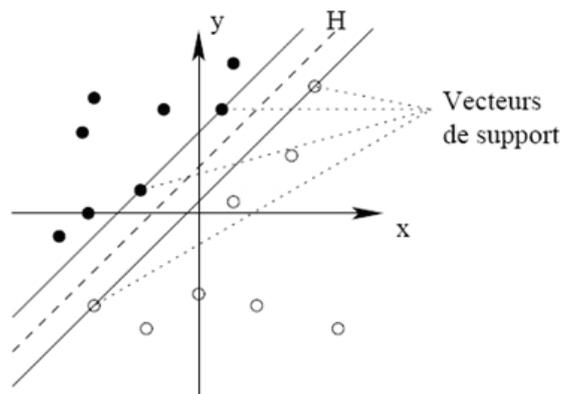
L'idée principale repose sur l'hypothèse qu'il existe une séparabilité linéaire entre les classes, si les données sont préalablement projetées dans un espace approprié, plus précisément à grande dimension. La projection est réalisée par l'utilisation de fonctions kernel  $k(.,.)$ .

On définit l'hyperplan par un classifieur linéaire qui va séparer les données et maximiser la distance entre ces deux classes, l'équation général de l'hyperplan est :  $a^T x + b = 0$ , avec :

- $a$  le vecteur normal de l'hyperplan.
- $x$  un vecteur de l'hyperplan.
- $b$  la distance minimale de l'hyperplan à l'origine.

Les points les plus proches, qui seuls sont utilisés pour la détermination de l'hyperplan, sont appelés vecteurs de support. En effet, on peut tracer une infinité d'hyperplan valides, mais l'objectif des SVM est de chercher un hyperplan optimal, le plus sûr. Formellement, cela revient à chercher un hyperplan dont la distance minimale aux exemples d'apprentissage est maximale. Comme on cherche à maximiser cette marge, on parlera de séparateurs à vaste marge.

La recherche du meilleur hyperplan de séparation peut alors se formaliser comme un problème de programmation quadratique sous contrainte linéaire. L'hyperplan fourni par les SVM est ainsi représenté comme une

FIGURE 2.19 – *Hyperplan séparateur*FIGURE 2.20 – *Les vecteurs de support*

combinaison linéaire de certains exemples de la base d'apprentissage appelés vecteurs de support.

Quel est l'avantage d'avoir une marge maximale? Le fait d'avoir une plus grande marge assure plus de confiance, sur la figure 2.21, on constate sur la partie gauche qu'avec une plus petite marge, le nouvel exemple se voit mal classé alors que sur la partie droite avec une plus grande marge, le nouvel exemple tombe dans la marge et reste bien classé.

On distingue les cas linéairement séparables et les cas non linéairement séparables (figure 2.22). Les premiers sont les plus simples car ils permettent de trouver facilement le classifieur linéaire. Par contre, les cas non linéairement séparables constituent la plupart des problèmes réels, il n'y a pas de séparation linéaire possible entre les données.

Pour surmonter les inconvénients liés au cas non linéairement séparable, les SVM procède à une transformation non linéaire des données pour permettre une séparation linéaire des exemples dans un nouvel espace, de plus grande dimension. Cette nouvelle dimension est appelée « espace de re-description ou espace de caractéristiques ». La transformation non linéaire est réalisée via une fonction noyau. En pratique, quelques familles de fonctions noyau paramétrables sont connues et il revient à l'utilisateur d'effectuer des tests pour déterminer celle qui convient le mieux

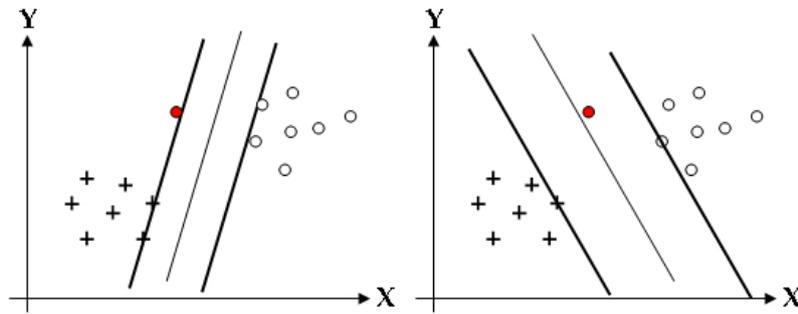


FIGURE 2.21 – Hyperplan optimal

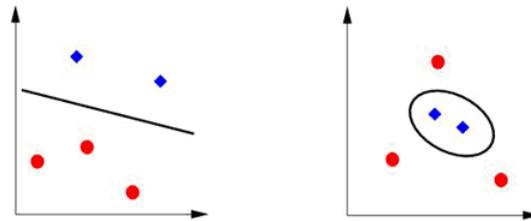


FIGURE 2.22 – Linéairement et non linéairement séparable.

pour son application. On peut citer les exemples de noyaux suivants : polynomiale, gaussien, sigmoïde et fonction radiale de base.

On considère qu'on dispose d'un ensemble d'apprentissage  $\{x_i, y_i\}$   $i = 1..m$ ,  $y_i \in \{-1, +1\}$ . Les points appartenant à l'hyperplan séparateur sont caractérisés par l'équation  $\langle w, x \rangle + b = 0$ , où  $w$  est un vecteur orthogonal à l'hyperplan et  $\frac{b}{\|w\|}$  est la distance entre l'hyperplan et l'origine. Ceci peut être formulé de la façon suivante :

$$\begin{aligned} \langle x_i, w \rangle + b &\geq +1 \text{ pour } y_i = +1 \\ \langle x_i, w \rangle + b &\leq -1 \text{ pour } y_i = -1 \end{aligned} \quad (2.5)$$

Ces deux hyperplans sont parallèles et aucun point d'apprentissage ne se situe dans la région délimitée par ces deux hyperplans. La marge est égale à  $\frac{2}{\|w\|}$ .

Nous pouvons ainsi trouver les deux hyperplans de marges maximales en résolvant le problème suivant :

- Minimiser  $\frac{1}{2} \|w\|^2$ .
- Sous la contrainte  $w \in \mathbb{R}^d : y_i(\langle w, x_i \rangle + b) - 1 \geq 0$ ,  $i = 1..m$ ,  $b \in \mathbb{R}$ .

Nous allons résoudre ce problème par un argument de dualité. Il y a deux raisons fondamentales qui justifient ce passage. Tout d'abord les contraintes s'expriment de façon plus simple dans le domaine dual; d'autre part, dans le problème dual, les observations apparaîtront uniquement sous la forme de produit scalaire entre les vecteurs d'apprentissage. Cette propriété est cruciale pour pouvoir généraliser ces méthodes au cas non linéaire. On passe du problème primal au problème dual en introduisant des multiplicateurs de Lagrange pour chaque contrainte.

$$\begin{cases} \max \sum_{i=1}^n \alpha_i - \frac{1}{2} \sum_{i,j} \alpha_i \alpha_j y_i y_j x_i x_j \\ \forall i, \alpha_i \geq 0 \\ \sum_{i=1}^n \alpha_i y_i = 0 \end{cases} \quad (2.6)$$

Si les  $\alpha_i^*$  sont des solutions de ce problème, alors on a :  $w^* = \sum_{i=1}^n \alpha_i^* \cdot y_i \cdot x_i$ . Seules les  $\alpha_i$  correspondants aux points les plus proches sont non nuls. On parle alors de vecteurs support. La fonction de décision associée est donc :  $w^* = \sum_{i=1}^n \alpha_i^* y_i x_i \cdot x + b$ .

Dans le cas non séparable (non linéarité / marge molle), on part du problème primal linéaire et on introduit des variables « ressort » pour assouplir les contraintes.

$$\begin{cases} \min \frac{1}{2} \|w^2\| + C \sum_{i=1}^n \zeta_i \\ \forall i, \alpha_i \geq 0 \\ \sum_{i=1}^n \alpha_i y_i \end{cases} \quad (2.7)$$

Où  $\zeta$  est une variable ressort d'une contrainte et C un coefficient de pénalisation du relâchement. On en déduit le problème dual qui a la même forme que dans le cas séparable :

$$\begin{cases} \max \sum_{i=1}^n \alpha_i - \frac{1}{2} \sum_{i,j} \alpha_i \alpha_j y_i y_j x_i x_j \\ \forall i, 0 \leq \alpha_i \leq C \\ \sum_{i=1}^n \alpha_i y_i \end{cases} \quad (2.8)$$

Fonction noyau :

$$\Phi : R^d \rightarrow F$$

$$x \mapsto \Phi(x)$$

Avec  $\text{card}(F) > d$ . On doit donc résoudre :

$$\begin{cases} \max \sum_{i=1}^n \alpha_i - \frac{1}{2} \sum_{i,j} \alpha_i \alpha_j y_i y_j \Phi(x_i) \Phi(x_j) \\ \forall i, 0 \leq \alpha_i \leq C \\ \sum_{i=1}^n \alpha_i y_i \end{cases} \quad (2.9)$$

et la solution est de la forme :  $f(x) = \sum_{i=1}^n \alpha_i^* y_i \Phi(x_i) \Phi(x_j) + b$ . Le problème et sa solution ne dépendent que du produit scalaire  $\Phi(x_i) \Phi(x_j)$ . Plutôt que de choisir la transformation non linéaire  $\Phi : \chi \rightarrow F$ , on choisit une fonction  $K : X \times X \rightarrow R$  appelée fonction noyau.

Condition de Mercer (1909) : Une fonction  $K$  symétrique est un noyau si  $k(x_i, x_j)_{i,j}$  est une matrice définie positive. Dans ce cas, il existe un espace  $F$  et une fonction  $\Phi$  tels que  $k(x, x') = \Phi(x) \cdot \Phi(x')$ .

Exemple de noyau (Chang and Lin 2011) :

1. linéaire :  $u' * v$
2. polynomial :  $(\text{gamma} * u' * v + \text{coef}0)^{\text{degree}}$
3. fonction radiale de base :  $\exp(-\text{gamma} * |u - v|^2)$
4. sigmoïde :  $\tanh(\text{gamma} * u' * v + \text{coef}0)$

# VISION HUMAINE ET ESPACES COULEUR

# 3

## SOMMAIRE

1	LA VISION HUMAINE . . . . .	46
1.1	La source lumineuse . . . . .	46
1.2	Le matériau . . . . .	48
1.3	Le récepteur humain : l'œil . . . . .	48
1.4	Le système d'interprétation : le cerveau . . . . .	49
2	LES MODÈLES DE REPRÉSENTATION . . . . .	51
3	LES ESPACES COULEUR . . . . .	52
3.1	Les systèmes de primaires . . . . .	53
3.2	Les systèmes luminance-chrominance . . . . .	57
3.3	Les systèmes perceptuels . . . . .	60
3.4	Les systèmes d'axes indépendants . . . . .	63

## 1 LA VISION HUMAINE

Comprendre la démarche ou le mécanisme de la vision chez l'humain et plus précisément la sensation de la couleur constituera l'entame de ce chapitre, ensuite nous exposerons les différents modèles de la représentation de la couleur.

Au fil des ères, Aristote a été l'initiateur en matière de compréhension de la couleur. Cet attrait s'est développé par des savants, poètes et artistes peintres dans les civilisations des pays de moyen orient. L'érudit Isaac NEWTON avec sa théorie spectrale au dix-septième siècle, démontre qu'on peut décomposer la lumière blanche en un spectre de rayons lumineux à l'aide d'un prisme de verre (figure 3.1). Au début du dix-neuvième siècle, le médecin anglais Tomas YOUNG (Young 1802) avec sa théorie sur la trichromatique de la lumière, qui fut améliorée par l'allemand HERMAN Von HOLMOTZ, et d'ailleurs, portera le nom de la loi Young-Holmotz : affirmant que la rétine humaine dispose de trois éléments sensibles plus exactement des cônes photorécepteurs correspondants au bleu-indigo, au vert-jaune et au rouge.

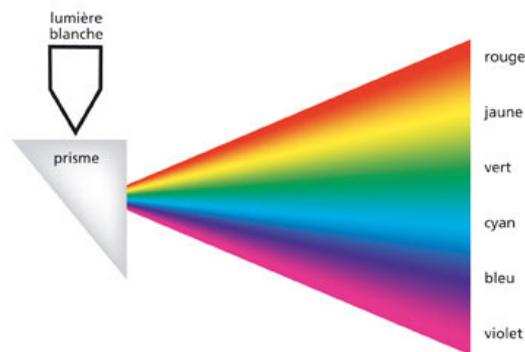


FIGURE 3.1 – Prisme (optique)

Cependant, on ne peut pas restreindre la couleur à une simple donnée tridimensionnelle, et pour mieux cerner sa complexité, nous devons explorer les notions physiques, physiologiques et psychologiques qui la régissent. En fait, quatre éléments combinés constituent la perception de la couleur :

- La source lumineuse.
- Le matériau.
- Le récepteur humain : l'œil.
- Le système d'interprétation : le cerveau

### 1.1 La source lumineuse

Dans le noir, l'humain n'est pas en mesure de donner la couleur d'un objet ; la lumière est primordiale pour l'exprimer. On définit un spectre comme un ensemble de longueurs d'ondes composant un rayonnement. La lumière est en fait, un rayonnement électromagnétique produite par une propagation de particules lumineuses que sont les photons. La longueur d'onde  $\lambda$  exprimée en mètre caractérise la radiation électromagné-



FIGURE 3.2 – de la lumière à la vision

La puissance d'une source lumineuse mesurée en Watt est représentée le flux énergétique du rayonnement. La vision humaine n'est pas possible sur le spectre en intégralité, mais l'œil nu ne peut apercevoir qu'un rayonnement dont la longueur d'onde est dans un intervalle de 380-780 nanomètres ; ces limites définissent le domaine visible.

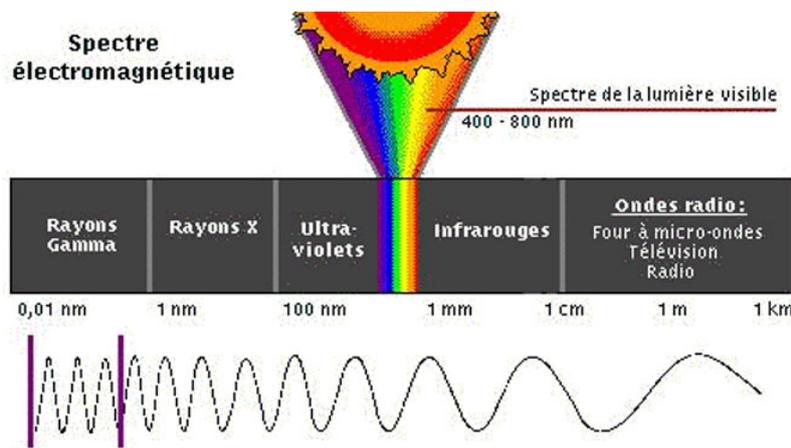


FIGURE 3.3 – Le spectre visible ou spectre optique

Les différentes sources lumineuses se distinguent par leurs distributions ou densité spectrale d'énergie, et par conséquent, on peut répartir les sources lumineuses selon la quantité d'énergie émise par intervalle de longueur d'onde :

1. **Spectre continu** : l'énergie est émise en continu dans ce domaine de longueur d'ondes ; il s'agit de sources essentiellement thermiques utilisant une température élevée pour stimuler les électrons comme l'ampoule à incandescence, la bougie et bien évidemment le soleil.
2. **Spectre discontinu** : il n'y a pas de diffusion d'énergie lumineuse, plutôt une décharge électrique dans un gaz ionisé.
3. **Un spectre mixte** : combine le spectre continu et discontinu mentionnés ci-dessous, et désigne un spectre émis par des tubes fluorescents ou des néons.
4. **Un spectre de raies** : le spectre de raies présente quelques longueurs d'onde particulières et notamment rares ; les lasers ou les diodes

lasers en sont des parangons. On trouve aussi dans la littérature d'autres termes pour désigner une source lumineuse, l'illuminant en est le plus répandu. Il est nécessaire de discerner entre ces termes ; "source" évoque un objet physique qui émet de la lumière comme le soleil, "illuminant" évoque une répartition spectrale d'énergie particulière.

## 1.2 Le matériau

La source lumineuse est dénommée "primaire" si elle est issue directement d'un rayonnement d'énergie. Une autre dénommée "secondaire" issue de réflexion ou de la transmission des rayonnements d'une source primaire par un matériau, ou encore issue de la combinaison de rayonnements de plusieurs sources. Lors d'une observation du matériau éclairé par une lumière qui n'est pas primaire, l'œil reçoit des rayons lumineux réfléchis (ou transmis) par ce matériau. La couleur du matériau dépend de la caractéristique et de la façon dont il réfléchit (ou transmet) la lumière incidente, c'est-à-dire, à la fois de l'interaction lumière-matériau et des conditions d'éclairage et d'observation. La première citée, décrit le contact entre la lumière incidente et le matériau, produisant une réflexion ou une pénétration. Quant au deuxième, elle dépend de l'angle entre la direction de la lumière incidente et de la direction normale à la surface du matériau, mais aussi, le stimulus de couleur associé à un objet dépend de la direction suivant laquelle il est observé.

## 1.3 Le récepteur humain : l'œil

L'œil est l'organe de la vision ; récepteur des phénomènes lumineux. L'œil les focalise pour projeter l'image sur la rétine qu'il renferme. Celle-ci, à son tour, analyse cette image, commence à la coder et, par l'intermédiaire du nerf optique puis des voies optiques intracrâniennes, adresse le message visuel au cerveau (Universalis 1995). Cette activité est rendue possible par les principaux éléments présentés sur la figure 3.4 et décrits ci-dessous :

- **La rétine** : est une membrane regroupant des cellules nerveuses photoréceptrices (cônes et bâtonnets).
- **La cornée** : située sur la face avant de l'œil, est transparente et résistante ; et permet de protéger le globe oculaire.
- **L'iris** : est un voile coloré très fin formé de lamelles pigmentaires, règle la dilatation de la pupille en fonction de l'ambiance lumineuse, comme un diaphragme contrôlant la quantité de lumière pénétrant dans l'œil.
- **Le cristallin** : est une lentille transparente et élastique de forme biconvexe. Sa convexité peut varier grâce à de petits muscles et permettre une vision nette et rapprochée.
- **La vitrée** : appelée aussi corps vitré ou humeur vitrée ou corps hyalin, est une substance transparente, gélatineuse qui remplit la cavité oculaire en arrière du cristallin ; assure l'autonomie de l'œil.
- **La fovéa** : zone centrale de la macula, est la zone de la rétine où la vision des détails est la plus précise. Elle est située dans le prolon-

gement de l'axe optique de l'œil; peuplée uniquement de cônes, et nous permet la meilleure résolution optique.

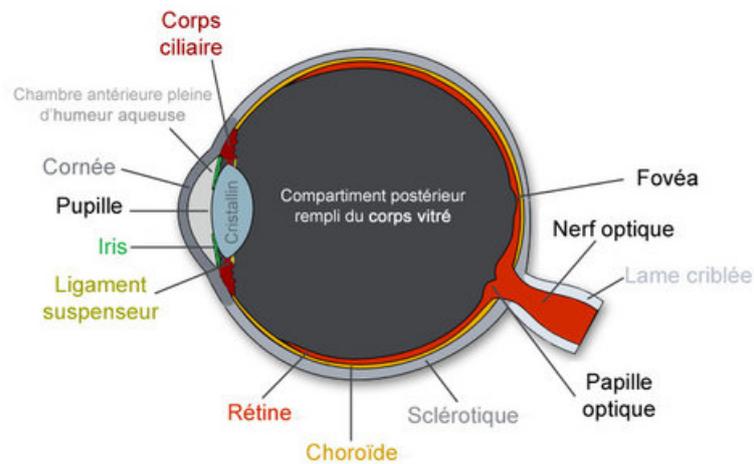


FIGURE 3.4 – coupe œil humain

Subséquent du parcours de ces constituants, nous donnons les étapes par lesquelles passe la vision humaine. Lorsque notre regard fixe un objet, les rayons lumineux réfléchis par cet objet se focalisent dans la fovéa située au centre de la macula, cette lumière commence par franchir la cornée, puis passe l'humeur aqueuse, ensuite la pupille, le cristallin, et l'humeur vitrée. À chaque stade, elle peut être modifiée qualitativement et/ou quantitativement; jusqu'à la rétine. À ce stade, la lumière, constituée d'ondes électromagnétiques, est convertie en impulsions électriques par les constituants de la rétine, les photorécepteurs ( $\approx 5 \times 10^6$  cônes,  $\approx 120 \times 10^6$  bâtonnets Kowaliski et al. (1990)) et les neurones, puis transmise au système nerveux central par le nerf optique. Plusieurs bâtonnets sont souvent reliés à un même neurone, il suffit qu'un seul bâtonnet soit illuminé pour que le neurone soit stimulé. Ce type de neurone est alors très sensible à la quantité de lumière (sa puissance). Par conséquent, les bâtonnets n'apportent aucune information colorimétrique mais uniquement photométrique et permettent une vision nocturne. Les cônes permettent une vision diurne, et sont souvent connectés à un seul neurone; ils contiennent un pigment sensible uniquement à une gamme de longueurs d'ondes. Il y a trois types de pigments pour les cônes (Small - Medium - Large), respectivement sensibles à trois gammes de couleurs différentes (bleu, vert, rouge).

#### 1.4 Le système d'interprétation : le cerveau

Pour mieux comprendre la perception visuelle, reprenons le processus de la rétine au cerveau. La rétine convertit le stimulus visuel en message nerveux. Cette conversion de l'énergie lumineuse se fait par des cellules sensibles à la lumière, appelées photorécepteurs : les cônes et les bâtonnets. L'absorption de lumière par les pigments photosensibles des cônes et des bâtonnets modifie leurs propriétés électriques et conduit à la naissance d'un message nerveux. La vision en couleur s'explique par l'existence de

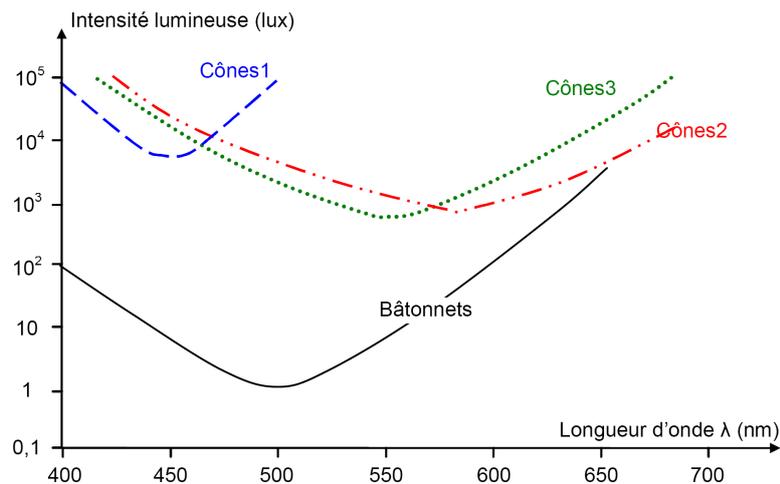


FIGURE 3.5 – Les largeurs de bande spectrale des bâtonnets et cônes photorécepteurs

trois types de cônes, permettant chacun de voir une des couleurs fondamentales : le bleu, le vert et le rouge. Notre vision est ainsi trichromatique. Les messages nerveux visuels générés par la rétine sont acheminés par les nerfs optiques jusqu'au cerveau. Différentes régions du cerveau sont impliquées dans le processus de la vision : le cortex visuel primaire mais aussi différentes aires cérébrales spécialisées. Après avoir franchi la zone de relais, la plupart des messages nerveux visuels arrivent dans une aire située à l'arrière du cortex occipital de chacun des deux hémisphères. Ces deux aires cérébrales forment le cortex visuel primaire. Chacune d'entre elles reçoit des informations provenant des deux yeux. Conjointement, différentes informations visuelles arrivent simultanément dans des aires visuelles spécialisées pour interpréter les couleurs, les formes ou encore les mouvements.

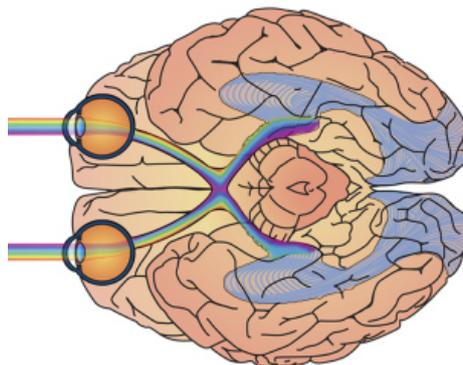


FIGURE 3.6 – Cerveau

L'interprétation de la couleur n'est pas cartésienne ; elle dépend de plusieurs éléments et peut changer d'une personne à une autre. Notre apprentissage de la couleur dès l'enfance repose principalement sur la perception ce qui la rend relativement complexe ; ainsi ce qui est rouge pour l'un, sera pourpre pour l'autre, de même pour le mauve et le violet et les exemples ne manqueront pas. Aussi, nous devons être en mesure d'identifier une couleur indépendamment des conditions d'éclairage à

condition de la connaître auparavant. Le contexte est un autre attribut qui peut influencer sur l'entendement de la couleur ; comme l'effet de contraste d'un objet d'une certaine couleur, qui pourra paraître claire sur un fond noir et foncée sur un fond blanc.

Afin de minimiser cette subjectivité, il serait plus commode de donner une caractérisation cohérente et rationnelle à la couleur. Caractériser en terme de luminosité, de teinte et de saturation est une bonne définition ou bien encore adaptation de la couleur, puisque ces trois grandeurs sont assez proches de la subjectivité humaine.

- **Luminosité (brightness)** : indique l'aspect lumineux d'une aire colorée, exprimée par des termes comme clair, sombre ou foncé ; plus la couleur est sombre, plus sa luminosité est faible. On peut trouver plusieurs termes dans la littérature et peuvent formuler cette grandeur telles que : intensité (intensity), éclaircissement (illumination), luminance (luminance), clarté (lightness).
- **Teinte (hue)** : composante de base ou bien la forme pure d'une couleur ; sans ajouter des couleurs achromatiques (blanc, gris ou noir) qui permettent d'avoir des nuances. La teinte correspond principalement à la longueur d'onde d'un stimulus de couleur désignant formellement des tonalités chromatiques comme : rouge, jaune etc.
- **Saturation (saturation)** : est l'intensité d'une teinte spécifique ; décrit la largeur du spectre estimant le niveau de coloration indépendamment de la luminosité, c'est une sorte de pureté de la couleur exprimé par des vocables comme vive, pâle ou terne. Elle est souvent confondu avec le chroma qui estime aussi le niveau de coloration mais dépend de la luminosité.

## 2 LES MODÈLES DE REPRÉSENTATION

À partir de cette connaissance du système de la vision humaine, nous tenterons de répondre à la question de : "Comment peut-on représenter la couleur ?"

La représentation fréquentielle est une description du stimulus lumineux  $S$  par une estimation de sa composition spectrale, cette représentation présente l'inconvénient majeure où un très grand nombre de capteurs est nécessaire pour réussir une bonne estimation.

Des recherches sur la perception psychophysique (Gershon 1984) ont montré qu'on pouvait représenter l'information de la couleur dans un espace à trois dimensions. Cette deuxième alternative a été retenue au détriment de la représentation fréquentielle. La Commission Internationale de l'Éclairage (CIE) a prouvé qu'il suffisait de trois variables indépendantes pour décrire toutes les couleurs existantes, et par la suite la CIE a adopté des illuminants et observateurs standards pour représenter l'intégralité des couleurs (Stiles 1931). De nombreux modèles peuvent

correspondre à cette seconde représentation :

- Le modèle du tri-stimulus : la rétine de l'œil dispose de trois types de cônes photorécepteurs couleur qui répondent à la lumière incidente avec trois courbes de réponses (S,M et L); ces réponses sont réparties suivant trois canaux qui sont le rouge, le jaune-vert et le bleu. Les codages des couleurs dans les différents espaces sont principalement basés sur ce modèle qui est le plus répandu.
- Le modèle des couleurs opposées : fut développé au dix-neuvième siècle par Hering, se base sur le principe qu'une couleur peut être décrite comme contenant du rouge et du vert mais pas les deux en même temps. Ce modèle possède trois composantes; la première chromatique qui décrit la réponse de cellules spectralement opposées (jaune-bleu), une autre chromatique qui décrit la réponse de cellules spectralement opposées (rouge-vert) et une dernière achromatique pour la luminosité qui décrit la réponse de cellules qui ne sont sensibles qu'aux variations d'intensité du stimulus blanc-noir.
- Le modèle de Faugeras : est une combinaison des deux modèles précédents avec trois parties constituantes. la première transforme la lumière incidente par le biais des cônes photorécepteurs en trois signaux (S,M et L). La deuxième fait intervenir un opérateur logarithmique afin de reproduire trois types de cônes. La troisième transforme le tri-stimulus en deux composantes chromatiques  $C_1$  et  $C_2$  et une composante achromatique  $A$  (Faugeras 1979).
- Le modèle de Pratt : pour se rapprocher plus de la vision humaine, ce modèle présage qu'il serait plus inspiré d'utiliser les termes de teinte  $T$ , de saturation  $S$  et de luminance  $L$  pour décrire une couleur que d'employer le modèle du tri-stimulus, bien que ce dernier est généralement adopté mais reste tout de même difficile de lui trouver un lien avec la perception de l'apparence visuelle d'une couleur (Pratt 1978).

Il existe d'autres modèles aussi bien élaborés que les modèles sus-cités, développés depuis 2002 par la CIE comme le modèle d'apparence colorée(CIECAM). Ces modèles étendent les définitions précédentes par la jonction de la notion d'interprétation de la couleur avec une décomposition de l'environnement d'illumination et le stimulus couleur.

### 3 LES ESPACES COULEUR

La colorimétrie, science de la mesure de la couleur, obéit à des théories avérées en majorité lors des expériences d'appariement des couleurs, elle vise le but de manipuler de manière objective la couleur. Une expérience d'appariement tente d'égaliser visuellement un stimulus de couleur avec un mélange approprié de couleurs primaires. Cette pratique est fondé sur le principe de la trivariance visuelle : trois couleurs primaires sont alors

nécessaires et suffisantes pour reproduire toutes les couleurs par synthèse additive, à savoir par le mélange de lumières colorées correspondant chacune à une des trois primaires (Macaire 2004).

Dans la littérature du traitement de la couleur, plusieurs chercheurs ont tenté d'instaurer des classifications de couleurs basées sur des impressions psychosensorielles. Ils ont convergé vers des systèmes ordonnés de couleurs qui sont des représentations géométriques visuelles sous forme de planches, de nuanciers, de collections ou d'atlas. Nous évoquons à titre d'exemple le système NCS (Natural Color System), le système OSA (Optical Society of America) et le système DIN (Deutsches Institut für Normung). Ces représentations sont généralement conçues dans des espaces à trois dimensions et les unités des composantes couleur sont conventionnelles.

Nicolas Vandenbroucke a synthétisé les systèmes les plus communément utilisés selon leurs caractéristiques (Vandenbroucke 2000), et ceci a abouti à un classement des espaces en quatre familles (voir figure 3.14) :

- Les systèmes de primaires
- Les systèmes luminance-chrominance
- Les systèmes perceptuels
- Les systèmes d'axes indépendants

Cette partie est plus que nécessaire dans notre exercice puisque la compréhension des propriétés de chaque espace couleur nous aidera subséquentement de profiter au maximum des différentes composantes couleur pour une meilleure analyse des images couleur.

### 3.1 Les systèmes de primaires

En 1931, la CIE a défini un ensemble de trois couleurs primaires, le rouge noté  $[R_C]$ , le vert noté  $[G_C]$  et le bleu noté  $[B_C]$ . Ces trois primaires ont été choisies de telle sorte que le mélange unitaire reproduise l'impression du spectre équi-énergétique (illuminant E).

#### 3.1.1 L'espace RGB

L'espace RGB (Red Green Blue) ou bien RVB (en version française) est un système additif défini à partir des trois primaires monochromatiques de couleur rouge, verte et bleue. Avec le principe que chaque stimulus de couleur est représenté par un point C qui définit le vecteur couleur  $\vec{OC}$ . Les coordonnées de ce vecteur sont les composantes trichromatiques  $R_C$ ,  $G_C$  et  $B_C$ . Les points correspondants à des stimuli de couleur sont contenus dans un cube, connu sous le nom de cube des couleurs (figure 3.7).

L'origine O correspond au noir ( $R_c=G_c=B_c=0$ ) tandis que le blanc de référence est défini par le mélange unitaire des trois primaires ( $R_c=G_c=B_c=1$ ). La droite passant par les points Noir et Blanc est appelée axe des gris,

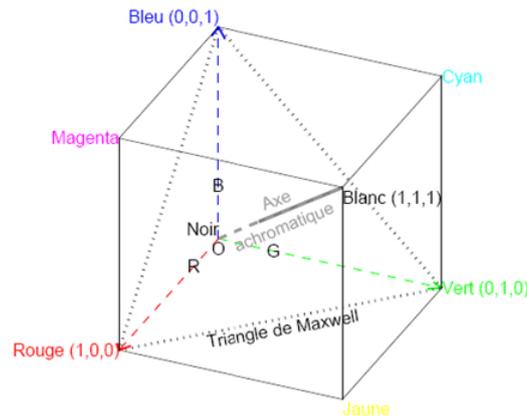


FIGURE 3.7 – Cube des couleurs

axe des couleurs neutres ou encore axe achromatique. En effet, les points de cette droite représentent des nuances de gris allant du noir au blanc. La définition de l'espace de représentation de la couleur, n'étant pas unique, puisqu'il dépend des primaires ainsi que du blanc de référence.

La facilité d'utilisation et la dépendance aux matériels (carte d'acquisition, carte vidéo, moniteur, caméra, etc) sont deux principales raisons qui ont rendu l'espace RGB le plus répandu dans le domaine de traitement d'image couleur. Néanmoins, il présente quelques inconvénients :

- Vandenbroucke (2000) souligne l'existence d'un grand nombre de systèmes RGB, et donc pénible à différencier. Nous citons ceux dédiés à la télévision et répondant aux normes : NTSC (National Television Standards Committee) utilisant les primaires de la FCC (Federal Communications Commission), PAL (Phase Alternation by Line) fixée par l'EBU (European Broadcasting Union) ou SECAM (SEquentiel Couleur A Mémoire) ;
- Les coordonnées et les composantes trichromatiques peuvent prendre des valeurs négatives ;
- Certaines couleurs ne sont pas reproductibles par addition des trois spectres ;
- Les composantes trichromatiques d'un stimulus de couleur sont liées à sa luminance. Deux stimuli de couleur peuvent ainsi posséder le même caractère chromatique, que nous appellerons chrominance, mais avoir des composantes trichromatiques  $R_C$ ,  $G_C$  et  $B_C$  différentes à cause de leur luminance.

Pour pallier à ce dernier inconvénient et afin d'obtenir des composantes qui ne tiennent compte que de la chrominance, il convient donc de normaliser les valeurs des composantes trichromatiques par rapport à la luminance. Ceci est réalisé en divisant chaque composante par la somme des trois. Les composantes ainsi obtenues sont appelées coordonnées trichromatiques, coordonnées réduites ou encore composantes normalisées. Pour l'espace  $(R_C, G_C, B_C)$  de la CIE, elles sont notées  $r_C$ ,  $g_C$  et  $b_C$  et sont définies par :

$$\begin{cases} r_C = \frac{R_C}{R_C+G_C+B_C} \\ g_C = \frac{G_C}{R_C+G_C+B_C} \\ b_C = \frac{B_C}{R_C+G_C+B_C} \end{cases} \quad (3.1)$$

L'espace couleur associé aux coordonnées trichromatiques est appelé l'espace  $(r_C, g_C, b_C)$  normalisé. Comme  $r_C + g_C + b_C = 1$ , deux composantes suffisent à représenter la chrominance d'une couleur. Ainsi, Wright et Guild ont proposé un diagramme appelé diagramme de chromaticité  $(r, g)$  représenté par la figure 3.8.

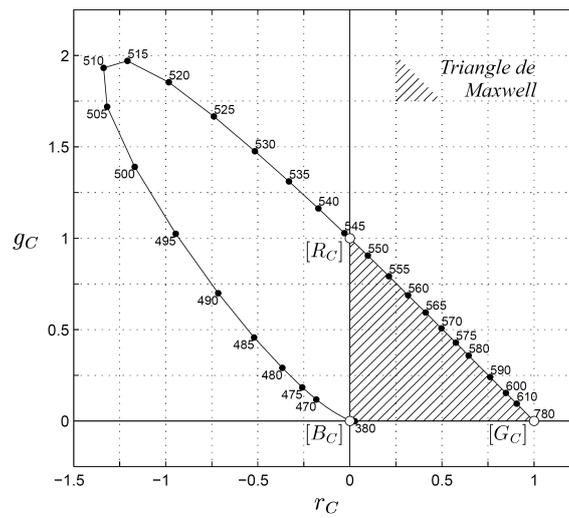


FIGURE 3.8 – Diagramme de chromaticité  $(r_C, g_C)$  de la CIE.

Nous remarquons ainsi sur cette figure, une éventualité qui est celle d'avoir des coordonnées négatives. Elles symbolisent des couleurs physiquement non réalisables par synthèse additive. En plus, ces coordonnées dépendent des primaires et du blanc de référence choisis et donc l'existence de plusieurs espaces  $(R, G, B)$ . Ces problèmes ont pu être résolus par la CIE en créant le système de référence colorimétrique  $(X, Y, Z)$ .

### 3.1.2 L'espace XYZ

Avec les recherches de Judd (1930), la CIE est parvenue à instituer un nouveau système de référence colorimétrique  $(X, Y, Z)$ , où ces primaires sont virtuelles et sans réalité physique permettant de pallier les inconvénients du système  $(R_C, G_C, B_C)$ . Cependant, on peut reproduire toutes les couleurs du visible par synthèse additive. La primaire  $[Y]$  représente une information achromatique (plus précisément  $Y$  représente la luminance visuelle).

Les primaires  $[X]$ ,  $[Y]$  et  $[Z]$  dites primaires de référence, sont obtenues par une simple transformation linéaire décrite dans l'équation suivante :

$$\begin{bmatrix} X \\ Y \\ Z \end{bmatrix} = P \times \begin{bmatrix} R \\ G \\ B \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_r & X_g & X_b \\ Y_r & Y_g & Y_b \\ Z_r & Z_g & Z_b \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} R \\ G \\ B \end{bmatrix} \quad (3.2)$$

Les coefficients de la matrice de passage  $P$  sont déterminés par rapport à un blanc de référence qui conditionne les valeurs associées aux primaires

$X$ ,  $Y$  et  $Z$  et par rapport aux primaires  $R$ ,  $G$ ,  $B$  (qui doivent appartenir à  $[0, 1]$  au lieu de  $[0, 255]$ ).

De même que pour l'espace  $(R_C, G_C, B_C)$ , la CIE a défini les coordonnées trichromatiques de l'espace  $(X, Y, Z)$  donnant un système normalisé  $(x, y, z)$  défini comme suit :

$$\begin{cases} x = \frac{X}{X+Y+Z} \\ y = \frac{Y}{X+Y+Z} \\ z = \frac{Z}{X+Y+Z} \end{cases} \quad (3.3)$$

On peut déduire  $z$  à partir de  $x$  et  $y$  puisque  $x + y + z = 1$ , ce qui permet de représenter la couleur dans un plan et par conséquent, de construire le diagramme de chromaticité  $(x, y)$ , représenté par la figure 3.9. On remarque sur ce dernier que toutes les couleurs sont exprimées par des coordonnées trichromatiques positives, contrairement au diagramme de la figure 3.8.

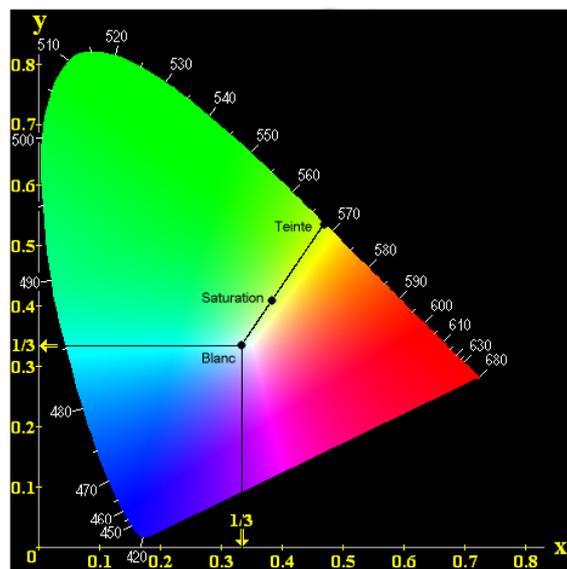


FIGURE 3.9 – Diagramme de chromaticité  $(x, y)$ .

### 3.1.3 L'espace CMY

L'espace RGB est commode pour décrire les couleurs d'un écran d'ordinateur tandis que l'espace CMY est bien adapté à l'impression. Il résulte d'une synthèse soustractive et est représenté par un cube tout comme l'espace RGB. La différence avec ce dernier réside dans le fait que le cube CMY a le blanc pour origine et le cyan, le magenta, et le jaune comme axes. La transformation de l'espace RGB vers l'espace CMY est définie comme suit :

$$\begin{bmatrix} C \\ M \\ Y \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 - R \\ 1 - G \\ 1 - B \end{bmatrix} \quad (3.4)$$

### 3.2 Les systèmes luminance-chrominance

Les espaces luminance-chrominance ont la particularité d'avoir une composante dite de "luminance" pour quantifier le caractère achromatique d'un stimuli de couleur ainsi que deux autres composantes de chrominance (notées  $Chr_1$  et  $Chr_2$ ) pour quantifier le caractère de couleur. Les composantes d'un système luminance-chrominance sont évaluées à partir soit par une transformation linéaire définie en utilisant une matrice de passage, soit par une transformation non linéaire. Le type de transformation est lié à la nature même du système.

On peut trouver plusieurs espaces luminance-chrominance :

#### 3.2.1 Les espaces perceptuellement uniformes

Les systèmes perceptuellement uniformes (où la composante de luminance est notée  $L$ ) qui possèdent une métrique permettant d'établir une correspondance entre une différence de couleur, telle qu'elle est perçue par l'homme, avec une distance dont la mesure reflète cette différence.

– **Espace  $(L^*, u^*, v^*)$  :**

L'espace  $(X, Y, Z)$  n'est pas perceptuellement uniforme, en d'autres termes et selon la zone considérée du diagramme de chromaticité  $(x, y)$ , une même distance entre deux couleurs ne sera pas perçue de la même façon par l'être humain. Les travaux de MacAdam (MacAdam 1942b; 1943) montrent que ces zones (ellipses de MacAdam<sup>1</sup>) pour lesquelles les différences de couleur<sup>2</sup> ne sont pas perceptibles par un observateur, ce qui démontre la non uniformité du système  $(X, Y, Z)$ . Dans de nombreuses applications industrielles (et médicales par la suite), une question devient de plus en plus récurrente : comment quantifier ces écarts de couleurs ? surtout pour répondre et pallier au dilemme de deux couleurs perceptuellement proches risquent de correspondre à des écarts de couleurs importants dans un système de représentation et vice versa. Judd (1935) propose de réduire les disproportions entre les différentes ellipses de MacAdam avec de nouvelles composantes chromatiques notées  $u$  et  $v$ . En se basant sur les recherches de Judd et MacAdam (MACADAM 1937, MacAdam 1942a), la CIE propose dans un premier temps le  $(U, V, W)$  définissant un diagramme de chromaticité uniforme appelé diagramme UCS (Uniform Chromaticity Scale 1960) ou diagramme de chromaticité  $(u, v)$ , cette solution n'a pas obtenu l'effet escompté puisque le problème des écarts persistait. Ensuite la CIE propose  $(U^*, V^*, W^*)$  sur la base des travaux de WYSZECKI (1963) en intégrant l'information de luminance, qui va à son tour subir des améliorations selon la proposition de Eastwood (1973) et devient finalement en 1976 le système CIELUV, encore appelé système  $(L^*, u^*, v^*)$ .

$$L^* = \begin{cases} 116 \times \sqrt[3]{\frac{Y}{Y_W}} - 16 & \text{si } \frac{Y}{Y_W} > 0.008856 \\ 903.3 \times \frac{Y}{Y_W} & \text{si } \frac{Y}{Y_W} \leq 0.008856 \end{cases} \quad (3.5)$$

1. Ellipses de MacAdam : ont des tailles et des orientations différentes selon le lieu où elles se trouvent dans le diagramme

2. Les termes écart de couleur, différence colorimétrique ou écart colorimétrique sont aussi employés pour désigner une différence entre deux stimuli de couleur.

et les composantes de chrominance pour l'espace  $(L^*, u^*, v^*)$  :

$$u^* = 13 \times L^* \times (u' - u'^W) \quad (3.6)$$

$$v^* = 13 \times L^* \times (v' - v'^W) \quad (3.7)$$

avec :

$$u' = \frac{4X}{X + 15Y + 3Z} \quad (3.8)$$

$$v' = \frac{9Y}{X + 15Y + 3Z} \quad (3.9)$$

– **Espace  $(L^*, a^*, b^*)$  :**

un autre système de ce même type a vu le jour en 1976, il s'agit de CIELAB ou  $(L^*, a^*, b^*)$ , construit à partir de l'espace  $(X, Y, Z)$  par des relations non linéaires, avec toujours la luminance évaluée par l'équation 3.5 et les informations de chrominance par :

$$a^* = 500 \times \left( f\left(\frac{X}{X^W}\right) - f\left(\frac{Y}{Y^W}\right) \right) \quad (3.10)$$

et

$$b^* = 200 \times \left( f\left(\frac{Y}{Y^W}\right) - f\left(\frac{Z}{Z^W}\right) \right) \quad (3.11)$$

avec :

$$f(x) = \begin{cases} \sqrt[3]{x} & \text{si } x > 0.008856 \\ 7.787x + \frac{16}{116} & \text{si } x \leq 0.008856 \end{cases} \quad (3.12)$$

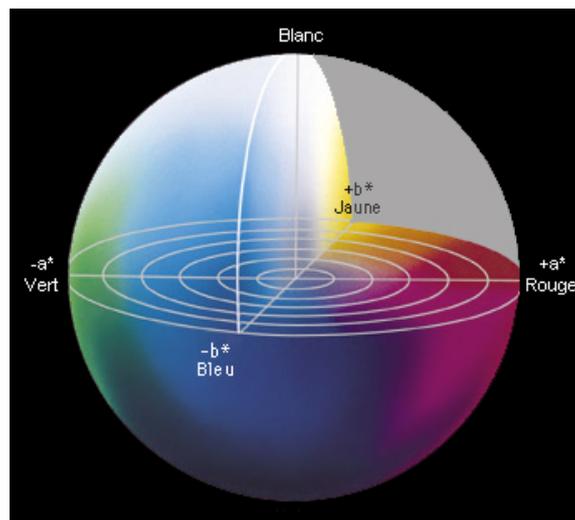


FIGURE 3.10 – La représentation spatiale du modèle  $(L^*, a^*, b^*)$

où  $L^*$  (opposition noir-blanc) mesurée avec une valeur comprise entre 0 (noir) et 100 (blanc).  $a^*$  (opposition vert-rouge) mesurée avec une valeur comprise entre  $-100$  et  $+100$  ( $a^*$  est positif si la couleur contient du rouge, négatif si la couleur contient du vert et nulle si aucun des deux).  $b^*$  (opposition bleu-jaune) mesurée avec une valeur comprise entre  $-100$

et +100 ( $b^*$  est positive si la couleur contient du jaune, négative si la couleur contient du bleu et nulle si aucun des deux). Pour calculer la différence colorimétrique entre deux couleurs dans les espaces  $(L^*, u^*, v^*)$  et  $(L^*, a^*, b^*)$ , il faut exprimer la distance euclidienne entre deux points, calculée dans l'espace de représentation :

$$\Delta E_{ab}^* = \sqrt{(\Delta L^*)^2 + (\Delta a^*)^2 + (\Delta b^*)^2} \quad (3.13)$$

ou bien :

$$\Delta E_{uv}^* = \sqrt{(\Delta L^*)^2 + (\Delta u^*)^2 + (\Delta v^*)^2} \quad (3.14)$$

### 3.2.2 Les espaces antagonistes

Les systèmes antagonistes tentent de reproduire le modèle de la théorie des couleurs opposées de Hering. (Faugeras 1976) et (Garbay 1979) sont parvenus à modéliser le système visuel humain ; l'information couleur captée par l'oeil est transmise au cerveau sous la forme de trois composantes, une composante achromatique (où la luminance est notée L ou A) et deux composantes de chrominance, correspondant respectivement à un signal d'opposition vert-rouge et à un signal d'opposition jaune-bleu. En suivant ce raisonnement, les espaces  $(L^*, u^*, v^*)$  et  $(L^*, a^*, b^*)$  présentés au paragraphe précédent, peuvent être considérés comme des systèmes antagonistes.

– **Espace**  $(A, C_1, C_2)$  :

utilise une fonction logarithmique suggérant que la réponse des cônes à un stimulus de couleur n'est pas proportionnelle à son intensité. Mais l'utilisation de la fonction logarithmique reste très controversée et certains auteurs préfèrent supposer que la réponse des cônes de la rétine humaine est linéaire. les composantes sont définies par :

$$\begin{bmatrix} A \\ C_1 \\ C_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \frac{\log(R) + \log(G) + \log(B)}{3} \\ \sqrt{\frac{3}{2}} (\log(R) - \log(G)) \\ \log(B) - \frac{1}{2} (\log(R) - \log(G)) \end{bmatrix} \quad (3.15)$$

Le calcul de la teinte et de la saturation peut alors être facilement effectué comme le montrent les équations ci-après :

$$\begin{aligned} S &= \sqrt{C_1^2 + C_2^2} \\ T &= \arccos\left(\frac{C_1}{S}\right) \end{aligned} \quad (3.16)$$

### 3.2.3 Les espaces de télévision

Les systèmes de télévision permettent de séparer l'information de chrominance de l'information de luminance<sup>3</sup> pour la transmission des signaux, où la composante de luminance est notée Y et les deux composantes de chrominance sont notées  $Chr_1$  et  $Chr_2$  :

$$\begin{cases} Chr_1 = a_1(R_C - Y) + b_1(B_C - Y) \\ Chr_2 = a_2(R_C - Y) + b_2(B_C - Y) \end{cases} \quad (3.17)$$

3. Dans le codage des signaux de télévision en couleur, la séparation a été réalisée de façon à rester compatible avec les téléviseurs noir et blanc.

Les coefficients  $a_1$ ,  $b_1$ ,  $a_2$  et  $b_1$  sont spécifiques aux différents standards de transmission (NTSC, PAL, SECAM, . . .). Ainsi, le standard NTSC définit l'espace couleur  $(Y, I, Q)$ , le standard PAL utilise le système  $(Y, U, V)$ , alors que l'espace  $(Y, C_b, C_r)$  correspond au codage numérique des signaux de télévision (POREBSKI 2009).

– **Espace  $(Y, Ch_1, Ch_2)$  :**

fut introduit par Carron (1995), Lambert and Carron (1999), en gardant la même équation de luminance et opérant un changement au niveau des chromatiques ; avec une composante  $Ch_1$  désignant l'opposition cyan-rouge et une autre  $Ch_2$  désignant l'opposition vert-bleu :

$$\begin{bmatrix} Y \\ Ch_1 \\ Ch_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0.299 \times R + 0.587 \times G + 0.114 \times B \\ R - \frac{G+B}{2} \\ \frac{\sqrt{3}}{2} \times (B - G) \end{bmatrix} \quad (3.18)$$

– **Espace  $(Y, U, V)$  :**

destiné principalement à la vidéo analogique, ce modèle de représentation est utilisé dans les standards vidéo PAL et SECAM (avec l'illuminant  $D_{65}$  comme blanc de référence). La luminance est représentée par  $Y$ , tandis que les chrominances  $U$  et  $V$  sont issues à partir de la transformation de l'espace RGB comme suit :

$$\begin{bmatrix} Y \\ U \\ V \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0.299 & 0.587 & 0.114 \\ -0.147 & -0.289 & -0.436 \\ 0.615 & -0.515 & -0.100 \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} R \\ G \\ B \end{bmatrix} \quad (3.19)$$

– **Espace  $(Y, I, Q)$  :**

trouve son application dans le standard vidéo NTSC. Il ressemble fortement à l'espace  $(Y, U, V)$  ; la luminance est exactement la même, cependant  $I$  désigne l'interpolation (opposition cyan-orange) et  $Q$  désigne la quadrature (opposition magenta-bleu) :

$$\begin{bmatrix} Y \\ I \\ Q \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0.299 & 0.587 & 0.114 \\ 0.596 & -0.274 & -0.322 \\ 0.212 & -0.523 & -0.311 \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} R \\ G \\ B \end{bmatrix} \quad (3.20)$$

– **Espace  $(Y, C_b, C_r)$  :**

considéré comme le standard international consacré au codage digital des images de la télévision numérique (adoptant le standard de compression JPEG2000), avec une spécificité de ne pas exiger un blanc de référence à utiliser. Les composantes sont définies par :

$$\begin{bmatrix} Y \\ C_b \\ C_r \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0.2989 & 0.5886 & 0.1145 \\ -0.1688 & -0.3312 & 0.5 \\ 0.5 & -0.4184 & -0.0816 \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} R \\ G \\ B \end{bmatrix} \quad (3.21)$$

### 3.3 Les systèmes perceptuels

L'être humain ne peut pas percevoir la couleur avec des composantes trichromatiques liées à des primaires, mais plutôt avec des attributs plus subjectifs avec lesquels il serait habile à la décrire. Il s'agit d'entités telles que : la teinte, la saturation et la luminance ; la première citée correspond

aux dénominations des couleurs comme rouge, vert, bleu, jaune etc... La deuxième est une grandeur permettant d'estimer le niveau de coloration d'une teinte indépendamment de sa luminance et la dernière caractérise le niveau lumineux d'un stimulus de couleur. Cette manière d'aborder ce sujet permet une parfaite communication entre l'homme et la machine quand il s'agit d'exprimer la couleur. Pour cette raison, nombreux chercheurs se sont penchés sur ces systèmes de représentation donnant plusieurs espaces  $(I, S, H)$ ,  $(H, S, L)$ ,  $(H, S, I)$ ,  $(H, S, V)$ ,  $(L, T, S)$ ,  $(L, C, H)$   $(L, S, H)$  etc... Dans la littérature et d'après Macaire (2004), on distingue deux familles de systèmes perceptuels :

- Espaces de coordonnées polaires ou cylindriques.
- Espaces humains de perception de la couleur.

### 3.3.1 Les espaces de coordonnées polaires

Les espaces de coordonnées polaires ou cylindriques sont évalués en coordonnées polaires des composantes de systèmes luminance-chrominance et se différencient donc par le système duquel ils se déduisent. Cette famille décompose la couleur en un axe de luminance et un plan de chrominance en transposant des coordonnées cartésiennes contre des coordonnées polaires (figure 3.11).

- **Espace  $(L^*, C^*, H^*)$  :**

conçu en 1995 et présent dans les recherches de Celenk (1995), on peut l'avoir à partir d'une conversion des espaces  $(L^*, a^*, b^*)$  ou  $(L^*, u^*, v^*)$  vers des coordonnées semi-polaires.  $L$  étant la luminance qui subsiste sans aucune variation, par contre les composantes  $C^*$  et  $H^*$  représentent respectivement le chroma et la teinte. Ces dernières s'obtiennent par :

$$\begin{aligned} C_{uv}^* &= \sqrt{u^{*2} + v^{*2}} \\ C_{ab}^* &= \sqrt{a^{*2} + b^{*2}} \\ H_{uv}^* &= \arctan\left(\frac{u^*}{v^*}\right) \\ H_{ab}^* &= \arctan\left(\frac{a^*}{b^*}\right) \end{aligned} \quad (3.22)$$

### 3.3.2 Les espaces de coordonnées perceptuelles

Les espaces humains de perception de la couleur sont exprimés à partir des composantes trichromatiques d'un système de primaires et se différencient par les relations exprimant la luminosité, la teinte ou la saturation.

Il existe de nombreux modèles d'espaces de coordonnées perceptuelles, nous citons le modèle triangulaire ainsi que le modèle de cône hexagonal et le modèle de cône hexagonal double etc...

- **Espace  $(H, S, L)$  :**

L'espace  $(H, S, L)$  est basé sur les trois grandeurs qui sont : Hue, Saturation Luminance ou Intensity ( respectivement teinte, saturation et luminance ou intensité) :

1. La teinte correspond à la longueur d'onde prédominante d'un stimulus de couleur, ou simplement la longueur d'onde pour laquelle l'énergie correspondante est la plus élevée. Le blanc, le noir ou les gris sont des couleurs qui n'ont pas de teinte.

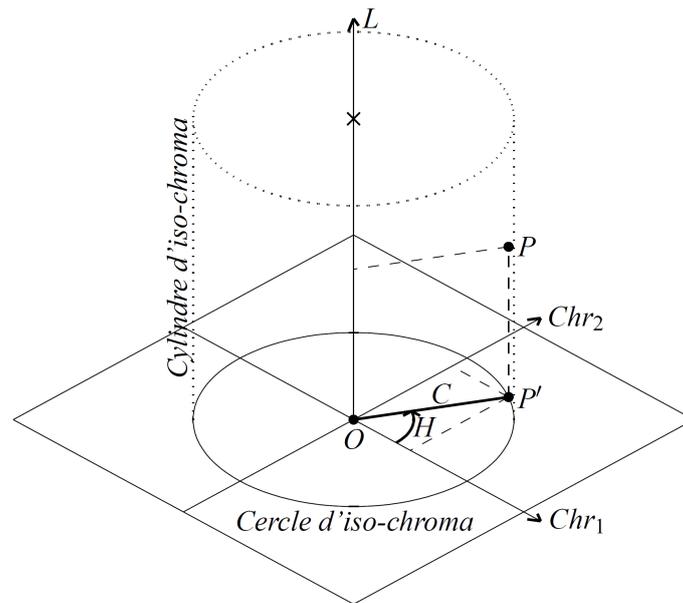


FIGURE 3.11 – Espace de coordonnées polaires.

2. La saturation représente la pureté de la couleur perçue comme vive, pâle, terne.
3. La luminance qui est l'intensité de la couleur.

$$\begin{aligned}
 H &= a \times \cos \left( \frac{(R-G)+(R-B)}{\sqrt{(R-G)^2+(R-B)(R-B)}} \right) \\
 \text{et si } G < B : H &= 2\pi - H \\
 S &= 1 - \frac{3 \times \min(R,G,B)}{L} \\
 L &= R + G + B
 \end{aligned}
 \tag{3.23}$$

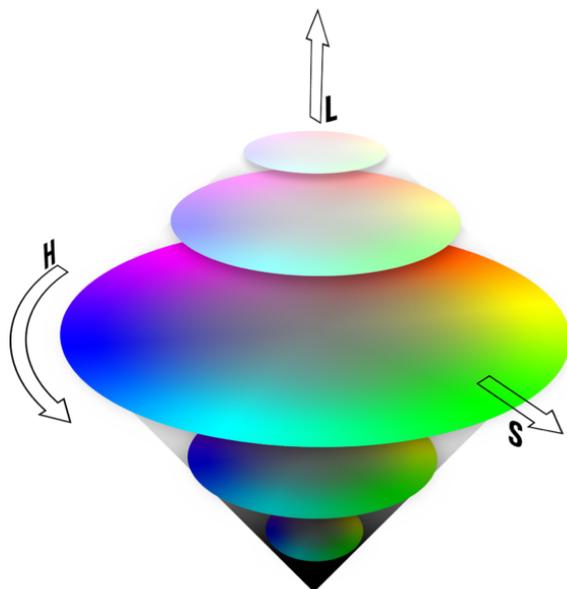


FIGURE 3.12 – La représentation spatio-colorimétrique de l'espace HSL.

Le calcul de  $H$  et  $S$  avec ces équations non-linéaires engendre des discontinuités dans les valeurs; deux couleurs perceptuellement proches peuvent avoir des valeurs de teinte et de saturation très différentes. Ceci est dû aux singularités de la teinte pour les points achromatiques ( $R = G = B$ ) et de saturation pour le noir ( $R = G = B = 0$ ) (Meurie 2005). Une variante a été proposée par Hanbury and Serra (2002), il s'agit de l'espace  $IHSL$ . L'amélioration consiste à passer de la version cylindrique de l'espace  $HLS$  à la version conique, ce qui revient à remplacer la saturation  $HLS$  par la semi-norme  $max - min$ .

– **Espace  $(H, S, V)$  :**

pour Hue, Saturation et Value ou Brightness (Teinte, Saturation et Valeur ou brillance). Il a été créé en 1978 par Alvy Ray Smith. C'est une transformation non linéaire de l'espace de couleur RVB, cet espace est particulièrement utilisé dans les applications graphiques.

$$H = \begin{cases} 0 & \text{si } max = min \\ \left(60^\circ \times \frac{g-b}{max-min} + 360^\circ\right) \bmod 360 & \text{si } max = r \\ 60^\circ \times \frac{b-r}{max-min} + 120^\circ & \text{si } max = g \\ 60^\circ \times \frac{r-g}{max-min} + 240^\circ & \text{si } max = b \end{cases} \quad (3.24)$$

$$S = \begin{cases} 0 & \text{si } max = 0 \\ 1 - \frac{min}{max} & \text{sinon} \end{cases}$$

$$V = max$$

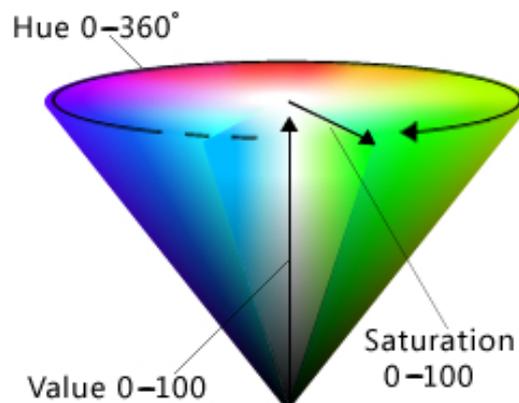


FIGURE 3.13 – La représentation spatio-colorimétrique de l'espace HSV.

### 3.4 Les systèmes d'axes indépendants

La forte corrélation entre les trois composantes du système RGB est considérée comme un inconvénient majeur, et est expliquée par l'existence d'une information commune, puisque chaque composante possède une information de luminance. Cette corrélation peut être plus ou moins importante selon les cas (Lee et al. 1994, Ohta et al. 1980, Bedat 1998). Pour y remédier, il existe plusieurs travaux dans ce sens, ayant comme objectif de générer des espaces de représentation de la couleur avec des composantes indépendantes, en d'autres termes des composantes qui portent des

informations différentes et non redondantes. L'inévitable analyse en composantes principales (ACP) peut alors être considérée comme une des solutions à ce type de problème ; en réalisant la transformation de Karhunen-Loeve. Liu (1991) a opté pour l'analyse en composantes indépendantes (ACI) afin d'obtenir un système de représentation dont les composantes sont statistiquement indépendantes mais sur lesquelles l'information est répartie au mieux, au contraire de l'ACP où la première composante porte le maximum d'information.

– **Espace**  $(I_1, I_2, I_3)$  :

C'est en fait l'espace correspondant à la transformation de Karhunen-Loeve citée ci-dessous. Ohta et al. (1980) ont essayé d'améliorer la qualité de la segmentation, grâce à une expérience menée par Ohta sur une série de huit images différentes. Ce qui a permis de déterminer un nouvel espace de représentation de la couleur noté  $(I_1, I_2, I_3)$ .

$$\begin{bmatrix} I_1 \\ I_2 \\ I_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1/3 & 1/3 & 1/3 \\ 1/2 & 0 & -1/2 \\ -1/4 & 1/2 & -1/4 \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} R \\ G \\ B \end{bmatrix} \quad (3.25)$$

où  $I_1$  représente la luminance,  $I_2$  et  $I_3$  correspondent respectivement une opposition bleu-rouge et magenta-vert.

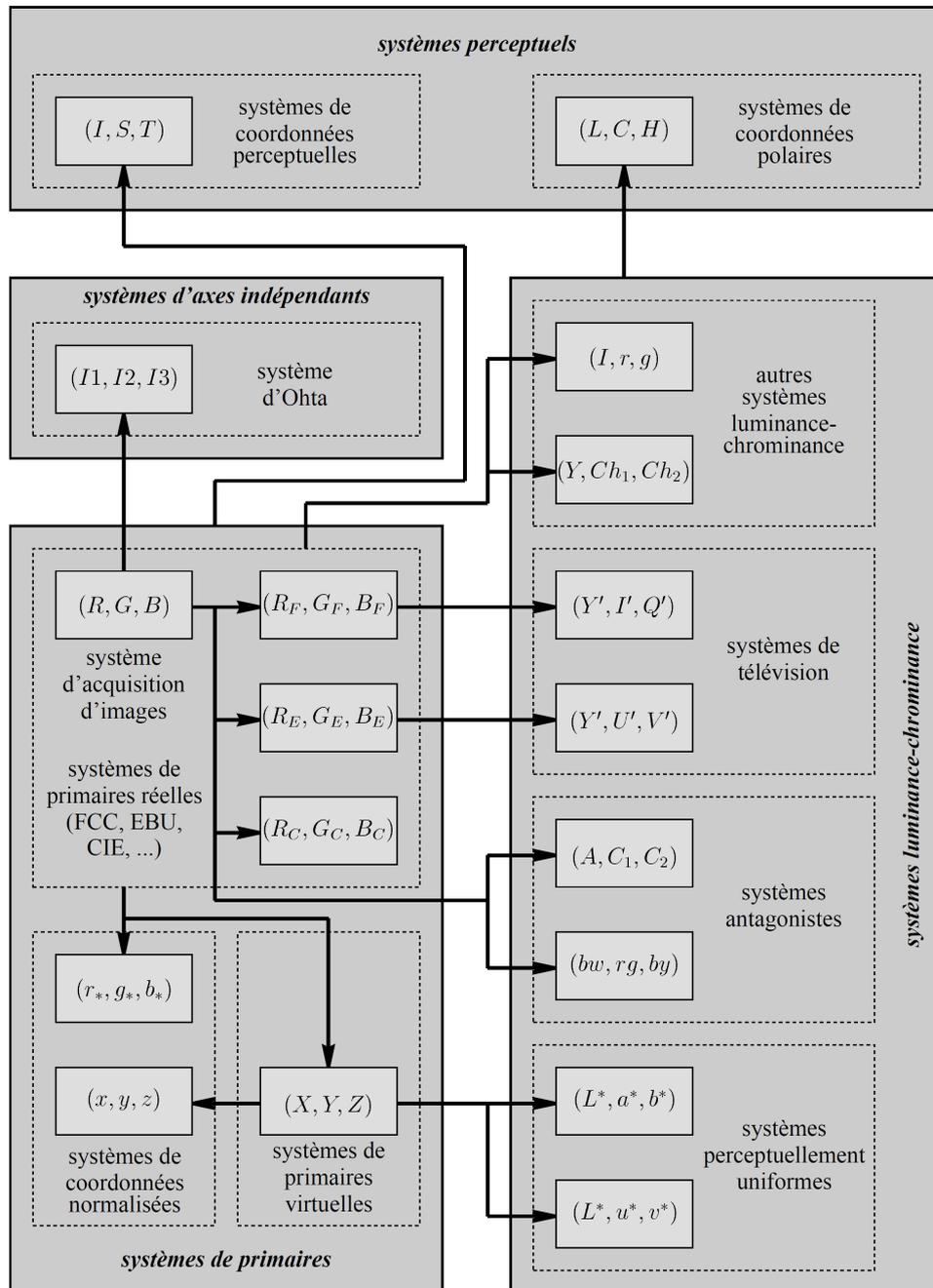


FIGURE 3.14 – Les familles de systèmes de représentation de la couleur (Vandenbroucke 2000).

# LA FUSION D'INFORMATIONS

# 4

## SOMMAIRE

1	GÉNÉRALITÉS SUR LA FUSION D'INFORMATION . . . . .	67
1.1	Introduction . . . . .	67
1.2	Nécessités de la fusion . . . . .	67
1.3	Genèse de la fusion . . . . .	67
1.4	Synthèse de définitions de la fusion . . . . .	68
1.5	Notion d'information . . . . .	69
1.6	Imperfections de l'information . . . . .	69
2	SYSTÈMES DE FUSION ET TYPES D'ARCHITECTURE . . . . .	70
2.1	Le processus de fusion . . . . .	71
2.2	Position de la fusion dans la chaîne de traitement de l'information . . . . .	71
2.3	Fusion Multi-Niveaux . . . . .	72
3	FUSION DE HAUT-NIVEAU . . . . .	73
3.1	État de l'art . . . . .	74
3.2	Approche bayésienne . . . . .	80
3.3	Théorie de l'évidence . . . . .	83
4	FUSION DE BAS-NIVEAU . . . . .	87
4.1	Concaténation . . . . .	87
4.2	Réduction de dimension . . . . .	87

**L'**OBSERVATION recueille les faits ; la réflexion les combine ; l'expérience vérifie le résultat de la combinaison.

Denis Diderot

## 1 GÉNÉRALITÉS SUR LA FUSION D'INFORMATION

### 1.1 Introduction

La fusion de l'information est un sujet en pleine effervescence, c'est une discipline qui a beaucoup évolué dernièrement, conçue pour régenter des abondances d'informations provenant de sources diverses afin de satisfaire des critères bien précis. Les méthodes de fusion de données ont été élaborées pour permettre de gérer des informations multiples, en tenant compte éventuellement de leur conflit éventuel ou de leur désaccord Appriou (1991). De nombreuses méthodes de fusion ont été imaginées et adaptées pour atteindre des objectifs tels que la détection, la reconnaissance, l'identification, l'automatisme, le suivi, la prise de décision etc. Ces objectifs peuvent être rencontrés dans de nombreux domaines d'application : robotique, défense, médecine et en particulier la vision.

### 1.2 Nécessités de la fusion

Le traitement de l'information souffre depuis belle lurette de problèmes de connaissance, évoquant souvent des situations entachées d'imprécision et d'incertitude. Améliorer ces connaissances passera par de nouvelles acquisitions, et l'obtention de données supplémentaire s'avèrent plus que nécessaire. Ceci a été rendu possible grâce à une nouvelle technologie offrant une immense variété de capteurs pour mesurer les grandeurs d'un objet physique du monde réel. Le développement de ces capteurs a permis de créer plusieurs sources d'informations distinctes et hétérogènes. Ces informations redondantes et complémentaires seront alors combinées numériquement par un formalisme adapté afin d'obtenir la meilleure connaissance possible de la situation étudiée en réduisant l'incertitude et l'imprécision Appriou (1990).

### 1.3 Genèse de la fusion

C'est une démarche aussi bien naturelle chez l'humain que l'animal. Ce dernier combine instinctivement les informations issues des capteurs biologiques pour aboutir à ses fins : la quête d'aliments ou simplement la survie. Cependant le raisonnement humain est plus développé ; avec ses cinq sens : la vue, l'ouïe, l'odorat, le toucher, le goût, associés à d'autres sources d'informations : sa mémoire, son expérience, et ses connaissances a priori ; le cerveau fusionne toutes ces informations et produit une décision. Depuis fort longtemps dans les tribus, les points de vue de leurs leaders sont pris en compte pour s'en sortir d'une situation délicate. Les grandes démocraties contemporaines quant à elles, ont recours aux consultations de toutes les franges de la société (institutions et personnalités) en organisant des assises afin de sortir leurs pays de la crise. Les systèmes de défense, de sécurité et les armées ont eux aussi eu recours à la fusion pour adopter

une stratégie de guerre; en se basant sur des images radar, renseignements, espions, connaissances du terrain etc (Murphy 1996). Le domaine médical a bénéficié notamment de cet atout en l'exploitant dans la surveillance médicale et la conception des systèmes d'aide à la décision. Et bien d'autres domaines très importants, sont sensibles à la fusion pour ne citer que : l'industrie, le nucléaire, la robotique etc (Rombaut M. 1997).

#### 1.4 Synthèse de définitions de la fusion

Dans la littérature, et avec l'absence d'un consensus, diverses définitions ont été données à la fusion d'information, nous avons essayé de dresser une synthèse chronologique :

- La fusion est un processus multi-niveaux et à facettes multiples ayant pour objet la détection automatique, l'association, la corrélation, l'estimation et la combinaison d'informations de sources singulières et plurielles (White 1991).
- Information fusion is a formal framework in which are expressed the means and tools for the alliance of data originating from different sources. It aims at obtaining information of greater quality; the exact definition of greater quality will depend upon the application (Lucien 1998).
- Information fusion encompasses the theory, techniques, and tools conceived and employed for exploiting the synergy in the information acquired from multiple sources (sensor, databases, information gathered by human, etc.) such that the resulting decision or action is in some sense better (qualitatively or quantitatively, in terms of accuracy, robustness and etc.) than would be possible, if these sources were used individually without such synergy exploitation (Dasarathy 2001).
- Information fusion is an Information Process dealing with the association, correlation, and combination of data and information from single and multiple sensors or sources to achieve refined estimates of parameters, characteristics, events, and behaviors for observed entities in an observed field of view. It is sometimes implemented as a Fully Automatic process or as a Human-Aiding process for Analysis and/or Decision Support (Hall and Llinas 2001).
- La fusion d'informations consiste à combiner des informations issues de plusieurs sources afin d'aider à la prise de décision (Bloch 2003).
- La fusion d'informations peut alors se définir comme la combinaison d'informations (souvent imparfaites et hétérogènes) afin d'obtenir une information globale plus complète, de meilleure qualité, et permettant de mieux décider et agir (Bloch 2005).
- The aim of a data fusion process is to maximize the useful information content acquired by heterogeneous sources in order to infer relevant situations and events related to the observed environment (Mastrogiovanni et al. 2007).

## 1.5 Notion d'information

Le terme « information » vient du verbe Latin *informare*, qui signifie « donner forme à » ou « se former une idée de », il désigne des notions sémantiquement proches et fortement dépendantes du contexte :

– L'information est décrite généralement en deux genres (Bloch 2003) :

1. **Numérique** : pour une information ayant été quantifiée et échantillonnée exprimée sous forme de nombre, c'est le cas le plus répandu dans les recherches (degré, amplitude, etc.).
2. **Symbolique** : pour une information qui n'a pas de valeur en soi, mais qui est significative exprimée sous forme de symboles (ex. musulman chrétien), de propositions (ex. grand ou petit) de règles d'association (ex. s'il marche à quatre pattes, c'est un animal) et la difficulté réside dans sa formulation.

Il existe même un troisième genre, l'information hybride (ex. information symbolique codée par des nombres).

– Trois concepts la décrivent usuellement selon Bossé et al. (2005) et Ackoff (1989) ; on parle de données (data), d'information (information) et de connaissance (knowledge) :

1. **Information** : Renseignement, fait qui apporte des renseignements nouveaux, disposé à être interprété pour obtenir un sens.
2. **Données** : Information présentée sous forme conventionnelle, en vue d'être traitée ; considérée comme matière brute, n'ont pas de signification au-delà de leurs existences.
3. **Connaissances** : Règles utilisant les données pour en déduire d'autres ; collectant l'information et visant l'utile.

Il est important de signaler que des chercheurs (Desodt-Lebrun 1996, Fabre 1999) désignent par numériques les informations quantitatives et par symboliques les informations qualitatives ; mais cette vision a été largement contestée dans la littérature.

Une illustration dans la figure 4.1 (Bierly et al. 2000) présente les transitions hiérarchiques et les niveaux d'abstraction des données, des informations, des connaissances et la sagesse ou bien l'expertise (wisdom).

## 1.6 Imperfections de l'information

Il est primordial de combiner plusieurs sources afin d'avoir une meilleure perception du « monde » du moment où les informations sont généralement imparfaites. Ce qui nous pousse à agir en proposant différentes initiatives : ou supprimer cette information, ou bien l'accepter et envisager des procédés pour faire front vis-à-vis de ces défauts ou encore la modéliser avec une des approches de la fusion d'information. L'imperfection de l'information peut être expliquée selon nombreuses formes et les principales en sont :

– **Ambiguïté** : désigne le fait que l'information en question provoque au moins plus d'une interprétation. Elle peut provenir d'une autre imperfection de l'information (incertitude, imprécision, conflit, ...), mais pas nécessairement.

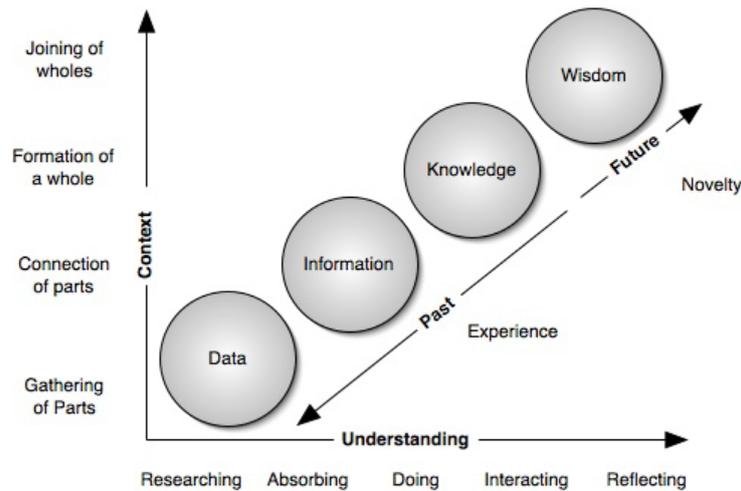


FIGURE 4.1 – Une hiérarchie cognitive extraite de *organizational learning, knowledge and wisdom* de Paul E. Bierley

- **Incertitude** : l'authenticité de l'information ou le degré de sa conformité n'est pas suffisant pour avoir une confiance totale. La connaissance partielle des faits et actes évoque l'incertitude.
- **Imprécision** : le contenu de l'information présente une insuffisance en matière d'exactitude et ponctualité ; l'imprécision est une carence de connaissance précise entraînant le flou.
- **Incomplétude** : déterminée par un manque d'une partie indispensable à la compréhension, elle peut causer l'incertitude et l'imprécision.
- **Redondance** : elle peut être d'informations ou de sources, si l'information est présente sous plusieurs formes ; ou plutôt de disposer de la même information plus d'une fois. Elle ne peut pas être considérée comme un défaut puisqu'elle rend l'information plus confirmée et davantage explicite.
- **Incohérence** : s'il y a contradiction entre les informations présentées ; un conflit notamment indique l'incohérence.
- **Bruit** : une erreur aléatoire affecte l'information.
- **Biais** : une déformation est appliquée de manière systématique.

## 2 SYSTÈMES DE FUSION ET TYPES D'ARCHITECTURE

L'approche qui, approuvant l'idée que la fusion se résume à des informations à combiner, est obsolète. Wald (2002) présente une caractérisation plus intéressante et mieux structurée. Martin (2005) adhère à cette idée, la complète, en intégrant des informations supplémentaires qui viennent compléter les informations issues des capteurs ; s'intéressant aux sources (fiabilité et dépendance), ou au domaine de l'application. Ces informations supplémentaires peuvent être issues des connaissances externes de l'expert si celui-ci formalise ces connaissances, elles peuvent également être issues de sources différentes telles que les résultats et la qualité de la fusion.

La fusion est devenue donc une opération ardue, elle peut être généra-

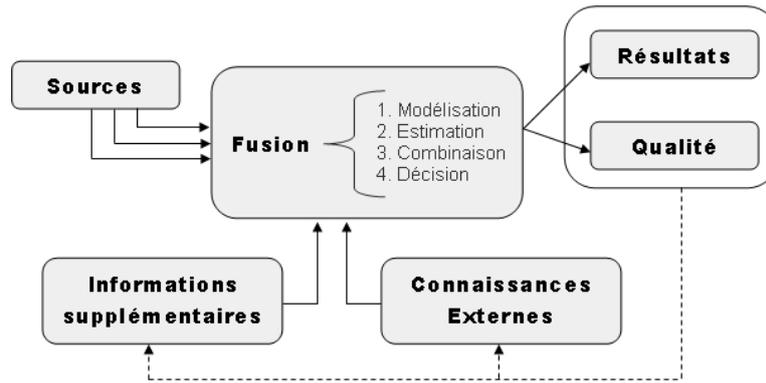


FIGURE 4.2 – Représentation de la Fusion

lement scinder de manière schématique en plusieurs étapes (Martin 2005, Bloch 2005), qu'on va les définir brièvement dans ce qui suit et dont on se servira de guides à la description des outils théoriques dans le présent chapitre. Observons un phénomène de fusion disposant de  $l$  sources  $S_1, S_2, \dots, S_l$ , avec un objectif de prendre une décision dans un ensemble de  $n$  décisions possibles  $d_1, d_2, \dots, d_n$ .

### 2.1 Le processus de fusion

Les principales étapes à résoudre pour construire le processus de fusion sont les suivantes :

1. **Modélisation** : une étape capitale portant le choix du formalisme (expressions des informations à fusionner), Cette modélisation peut être guidée par les informations supplémentaires (connaissances de l'expert, contexte et domaine). Supposons pour fixer les idées que chaque source  $S_j$  fournisse une information représentée par  $M_j^i$  sur la décision  $d_i$ . La forme de  $M_j^i$  dépend bien sûr du formalisme choisi.
2. **Estimation** : elle est sujette à la modélisation, souvent nécessaire pour la plupart des formalismes mais n'est pas une systématique. Là encore les informations supplémentaires peuvent intervenir.
3. **Combinaison** : étape considérée comme le cœur de la fusion, elle s'intéresse au choix d'un opérateur, compatible ou adapté avec le formalisme de modélisation retenue, ce choix peut aussi être influencé par les informations supplémentaires.
4. **Décision** : l'amélioration de la prise de décision est l'objectif majeur de la fusion d'après sa définition. Cette ultime étape de la fusion, se résume dans le choix d'un critère qui se fait selon le formalisme adopté. Régulièrement, il s'agit d'optimiser une fonction issue de la combinaison ; et peut servir notamment au calcul d'un indice de qualité.

### 2.2 Position de la fusion dans la chaîne de traitement de l'information

Devant la variété des applications, il est difficile de trouver une stratégie générique et applicable à tous les cas. Déterminer un formalisme pour

la fusion d'informations reste un problème ouvert. La complexité réside essentiellement dans le niveau où l'opération de fusion est accomplie ; niveau au sens de la hiérarchie cognitive.

Selon le stade de transformation, au cours duquel, la fusion a lieu et selon la manière dont ses étapes sont agencées, on définit le système de fusion et son architecture. En particulier, on distingue d'une part les systèmes décentralisés, dans lesquels des décisions locales sont prises au niveau de chaque source séparément, puis sont fusionnées en une décision globale, et d'autre part, les systèmes centralisés dans lesquels, on combine par une opération toutes les informations relatives aux différentes sources, et ainsi obtenir une information combinée, ensuite une décision est prise sur le résultat de cette combinaison.

## 2.3 Fusion Multi-Niveaux

### 2.3.1 Niveaux de fusion

Afin de pouvoir gérer, de manière efficace, la fusion et de l'évaluer correctement : plusieurs formalismes ont été introduits. Les différents niveaux de fusion sont également très discutés dans leur terminologie et dans leur nombre. Ce qui est communément retenu selon Dasarathy (1997), trois niveaux conceptuels correspondant à trois types d'information :

- **fusion de mesures** : c'est le niveau conceptuel le plus bas, il est appelé aussi le niveau signal ou de bas niveau ; et correspond à la fusion d'informations issues directement des capteurs ou de la source. Le bas niveau combine plusieurs sources de données brutes destinée à produire de nouvelles données brutes qui ont pour but de se révéler plus instructives et synthétiques que les entrées. Dans le domaine de l'image, plusieurs canaux de la même scène sont fusionnés pour produire une nouvelle image qui contient idéalement dans un nombre réduit de canaux toutes les informations disponibles. Ceci est particulièrement important lorsque le nombre de bandes spectrales disponibles devient si grand, qu'il est impossible de regarder les images séparément. Ce type de fusion nécessite toutefois une précision importante, notamment pour des images complexes. Nécessitant de bien sélectionner les informations à partir de sources différentes, il est important aussi de bien définir ce que sont les informations pertinentes.
- **fusion d'attributs** : ou des caractéristiques ou de moyen niveau ; c'est le niveau intermédiaire ; il concerne la combinaison d'informations extraites après diverses phases de traitement des mesures. L'objectif est d'obtenir un nombre limité de caractéristiques pertinentes parmi les fonctionnalités disponibles ; éléments qui sont susceptibles de provenir de plusieurs méthodes d'extraction des données. Les caractéristiques sont donc par exemple, les caractéristiques phonétiques de la voix, déterminées par un procédé quelconque à partir du signal, ou encore des paramètres de texture

d'une image.

- **fusion de décisions** : il correspond au niveau d'abstraction le plus élevé, appelé notamment fusion de haut niveau ; ce type agit dans l'espace de décision en effectuant l'association d'informations élaborées, qui peuvent être considérées comme propositions de décision. Ainsi pour chaque information d'entrée une décision est prise (par exemple par un classifieur). La fusion consiste à fournir, en sortie, une décision globale à partir des décisions d'entrée.

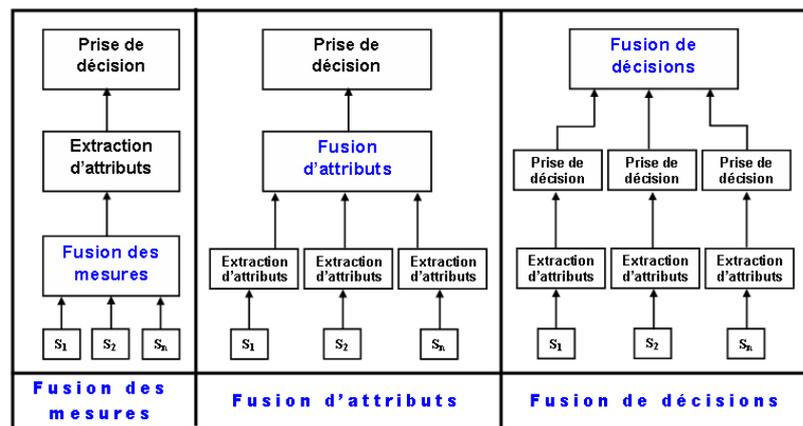


FIGURE 4.3 – Niveaux de fusion

Le choix du niveau de fusion doit se faire en fonction des données disponibles et de l'architecture de la fusion retenue (centralisée, distribuée, ...) qui sont liées à l'application recherchée. À partir des sources d'informations qui se sont multipliées et conformément aux différents niveaux de fusion qui ont été proposés, diverses méthodes ont connu des développements théoriques importants pour modéliser les connaissances imprécises et informations imparfaites.

Un état de l'art est conduit dans un premier temps, pour justifier nos choix et les propositions apportées essentiellement dans la réduction de dimension et la théorie de l'évidence. Ainsi que plusieurs concepts et formalismes seront présentés selon le niveau de fusion adopté.

### 3 FUSION DE HAUT-NIVEAU

Il s'agit d'une fusion/combinaison de classifieurs ou encore fusion de descripteurs de haut-niveau (*HLF : High-Level Feature*) ; considérée comme une discipline basée sur des techniques visant à renforcer la reconnaissance avec la complémentarité entre les classifieurs. Dans ce qui suit, nous allons commencer par introduire la combinaison parallèle de classifieurs, ainsi qu'une taxonomie des différentes méthodes de combinaison. Ensuite, nous présenterons en détail les méthodes les plus connues dans la littérature.

### 3.1 État de l'art

Parmi l'abondance dans les recherches actuelles de ce domaine, nous allons nous focaliser sur la combinaison parallèle des classifieurs qui est notre objectif majeur. Pour une même forme à reconnaître, la combinaison parallèle des classifieurs consiste à concerter une ultime sentence à partir d'un ensemble de  $L$  réponses émanant d'autant de classifieurs indépendants (figure 4.4). À présent et avant de passer à la dichotomie des méthodes, nous devons définir formellement le classifieur dans le cadre de la combinaison.

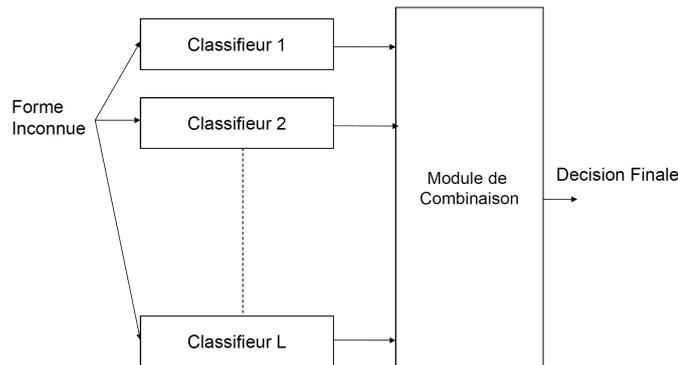


FIGURE 4.4 – Combinaison parallèle de classifieurs.

#### 3.1.1 Définition d'un classifieur dans le cadre de la combinaison

étant donné une forme ou un objet  $x$  à reconnaître, un classifieur est une fonction appliquée aux descripteurs de  $x$  permettant de lui attribuer la classe  $C_i$  parmi un nombre fini de classes possibles  $i = \{1, \dots, M\}$ . La sortie d'un classifieur peut être répartie en trois catégories suivant le type d'information apporté par le classifieur :

- type classe :  $e_j(x) = C_i$  ( $i \in \{1, \dots, M\}$ ) indique que le classifieur  $j$  a affecté  $x$  à la classe  $C_i$ .
- type rang :  $e_j(x) = [r_1^j, r_2^j, \dots, r_M^j]$  où  $r_i^j$  est le rang attribué à la classe  $i$  par le classifieur  $j$ .
- type mesure :  $e_j(x) = [m_1^j, m_2^j, \dots, m_M^j]$  où  $m_i^j$  est la mesure attribuée à la classe  $i$  par le classifieur  $j$ .

La sortie de type classe est la plus générale mais apporte le moins d'informations. La sortie de type rang reflète l'ordre de préférence des propositions fournies par le classifieur. La sortie de type mesure est la plus riche en information puisqu'elle reflète le niveau de confiance du classifieur dans ses propositions (Atukorale and Suganthan 1999).

#### 3.1.2 Taxonomie des méthodes de combinaison

Diverses taxonomies des méthodes de combinaison existent dans la littérature Clavier et al. (2000), Jain et al. (2000), Kuncheva et al. (2001), Xu et al. (1992). Il y a ceux qui font la différence entre fusion et sélection. La fusion consiste à combiner toutes les sorties des classifieurs pour atteindre

un consensus Ho et al. (1994), Kuncheva et al. (2000). La sélection consiste à choisir dynamiquement les "meilleurs" classifieurs parmi un ensemble de classifieurs possibles pour identifier la forme inconnue (Giacinto et al. 2000). Duin and Tax (2000) quant à eux, dissocient à leur manière deux types de méthodes de combinaison dans la fusion : (1) combinaison des classifieurs différents et (2) de classifieurs faibles. Un autre regroupement est proposé par Xu et al. (1992), qui sépare les méthodes de combinaison, selon le type d'information apporté par le classifieur (classe, rang, mesure).

Une autre taxonomie est construite par Jain et al. (2000), se basant sur trois critères d'égale importance : le type de sorties des classifieurs, l'adaptabilité des méthodes de combinaison (capacité à exploiter l'expertise des classifieurs) et leur capacité d'apprentissage. La notion d'apprentissage est un argument pour séparer les méthodes de fusion d'après Kuncheva et al. (2001), les méthodes avec apprentissage permettent de chercher à optimiser les paramètres qui vont servir dans la combinaison et les méthodes sans apprentissage, se servent uniquement des sorties des classifieurs, sans intégrer d'autres informations a priori sur les performances de chacun des classifieurs.

La taxonomie des méthodes de combinaison parallèle (figure 4.5) que propose Zouari et al. (2002) permet de définir des niveaux. Au premier niveau les méthodes de fusion des méthodes de sélection. Alors que les méthodes de sélection sont dynamiques ou adaptatives dans la mesure où elles cherchent à combiner le meilleur sous ensemble de classifieurs en fonction des données présentées en entrée de la combinaison. Les méthodes de fusion sont statiques puisqu'elles prennent en compte, dans un schéma de combinaison fixé, toutes les sorties des classifieurs.

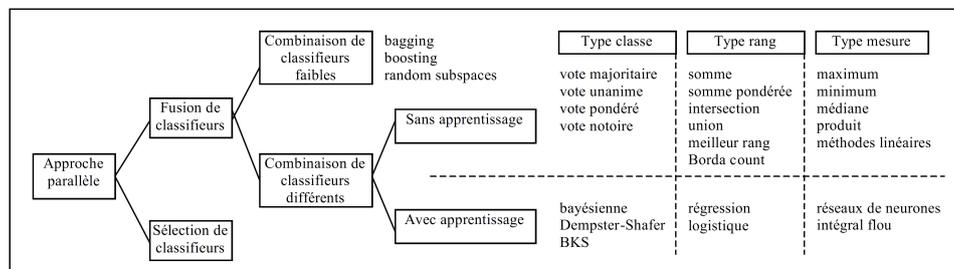


FIGURE 4.5 – Taxonomie des méthodes de combinaison parallèle de classifieurs (Zouari et al. 2002)

Le deuxième niveau sépare, suivant la nature des classifieurs combinés : combinaison de classifieurs faibles ou combinaison de classifieurs différents. Si dans le premier cas, les méthodes combinent les résultats de classifieurs identiques (mêmes algorithmes d'apprentissage et de décision) mais entraînés sur des données de distributions différentes, la situation est entièrement différente en ce qui concerne le deuxième type de méthodes dans lesquelles sont combinés des classifieurs qui se différencient aussi bien par leur structure que par les données traitées et les caractéristiques utilisées. Dans les méthodes de combinaison de classifieurs différents, on distingue les méthodes dites « figées » ou sans apprentissage (les sorties des classifieurs sont combinées dans un schéma dont les paramètres sont

invariables) des méthodes avec apprentissage qui cherchent à apprendre, sur les données disponibles, les paramètres nécessaires à la combinaison.

Enfin au troisième niveau, la complexité de ces méthodes varie en fonction de l'information associée aux réponses fournies par les classificateurs ; à savoir sortie de type classe, rang ou mesure Zouari et al. (2002).

À présent, nous allons citer succinctement les modèles de fusion haut niveau existants dans la littérature. Ensuite, nous allons développer une présentation plus détaillée dans la section suivante

### 3.1.3 Combinaison de classificateurs différents

#### – Sans apprentissage :

Les seules méthodes, combinant les sorties de classificateurs de type classe, sans avoir recours aux algorithmes d'apprentissage sont basées sur le principe de vote. Cette approche est très utilisée dans les travaux de reconnaissance d'écriture et vérification de signature (Sabourin and Genest 1995, Franke and Mandler 1992, Kimura and Shridhar 1991).

Tous les procédés basés sur le vote peuvent être dérivés de la règle de majorité avec seuil, exprimée par :

$$E(x) = \begin{cases} C_i \text{ si } \sum_i e_i = \max_{c_i \in \{1, \dots, M\}} \sum_j e_j \geq \alpha K \\ \text{rejet sinon} \end{cases} \quad (4.1)$$

où  $k$  est le nombre de classificateurs à combiner. Pour  $\alpha = 1$  qui présente le moins de risque puisque la classe est choisie si tous les classificateurs ont opté pour cette réponse, autrement c'est un rejet, il s'agit de la majorité unanime. La majorité absolue avec  $\alpha = 0.5$  lorsque la classe finale est décidée si plus de la moitié des classificateurs l'ont proposé. Pour  $\alpha = 0$  on dit qu'on a une majorité simple où le résultat de la fusion est la classe la plus présentes parmi les  $K$  classificateurs. Si toutes les classes ont le même nombre de votes il y a rejet, et le risque de conflit est important. La majorité notoire consiste à opter pour une classe comme ultime résultat si elle est majoritaire et se distingue de la deuxième classe par une différence supérieure à un certain seuil ; de plus la majorité notoire est meilleure que la majorité avec seuil, spécialement quand un minimum de fiabilité est exigé.

Les méthodes de type rang combinent les listes de propositions de classificateurs ordonnées de manière décroissantes (Saranli and Demirekler 2001). On trouve dans cette catégorie la méthode de somme qui est une généralisation de la méthode du vote. Les rangs attribués par chaque classificateur peuvent être considérés comme des votes pour toutes les classes. Le vote total pour une classe est donc la somme de tous les votes pour cette classe. Les classes sont ensuite triées, selon les rangs (votes) totaux. Le nouvel ordre détermine les rangs.

Les méthodes de type mesure combinent des mesures qui reflètent le degré de confiance des classificateurs sur l'appartenance de la forme à reconnaître pour chaque classe. La règle de décision sans apprentissage ap-

plique aux sorties une combinaison linéaire :  $E(x) = \sum_{k=1}^K \beta_k m_i^k$  où  $\beta_k$  un coefficient de l'importance attribué au  $k^{ieme}$  classifieur dans la combinaison et  $m_i^k$  est sa réponse pour la classe  $i$ .

– **Avec apprentissage :**

Il existe une multitude de méthodes, qui reposent sur une phase d'apprentissage pour fusionner les résultats des classifieurs. Nous aborderons plus en détail deux d'entre elles dans les sections 3.2 et 3.3 , mais nous nous limiterons dans cette partie à décrire quelques unes.

Nous commencerons par **la théorie de Bayes**, son utilisation consiste à déterminer la classe pour laquelle la probabilité a posteriori est maximale. Pour estimer cette dernière, les études supposent que les décisions des classifieurs doivent être indépendantes et sont estimées à partir de la matrice de confusion obtenue du classifieur.

**La théorie de l'évidence** est une généralisation de la théorie bayésienne avec la gestion de l'incertain et de l'ignorance. Son principe est de permettre d'affecter des degrés de confiance (jeu de masses), non seulement à des hypothèses simples, mais aussi à des groupes d'hypothèses si la connaissance disponible ne porte que sur un ensemble d'hypothèses sans plus de précision. Ces jeux de masses possèdent un certain nombre de propriétés qui seront détaillées dans 3.3. Pour construire ces jeux de masses, il n'existe aucune méthode générique reconnue et dépend fortement de l'application étudiée. La fusion des connaissances provenant des différents classifieurs se fait par l'intermédiaire d'une règle de sommation orthogonale, dite règle de Dempster qui se fait sur le jeu de masses final. Pour la prise de décision, il faut opter pour une stratégie en fonction de la conduite que l'on souhaite avoir. Cette modélisation présente l'avantage et l'inconvénient d'être très souple, et donc de bien s'adapter au cas par cas.

Les deux précédentes stratégies de fusion se basent sur le comportement a priori des classifieurs avec une indépendance totale entre eux. La méthode **Behavior Knowledge Space (BKS)** permet de prendre en compte les dépendances qui les intègrent directement dans la règle de décision. C'est un espace à L-dimensions dont une dimension est équivalente à la décision d'un classifieur (Raudys and Roli 2003). Un espace de connaissance englobe l'intégralité des décisions permettant de suivre leurs comportements. La première étape consiste à construire la table du BKS en réunissant le nombre total des échantillons d'entrée  $T_i$ , la classe la plus représentée  $R_c$  et le nombre d'échantillons par classe  $N_i^c$ . Finalement la décision se prend par :

$$F(P) = \begin{cases} R_c, & \text{si } T_i > 0 \text{ et } \frac{N_i^c}{T_i} \geq \lambda \\ \text{Rejet}, & \text{sinon} \end{cases}$$

avec  $\lambda \in [0, 1]$  un seuil pour le contrôle de la fiabilité de la décision finale. Cependant, le BKS présente quelques inconvénients (Benmokhtar 2009) :

- exigence d'une base d'apprentissage assez riche et représentative ;
- autrement plusieurs cellules de la matrice BKS seront vides ce qui va réduire le nombre de cas d'estimation ;
- risque de sur-apprentissage.

Kuncheva et al. (2001) propose **Decision Template (DT)** : une technique basée sur l'utilisation de " patrons de décision ", avec une approche reposant sur le calcul d'une distance entre les prototypes . Pour déterminer un patron pour chacune des classes, un entraînement est nécessaire. Le patron est la moyenne des sorties numériques de plusieurs sources. La décision est prise à l'aide du maximum des différentes similarités.

**La Théorie des ensembles flous** (Zadeh 1988) prend en compte des informations imprécises ou approximatives dans un système de décision. Les valeurs de sa fonction d'appartenance ne sont pas limitées dans l'ensemble  $0, 1$ , mais dans tout l'intervalle  $[0, 1]$ . Ainsi, un élément appartiendra un peu à un ensemble  $A$  si sa fonction d'appartenance est faible et beaucoup si celle-ci est forte, proche de  $1$ . Par opposition aux ensembles stricts, il n'existe pas de méthode générique pour définir les ensembles flous ; des heuristiques ont été proposées ou des algorithmes comme les C-Moyennes Floues (Keller and Krishnapuram 1992). Celui-ci repose sur le principe du clustering, et définit des degrés d'appartenance de chaque élément à classer aux différentes classes floues. Dans le but de minimiser une fonction objective, il déroule plusieurs itérations jusqu'à l'obtention d'une classification optimale.

**La théorie des possibilités** introduite par Zadeh en 1978, puis développée par Dubois and Prade (1985) en découle de la théorie des sous-ensembles flous. Elle a l'aptitude d'avoir simultanément une représentation des imprécisions et des incertitudes de l'information. Elle repose sur les mesures de possibilité et de nécessité qui permettent de décrire l'incertitude d'un évènement par le degré de possibilité et le degré de possibilité de l'évènement contraire qui s'interprète comme un degré de nécessité (dans le sens de la certitude).

Pour le type mesure, d'autres stratégies de fusion et de combinaison ont bénéficié des recherches inhérentes à la classification. Nous pouvons citer **le réseau de neurones** en tant que méthode de combinaison avec sa capacité d'apprentissage, il est en mesure de pouvoir gérer au mieux les conflits existants entre les classifieurs. Les arbres binaires basés sur **les algorithmes génétiques** pour sélectionner la meilleure formule menant à la fusion, avec ses quatre opérations (somme, produit, maximum et minimum) ont un sens particulier dans un cadre probabiliste qui convient parfaitement au problème de la fusion.

#### 3.1.4 Combinaison de classifieurs faibles

Dans le jargon de la Reconnaissance de Formes *RdF*, il existe une catégorie de classifieurs appelée "les classifieurs faibles". Un classifieur faible<sup>1</sup>

1. un classifieurs faible : en anglais weak classifier

est un classifieur binaire qui fait aussi bien que le hasard. C'est-à-dire qu'il ne se trompe pas plus d'une fois sur deux en moyenne, si la distribution des classes est équilibrée. Des recherches en apprentissage artificiel datant du début des années 1990 montrent qu'il est possible d'atteindre une décision aussi précise que souhaitée par une combinaison judicieuse d'experts imparfaits mais correctement entraînés (Cornuéjols and Miclet 2011). Plusieurs algorithmes d'apprentissage ont été développés à la suite de ces travaux, on citera les plus marquants.

- **ADABOOST** : pour "ADaptive BOOSTing" avec l'agrégation des classifieurs comme idée principale. Autrement dit, une sélection itérative de classifieur faible en fonction d'une distribution des exemples d'apprentissage ; chaque exemple est pondéré en fonction de sa difficulté avec le classifieur courant (Freund et al. 1996). Formellement, à chacune de ses étapes  $1 \leq t \leq T$  il définit une nouvelle distribution de probabilité pour les instances en fonction des résultats de l'algorithme à l'étape précédente ; tout en augmentant le poids des instances qui ne sont pas correctement classées. On définit un poids  $\alpha_t$  mesurant l'importance de l'exemple qui sera affecté à l'hypothèse  $h_t : \mathcal{X} \rightarrow \{-1, +1\}$  ; le poids à l'étape  $t$  d'un exemple  $((x)_i; u_i)$  d'indice  $i$  est noté  $D_t(i)$ . Initialement, tous les exemples ont un poids identique, puis à chaque étape, les poids des exemples mal classés par l'apprenant sont augmentés ; c'est une manière de forcer l'apprenant à se concentrer sur les exemples difficiles. La prise de décision se fait en utilisant la règle  $H(x) = \text{sign} \left( \sum_{t=1}^T \alpha_t h_t(x) \right)$ . Cet algorithme réduit le taux d'erreur à chaque itération  $\varepsilon_t = \sum D_t(i)$ , néanmoins il souffre parfois de sur-apprentissage lors de la présence de bruit dans les données.
- **Bagging** : Simple et généralement moins performante que la précédente, cette méthode combine des hypothèses pour obtenir une hypothèse finale. Son concept n'est pas différent du boosting, on entraîne un algorithme d'apprentissage (arbre de décision, réseau connexionniste, etc.) sur plusieurs bases d'apprentissage obtenues par tirage avec remise (bootstrap) de  $m'$  (avec :  $m' < m$ ) exemples d'apprentissage dans l'échantillon d'apprentissage  $S$ . Pour chaque tirage  $b$  (pour bag), une hypothèse  $h_b$  est obtenue. L'agrégation consiste à combiner ces classifieurs en utilisant le vote majoritaire comme règle de combinaison. L'hypothèse finale est simplement la moyenne des hypothèses obtenues sur  $B$  tirages au total :

$$H(x) = \frac{1}{B} \sum_{b=1}^B h_b(x)$$

Skurichina and Duin (1998) a montré que le Bagging dégrade celle des classifieurs stables et améliore la performance des classifieurs instables<sup>2</sup>.

---

2. un classifieur est dit instable si un changement mineur dans les données provoque un changement assez important du modèle

- **Random Space** : réalise une modification de la base d'apprentissage sur l'espace des caractéristiques. Étant donné  $X_i = (x_{i1}, x_{i2}, \dots, x_{ip})$  un élément de dimension  $p$  de la base d'apprentissage  $X = (X_1, \dots, X_n)$ . On sélectionne au hasard  $p^* < p$  caractéristiques de  $X$ . L'ensemble d'apprentissage modifié  $\tilde{X}^b = (\tilde{X}_1^b, \dots, \tilde{X}_n^b)$  est constitué d'objets  $\tilde{X}_i^b = (\tilde{x}_{i1}^b, \dots, \tilde{x}_{ip}^b)$  ( $i = 1, \dots, n$ ) de dimension  $p^*$  où les  $x_{ij}^b$  ( $i = 1, \dots, p^*$ ) sont les  $p^*$  composantes du vecteur d'apprentissage  $X_i$  sélectionnées au hasard. Les classifieurs sont ensuite construits dans un sous-espace  $\tilde{X}^b$  et combinés par règle de vote majoritaire. À condition d'avoir un nombre de caractéristiques élevé, le random space peut être meilleur que le bagging et le boosting en maintenant une erreur d'apprentissage faible et en diminuant l'erreur de généralisation pour les classifieurs linéaires (Ho 1998).

Il existe d'autres alternatives aux combinaisons de classifieurs faibles, il s'agit de sélections de classifieurs ; en choisissant dynamiquement un sous ensemble minimal de classifieurs parmi un ensemble de classifieurs à combiner. Cette approche considère chaque classifieur comme un expert dans son espace local de caractéristiques et la décision finale est prise, soit par le meilleur classifieur, soit avec une procédure séquentielle qui cherche et élimine les classifieurs redondants ou nuisibles (Giacinto et al. 2000, Ayad et al. 2010).

### 3.2 Approche bayésienne

L'approche bayésienne découle d'un cadre mathématique rigoureux : la théorie des probabilités. C'est une approche qui fait plus référence à la combinaison qu'à l'estimation. Les imperfections de l'information sont modélisées à partir de distributions de probabilités ou de mesures statistiques, mais parmi les imperfections vues dans la section 1.6 l'approche bayésienne ne permet de modéliser que l'incertitude de l'information.

On se place ici dans un cadre d'étude de la fusion d'images au niveau pixel, avec comme objectif la segmentation d'images à l'aide de la fusion des décisions. La théorie bayésienne est l'une des techniques pionnières ayant servi pour la fusion d'images. On trouve de nombreux travaux de recherche dans la littérature du traitement d'images multispectrales (Chauvin 1995, Dou 2006, Stathaki 2011, Amro et al. 2011). Ces auteurs ont opté pour cette formule, à cause de ses bases mathématiques reconnues (il est plus familier de manipuler des probabilités que de le faire avec la logique floue ou les jeux de masse Dempster-Shafer). Dans la suite de cette section, nous allons rappeler les fondements essentiels de la théorie bayésienne : la modélisation, l'estimation, la combinaison et la décision

#### 3.2.1 Modélisation

Elle est fondée sur les probabilités conditionnelles :

$$M_j^i(x) = p(d_i | S_j) \quad (4.2)$$

avec  $j \in \{1, \dots, m\}$  et  $i \in \{1, \dots, n\}$ . Ce modèle nous contraint d'avoir des décisions exclusives et exhaustives ; c'est à dire si  $x \in C_i$  alors  $x \notin C_k$  pour tout  $k \neq i$  et que toutes les classes sont connues à l'avance (hypothèse de monde fermé).

### 3.2.2 Estimation

Dans la modélisation, on a eu recours aux distributions de probabilités, d'où la nécessité d'une étape d'estimation. L'évaluation des distributions  $p(d_i | S_j)$  se fait suivant les deux cas qui se présentent :

- Cas discret : En appliquant la formule de Bayes, nous estimons  $p(d_i | S_j)$  par dénombrement i.e. à l'aide des fréquences sur une base d'apprentissage.
- Cas continu : Dans ce cas, il faut chercher à approcher les distributions  $p(d_i | S_j)$  par des distributions connues. Les distributions gaussiennes sont très couramment employées et trouvent leur justification dans l'application du théorème de la limite centrale. Pour les distributions gaussiennes, il s'agit donc d'estimer les moyennes et les variances.

### 3.2.3 Combinaison

La combinaison par l'approche bayésienne consiste à déterminer les probabilités  $p(d_i | S_1, \dots, S_m)$ . Ces probabilités peuvent être estimées directement, au niveau de la modélisation par la règle de Bayes :

$$p(d_i | S_1, \dots, S_m) = \frac{p(S_1, \dots, S_m | d_i) p(d_i)}{p(S_1, \dots, S_m)} \quad (4.3)$$

où les différentes probabilités sont estimées dans l'étape précédente. Ces probabilités peuvent également être calculées par la règle de Bayes de façon adaptative avec l'arrivée de l'information d'une nouvelle source :

$$p(d_i | S_1, \dots, S_m) = \frac{p(S_1 | d_i) p(S_2 | S_1, d_i) \dots p(S_m | S_1, \dots, S_{m-1}, d_i) p(d_i)}{p(S_1) p(S_2 | S_1) \dots p(S_m | S_1, \dots, S_{m-1})} \quad (4.4)$$

Ces deux manières de calculer les probabilités, sont parfaitement équivalentes, mais la seconde permet d'intégrer les informations disponibles successivement alors que la première nécessite d'avoir les informations des sources simultanément ; nous obtenons :

$$p(d_i | S_1, \dots, S_m) = \frac{\prod_{j=1}^m p(S_j | d_i) p(d_i)}{\prod_{j=1}^m p(S_j)} \quad (4.5)$$

L'équation 4.5 précédente montre que le type de combinaison s'exprime sous la forme d'un produit, c'est donc une combinaison conjonctive. Elle est de plus associative. Sous l'hypothèse d'indépendance, elle devient commutative et associative alors qu'elle ne l'est pas dans sa version 4.4. Lorsque l'hypothèse d'indépendance est faite, l'approche bayésienne est qualifiée de naïve (Martin 2005).

### 3.2.4 Décision

Dernière étape et plusieurs éventualités de décisions considérées. La règle la plus employée est celle du maximum a posteriori. En effet, on opte pour  $d_k$  si :

$$p(d_k | S_1, \dots, S_m) = \max_{i \in \{1, \dots, n\}} p(d_i | S_1, \dots, S_m) \quad (4.6)$$

Il existe d'autres critères statistiques, comme l'espérance maximale : de même, on opte pour  $d_k$  si :

$$E(d_k | S_1, \dots, S_m) = \max_{i \in \{1, \dots, n\}} E(d_i | S_1, \dots, S_m) \quad (4.7)$$

ou encore, le maximum de vraisemblance (cas particulier de l'espérance maximale), nous optons pour choisirons  $d_k$  si  $d_k$  est solution de :

$$\frac{\partial L(S_1, \dots, S_m, d_i)}{\partial d_i} = 0 \quad (4.8)$$

avec

$$\frac{\partial^2 L(S_1, \dots, S_m, d_i)}{\partial d_i^2} < 0 \quad (4.9)$$

et la fonction de vraisemblance est donnée par :

$$L(S_1, \dots, S_m, d_i) = p(d_i | S_1, \dots, S_m) \quad (4.10)$$

Il y a aussi le maximum d'entropie, opter pour  $d_k$  si :

$$\begin{aligned} H(d_k | S_1, \dots, S_m) &= \max_{i \in \{1, \dots, n\}} H(d_i | S_1, \dots, S_m) \\ &= \max_{i \in \{1, \dots, n\}} \{-p(d_i | S_1, \dots, S_m) \ln p(d_i | S_1, \dots, S_m)\} \end{aligned} \quad (4.11)$$

### 3.2.5 Intérêts

L'intérêt majeur des approches probabilistes est lié au fondements mathématiques cohérents et éprouvés par de nombreuses recherches. Ces méthodes probabilistes ont palliés aux limites des algorithmes de classification non supervisés à propos de la difficulté de définition du nombre de classes. Les connaissances acquises au cours d'apprentissage répondent aux espérances liées à : 1- non-contradiction, 2- continuité de la méthode, 3- universalité ou complétude, 4- énoncés sans équivoque, 5- pas de refus d'informations et prise en compte de la dépendance du contexte.

### 3.2.6 Limites de cette approche

Le problème majeur des probabilités est qu'elles représentent essentiellement l'incertitude et très mal l'imprécision. Ceci entraîne souvent une confusion des deux notions, elle a aussi la réputation d'être instable ; les performances sont vite dégradées si l'apprentissage est mauvais.

Imposer un modèle gaussien est certainement discutable, et il se trouve que le modèle gaussien est une modélisation robuste pour de nombreuses applications pratiques. Il est donc nécessaire, lorsque on utilise l'approche bayésienne de se définir une modélisation pour les fonctions de vraisemblance.

### 3.3 Théorie de l'évidence

Appelée aussi théorie des croyances ou encore théorie de Dempster-Shafer, issue des travaux de Dempster (1967) et continuée par Shafer (1976), elle se base sur la modélisation de la croyance en un évènement, réalisée par le biais de fonctions de masse permettant une bonne représentation des connaissances. C'est une extension de la théorie des probabilités supérieures et inférieures et souvent présentée de ce point de vue. Cette approche possède la particularité de mieux modéliser l'incertitude, mais aussi l'imprécision, en tenant compte également des ambiguïtés et des conflits entre les sources.

La théorie des croyances est plus adaptée à des problèmes de classification qu'à des problèmes d'estimation. Nous allons présenter ci-dessous, les différentes étapes de la fusion d'informations pour la théorie de l'évidence.

#### 3.3.1 Présentation de la théorie

Le principe de la théorie des croyances repose sur la manipulation de fonctions de masse définies sur des sous-ensembles à valeur dans  $[0; 1]$ .

Soit  $\Theta$  un ensemble de  $N$  hypothèses  $\{H_1, H_2, \dots, H_N\}$ , ensemble de toutes les décisions possibles - par exemple l'ensemble de toutes les classes envisageables dans une problématique de classification.  $\Theta$  est appelé cadre de discernement. Smets and Kennes (1994) définit l'hypothèse du monde fermé, parmi toutes les hypothèses recensées, on suppose qu'il y en a une et une seule de vérifiée. Toutes les autres sont fausses, il ne peut pas y avoir deux hypothèses vraies en même temps. De plus, la vérité se trouve obligatoirement dans le cadre de discernement. L'espace des fonctions de masse  $m$  est donné par l'ensemble de toutes les disjonctions possibles des décisions  $H_i$  noté :

$$2^\Theta = \{\emptyset, \{H_1\}, \{H_2\}, \{H_1 \cup H_2\}, \{H_3\}, \{H_1 \cup H_3\}, \{H_2 \cup H_3\}, \{H_1 \cup H_2 \cup H_3\}, \dots, \Theta\} \quad (4.12)$$

ou encore

$$2^\Theta = \{\emptyset, \{H_1\}, \{H_2\}, \{H_1, H_2\}, \{H_3\}, \{H_1, H_3\}, \{H_2, H_3\}, \{H_1, H_2, H_3\}, \dots, \Theta\} \quad (4.13)$$

- **Définition** : un élément focal est un élément  $A$  de  $2^\Theta$  tel que  $m_j(A) > 0$ . La réunion des éléments focaux est appelée le noyau.

Nous définissons une fonction de masse comme une fonction définie sur  $2^\Theta$  (l'ensemble des sous-ensembles de  $\Theta$ ) à valeurs dans  $[0; 1]$ . Pour une source  $S_j$ , la fonction de masse  $m_j$  vérifie en général par construction :

$$\sum_{A \subset 2^\Theta} m_j(A) = 1 \quad (4.14)$$

ici, la différence avec les probabilités réside dans le fait que  $A$  peut être l'union de deux décisions  $H_1$  et  $H_2$ . C'est grâce à ce principe que la théorie des croyances permet de modéliser les imprécisions. La modélisation est très souple, et l'utilisation des hypothèses composées permet d'exprimer de manière fine l'impossibilité à dissocier plusieurs hypothèses. C'est la

grande richesse, mais aussi la principale difficulté de la méthode, en l'absence de méthode générale pour l'affectation des masses. Afin de mieux illustrer la finesse de modélisation, on définit des ensembles de jeux de masses particuliers :

$$m(\Theta) = 1, \text{ et } m(A) = 0, \forall A \subset \Theta, A \neq \Theta \quad (4.15)$$

Ce jeu de masses représente donc l'**ignorance totale**, il est totalement concentré sur l'ensemble de discernement. On n'a pas réussi à séparer la masse de connaissance sur un ensemble plus réduit d'hypothèses, donc on n'arrive pas à discerner entre toutes les hypothèses de  $\Theta$ .

$$\exists H_i \in \Theta / m(H_i) = 1 \forall A \subset \Theta, A \neq H_i, m(A) = 0 \quad (4.16)$$

Ce jeu de masses est totalement concentré sur une seule hypothèse simple, donc exprime la **certitude totale** de la réalisation de l'hypothèse  $H_i$ .

Un *jeu de masse bayésien* est réparti uniquement sur les hypothèses simples. Il est alors équivalent à une probabilité et on se retrouve dans le cas de la théorie bayésienne. On verra dans ce cas que la crédibilité, la masse et la plausibilité d'une hypothèse sont confondues et sont une distribution de probabilité.

Un *jeu de masses consonant* présente la particularité d'avoir tous ses éléments focaux inclus les uns dans les autres, cette modélisation est souvent utilisée pour modéliser la connaissance. Ainsi, un jeu de masses consonant est équivalent à une distribution de possibilité ; ce modèle est souvent utilisé pour permettre la comparaison entre une approche par la théorie de l'évidence et par la théorie des possibilités.

### 3.3.2 Crédibilité, Plausibilité et Communalité

On définit ci-dessous les fonctions de crédibilité, de plausibilité et de communalité, trois fonctions dérivées de la fonction de masses pour exprimer de manière plus explicite la modélisation de Dempster-Shafer (Dromigny Badin 1998, Smets and Kennes 1994).

#### – Fonction de Crédibilité :

La fonction de crédibilité (Belief Function) ou fonction de croyance, permet de modéliser l'incertitude, elle correspond à la quantité d'informations qui est toute entière contenue dans le sous-ensemble considéré. Il contient l'ensemble des connaissances créditant la véracité de ce sous-ensemble.

$$Cr_j(A) = \sum_{B \subset A} m(B) \quad (4.17)$$

Elle s'interprète comme la croyance minimum en A i.e. l'intensité que les informations fournies par la source  $S_j$  soutiennent la proposition A.

#### – Fonction de Plausibilité :

La plausibilité d'un sous-ensemble A correspond à la quantité d'information ne discréditant pas A, c'est-à-dire toute l'information contenue dans les sous-ensembles ayant une intersection avec A :

$$Pl_j(A) = \sum_{B \cap A \neq \emptyset} m(B) \quad (4.18)$$

Elle s'interprète comme probabilité supérieure (croyance maximum). Cette fonction mesure l'intensité avec laquelle nous trouvons A, i.e. avec laquelle nous ne doutons pas en A.

$$Pl_j(A) = 1 - Cr_j(\bar{A}) \quad (4.19)$$

La plausibilité de A est également reliée à la crédibilité du complémentaire de A, et elle correspond à toute l'information ne créditant la véracité du complémentaire de A.

– **Fonction de Communalité :**

La communalité d'un sous-ensemble de A est définie par la relation suivante :

$$Q_j(A) = \sum_{A \subseteq B, B \in 2^\Theta} m(B) \quad (4.20)$$

Cela correspond à la quantité d'information, de tous les sous-ensembles contenant A. La communalité n'a pas une interprétation physique aussi simple que la crédibilité ou la plausibilité, mais elle est parfois utilisée dans le calcul de combinaison de jeu de masses dans le cadre de la fusion. C'est une fonction décroissante, qui fournit une autre façon de calculer la fonction de croyance.

Les quatre expressions ( $m, Cr, Pl, Q$ ) étaient quatre représentations du même jeu de connaissance. Il existe donc une bijection entre ces fonctions prises 2 à 2. Elles sont toutes déductibles les unes des autres, puisqu'elles sont toutes définies à partir des fonctions de masse.

### 3.3.3 Règle de combinaison de Dempster

La règle de combinaison (ou sommation) orthogonale de Dempster-Shafer permet de combiner deux fonctions de masse ou plus en une seule. Par exemple, deux types d'informations (ou deux capteurs apportant deux sources de connaissance différentes) sur le même cadre de discernement  $\Theta$ , on peut bâtir pour chaque capteur un jeu de masses exprimant au mieux la connaissance apportée (Dromigny Badin 1998). Ces deux jeux de masses peuvent être combinés, de manière à fournir un jeu de masses résultant, synthétisant la connaissance globale du système. Cette combinaison est effectuée par la règle de sommation orthogonale de Dempster, dont la formule est la suivante :

$$m(B) = (m_1 \oplus m_2)(B) = \frac{\sum_{A_1 \cap A_2 = B} m_1(A_1).m_2(A_2)}{1 - K}, \quad B \neq \emptyset \quad (4.21)$$

avec K une mesure de conflit entre les sources :

$$\sum_{A_1 \cap A_2 = \emptyset} m_1(A_1).m_2(A_2). \quad (4.22)$$

L'opérateur de sommation orthogonale possède un certain nombre de propriétés mathématiques :

1. *commutativité* : à partir de la construction géométrique et l'utilisation de fonctions uniquement commutatives, la sommation est commutative :  $m_1 \oplus m_2 = m_2 \oplus m_1$

2. *élément neutre* : La sommation orthogonale possède un élément neutre. C'est le jeu de masses correspondant à l'ignorance totale :  $\forall A \subset \Theta, A \neq \Theta, m(A) = 0, m(\Theta) = 1$ .
3. *élément absorbant* : Le jeu de masse de certitude totale sur une hypothèse simple  $H_i$  est un élément absorbant pour la sommation orthogonale. En effet, le fait de connaître parfaitement la vérité, l'emportera par rapport à une connaissance partielle.
4. *réflexivité* : La sommation orthogonale n'est pas réflexive ; la sommation d'un jeu de masse avec lui-même n'est pas toujours neutre. Concrètement, la double sommation avantage les éléments focaux de masses les plus importantes et réduit les masses les plus faibles. De plus, cette sommation peut introduire de nouveaux éléments focaux.
5. *associativité* : a priori, la règle de sommation n'est pas associative dans la forme complète. Par contre, calculant le conflit global et en effectuant la normalisation globale, une fois toutes les sommations effectuées, la règle devient associative.

il existe toutefois d'autres règles de combinaisons dans la littérature, mais beaucoup moins utilisées ; on peut citer à titre d'exemple la règle de Smets (Smets 1990), la règle de Yager (Yager 1987) et la Technique du hedging (Appriou 2002).

### 3.3.4 Prise de décision

L'étape ultime d'un tel système de classification concerne la prise de décision. Dans le cadre de cette théorie plusieurs possibilités sont envisageables. Le critère de prise de décision a une influence sur le résultat de la segmentation. Ainsi, une décision idéale correspond au cas où il existe toujours une décision dont la croyance est supérieure à la plausibilité de toute autre décision. Nous allons exposer les critères les plus utilisés :

1. **Maximum de crédibilité** : On choisit l'hypothèse simple possédant la crédibilité maximum, c'est hypothèse la plus souvent choisie, en raison de sa simplicité de mise en œuvre et ses résultats sont plus conforme à l'intuition. Elle correspond à un comportement plus pessimiste comparé au maximum de plausibilité.
2. **Maximum de plausibilité** : En effet, cette position correspond à un comportement plus prudent, qui trouve son utilité en cas de conflit entre les sources. Par contre, lors d'une absence de conflit, toutes les plausibilités sont égales à 1, alors cette règle n'est pas adaptée à tous les cas et ne permet pas de conclure.
3. **Probabilités pignistiques** : Un compromis au critère du maximum de plausibilité et du maximum de crédibilité a été proposé, où il introduit la probabilité pignistique. Ce nom provient de pignus en latin signifiant pari (bet en anglais). La probabilité pignistique est une mesure permettant d'approcher le couple (croyance, plausibilité) avec une répartition uniforme de la masse des hypothèses composées sur chacune des singletons la composant, définie comme ceci :

$$Bet(H_i) = \sum_{H_j \in A} \frac{m(A)}{card(A)}, \forall H_i \in \Theta \quad (4.23)$$

on applique ensuite un critère classique de maximum a posteriori provenant de la théorie bayésienne.

4. **Intervalle de confiance**  $[Cr, Pl]$  : Cette intervalle exprime la connaissance que l'on a sur une hypothèse, bien mieux que chaque notion prise séparément ; c'est un peu à la manière des degrés de confiance de MYCIN .

Il existe d'autres méthodes pour l'aide à la décision dans le cadre de la théorie de Dempster-Shafer ; s'inspirant des approches à base d'arbres de décision ou encore à base de hiérarchies (Shafer and Logan 1987).

## 4 FUSION DE BAS-NIVEAU

La fusion de descripteurs bas-niveau (*Low-Level Feature LLF*) produit une compétitivité et une complémentarité entre les descripteurs, avec la construction d'un vecteur nouveau en optant pour une des deux techniques suivantes :

- **statique** : une simple concaténation ou l'utilisation d'opérateurs simples.
- **dynamique** : une réduction de dimensionnalité.

Par ailleurs, lorsque les données sont représentées sur des échelles de valeurs différentes, il est nécessaire d'effectuer une **normalisation** des données. Cette tâche devient indispensable quand l'algorithme d'apprentissage fait intervenir des distances ; et ceci dans le but d'éviter l'influence d'une composante sur les autres. Autrement, l'utilisation des variables initiales faussera la donne au classifieur, en affectant plus de poids aux variables de plus forte dispersion, et en faisant presque disparaître presque les autres.

### 4.1 Concaténation

La concaténation peut être considéré comme le plus simple des opérateur pour une fusion des descripteurs bas-niveau, produisant carrément un vecteur unique appelé *merged fusion* (*Dmerged*). Toujours est-il que les descripteurs doivent avoir la même échelle de dimension (sinon appliquer une normalisation). Il est intéressant d'opérer une pondération pour formuler la confiance accordée à chacune des caractéristiques. Il existe d'autres alternatives à la concaténation ; ça consiste à faire une moyenne, sans quoi prendre ou Min ou le Max.

### 4.2 Réduction de dimension

Cette seconde stratégie a pour finalité la création d'un nombre de variables réduit le comparant à la base initiale, qui caractérise aussi bien les prototypes étudiés. La taille d'une base est évaluée avec deux mesures, le nombre de variables et le nombre d'échantillons. Ces deux dimensions peuvent prendre des valeurs très élevées, posant un énorme handicap pour l'exploration et l'analyse de ces données. Pour y remédier, des outils ou des techniques de traitement de données sont nécessaires. La réduction

des dimensions est l'une des plus vieilles approches permettant d'apporter des éléments de réponse à ce problème.

Réduire la dimension peut-il entraîner obligatoirement une perte d'information ? Non, si on opte pour la bonne technique (qui est choisie selon le contexte). D'autant plus, ça permet d'éliminer les informations non pertinentes et redondantes selon le critère utilisé. L'objectif est ou sélectionner ou extraire un sous-ensemble optimal de caractéristiques pertinentes pour un critère fixé auparavant (Guérif 2006).

Il est vrai que la réduction de la dimensionnalité est un sentier qui s'avère escarpé. Ce pari est qualifié de risqué, vaut ou a le mérite, au vue des avantages qui en dérivent : Primo, une meilleure visualisation et compréhension des données. Secundo, diminuer l'espace de stockage nécessaire ainsi que la quantité d'informations que les algorithmes auront à traiter et par conséquent le temps de calcul et d'apprentissage sera moins important. Et pour finir, un modèle ne prenant en entrée que peu de variables sera plus crédible qu'un modèle utilisant un grand nombre de variables d'entrée.

Toutes les techniques mathématiques de réduction de dimension sont réparties dans l'un de ces deux concepts :

1. **L'extraction de traits** : qui vise à sélectionner des caractéristiques dans un espace transformé - dans un espace de projection (figure 4.6).

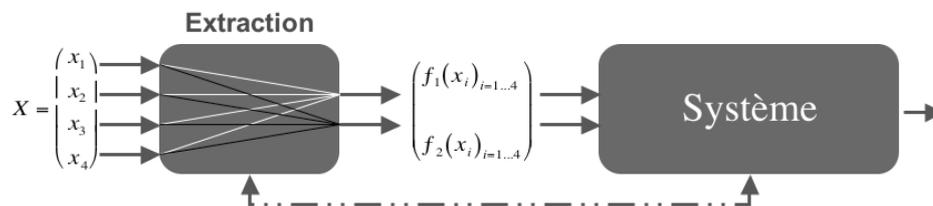


FIGURE 4.6 – Extraction de caractéristiques.

2. **La sélection de variables** : qui consiste à choisir des caractéristiques dans l'espace de mesure (figure 4.7).

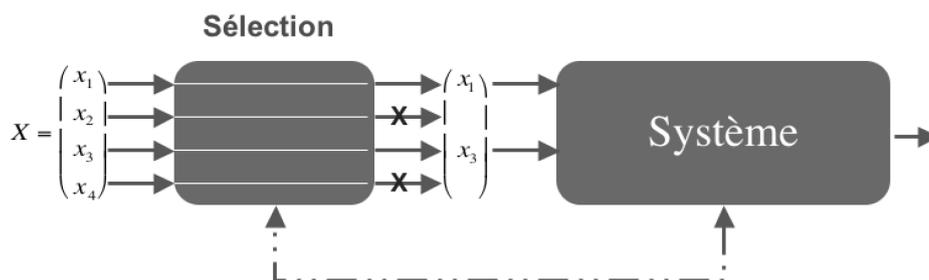


FIGURE 4.7 – Sélection de variables.

#### 4.2.1 Extraction de caractéristiques

Dans cette partie, nous considérons un ensemble de données composé de  $n$  individus. Chaque individu est représenté par un vecteur dans l'espace de  $m$  dimensions. Chaque vecteur est la réalisation de  $m$  variables aléatoires  $(X_1, X_2, \dots, X_m)$ . L'ensemble des données est représenté sous

la forme d'une matrice  $X : m \times n$  contenant en ligne les dimensions et en colonne les individus :  $X = \{x_{j,i} ; 1 \leq j \leq m, ; 1 \leq i \leq n\}$ . où  $n$  est le nombre d'éléments et  $m$  est le nombre de dimensions de chaque élément.

Il s'agit de trouver une représentation de dimension réduite :

$$y_i = \{y_{1,i}, y_{2,i}, \dots, y_{r,i}\} \text{ avec } r \leq m ,$$

qui exprime la même information que les données originales (les composantes  $y_i$  sont appelées composantes cachées, variables latentes ou dimensions intrinsèques). L'extraction des caractéristiques est une technique linéaire permettant de transformer les données originales dans un espace de dimension plus réduite tel que la nouvelle représentation des données soit une combinaison linéaire des données en entrée, c'est-à-dire :

$$y_{i,k} = \{\omega_{k,1}.x_{1,i} + \omega_{k,2}.x_{2,i} + \dots + \omega_{k,m}.x_{m,i}\} \quad (4.24)$$

$$\forall k \in \{1, 2, \dots, r\}, \forall i \in \{1, 2, \dots, n\}$$

ou en notation matricielle :  $Y = \Omega.X$

avec  $X = \{x_{j,i} ; 1 \leq j \leq m, ; 1 \leq i \leq n\}$ ,  $Y = \{y_{k,i} ; 1 \leq k \leq r, ; 1 \leq i \leq n\}$  et  $\Omega = \{\omega_{k,j} ; 1 \leq k \leq r, ; 1 \leq j \leq m\}$  la matrice de transformation linéaire.

La transformée inverse est :

$$x_{j,i} = \{a_{j,1}.y_{1,i} + a_{j,2}.y_{2,i} + \dots + a_{j,r}.y_{r,i}\} \quad (4.25)$$

$$\forall j \in \{1, 2, \dots, m\}, \forall i \in \{1, 2, \dots, n\}$$

ou en notation matricielle :  $X = A.Y$

avec  $A = \{a_{j,k}, \forall j \in \{1, 2, \dots, m\}, \forall k \in \{1, 2, \dots, r\}\}$  la matrice de transformation inverse.

Toutes les techniques d'analyse linéaire sont basées sur le même principe, elles se distinguent par la manière dont sont déterminées les matrices de transformation  $\Omega$  et  $A$ .

Dès à présent, nous allons présenter deux techniques : une analyse en composantes et un critère d'analyse discriminante.

#### – Analyse en Composantes Principales (ACP) :

Elle est considérée comme la plus célèbre méthode de réduction du nombre de dimensions. Cette analyse non-supervisée recherche les axes (facteurs principaux) qui permettent une dispersion maximale des données, puis projette les données dans le nouvel espace réduit obtenu (Karrhunen 1947, Loève 1945, Fisher 1936).

L'objectif est d'utiliser qu'un petit nombre de Composantes Principales  $CP$ , l'ACP en construit initialement  $p$ , autant que de variables initiales et classées par ordre décroissant. Il a été démontré que la recherche des axes ( $CP$ ) du sous-espace peut se faire de manière séquentielle. Il commence par l'axe qui décrit le mieux les données, puis le deuxième qui en plus doit être orthogonal au premier, et ainsi de suite (Benmokhtar 2009). L'analyse décidera par la suite le nombre  $k$  de composantes  $CP$  à retenir qui représentent au mieux la base de données  $X$  après projection. Formellement, il

faut minimiser  $J$  pour rendre le nuage de points projetés le moins déformé possible ; ou maximiser la variance du nuage des points projetés.

$$J = \frac{1}{2} \sum_{i=1}^N \|X_i - \text{proj}(X_i)\|^2 \quad (4.26)$$

La minimisation de  $J$  revient à calculer les  $k$  vecteurs propres de la matrice de covariance  $S$  associée aux plus grandes valeurs propres.

$$S = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (x_i - \bar{x})(x_i - \bar{x})^T \quad (4.27)$$

où,  $\bar{x}$  est la moyenne sur  $N$  échantillons dans l'ensemble d'entraînement,  $x_i$  est le  $i$ ème échantillon. une optimisation par la méthode de décomposition en valeurs singulières, qui permet de calculer la matrice  $S$  de taille  $(N \times M)$  par :

$$S = U.D.V^t \quad (4.28)$$

avec,  $U.U^t = U^t.U = I_N$  et  $V^t.V = I_N$  et  $D = \text{diag}(\lambda_1, \dots, \lambda_N)$

Il n'y a pas de méthode générique pour sélectionner automatiquement le nombre  $k$  de  $CP$ , il est décidé soit a priori, soit par seuillage des valeurs propres (e.g. critère de Kaiser), ou enfin par les expérimentations.

Il existe une autre analyse en composante en plus de l'ACP, il s'agit de l'**analyse en composantes indépendantes (ACI)** qui est une méthode non-supervisée qui recherche les axes qui sont les plus statistiquement indépendants les uns des autres (et donc décorrélés, mais pas forcément orthogonaux). Habituellement en traitement du signal, on suppose que les signaux sont seulement décorrélés, l'indépendance est une notion plus forte que la décorrélation. Dans la cas de variables gaussiennes, l'indépendance et la décorrélation sont équivalentes.

L'ACI n'est pas un outil de réduction du nombre de dimensions proprement parlé, car dans certaines variantes de l'ACI, le nombre de dimensions de l'espace de projection est plus grand que le nombre de dimensions de l'espace initial. Elle est d'ailleurs, dans la pratique, souvent utilisée conjointement à une ACP.

#### – Analyse discriminante linéaire (LDA)

Après avoir connu l'ACP comme technique d'extraction et de réduction de dimensions, elle est non-supervisée, et n'utilise donc pas de classes associées aux données. On expose à présent une autre alternative appelée analyse discriminante de Fisher ou Analyse Factorielle Discriminante introduite par Fisher (1936). Et par opposition à l'ACP qui recherche les axes (décorrélés et orthogonaux) représentant le mieux les données, l'Analyse Linéaire Discriminante(LDA) a pour objectif de réduire le nombre de dimensions tout en préservant au maximum les classes. Pour cela, elle cherche les axes tels que la projection des données dans l'espace engendré par ces axes permette une plus grande séparation des classes. La LDA est utile particulièrement dans les cas où les fréquences interclasses sont inégales.

La LDA définit la matrice de transformation optimale  $\Omega$  qui maximise le critère de FISHER ( $J$ ) (Hastie et al. 2001, Fukunaga 1990, Devyver and Kittler 1982, Strang 1988). Nous cherchons une transformation linéaire de matrice qui maximise la dispersion des classes (mesurée par la matrice de dispersion interclasse  $S_B$ ) par rapport à la dispersion des éléments au sein des classes (mesurée par la matrice de dispersion intraclasse  $S_W$ ). Le critère de FISHER propose de choisir la transformation linéaire qui maximise le ratio :

$$J_{LDA}(\Omega) = \frac{|\Omega^T S_B \Omega|}{|\Omega^T S_W \Omega|} \quad (4.29)$$

Où  $S_B$  et  $S_W$  sont les matrices de dispersion interclasse et intraclasse des projetés, définies comme suit :

- La matrice de dispersion intraclasse  $S_W$  (within-class scatter matrix) est définie comme la dispersion des moyennes de chaque classe :

$$S_W = \sum_{k=1}^{n_C} \sum_{x_i \in C_k} (x_i - \mu_k)(x_i - \mu_k)^T = \sum_{k=1}^{n_C} S_k \quad (4.30)$$

où :

- $\mu_k$  est la moyenne des pixels de la classe  $k$  :

$$\mu_k = \frac{1}{n_{C_k}} \sum_{i \in C_k} x_i \quad (4.31)$$

- $S_k$  est la matrice intra-classe  $k$  de la classe  $C_k$
- $n_C$  est le nombre de classe
- $n_{C_k}$  est le nombre de pixel appartenant à la classe  $C_k$
- $x_i$  les caractéristiques du pixel  $i$
- La matrice de dispersion interclasse  $S_B$  (between-class scatter matrix) est définie comme la moyenne des dispersions de chaque classe :

$$S_B = \sum_{k=1}^{n_C} n_{C_k} (\mu_k - \mu)(\mu_k - \mu)^T \quad (4.32)$$

où :

- $\mu$  est la moyenne de tous les pixels
- $\mu_k$  est la moyenne des pixels de la classe  $k$

Une fois les matrices  $S_W$  et  $S_B$  ont été estimées, le problème de maximisation de l'équation  $J$ , peut être résolu au moyen d'une décomposition aux valeurs propres, avec la maximisation du quotient *Rayleigh* des matrices  $S_B$  et  $S_W$ . où :

- Les vecteurs colonnes de  $\Omega$  sont les vecteurs propres  $\omega_k$  qui correspondent aux plus grandes valeurs propres  $\lambda_k$  solutions de l'équation :  $S_B V = S_W V \Lambda$ .
- $V$  est une matrice des vecteurs propres et  $\Lambda$  est une matrice diagonale ( $d \times d$ ) avec  $d$  valeurs propres  $\lambda_i$  associées aux vecteurs propres  $\omega_i$  de  $V$ .

Finalement, la sélection des vecteurs propres pour la matrice  $\Omega$ , le nombre obtenu de vecteurs est de  $(C - 1)$ , tel que  $C$  est le nombre de

classes. Le calcul des nouvelles composantes  $Y$  à partir des données  $X$  avec la matrice de transformation  $\Omega$ , tel que :

$$Y = \Omega X \quad (4.33)$$

La figure (4.8) compare les axes choisis par la LDA et l'ACP pour les mêmes données. La projection des données sur les axes montre que la LDA sépare les classes, tandis que l'ACP les confond. Les deux méthodes permettent de réduire de 2 à 1 dimension en trouvant, soit l'axe qui décrit le mieux les données pour l'ACP, soit l'axe qui sépare le mieux les classes pour la LDA.

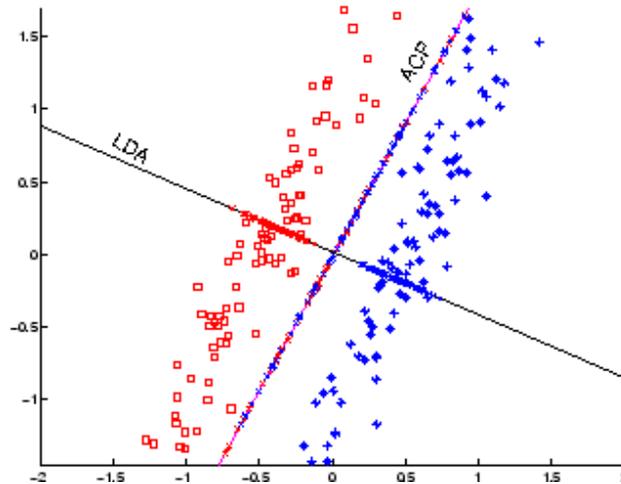


FIGURE 4.8 – Exemple d'extraction de caractéristiques avec LDA et ACP.

Il existe une autre technique dans le même registre que la LDA, il s'agit d'une autre analyse discriminante dénommée **MMD(Maximum Marginal Diversity)**. La diversité marginale maximale est une autre solution pour un problème de sélection des axes les plus discriminants, utilisée dans le contexte de la reconnaissance visuelle, elle consiste à choisir les axes qui maximisent la diversité marginale maximale.

#### – Critiques :

Malgré que toutes les techniques linéaires proposées permettent de réduire la dimension, il peut y avoir des inconvénients si le nombre de dimensions est très élevé, dans ce cas, il y aurait des risques que cette diminution soit entachée de perte d'informations au point que le résultat ne serait plus exploitable. Plusieurs recherches approuvent que cette *malédiction de la dimension* commence à partir de la dimension 15 (Or, on trouve des vecteurs de couleurs de dimension 256).

L'ACP est considérée comme un changement de repère, son recours à l'algèbre linéaire comme outil mathématique principal et sa simple interprétation géométrique représentent sa grande force. Mais elle est aussi sa faiblesse. De plus, ces techniques nécessitent une mise à jour de l'analyse en cas d'ajout de nouvelles données ( pour ré estimer les valeurs propres, vecteurs propres, matrices de covariance, axes principaux etc. . . ). La mise à jour est une opération extrêmement coûteuse lorsque le contenu de la base évolue régulièrement (Benmokhtar 2009).

Les valeurs aberrantes influent considérablement sur l'ACP, donc il est nécessaire de chercher ces absurdités pour les supprimer. Un autre problème de l'ACP est de déterminer le nombre de composantes à utiliser, combien de vecteurs propres ? il n'existe pas de méthode générale, quelques travaux se basent sur un seuillage des valeurs propres sinon ce choix est obtenu empiriquement. Des études réalisées sur l'ACP montrent que la première composante porte à elle seule l'essentiel de l'information avec un pourcentage de l'inertie avoisinant les 98%, qu'elle est moins sensible si l'ensemble d'apprentissage est petit et donne de meilleurs résultats que la LDA dans ce cas. Quant à la LDA, elle trouve son grand intérêt lorsque les fréquences interclasses sont disproportionnées et permet une plus grande séparation des classes.

	ACP	ACI	LDA	MMD
<b>Type</b>	non-supervisé	non-supervisé	supervisé	supervisé
<b>Principe : recherche les axes</b>	qui ont la plus grande variance	qui sont les plus indépendants	qui sont les plus discriminants	qui sont les plus discriminants
<b>Avantages</b>	permet de bien représenter les données, supprime les redondances	recherche les sources, supprime les redondances	méthode simple	plus rapide que l'infomax, pas d'hypothèse de gaussianité
<b>Inconvénients</b>	ne préserve pas les classes	ne préserve pas les classes	hypothèse de gaussianité, garde les redondances	garde les redondances

TABLE 4.1 – Tableau comparatif des principales caractéristiques des techniques d'extraction de caractéristiques (Tollari 2006)

On peut trouver aussi dans la littérature d'autres méthodes dites non linéaires : par opposition aux méthodes linéaires, qui reposent sur l'utilisation de distance euclidienne liée au produit scalaire. Les méthodes non linéaires se basent sur la théorie des espaces de Hilbert permettant de définir d'autres produits scalaires, basés sur des fonctions noyaux  $k(x, y)$ . Le noyau  $k$  définit implicitement une application de l'espace d'origine vers un "espace de caractéristiques" de grande dimension ; ce  $k$  est une mesure de similarité entre les points de l'ensemble à traiter. Si l'on remplace le produit scalaire habituel par un noyau  $k$ , on rend la méthode non-linéaire ; ce sont les méthodes à noyau introduites par Vapnik (2000) présentes dans de nombreuses recherches.

#### 4.2.2 Sélection de variables

Ces derniers temps, un regain d'intérêt particulier pour la sélection de variables notamment avec l'avènement d'énormes bases de données, de la pluralité des systèmes classification et de la fouille de données (Data Mining).

La sélection de descripteurs a pour objectif de découvrir seulement les descripteurs les plus informatifs, qui sont individuellement discriminants, de faible redondance, pour réduire le problème de sur-apprentissage et d'augmenter la vitesse de calcul (Torkkola 2003).

Il faut commencer par définir la *pertinence* d'une variable. Dans le domaine de la classification, il s'agit de reconnaître les variables avec lesquelles on peut obtenir une meilleure séparation entre les différentes classes. On dit alors que la pertinence d'une variable est liée au *pouvoir discriminant*. Le critère d'évaluation de cette pertinence est basé sur le calcul du taux de reconnaissances des classes en présence ou en absence d'une variable donnée (la qualité de prédiction remplacera le taux s'il s'agit de la régression).

Il existe trois grandes classes de méthodes de sélection : les méthodes de filtre (*filter*), les méthodes symbiose (*wrapper*) et les méthodes intégrées (*embedded*) qui seront définies ci-dessous.

1. **Méthodes par Filtre (Filter)** : Dans une étape de prétraitement et indépendamment du choix de la méthode de classification, l'approche Filter se base sur une heuristique qui tient compte de l'utilité individuelle de chaque variable et de sa corrélation avec les autres variables (Hall and Smith 1997). Cette corrélation est définie selon une métrique comme par exemple la corrélation de Pearson, divergence de Kullback-Leibler, l'information mutuelle, etc... (Torkkola 2003) .

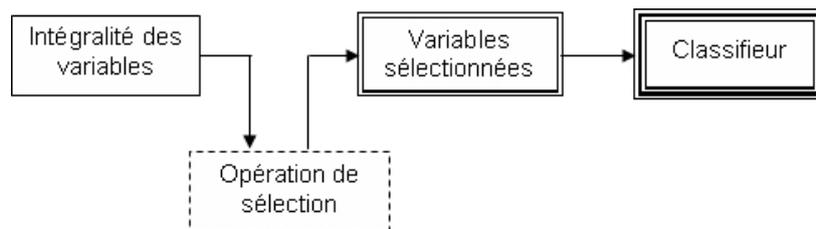


FIGURE 4.9 – Sélection des descripteurs par la méthode Filter

- **Algorithme Relief** : est l'un des algorithmes connus de ce type d'approche, il attribue un poids à chaque descripteur pour voir son intérêt par rapport à un concept cible. Avec des exemples aléatoires dans l'ensemble d'apprentissage et une mise à jour de la pertinence des valeurs selon la proximité de l'instance sélectionnée par rapport à la classe, souvent présenté comme une méthode résistante au bruit et de faible complexité. Cependant, elle ne tient pas compte d'une éventuelle redondance entre les variables ou d'une forte corrélation. Cette méthode dépend fortement du nombre d'exemples par classe.

2. **Méthodes symbiose (Wrapper)** : appelées aussi *méthodes à adaptateur*, elles évaluent les sous-ensembles d'attributs en fonction des performances d'un classifieur. Ce dernier a déjà construit son modèle à travers un apprentissage avant de commencer la procédure de sélection (Kohavi and John 1997). La méthode symbiose explore l'espace des sous-ensembles, utilisant la validation croisée pour comparer les performances des classifieurs entraînés sur chaque sous-ensemble (figure 4.10). Le principe de la sélection se fait soit par ajouts successifs d'attributs (ascendante : forward selection) soit par retraites successifs d'attributs (descendante : backward selection). Dénumbrer toutes les possibilités des sous-ensembles et faire passer ces derniers serait un problème NP-complet, il existe alors des techniques pour réduire ce nombre de sous ensembles comme le recuit simulé ou les algorithmes génétiques (Oliveira et al. 2001).

Les méthodes symbiose présentent l'avantage de sélectionner les d'attributs pertinents qui permettent les meilleures performances en généralisation et assez simples à mettre en œuvre. Le principal inconvénient de ces méthodes est leur coût calculatoire attaché à l'exploration de l'espace des sous-ensembles.

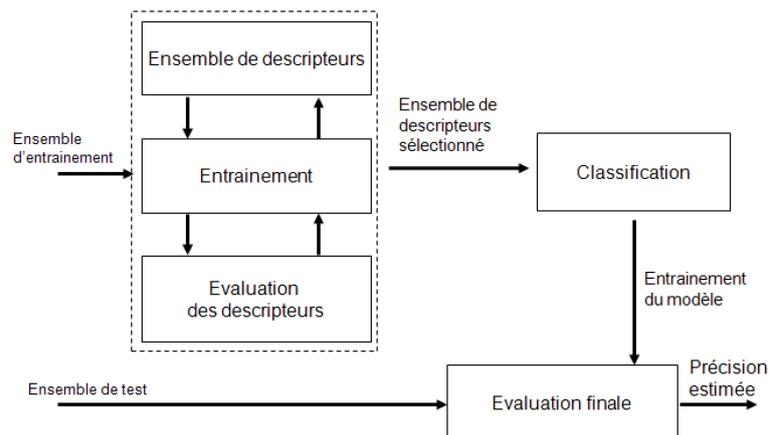


FIGURE 4.10 – Sélection des descripteurs par la méthode Wrapper

3. **Méthodes intégrées (Embedded)** : La sélection se déroule conjointement avec le système d'apprentissage du classifieur dans l'espoir de découvrir automatiquement les descripteurs utiles pour la classification. Un sous ensemble de descripteurs est pris à chaque fois durant l'apprentissage du classifieur et la recherche du meilleur sous-ensemble est guidée par l'erreur d'apprentissage. Ces méthodes sont très utilisées ces dernières années, Cependant ces méthodes présentent l'inconvénient de produire des résultats peu fiables lorsque les données ne sont pas assez importantes comparées au nombre d'attributs.

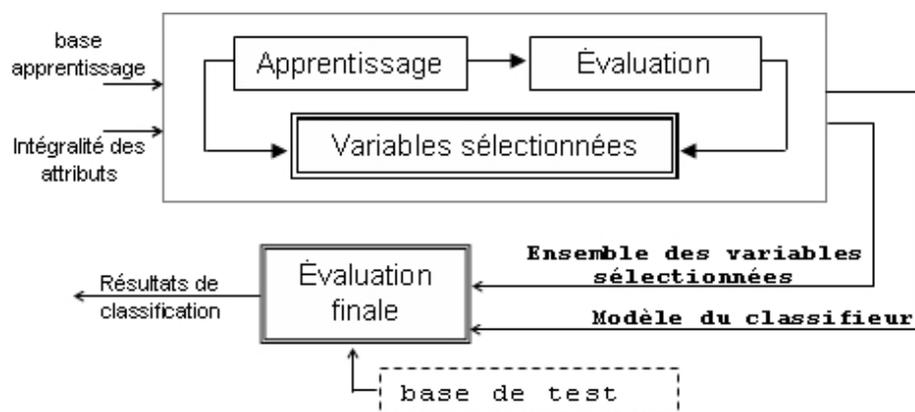


FIGURE 4.11 – Sélection des descripteurs par la méthode Embedded

# SEGMENTATION D'IMAGES CYTOLOGIQUES PAR FUSION

# 5

## SOMMAIRE

1	SEGMENTATION PAR FUSION DE DÉCISIONS . . . . .	98
1.1	Formalismes de fusion proposés . . . . .	99
1.2	Expérimentation . . . . .	100
1.3	Base d'apprentissage . . . . .	100
1.4	Résultats . . . . .	101
1.5	Discussion . . . . .	104
1.6	Étude comparative : . . . . .	106
1.7	Conclusion . . . . .	108
2	SEGMENTATION PAR FUSION D'ATTRIBUTS . . . . .	109
2.1	Réduction de la dimension . . . . .	109
2.2	Expérimentation . . . . .	111
2.3	Ensemble d'apprentissage . . . . .	112
2.4	Étapes de segmentation . . . . .	112
2.5	Résultats et discussion . . . . .	113
3	CARACTÉRISATION DES CELLULES . . . . .	117
3.1	Le plasmocyte . . . . .	117
3.2	Caractérisation du plasmocyte . . . . .	118
4	RECONNAISSANCE DES PLASMOCYTES . . . . .	120
4.1	Le myélome multiple . . . . .	120
4.2	Identification des plasmocytes . . . . .	122
5	CONCLUSION . . . . .	123

Cette partie est considérée comme cruciale puisqu'elle constitue le début de la chaîne de reconnaissances des cellules, par conséquent la suite en dépend fortement. Elle est consacrée à la réalisation d'une segmentation des images microscopiques de cytologie. Disposant d'images couleur, et comme défini précédemment dans les espaces couleur, chacun d'eux, ne peut fournir une information parfaite pour l'extraction des composantes cellulaires ou construire une séparation entre les différentes classes contenues dans l'image. Cependant les données provenant des espaces distinctement souffrent souvent de quelques imperfections (imprécisions, incertitudes, conflit, ambiguïté, incomplétude, fiabilité des sources, ...); d'où la nécessité d'édifier un modèle pour les associer.

Nous nous sommes fixés l'objectif de modéliser au mieux les différentes imperfections des données pour éventuellement les supprimer, mais encore pour l'aide à la décision. Ceci a été accompli en se basant sur le fondement de la théorie de la fusion et ses niveaux conceptuels.

## 1 SEGMENTATION PAR FUSION DE DÉCISIONS

Le premier modèle de segmentation proposé est basé sur une fusion de décision; une segmentation est réalisée dans différents espaces couleurs séparément; ensuite les fusionner pour avoir une segmentation finale de l'image. La fusion de décision sera conçue selon divers formalismes exposés postérieurement. La segmentation des images microscopiques de cytologie consiste en l'extraction des différents constituants cellulaires. L'image acquise depuis le microscope englobe les globules rouges (hématies), les globules blancs (leucocyte), les plaquettes et le plasma (fond ou background). Les plaquettes(ou thrombocytes) sont de très petites cellules sans noyau qu'on a jugé utile de les supprimer. L'annulation de cette classe est basée sur deux causes : ce type de cellules ne contribue nullement dans le diagnostic du médecin expert et leurs tailles négligeables par rapport aux autres constituants de l'image. Le leucocyte est formé d'un noyau et d'un cytoplasme; ce qui revient à dire que notre image sera composée de quatre classes : noyau, cytoplasme, globule rouge et fond.

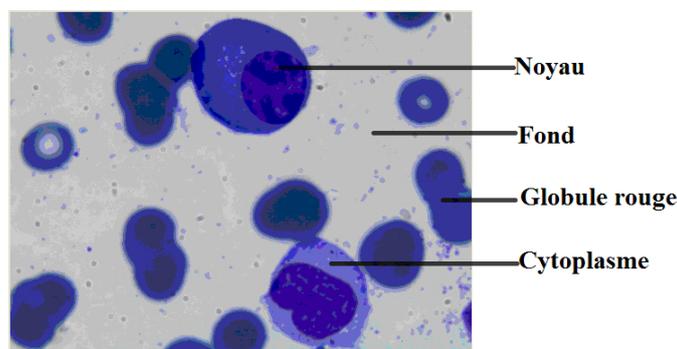


FIGURE 5.1 – Image cytologique médullaire

Nous avons opté pour une segmentation de type classification pixelaire justifié principalement par la complexité de notre type d'images (variabilité et fluctuation colorimétrique, chevauchement et entassement des cellules, contexte et conditions d'acquisition : coloration des lames, lumière du microscope etc.). Au début, plusieurs espaces couleurs ont été

expérimentés, exclusivement cinq ont été retenus représentant toutes les familles de systèmes de représentation de la couleur.

## 1.1 Formalismes de fusion proposés

### 1.1.1 Vote

Le vote est un procédé de fusion essentiellement adaptée aux classifieurs de type classes d'appartenance (décisions), c'est l'unique méthode applicable sans apprentissage. Son principe est vite assimilé, aisément mis en œuvre et souvent employé dans la reconnaissance de l'écriture (Chou et al. 1994). Toutes les méthodes de votes découlent du principe de majorité avec seuil décrite par :

$$E(x) = \begin{cases} C_i & \text{si } \sum_i e_i = \max_{C_i \in 1, \dots, M} \sum_j e_j \geq \alpha K \\ \text{rejet} & \text{sinon} \end{cases} \quad (5.1)$$

Avec  $L$  différents classifieurs nécessitant la fusion et  $\alpha$  est un paramètre contrôlant la manière de voter :

- **majorité unanime** : l'ultime décision est prise si toutes les décisions sont unanimement en accord, autrement il y a rejet ( $\alpha = 1$ ).
- **majorité absolue** : si plus de la moitié des décisions optent pour cette résolution ( $\alpha = 0.5$ ).
- **majorité simple** : dans ce cas, la classe la plus présente parmi les classifieurs la remporte ( $\alpha = 0$ ).

On peut aussi considérer une autre façon, c'est le cas de la **majorité pondérée** où un coefficient est affecté à chaque classifieur selon son rendement.

### 1.1.2 Théorie de l'évidence

Appelée aussi **théorie des croyances** ou encore **théorie de Dempster-Shafer** originaire des recherches de Dempster (1967), reprise par Shafer (1976), cette méthode est fondée sur la modélisation de la croyance en un événement. Le concept central est celui de la structure  $m : 2^\Omega \rightarrow [0, 1]$  qui vérifie les propriétés suivantes :

$$\begin{cases} m(\phi) = 0 \\ \sum_{A \subseteq \Omega} m(A) = 1 \end{cases} \quad (5.2)$$

où  $\Omega = \{w_1, \dots, w_n\}$ ,  $2^\Omega = \{A = \{\omega_{i_1}, \dots, \omega_{i_n}\} / A \subseteq \Omega\}$ .

$m(A)$  correspond au degré d'évidence attribuée à l'ensemble  $A$ , mais ne peut être associée à aucun sous ensemble particulier de  $A$ . Les éléments focaux de  $m$  sont les sous-ensembles  $A$  de  $\Omega$  pour lesquels la masse de croyance  $m(A)$  est non nulle. La combinaison des évidences  $m_1, \dots, m_k$  issues de plusieurs supposés indépendants est :  $m = m_1 \oplus m_2 \oplus \dots \oplus m_k$ . Étant donné un élément focal  $A$ ,  $m(A)$  est obtenue par la somme des produits des mesures d'évidence issues des éléments  $A_1, \dots, A_k$  dont l'intersection correspond au sous ensemble  $A$  :

$$m(A) = \frac{1}{C} \sum_{A_1 \cap \dots \cap A_k = A} \prod_{i=1}^k m_i(A_i) \quad (5.3)$$

avec  $C = 1 - \sum_{A_1 \cap \dots \cap A_k = A} \prod_{i=1}^k m_i(A_i)$  est un facteur de normalisation qui mesure le conflit entre les différentes structures de masse. Le vote constitue une fusion sans apprentissage, tandis que la théorie des croyances prend en compte le comportement a priori des classifieurs, basée sur l'hypothèse forte d'indépendance entre les classifieurs.

## 1.2 Expérimentation

Sur les six (06) bases acquises pour la réalisation de cette thèse, une première expérimentation est effectuée sur la base 2. Cette dernière contient 27 images cytologiques, qui ont été utilisées pour le schéma de segmentation proposé selon les divers formalismes de fusion adoptés. Avec l'assistance d'un expert en cytopathologie, autant d'images ont été manuellement segmentées pour créer ce qu'on appelle image vérité terrain (ground truth image) qui vont servir pour la comparaison avec nos multiples segmentations et ainsi avoir une évaluation qualitative.

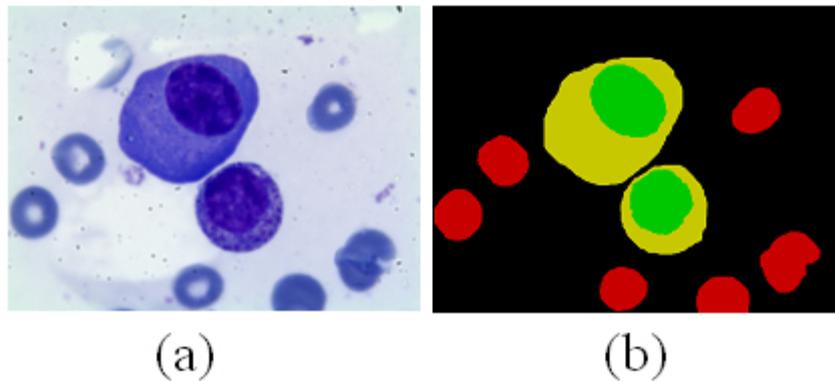


FIGURE 5.2 – Original image (a), Ground truth image (b)

## 1.3 Base d'apprentissage

Après l'acquisition des images, nous avons remarqué l'existence de variabilité intra classe, particulièrement dans la classe cytoplasme avec des couleurs différentes, ce qui nous a poussé à penser et créer une base d'apprentissage. Des échantillons vont être construits à partir de plusieurs fractions de chaque classe, extraites de plusieurs images, tout en respectant le critère de représentativité des variabilités intra classe (une portion du cytoplasme clair et une autre plus foncé). Dans la figure 5.3, nous avons opté pour des couleurs afin de distinguer les différentes classes (Noyau : Vert, Cytoplasme : Jaune, Globule rouge : Rouge et Background : Noir).

À partir de portions sélectionnées de chaque classe, nous enregistrons leurs coordonnées spatiales (n° image, n° ligne, n° colonne) dans une base. Ensuite un classifieur SVM est entraîné pour chaque espace couleur (RGB, HSL, HSV, LUV, YUV) appliqué sur la même base construite antérieurement. Les paramètres  $c$  et  $g$  du classifieur SVM ont été obtenus après multiples utilisations de validation croisée; en pratique c'est une tâche hors ligne (off-line task) qui doit être accomplie convenablement pour espérer obtenir de bons résultats. Ce qui nous conduit aux paramètres suivants  $c = 512$   $g = 0,0001$ .

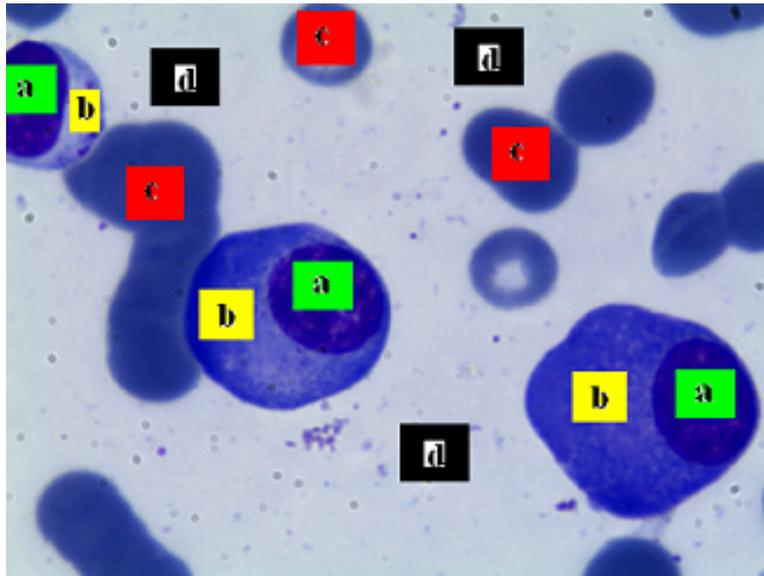


FIGURE 5.3 – Définition de portions de chaque classe.

#### 1.4 Résultats

Nous présentons dans la table 5.1 les résultats de la classification des pixels dans chaque espace distinctement. Nous pouvons rapidement statuer qu'il y a impossibilité de trouver un espace parfait; c'est-à-dire qui se comporte bien en matière de classification avec l'intégralité des classes, d'où la nécessité ou le besoin de recourir à une étape de fusion.

	<b>Nucleus</b>	<b>Cytoplasm</b>	<b>Red Cell</b>	<b>Background</b>
<b>HSL</b>	77.17%	31.63%	87.82%	98.95%
<b>HSV</b>	78.01%	38.12%	92.20%	98.76%
<b>RGB</b>	92.23%	40.45%	97.43%	98.47%
<b>LUV</b>	93.53%	29.18%	97.46%	98.11%
<b>YUV</b>	93.35%	41.85%	97.52%	92.52%

TABLE 5.1 – Précisions obtenues pour les espaces couleur

La première observation est, que les scores plus faibles sont ceux de la classe du cytoplasme, cela était prévisible comme justifiés précédemment par la variabilité de ses pixels constitutifs, créant très souvent une confusion avec les globules rouges. En outre, la figure 5.4 montre que la séparation entre les globules rouges et le cytoplasme n'est pas évidente; la SVM tente de trouver la séparation dans l'espace de dimension plus élevée. D'ailleurs, à part la classe du background qui est bien séparée, toutes les autres s'entremêlent.

Un pixel est appelé incohérent (selon quelques auteurs) ou à vrai dire conflictuel, s'il est classé différemment par les espaces. Dans le but de générer un schéma de segmentation final, une intersection des schémas de chacun des espaces expérimentaux est réalisée via un formalisme de fusion bien déterminé.

Un pixel cohérent, où tous les classificateurs sont en parfait accord sur sa classe d'appartenance, est directement affecté sur le schéma de segmentation final, même si sa classification est inexacte par rapport à la réalité

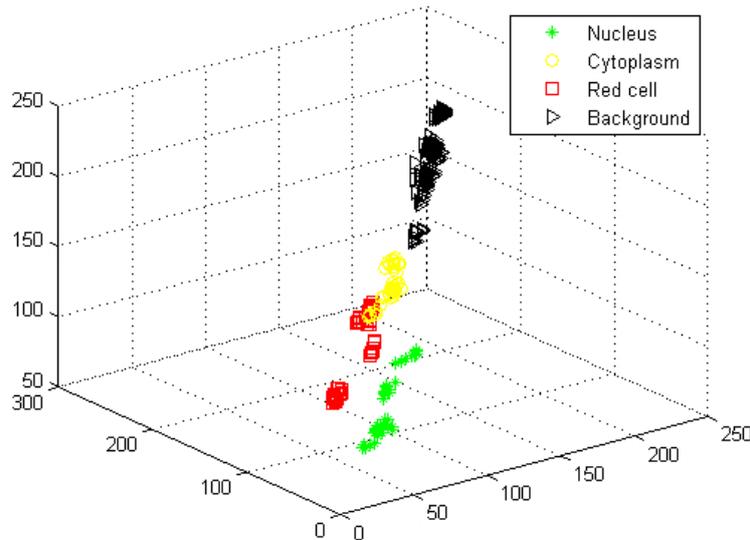


FIGURE 5.4 – Projection des classes

terrain. Dans ce cas bien précis, il est impossible de le récupérer ou de se rattraper sur son cas, puisque l'intégralité des classifieurs se sont trompés. Ce cas particulier est bien rare et il est souvent dû aux données relatives aux artefacts etc. . .

Seuls les pixels conflictuels seront traités. Pour entamer la fusion, nous utilisons une méthode n'ayant aucun pouvoir d'apprendre qui est le vote majoritaire. En deuxième lieu, la théorie de l'évidence entre en la matière avec différents modèles proposés.

Toute la difficulté de la théorie des croyances réside dans l'estimation des fonctions de masse et donc des fonctions de croyances. Plusieurs fonctions de masse ont été proposées dans la littérature et leur choix relève de la modélisation et doit être fait selon les données et l'application recherchée.

On commence par choisir deux fonctions de masse différentes : la première nommée **mass1** qui sera directement extraite de la matrice de confusion de chaque classifieur et l'autre conformément au principe de Denoeux dénommée **mass2** (Denoeux 1995, Zouhal and Denoeux 1998) :

$$\begin{cases} m(w_i) = \alpha \exp(-\gamma_1 d^2) \\ m(\Omega) = 1 - m(w_i) \end{cases} \quad (5.4)$$

Où  $0 < \alpha < 1$  est une constante calculée à partir des probabilités à posteriori, ces dernières sont fournies par les sorties SVM pour la classe  $w_i$  dans l'espace couleur éprouvé.

Le paramètre  $\gamma$  est utilisé pour modifier l'effet de la distance dans le calcul de la fonction de masse (contrôler son importance et les conséquences générées), et  $d$  est la distance euclidienne entre le vecteur caractéristique du pixel courant et la moyenne de la classe. Après plusieurs heuristiques que nous avons testés pour trouver un moyen d'optimiser ces paramètres, nous nous sommes raliés à l'idée du chercheur émérite dans la théorie de l'évidence (Denoeux 1995; 1997, Denoeux et al. 2010) qui a proposé de définir  $\alpha = 0.95$  et  $\gamma = 0.05$ . Ses propositions sont bien fondées et donnent de meilleurs résultats.

La théorie de l'évidence propose une variété de modélisation pour les hypothèses, nous avons opté pour deux options : la première hypothèse  $h1$  en ne considérant que la classe de sortie et son complément dans l'espace de discernement,  $h1(i)$  et  $h1(j_1, j_2, j_3)$ . Et la seconde hypothèse prend chaque sortie avec les autres une après l'autre :  $h2(i)$ ,  $h2(i, j_1)$ ,  $h2(i, j_2)$  et  $h2(i, j_3)$  ; où  $i$  représente la sortie du classifieur et  $j_1, j_2, j_3$  les sorties des autres classifieurs différents de  $i$ .

Nous rappelons que le principe de Denoeux ne s'adapte pas à l'hypothèse  $h2$ , et convient spécialement à l'hypothèse  $h1$ , puisqu'elle considère la classe et son complément dans l'espace de discernement. nous résumons cela par : la première hypothèse a été testée en utilisant les deux fonctions de masse, tandis que la seconde seulement avec la fonction  $mass1$ . Deux règles de sommation sont la combinaison avec les modèles précédents :

1. **Rule1** : c'est le principe d'associativité entre les fonctions de masse (Denoeux 1995, Zouhal and Denoeux 1998). à l'aide de l'opérateur de sommation orthogonale, on combine les sorties des classifieurs indépendamment de leur classe. Itérativement pour l'ensemble des classifieurs et avec ce même principe d'associativité, c'est-à-dire appliquer l'opérateur entre la sortie du premier et du second, le résultat est lui même associé au troisième classifieur et ainsi de suite jusqu'au dernier.
2. **Rule2** : sur l'ensemble des classifieurs proposés, des alliances vont se former. Une répartition en  $N_g$  groupes est implantée avec la condition que chaque groupe rassemble les classifieurs ayant pris la même décision pour un pixel donné. Ensuite une ultime décision est prise en fusionnant ces  $N_g$  groupes (Chitroub 2004).

Avec le principe du **maximum de crédibilité** adopté comme critère de prise de décision, et à partir des précédents énoncés : nous combinons deux fonctions de masse ( $mass1$  et  $mass2$ ) avec les deux règles de sommation ( $rule1$  et  $rule2$ ) selon les deux hypothèses ( $h1$  et  $h2$ ). Ceci a abouti à six expérimentations de fusion en plus du vote majoritaire, et les résultats sont présentés sous forme de de précisions et de rappels dans les tableaux 5.2 et 5.3.

	Nucleus	Cytoplasm	Red Cell	Background
Majority vote	86.26%	41.93%	96.89%	98.53%
Theory1(h1,mass1,rule1)	91.76%	44.12%	96.98%	98.43%
Theory2(h1,mass1,rule2)	80.99%	40.39%	96.48%	98.49%
Theory3(h1,mass2,rule1)	74.43%	40.63%	86.74%	98.97%
Theory4(h1,mass2,rule2)	74.43%	40.63%	86.74%	98.97%
Theory5(h2,mass1,rule1)	92.59%	39.93%	97.19%	98.52%
Theory6(h2,mass1,rule2)	96.62%	48.81%	93.67%	98.08%

TABLE 5.2 – Précisions obtenues de la Fusion

	Nucleus	Cytoplasm	Red Cell	Background
<b>Theory1(h1,mass1,rule1)</b>	94.50%	88.72%	75.72%	96.32%
<b>Theory2(h1,mass1,rule2)</b>	94.46%	89.63%	65.62%	96.60%
<b>Theory3(h1,mass2,rule1)</b>	87.30%	80.41%	63.86%	87.47%
<b>Theory4(h1,mass2,rule2)</b>	87.30%	80.41%	63.86%	87.47%
<b>Theory5(h2,mass1,rule1)</b>	93.25%	89.51%	75.32%	95.11%
<b>Theory6(h2,mass1,rule2)</b>	84.71%	82.25%	78.48%	97.51%

TABLE 5.3 – *Rappels obtenus de la Fusion*

## 1.5 Discussion

Notre choix pour le classifieur SVM est motivé par les performances élevées qu'il peut offrir, ses capacités de généralisation, en plus d'une remarquable rapidité dans le processus de classification du pixel. L'expérimentation a démontré l'apport des schémas de fusion proposés pour la segmentation de cellules médullaires avec l'intégration des incertitudes et des redondances pour chaque espace couleur, contrairement au vote majoritaire qui donne des résultats aussi prometteurs mais qui reste sporadique, puisqu'il ne repose sur aucune théorie d'apprentissage.

La figure 5.5 expose les résultats visuels du processus de segmentation proposée, appliquée sur les différents schémas de fusion cités ci-dessus.

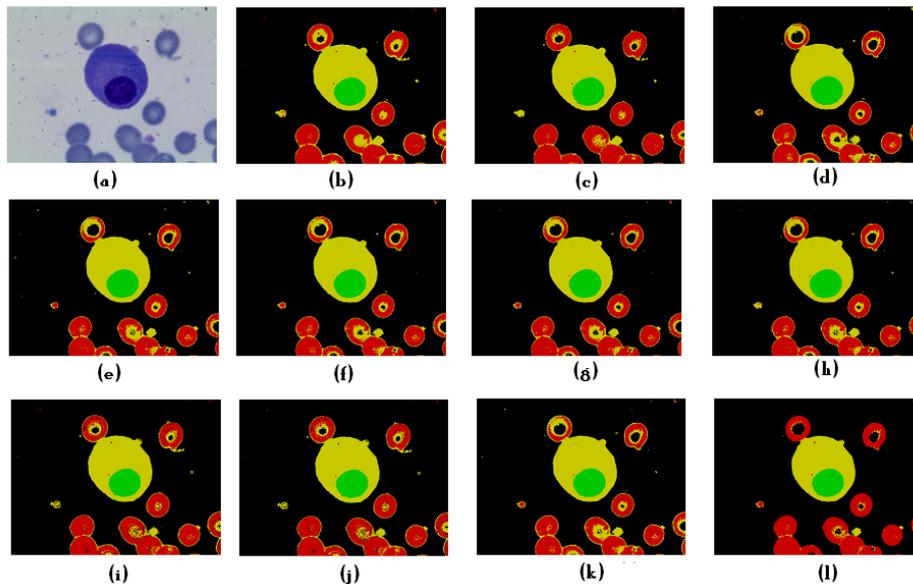
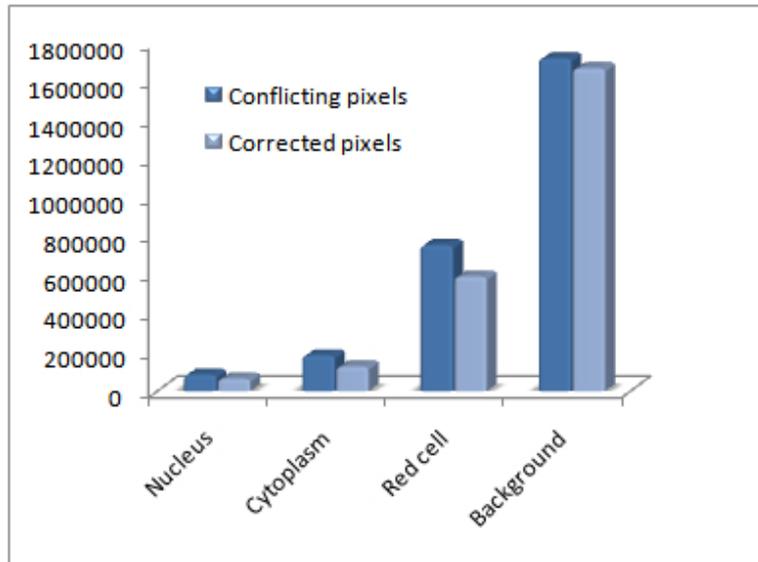


FIGURE 5.5 – (a) *Image originale*, (b) *Résultat HSL*, (c) *Résultat HSV*, (d) *Résultat RGB*, (e) *Résultat LUV*, (f) *Résultat YUV*, (g) *Résultat Theory1*, (h) *Résultat Theory2*, (i) *Résultat Theory3*, (j) *Résultat Theory4*, (k) *Résultat Theory5*, (l) *Résultat Theory6*.

La segmentation du noyau est amplement satisfaisante. Cependant nous avons réalisé une analyse statistique sur les pixels conflictuels, qui a révélé que la plupart d'entre eux appartiennent à la classe cytoplasme et la classe des globules rouges, ce qui confirme nos premiers résultats (dès le début, la confusion était spécialement dans ces deux classes) d'où le besoin de combiner et d'en tirer profit comme montré dans la figure 5.6 et le tableau 5.4.

	<b>Nucleus</b>	<b>Cytoplasm</b>	<b>Red Cell</b>	<b>Background</b>
<b>Conflicting pixels</b>	85076	184119	754416	1719458
<b>Corrected pixels</b>	64898	127280	592426	1668646

TABLE 5.4 – *Pixels conflictuels*FIGURE 5.6 – *Taux de correction*

Fondé sur examen minutieux et qualitatif des résultats, et particulièrement la qualité visuelle de la segmentation, nous distinguons deux modèles (theory1 et theory6) avec la fonction mass1 qui a donné plus de précision en récupérant le plus grand nombre de pixels conflictuels.

Étant donné la même hypothèse et la même fonction de masse, nous avons remarqué que le changement des règles de sommation affecte indépendamment les sorties des classes illustrées parfaitement entre theory1/theory2 et theory5/theory6.

Notons que les plus faibles scores de fusion ont été enregistrés pour les modèles de theory3 et theory4 qui ont eu le même comportement, mais différemment entre les classes; certainement à cause de la fonction de *Denoeux* qui ne convient pas à ce type de problème.

Toutefois, les rappels nous montrent que theory1 est celle qui assimile le mieux pour corriger les pixels conflictuels. À partir des images testées, nous avons constaté que 89% des pixels conflictuels ont été corrigés.

Si on prête un peu d'attention aux images originales, elles contiennent des globules rouges avec une zone claire au centre, ceci a conduit le SVM à classer les pixels des centres des régions de globules rouges comme background (plasma). Cette erreur de classification n'est nullement pas due au classifieur SVM, puisque le défaut émane principalement des données; aussi elle n'affecte pas le résultat puisque ce type de cellules ne contribue pas au diagnostic. Néanmoins, ça peut être corrigé par une opération de remplissage (filling). Un post-traitement est donc nécessaire pour améliorer la qualité de la segmentation obtenue, par élimination des artefacts, ainsi que l'élimination des petites zones rouges à l'intérieur de la région de cytoplasme.

Les principales erreurs ont été causées ou provoquées par les raisons suivantes. Tout d'abord, une confusion dans la classification se fait principalement entre les classes qui sont étroitement liées (globules rouges et dans *certaines* régions de cytoplasme), aucune distinction n'est faite entre elles puisque les données sont encore une fois similaires. Deuxièmement, lorsque les granules cytoplasmiques sont aussi sombres que le noyau ou le cytoplasme clair comme background, elles sont classées comme un noyau et plasma, respectivement. Notre post-traitement a tenté de remédier à ces lacunes citées ci-dessus en éliminant les petites régions détectées comme fond à l'intérieur du cytoplasme et aussi en éliminant les petites régions détectées comme noyau à l'intérieur du cytoplasme.

Puisque le diagnostic des experts, est basé essentiellement sur les caractéristiques des leucocytes notre segmentation se focalisera sur ce type de cellules qui inclut le noyau et le cytoplasme qu'on appelle communément en traitement d'image une région d'intérêt : ROI (Region Of Interest). Après le post-traitement, nous avons obtenu la précision et le rappel suivant : (tableau 5.11) Les résultats montrent que la méthode proposée

Theory1	Nucleus	Cytoplasm
<b>Précision</b>	96.42%	50.77%
<b>Rappel</b>	93.53%	90.04%

TABLE 5.5 – Résultats obtenus après le post-traitement.

est capable de donner une segmentation de haute qualité illustrée dans la figure 5.7, avec de très bon rappels et de précisions pour le noyau et le cytoplasme.

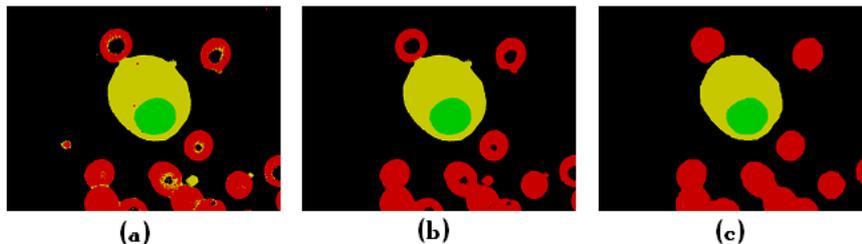


FIGURE 5.7 – (a) Résultat de Fusion, (b) Résultat du Post-traitement, (c) Vérité terrain.

Nous avons trouvé utile d'ajouter des résultats visuels (figure 5.8) de plusieurs régions d'intérêt pour justifier la précision peu convaincante du cytoplasme(50.77% ) qui sont le plus souvent dus à une mauvaise classification dans d'autres régions tels que des artefacts, globules rouges et les plaquettes.

## 1.6 Étude comparative :

Cette partie est dédiée particulièrement à expliciter les comparaisons(différences et les ressemblances) entre nos travaux par la théorie de l'évidence et d'autres travaux qu'on a expérimenté auparavant : comme le vote avec ses diverses et l'approche bayésienne (dans le cadre de l'encadrement de plusieurs mémoires de Master Informatique MID : Modèles In-

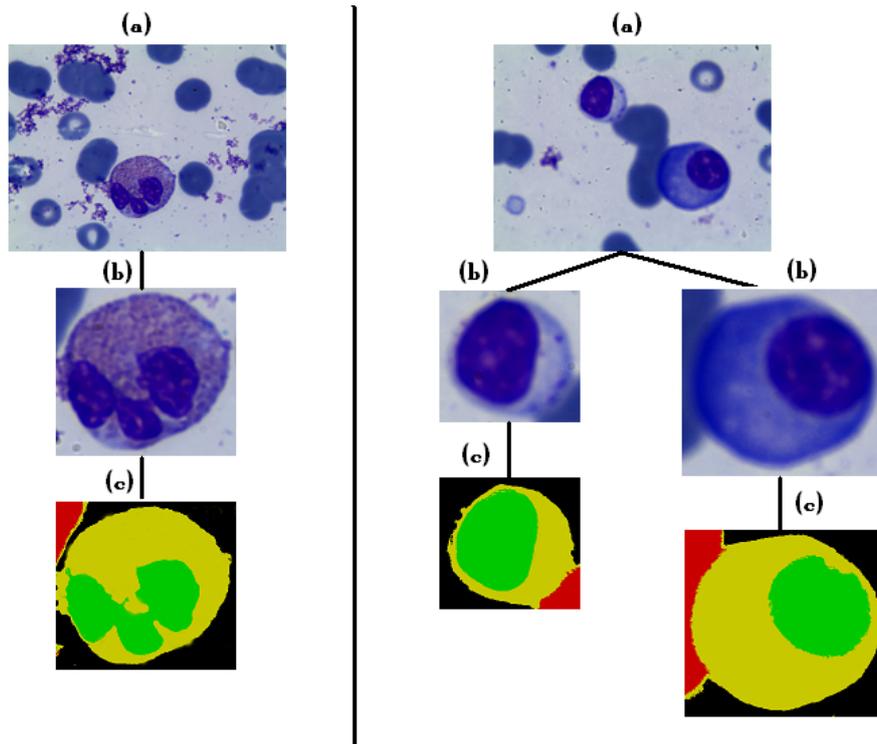


FIGURE 5.8 – (a) Image originale, (b) Région d'intérêt, (c) Région segmentée.

telligents et Décisions ). Tout d'abord, les résultats sont évalués en termes de qualité de segmentation, puis en termes de complexité algorithmique.

1. **En terme de qualité de segmentation** : Pour commencer, les résultats du vote sont sporadiques et ne permettent pas de porter un jugement définitif à cause de l'existence d'irrégularités sur l'ensemble des images (améliore certaines et détériore d'autres). Quant à l'approche bayésienne, imposer un modèle gaussien est discutable puisque les données ne le sont pas forcément. Il se trouve que le modèle gaussien est une modélisation robuste pour de nombreuses applications pratiques, mais malheureusement pas très adaptée à ce type d'images particulier ; la variabilité intra-classe (spécialement du cytoplasme) en est la raison majeure. L'intérêt remarquable de l'approche par Dempster-Shafer est de permettre de valider de manière quantitative la qualité d'une segmentation, par la notion de rappel (taux de classification) ou par le calcul de la précision de la segmentation.
2. **En terme de Complexité** : Incontestablement, la complexité de la sommation orthogonale augmente exponentiellement avec le nombre d'hypothèses de  $\Theta$  ; il existe rarement des applications présentant plus de 5 hypothèses présentes dans le cadre de discernement. Ce qui limite fréquemment l'application de la théorie de l'évidence. Bien qu'il est évident d'indiquer que l'approche par la théorie de l'évidence est plus coûteuse en termes de complexité algorithmique par rapport au vote et le modèle bayésien (lui qui croît linéairement avec nombre hypothèses). Mais dans notre cas précis, il existe 4 classes dans la plate forme cytologique ; ce nombre est quasi limite et l'application devient tolérable. De plus, avec l'apport des

techniques de programmation (exemple des cas similaires où des pixels présentaient le même conflit ; ce sont généralement des pixels voisins. Enregistrer ces cas pour ne les traiter qu'une seule fois). La fusion prend un peu plus de deux minutes après la segmentation dans différents espaces couleur.

## 1.7 Conclusion

Pour la partie segmentation, nous avons opté pour un schéma basé sur la classification pixellaire à l'aide de l'outil SVM développée par Vapnik. SVM est une technique connue pour son pouvoir de généralisation, son taux de classification élevé et un processus de classification rapide des pixels . Cette segmentation est une méthode qui fournit une classification, au sens de l'analyse de données, des régions extraites. Il y a donc aide à l'analyse de l'image. Cette méthode donne alors plus d'information que les autres techniques de segmentation. Elle a été appliquée avec succès à de nombreux types d'images, notamment dans le domaine de la télédétection ou l'imagerie aérienne.

La théorie de l'évidence de Dempster-Shafer est considérée comme une généralisation de la théorie bayésienne, a été utilisée pour segmenter les images microscopiques au niveau du pixel, en utilisant les attributs de couleur comme information apportée par l'image. Notre but tout au long de cette partie de thèse, était d'étudier les différents concepts qu'offre la théorie de l'évidence de Dempster-Shafer. Cette théorie a été employée en guise de fusion de haut niveau ou fusion de décisions ; il est clair qu'elle offre plus de flexibilité dans la modélisation et dans l'intégration des connaissances. La théorie des croyances s'affranchit des problèmes de redondance d'information et possède la particularité de mieux modéliser l'incertitude, mais aussi l'imprécision, en tenant compte également des ambiguïtés et des conflits entre les sources.

## 2 SEGMENTATION PAR FUSION D'ATTRIBUTS

Ce deuxième modèle proposé est en fait basé sur une seule étape de segmentation, réalisé après une phase de prétraitement ou plutôt de fusion des données. La classification du pixel se fera sur la base d'un nouveau vecteur. Ce dernier sera construit en utilisant une des deux approches : statique (une simple opération de concaténation) ou dynamique (réduction de dimension). L'aspect de " réduction de dimensionnalité " sera traité en s'intéressant aux deux catégories que forme cette discipline à savoir : l'extraction et la sélection d'attributs.

### 2.1 Réduction de la dimension

La techniques de réduction de dimension est l'une des disciplines phares de l'analyse de données. On a recours généralement à ces types de procédés pour : réduire l'espace de stockage nécessaire, faciliter la visualisation et la compréhension des données, diminuer le temps d'apprentissage et de décision dans la classification et spécialement de discerner les facteurs pertinents. Par conséquent la segmentation d'image peut bénéficier de ces techniques.

Selon Guérif (2006), nous pouvons classer toutes les techniques mathématiques de réduction de dimension en deux grandes catégories :

- la sélection de variables : qui consiste à choisir des caractéristiques dans l'espace de mesure.
- l'extraction de traits : qui vise à sélectionner des caractéristiques dans un espace transformé dans un espace de projection.

#### 2.1.1 Sélection de variables

Les différentes approches de sélection Il existe trois grandes familles d'approches :

- **Approches Filtres - Filters** : ces méthodes sélectionnent les variables indépendamment de la méthode qui va les utiliser, elles se basent sur les caractéristiques de l'ensemble des données afin de sélectionner certaines variables et d'éliminer d'autres sous forme de prétraitement des données.
- **Approches Symbioses - Wrappers** : contrairement aux approches filtres qui ignorent totalement l'influence des variables sélectionnées sur la performance de l'algorithme d'apprentissage, les approches enveloppantes utilisent l'algorithme d'apprentissage comme une fonction d'évaluation.
- **Approches Intégrées - Embedded** : ces méthodes exécutent la sélection variable pendant le processus de l'apprentissage. Le processus de la sélection de variables est effectué parallèlement au processus de classement - ou de la régression. Le sous-ensemble de variables ainsi sélectionnées sera choisi de façon à optimiser le critère d'apprentissage utilisé.
- **ReliefF** :

L'idée principale de ReliefF est d'estimer la qualité des attributs en fonction de la façon dont leurs valeurs diffèrent entre les instances qui sont proches les unes des autres. Étant donné une instance choisie au hasard

$Ins_m$  de la classe  $Cl$ , ReliefF cherche le  $K$  de ses plus proches voisins de la même classe appelée le plus proche résultat  $H$ , et aussi  $K$  plus proches voisins de chacun des différentes classes, appelés les plus proches ratés  $M$ . Il met ensuite à jour le poids  $w_{e_i}$  de l'attribut  $i$  basé sur ses valeurs  $Ins_m$ ,  $H$  and  $M$ . If instance  $Ins_m$  et ceux de  $H$  ayant des valeurs différentes de l'attribut  $i$ , alors le poids  $w_{e_i}$  est réduit. D'un autre côté, si l'instance  $Ins_m$  et ceux de  $M$  ont des valeurs différentes sur l'attribut  $i$ , alors  $w_i$  est diminué. Tout le processus est répété  $n$  fois fixé par l'utilisateur. La mise à jour de  $w_{e_i}$  peut utiliser l'équation :

$$w_{e_i} = w_{e_i} - \frac{\sum_{k=1}^K D_H}{n \cdot K} + \sum_{cl=1}^{Cl-1} P_{cl} \cdot \frac{\sum_{k=1}^K D_{M_{cl}}}{n \cdot K} \quad (5.5)$$

où  $n_{cl}$  est le nombre d'instances dans la classe  $cl$ .  $D_H$  (ou  $D_{M_{cl}}$ ) est la somme des distances de l'instance sélectionnée et chaque  $H$  (ou  $M_{cl}$ ),  $P_{cl}$  est la probabilité a priori de la classe  $cl$ . Des discussions détaillées sur ReliefF peuvent être trouvées dans Marko and Igor (2003).

– **Relief mRMR** (minimum Redundancy Maximum Relevance) :

Récemment, les deux algorithmes ReliefF et mRMR (minimum Redundancy Maximum Relevance) ont été combinés dans une stratégie en deux étapes pour la sélection des attributs à grande dimension (Zhang et al. 2008). Dans la première étape, un petit sous-ensemble d'attributs a été sélectionné à l'aide ReliefF, ensuite, la méthode mRMR a été appliquée pour sélectionner des attributs non redondants dans le premier sous-ensemble.

– **SVM-RFE** :

Support Vector Machines - Recursive Features Elimination (SVM-RFE) introduite par (Guyon et al. 2002), pour le classement (*ranking*) des attributs à partir des données d'expression génétique pour la classification des cancers. À partir de tous les attributs, l'algorithme supprime l'attribut le moins significatif pour la classification avec une élimination récursive. Le score du classement est donné par les composantes du vecteur de poids  $w_{rfe}$  des SVMs comme suit :

$$w_{rfe} = \sum_k \alpha_k cl_k x_k \quad (5.6)$$

où  $cl_k \in Cl$  st l'étiquette de classe de l'échantillon  $x_k$  et la sommation est effectuée sur l'ensemble des échantillons d'apprentissage.  $\alpha_k$  sont les multiplicateurs de Lagrange impliqués dans l'optimisation de la marge de la séparation des classes. Si  $w_{rfe_i}$  désigne le poids du composant inhérent à l'attribut  $i$ ,  $w_{rfe_i}^2$  donne un classement de l'attribut  $i$  en fonction de son effet sur la marge de séparation lors de l'élimination (Guyon et al. 2002).

### 2.1.2 Extraction de traits

– **Analyse Discriminante Linéaire** :

L'approche supervisée pour une réduction linéaire de la dimensionnalité est basée sur l'ADL. Cette approche définit la matrice de transformation optimale  $L$  qui maximise le critère de Fisher  $J$  (Hastie et al. 2001, Fukunaga 1990, Devyver and Kittler 1982) :

$$L = \operatorname{argmax}_A J(A) \quad (5.7)$$

avec

$$J(A) = \text{tr}((AS_W A^t)^{-1} AS_B A^t) \quad (5.8)$$

$S_W$  est la matrice de covariance moyenne intra-classe et  $S_B$  est la matrice de covariance inter-classe. La matrice  $S_W$   $n \times n$  est une matrice moyenne pondérée des matrices de covariance des classes et décrit la (co)variance qui est (en moyenne) présente dans chaque classe. La matrice  $S_B$  ( $n \times n$ ) décrit la covariance entre plusieurs classes.

Dans l'équation 5.8,  $AS_W A^t$  et  $AS_B A^t$  sont des matrices  $d \times d$  de covariance intra-classe et inter-classe des vecteurs caractéristiques après la réduction de la dimensionnalité des données ( $d$ ) à l'aide de la transformée linéaire  $A$ .

Lors de la maximisation de l'équation 5.8, on minimise simultanément la covariance intra-classe et maximise la covariance inter-classe dans un espace de dimension inférieure qui est engendrée par les lignes de  $A$ . Le critère cherche à déterminer une transformation  $L$  dont la projection des vecteurs caractéristiques appartenant à une même classe soit la plus proche possible entre eux, tout en essayant de maintenir aussi loin que possible les vecteurs qui ne font pas partie de la même classe. La matrice optimale, telle que définie par l'équation 5.8, est la transformée associée à ADL.

Une fois, les matrices de covariances  $S_W$  et  $S_B$  ont été estimées à partir des données d'apprentissage, le problème de maximisation de l'équation 5.8, peut être résolu au moyen d'une décomposition aux valeurs propres, avec la maximisation du quotient Rayleigh des matrices  $S_B$  et  $S_W$  (Hastie et al. 2001, Fukunaga 1990, Devyver and Kittler 1982, Strang 1988). Le problème des valeurs propres à résoudre est :

$$S_B V = S_W V \Lambda \quad (5.9)$$

Ou équivalente à :

$$S_W^{-1} S_B V = V \Lambda \quad (5.10)$$

dans laquelle  $V$  est une matrice  $n \times n$  des vecteurs propres ( $n$  comme vecteurs de colonnes) et  $\Lambda$  est une matrice diagonale  $n \times n$  avec  $n$  valeurs propres  $\lambda_i$  associé aux vecteurs propres  $v_i$  de  $V$ . La matrice de transformation  $L$  de dimension  $d \times n$  qui maximise le critère de Fisher est obtenue en définissant les lignes de  $L$  comme la transposée des vecteurs propres  $v_i^t$  correspondant aux plus grandes valeurs propres.

## 2.2 Expérimentation

Notre base est construite à partir d'images acquises dans le service hé-mobiologie (CHU Tlemcen), sur les lames avec la coloration MGG (May Grunwald Giemsa). L'environnement LEICA (caméra et microscope) permet d'obtenir des images RGB en couleurs 24 bits de bonne qualité au format bitmap 1024 par 768. L'appareil est fixé sur un microscope Leica avec un agrandissement(échelle) de 100.

Vingt-sept images microscopiques ont été utilisées pour évaluer l'algorithme de segmentation proposé. Nos images ont été divisées en 2 groupes : le premier pour l'apprentissage et la second pour les tests.

### 2.3 Ensemble d'apprentissage

Pour chaque image du premier groupe, nous avons sélectionné des régions de chaque classe (noyau, cytoplasme, érythrocytes et fond) pour construire l'ensemble d'apprentissage (figure 5.9), cet ensemble contient 155010 pixels.

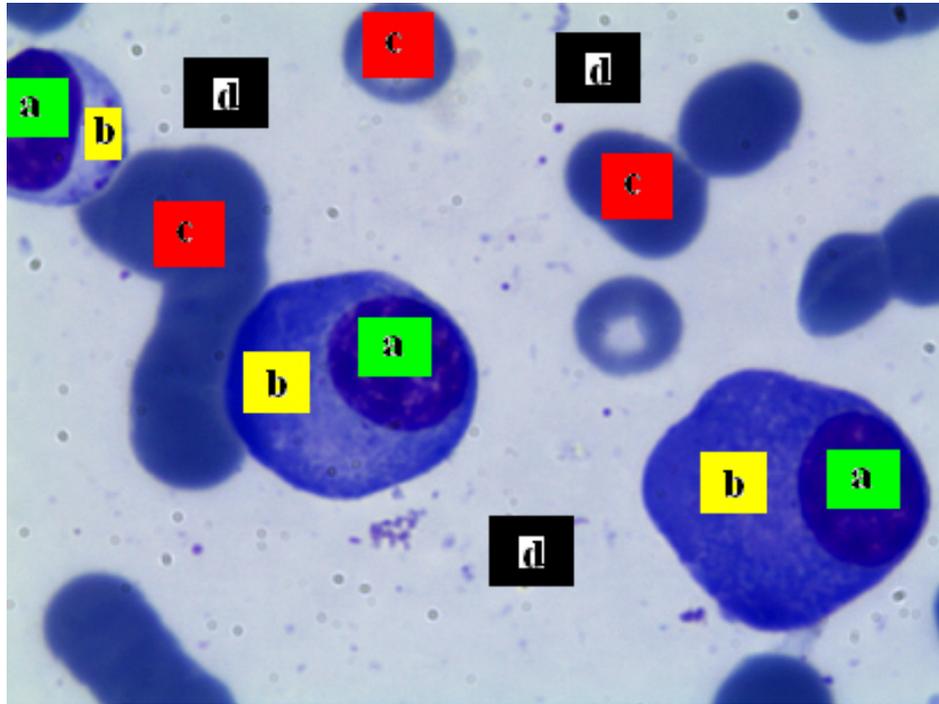


FIGURE 5.9 – (a) Région noyau (b) Région cytoplasme (c) Région érythrocyte (d) Région Plasma.

### 2.4 Étapes de segmentation

La segmentation d'image en termes de classification pixel est adoptée. Nous avons opté aussi pour le SVM comme un classificateur pour toutes nos expériences, à partir des techniques de réduction de dimensionnalité mentionnées précédemment. Plusieurs expérimentations ont été réalisées :

- Concaténation (aucune sélection d'attributs) : nous construisons un SVM appliqué à l'ensemble des attributs couleur mesurés (15 features), obtenus de la conversion de l'image originale dans les cinq espaces couleur (RGB, LUV, HSL, HSV and YUV) notés par C1 à C15 respectivement. Les paramètres SVM  $c$  et  $g$  ont été optimisés en utilisant l'ensemble de validation croisée, menant aux paramètres suivants :  $c = 512$  et  $g = 0.0001$ .
- ReliefF : Avec le même ensemble d'apprentissage utilisé précédemment, un nombre de voisins  $k = 10$ , reliefF sélectionne sept 7 attributs en se basant sur leur classement des poids (table 5.6)

TABLE 5.6 – Classement ReliefF

Désignation	C2	C13	C1	C11	C9	C8	C14
Poids	0.927	0.899	0.880	0.855	0.850	0.846	0.824

- ReliefF (mRMR) : nous utilisons l'information mutuelle basée sur le critère mRMR pour trouver un ensemble minimum de redondance d'attributs à partir du résultat précédent (ReliefF), qui le décroît à trois 3 attributs (table 5.7)

TABLE 5.7 – Classement mRMR

Désignation	C13	C8	C9
Poids	0.748	0.117	0.100

- SVM-RFE : commençant avec tous les attributs mesurés, nous utilisons SVM-RFE pour supprimer graduellement les attributs et ainsi sélectionner le sous ensemble le plus pertinent des attributs. Après une optimisation des paramètres avec dix 10 ensembles de validation croisée, six 6 attributs (C3, C12, C8, C6, C9 et C2 dans l'ordre de rangement) ont été sélectionnés utilisant des paramètres optimaux de l'ensemble d'apprentissage .
- LDA : à partir de  $n=15$  caractéristiques et l'utilisation de la transformation matricielle  $L(3 \times 15)$  ; LDA a réduit la dimension à trois 3 composants. Le choix du nombre trois 3 n'est pas trivial mais basé sur les fondements théoriques de la LDA, qui ne peuvent pas extraire des caractéristiques plus que le nombre de classes moins un, comme le montre la projection de la figure 5.10 :

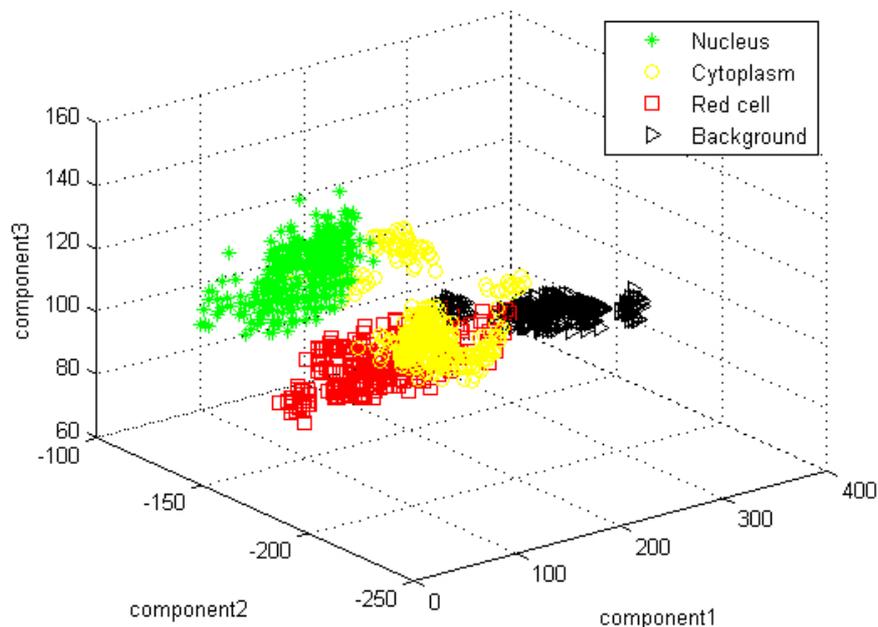


FIGURE 5.10 – Projection LDA

## 2.5 Résultats et discussion

Les résultats de l'application de la méthode de segmentation d'image cellulaire proposée ont été obtenus en utilisant 2,8 GHz PC avec 2 Go de RAM, Windows XP OS et des outils logiciels de libsvm. Les résultats de segmentation ont été évalués avec des images de vérité de terrain (figure

5.11). Une partie des résultats de segmentation visuels est présentée dans la figure 5.12 et la figure 5.13. Le Tableau 5.8 montre les rappels des expériences.

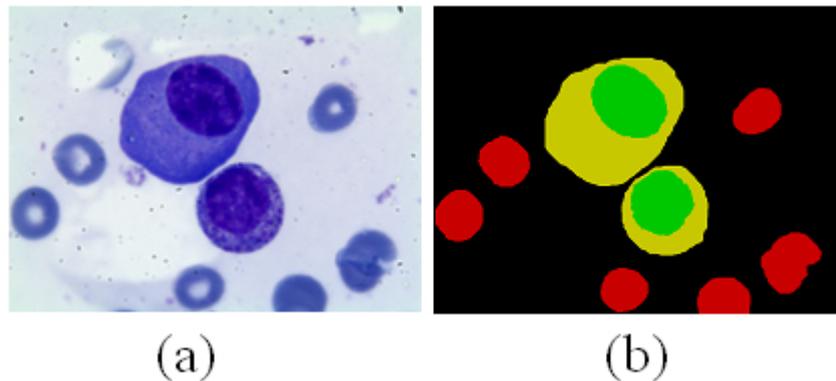


FIGURE 5.11 – (a)microscopic image (b) image vérité terrain

TABLE 5.8 – Rappel

	Nucleus	Cytoplasm	Red Cell	Background
<b>No selection</b>	90.33%	87.35%	90.80%	94.52%
<b>RelieFF</b>	93.68%	85.31%	93.83%	95.25%
<b>mRMR</b>	91.02%	66.54%	61.60%	95.94%
<b>SVM-RFE</b>	87.37%	85.63%	89.84%	93.77%
<b>LDA</b>	90.10%	87.29%	90.99%	94.88%

Les résultats les plus prometteurs ont été obtenus par la segmentation de la classe noyau, néanmoins la couleur du cytoplasme ressemble souvent à des érythrocytes comme le montre le chevauchement entre ces deux classes (figure 5.10). Par conséquent, les résultats de segmentation sont parfois inexacts (Benazzouz et al. 2013).

De même pour cette deuxième partie d'expérimentation, le diagnostic des experts, est basé essentiellement sur les caractéristiques des leucocytes. Le Tableau 5.9 montre la précision obtenue pour la région d'intérêt.

TABLE 5.9 – Précisions obtenues des expériences

	Nucleus	Cytoplasm
<b>No selection</b>	92.45%	65.08%
<b>RelieFF</b>	92.64%	70.42%
<b>mRMR</b>	66.83%	35.88%
<b>SVM-RFE</b>	92.33%	64.08%
<b>LDA</b>	91.87%	65.76%

Les tableaux 5.9 et 5.10 donnent une comparaison des performances de classification entre : aucune sélection de caractéristiques, RelieFF, mrmr, SVM-RFE et LDA. Comme le montrent, les performances de RelieFF et LDA qui sont significativement meilleures dans la plupart des mesures

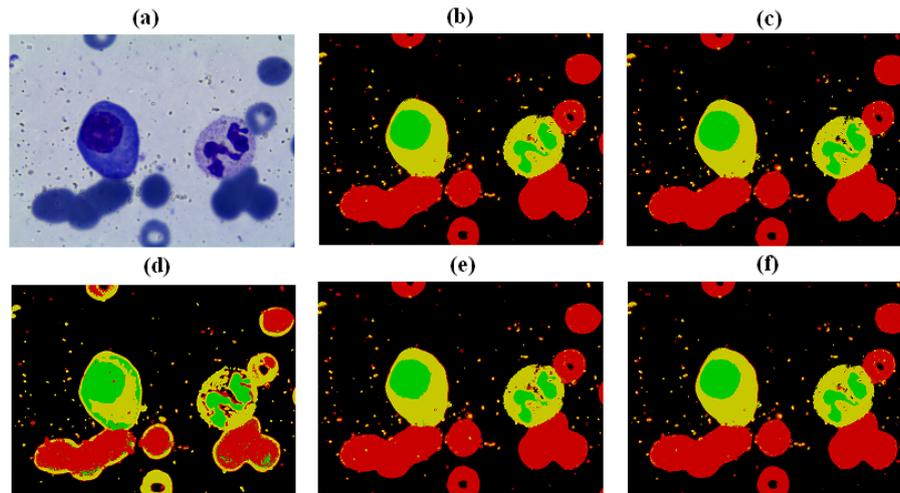


FIGURE 5.12 – (a) Original image, (b) Résultats sans selection, (c) Résultats reliefF, (d) Résultats mRMR, (e) Résultats SVM-RFE, (f) Résultats LDA

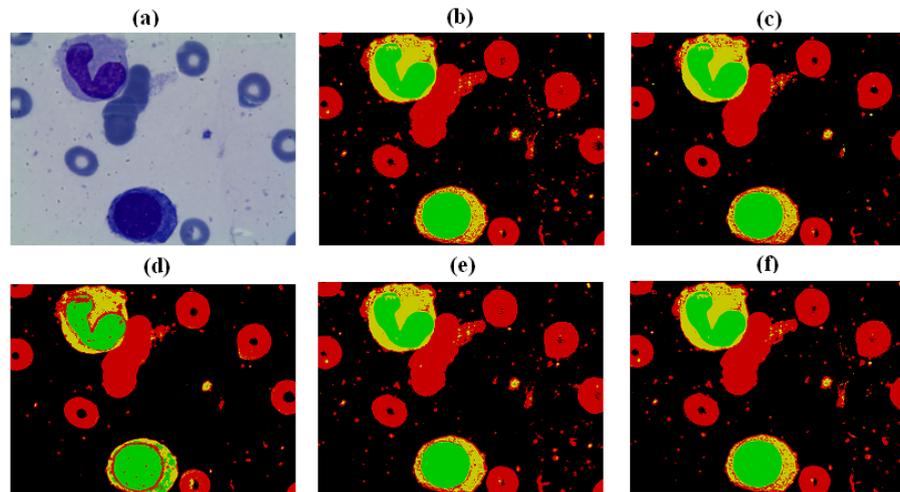


FIGURE 5.13 – (a) Image originale (b) Résultat d'aucune selection (c) Résultat ReliefF (d) Résultat mRMR (e) Résultat SVM-RFE (f) Résultat LDA

de performance. En outre, mRMR donne une baisse de performance importante par rapport à aucune réduction de dimensionnalité. SVM-RFE a donné des résultats décevants par rapport à son statut, en tant que méthode wrapper, qui était censé améliorer le rappel (taux de classification). Pour une efficacité de calcul, plus d'un attribut peut être retiré en une seule étape, même si elle peut avoir un effet négatif sur la sélection d'attributs lorsque l'ensemble des attributs est petit (Guyon et al. (2002)).

La réduction de dimension joue un rôle important dans la segmentation d'image basée sur la classification de pixel, ce qui entraîne moins de données, de sorte que l'algorithme de classification peut apprendre plus vite. Le plus important gain consiste en l'utilisation de LDA et ReliefF qui génèrent moins de temps de traitement (table 5.10).

Les images originales contiennent des globules rouges avec une zone claire au centre, ce qui a conduit le SVM de détecter le centre des globules rouges comme plasma. Mais cette erreur de classification n'affecte pas le résultat puisque ce type de cellules n'est pas concerné dans la zone de

TABLE 5.10 – Segmentation processing time (image 1024\*768)

	No selection	Relieff	mRMR	SVM-RFE	LDA
<b>Time consuming (s)</b>	201	174	1443	174	138

lecture pour le diagnostic. Néanmoins, il peut être corrigé par une opération de remplissage. Un post-traitement est nécessaire pour améliorer la qualité de la segmentation obtenue par élimination des artefacts, et aussi en éliminant les petites zones rouges dans la région de cytoplasme. Après post-traitement sur LDA résultat et le résultat Relieff nous avons obtenu la précision et le rappel suivant (table 5.11) :

TABLE 5.11 – Résultats obtenus après le post traitement

	LDA		Relieff	
	Nucleus	Cytoplasm	Nucleus	Cytoplasm
<b>Précision</b>	94.19%	79.43%	95.02%	84.53%
<b>Rappels</b>	90.70%	90.64%	94.63%	90.25%

Les erreurs majeures ont été causées par les raisons suivantes. Tout d'abord, une mauvaise classification se fait principalement entre les classes qui sont étroitement liées (globules rouges et dans certaines régions de cytoplasme), aucune distinction n'est faite entre eux. Deuxièmement, lorsque les granules cytoplasmiques sont aussi sombres que d'un noyau ou d'un cytoplasme clair comme arrière-plan, ils sont classés comme un noyau et un fond, respectivement. Notre post-traitement a tenté de remédier à ces lacunes citées ci-dessus en éliminant les petites régions détectées comme fond à l'intérieur du cytoplasme et aussi en éliminant les petites régions détectées comme noyau à l'intérieur du cytoplasme (Benazzouz et al. 2013).

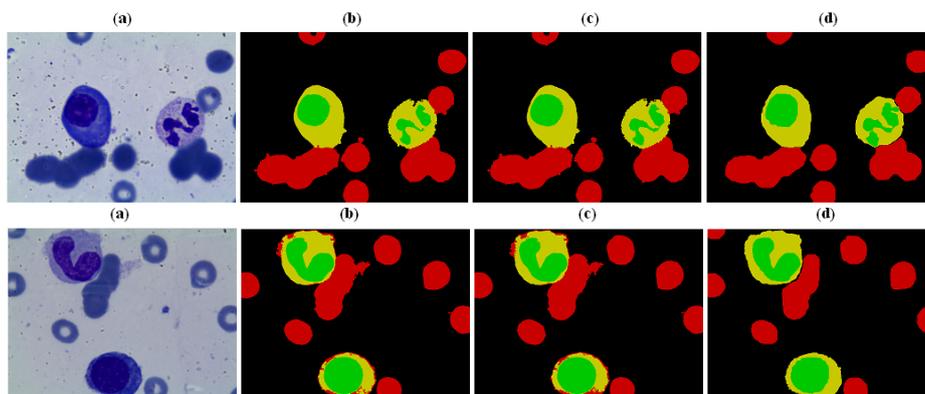


FIGURE 5.14 – (a) Image Originale, (b) LDA+Post-traitement (c) Relieff+Post-traitement (d) Ground truth

Nous constatons que Relieff a réussi à obtenir de bons résultats avec 95.02% de précision pour la segmentation du noyau et 84.53% pour le cytoplasme (figure 5.14). Par contre, si on considère le temps de traitement, l'utilisation de l'algorithme Relieff consomme plus que LDA (174

secondes au lieu de 138 secondes). Par conséquent, l'espace hybride généré par la LDA représente le meilleur résultat par rapport à la qualité de segmentation et la durée de traitement.

### 3 CARACTÉRISATION DES CELLULES

Après la segmentation d'image cytologique médullaire, nous proposons de créer, à partir de l'image segmentée, une imagerie pour chaque cellule. Cette suggestion vise à caractériser chaque leucocyte individuellement. Pour cela nous mettons en place un algorithme qui détecte le nombre de noyau dans chaque image segmentée et tracer une fenêtre pour chaque noyau ; chaque fenêtre sera assez grande pour contenir un leucocyte.

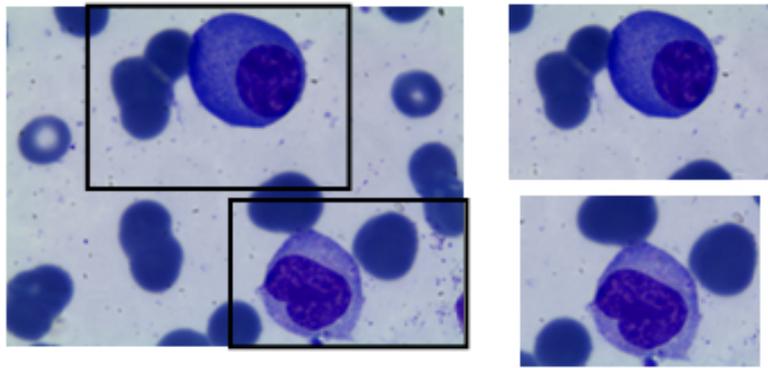


FIGURE 5.15 – Extraction d'images à partir d'une image médullaire.

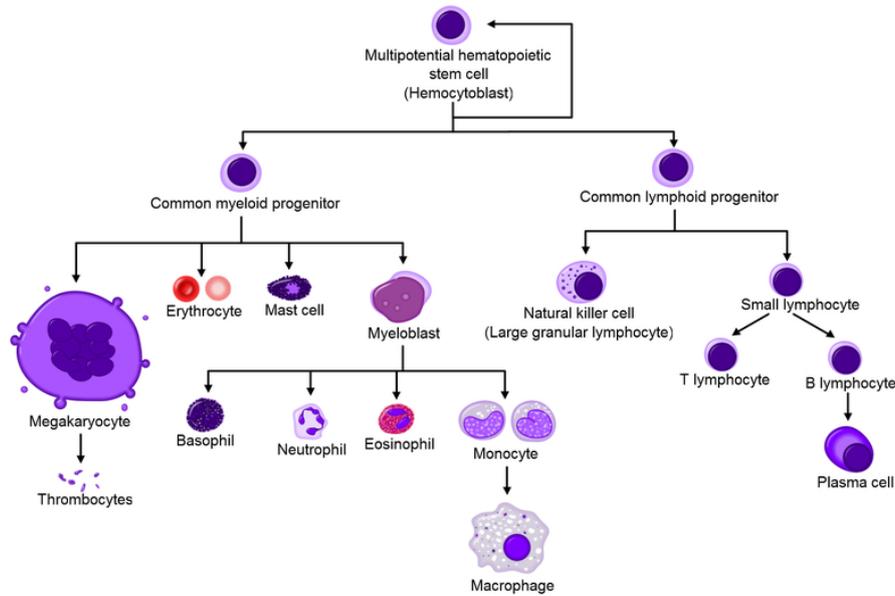
#### 3.1 Le plasmocyte

Les plasmocytes, parfois appelés cellules plasmatiques ou plasmocytes, sont des globules blancs, issus de la différenciation des lymphocytes B produisant des anticorps ; en d'autre terme, elles sont les cellules terminales matures de la lignée lymphoïde "B" (partie droite de la figure 5.16). Cette lignée assure l'immunité humorale par la sécrétion d'anticorps présents dans le sérum.

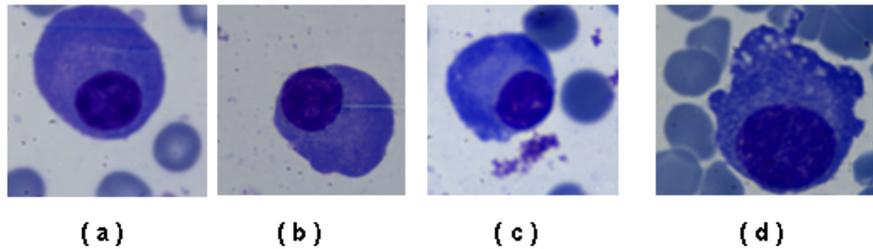
Les plasmocytes sont retrouvés dans les organes lymphoïdes secondaires (ganglions et tissu lymphoïde annexé au tissu digestif) et dans la moelle osseuse. Ils ne sont habituellement pas retrouvés dans le sang (sauf circonstances pathologiques). Normalement, la plasmocytose sanguine est nulle et la plasmocytose médullaire est inférieure à 5 % des cellules nucléées de la moelle (Kernbaum et al. 2001).

##### 3.1.1 Description morphologique du plasmocyte

Cellule lymphoïde ovale 12 x 20 microns, à noyau excentré parfois ovale à grand axe perpendiculaire à celui de la cellule. La chromatine est très dense, en mottes, souvent décrite en écaille de tortue, avec absence de nucléole. Son cytoplasme est hyperbasophile assez dense, avec une zone de clarté juxta-nucléaire qui représente la zone du Golgi ou ergastoplasme. En microscopie électronique, on observe que la totalité du

FIGURE 5.16 – *hématopoïèse.*

cytoplasme est occupé par des sacs d'ergastoplasme qui représentent donc la capacité de stockage des immunoglobulines fabriquées par la cellule.

FIGURE 5.17 – *Plasmocytes : (a,b,c) normaux, (d) dystrophique*

### 3.2 Caractérisation du plasmocyte

Dans le but d'identifier le plasmocyte dans l'ultime étape de notre plateforme, il est nécessaire de le quantifier avec des attributs. La plupart des travaux caractérisants les WBC's, prennent en considération deux types : Texture et Forme.

#### 3.2.1 Attributs de texture

La texture est définie comme une répétition spatiale d'un même motif dans différentes directions de l'espace. La notion de texture est utilisée pour traduire un aspect homogène de la surface d'un objet sur une image. La texture se manifeste donc par une information visuelle qui permet de la décrire qualitativement à l'aide des adjectifs suivants : grossière, fine, lisse, tachetée, granuleuse, marbrée, régulière ou irrégulière.

Les matrices de co occurrence GLCM contiennent les moyennes d'espace du second ordre. Quatorze indices (définis par Haralick et al. (1973)) qui correspondent à des caractères descriptifs des textures peuvent être

calculés à partir de ces matrices. Nous ne présentons ici que cinq de ces indices :

- Énergie : c'est un paramètre qui mesure l'uniformité de la texture. Il atteint de fortes valeurs lorsque la distribution des niveaux de gris est constante ou de forme périodique.

$$Energy = \sum_i \sum_j P_d^2(i, j) \quad (5.11)$$

- Homogénéité : plus on retrouve le même couple de pixels, plus cet indice est élevé, par exemple image uniforme, ou texture périodique dans le sens de la translation.

$$Homogeneity = \sum_i \sum_j \frac{P_d(i, j)}{1 + |i - j|} \quad (5.12)$$

- Entropie : mesure la complexité de l'image. Lorsque les valeurs de la matrice de co occurrences sont presque toutes égales, l'entropie est élevée. Elle permet ainsi de caractériser le degré de granulation de l'image. En effet, plus la valeur de l'entropie est grande et plus la granulation est grossière. L'entropie est faible si on a souvent les mêmes couples de pixels. C'est un indicateur de désordre. L'entropie atteint de fortes valeurs lorsque la texture est complètement aléatoire (sans structure apparente). Elle est fortement corrélée (par l'inverse) à l'énergie.

$$Entropy = - \sum_i \sum_j P_d(i, j) \cdot \log P_d(i, j) \quad (5.13)$$

- Corrélacion : décrit les corrélacions entre les lignes et les colonnes de la matrice de cooccurrence.

$$Correlation = \frac{(i - \mu)(j - \mu) P_d(i, j)}{\sigma_x \sigma_x} \quad (5.14)$$

- Contraste : ce paramètre mesure les variations locales, si ces variations sont importantes, alors le contraste sera élevé. La valeur en est d'autant plus élevée que la texture présente un fort contraste. Ce paramètre est fortement non corrélé à l'énergie.

$$Contrast = \sum_{n=0}^{Ng-1} n^2 \left\{ \sum_{i=1}^{Ng} \sum_{j=1}^{Ng} P_d(i, j) \right\}, |i - j| = n \quad (5.15)$$

Ces indices, bien que corrélés, réduisent l'information contenue dans la matrice de co occurrence et permettent une meilleure discrimination des textures. Le choix du vecteur de déplacement, et de la taille de la fenêtre du voisinage sur laquelle s'effectue la mesure sont les paramètres sur lesquels repose la réussite de la méthode. La difficulté à surmonter lors de l'application de cette technique réside justement dans le choix de ces paramètres car ils varient selon le type d'images et de textures.

### 3.2.2 Attributs de forme

Nous avons retenu plusieurs attributs de forme à partir de la région noyau de chaque imagerie :

- Le rapport nucléocytoplasmique : est le rapport du nombre de pixels du noyau à celui du cytoplasme.
- Superficie (Area) : la zone a été déterminée en comptant le nombre total des pixels noyau à l'intérieur de l'imagette.
- Périmètre (Perimeter) : il a été mesuré en calculant la distance entre deux pixels successifs appartenant à la frontière.
- Compacité (Compactness) : ou mesure de rondeur d'un noyau.

$$Compactness = \frac{Perimeter^2}{Area} \quad (5.16)$$

- Solidité (Solidity) : Le rapport entre la superficie effective et la zone de la coque convexe est connue comme la solidité et est également un élément essentiel pour la classification des cellules de souffle. Cette mesure est définie dans (8).

$$Compactness = \frac{Area}{ConvexArea} \quad (5.17)$$

- Excentricité (Eccentricity) : ce paramètre est utilisé pour mesurer le décalage du centre du noyau par rapport au centre de la cellule. C'est une caractéristique importante puisque les plasmocytes présentent cet aspect.

$$Eccentricity = \frac{\sqrt{a^2 + b^2}}{a} \quad (5.18)$$

où a et b représentent le grand et le petit axe de l'ellipse représentant la région de noyau.

- Facteur de forme (Formfactor) : il s'agit d'un paramètre sans dimension qui change avec des irrégularités de la surface.

$$Formfactor = \frac{4 \times \pi \times Area}{Perimeter^2} \quad (5.19)$$

En final, chaque imagette contenant une seul wbc, sera caractérisée avec 12 attributs, ces derniers nous serviront à construire un classifieur de cellules.

## 4 RECONNAISSANCE DES PLASMOCYTES

Cette partie est consacrée à l'application de la méthode développée dans le domaine de l'aide au diagnostic médical. Nous commençons d'abord par définir la pathologie qui nécessite la reconnaissance du plasmocyte pour son diagnostic, ensuite, à partir des caractéristiques extraites dans la section précédente, nous allons construire un classifieur pour identifier les plasmocytes.

### 4.1 Le myélome multiple

#### 4.1.1 Définition

Le myélome multiple ou maladie de Kahler est une pathologie hémato-logique, faisant partie des hémopathies malignes. c'est une prolifération

plasmocytaire monoclonale produisant de manière inadaptée et exagérée une immunoglobuline, ou l'un de ses fragments et un facteur d'activation des ostéoclastes. Le myélome multiple représente 10 % des hémopathies malignes. C'est une affection du sujet de plus de 50 ans. Son incidence augmente avec l'âge (5 pour 100 000 individus à 60 ans, 20 pour 100 000 à 80 ans); l'âge moyen au diagnostic est de 64 ans. Il est légèrement plus fréquent chez l'homme que chez la femme. Son diagnostic est le plus souvent facile en regroupant les lésions osseuses, le pic monoclonal et la plasmocytose médullaire; le pronostic est réservé vu que cette pathologie est incurable malgré les avancées thérapeutiques.

#### 4.1.2 Diagnostic

Le diagnostic repose sur deux éléments :

- la mise en évidence d'un composant monoclonal sérique et/ou urinaire;
- la mise en évidence d'une prolifération plasmocytaire médullaire.
- l'analyse du retentissement de ces deux paramètres.

Ce qui nous intéresse dans notre plateforme, c'est la prolifération plasmocytaire médullaire, mise en évidence par le myélogramme.

La ponction sternale doit être réalisée en première intention et de façon systématique devant toute suspicion de myélome multiple. Deux critères histologiques sont à rechercher :

- un excès de plasmocytes : deux seuils sont retenus, soit l'existence d'une plasmocytose supérieure à 30 % (critère majeur), soit pour certains une plasmocytose supérieure ou égale à 10 % (critère mineur).
- la présence de plasmocytes dystrophiques : anomalies cytologiques ou nucléaires (cellules multinucléées, mitose multiple ou atypique, plasmocyte à cytoplasme flammé; présence d'inclusions cytoplasmiques (corps de Russell = inclusion de colorations azurophiles correspondant à la précipitation des immunoglobulines), cellules de Mott = plasmocytes vacuolés, plasmocyte multinucléée.

Les critères pour le diagnostic de myélome sont :

- Majeurs :

1. tumeur plasmocytaire en biopsie;
2. plasmocytose médullaire > 30%
3. pic monoclonal sérique IgG >35g/l ou IgA>20g/l ou Bence Jones > 1g /24H

- Mineurs :

1. Plasmocytose moelle 10 - 30%
2. pic monoclonal inférieur à majeur 3
3. lésions ostéolytiques d diminution des Ig polyclonales (< valeurs normales)

Le diagnostic final du myélome multiple se fait par la présence d'un critère majeur avec un critère mineur, ou l'association de trois critères mineurs.

## 4.2 Identification des plasmocytes

Une fois la caractérisation de chaque imagerie terminée, et en vue d'aider au diagnostic du myélome, nous allons dès à présent procéder à la reconnaissance des plasmocytes.

Nous avons conçu cette classification avec l'idée de séparer les leucocytes en deux classes : les plasmocytes et les autres cellules (non-plasmocytes), c'est à dire que la sortie de classification d'une imagerie en entrée (contenant un seul globule blanc), sera soit comptabilisée comme plasmocyte ou bien comme "autres" (neutrophiles, basophiles, éosinophiles, monocytes, lymphocytes, mégacaryocytes, érythroblaste, proérythroblaste, myélocyte, myéloblaste, métamyélocyte, prolymphocytes, promonocyte).

En d'autres termes, nous avons visé particulièrement le dénombrement des plasmocytes parmi la totalité des leucocytes, puisque ce rapport est un critère majeur du diagnostic du myélome.

Ceci nous a mené à construire une base d'apprentissage pour notre classifieur, avec 43 globules blancs issus de 27 images de la base 2. Avec l'objectif de réaliser un bon apprentissage, nous avons pris le soin d'éliminer 6 cellules, dont 3 représentent des erreurs de segmentation, et les 3 autres, des cellules non entières (situées sur le bord de l'imagerie). Un nouveau classifieur SVM est conçu avec 12 paramètres en entrée issus de l'étape de caractérisation du leucocyte.

Ce classifieur est entraîné sur les 37 globules blancs restants de cette base d'apprentissage (dont 15 plasmocytes et les 22 non-plasmocytes). La classification sur cette même base d'apprentissage nous a mené à reconnaître les 15 plasmocytes et les 22 non plasmocytes comme tels, cela équivaut à dire 100% de taux de reconnaissance et de précision.

La base de test quant à elle, est composée de 81 images médullaires, après segmentation et confection des images, un total de 157 cellules est obtenu. Avec la collaboration d'un expert, en l'occurrence un médecin hématologue, nous avons réalisé un étiquetage des 157 cellules qui vont nous servir de base de test, nous sommes arrivés à annoter 97 plasmocytes et 60 non-plasmocytes.

Après la classification, sur les 97 plasmocytes, 73 ont été reconnus correctement, tandis que 21 plasmocytes dystrophiques (atypiques) et 3 cellules plasmocytes mal segmentées ont été reconnus comme non-plasmocytes ; soit un taux de reconnaissance de 75,25%. Notons que cette baisse par rapport aux résultats obtenus sur la base d'apprentissage est justifiée essentiellement par les cellules dystrophiques qui y sont pour beaucoup, sachant que même l'expert humain peine à reconnaître ce genre de cellules. La figure 5.18 représente des images qui ont été mal interprétées ; ce sont des cellules qui n'auraient pas dû normalement parvenir au classifieur. Par contre, aucun faux positif n'a été enregistré, c'est à dire que les 60 cellules classées non-plasmocytes, le sont réellement, ceci peut être considéré comme un avantage car le comptage des plasmocytes ne sera pas faussé.

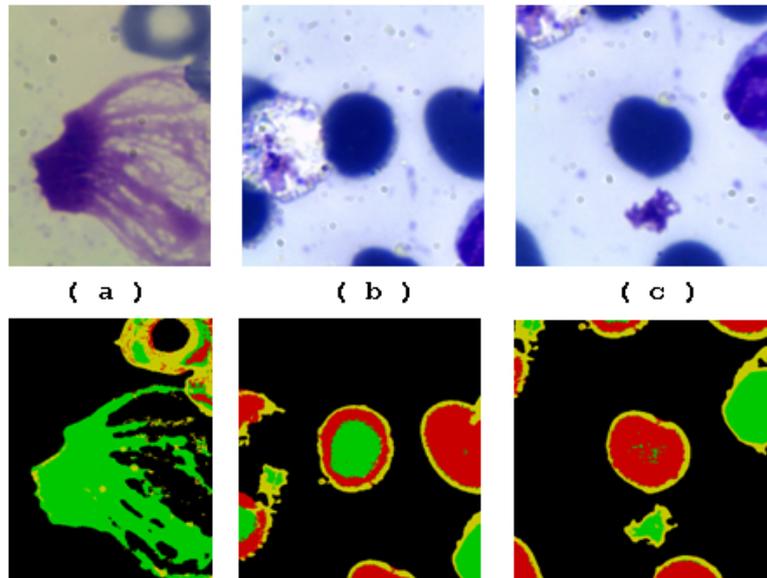


FIGURE 5.18 – Exemple d’images mal interprétées : (a) cellule déchiquetée par l’étalement, (b) cellule mal segmentée, (c) cellule coupée sur le bord de l’image.

## 5 CONCLUSION

La reconnaissance automatique des globules blancs dans les images numériques de microscopie se compose généralement de grandes étapes : la segmentation d’image, l’extraction de caractéristiques et de classification des cellules. Ici, notre but est de segmenter précisément les composants du leucocyte qui sont de noyau et le cytoplasme, à partir des images de moelle osseuse, pour en extraire davantage d’attributs pour le comptage différentiel automatisé. Selon les experts médicaux, les différentes caractéristiques du noyau et le cytoplasme sont importantes pour la discrimination de certains types de leucocytes.

Pour la partie segmentation, nous avons opté pour un schéma basé sur la classification pixellaire à l’aide de l’outil svm développé par vapnik. svm est une technique connue pour son pouvoir de généralisation, son taux de classification élevé et un processus de classification rapide des pixels. Cette segmentation est une méthode qui fournit une classification, au sens de l’analyse de données, des régions extraites. Il y a donc aide à l’analyse de l’image. Cette méthode donne alors plus d’information que les autres techniques de segmentation. Elle a été appliquée avec succès à de nombreux types d’images, notamment dans le domaine de la télédétection ou l’imagerie aérienne.

La première partie de ce chapitre traite la fusion de décisions avec la théorie de l’évidence. La théorie de croyance de Dempster-Shafer est considérée comme une généralisation de la théorie bayésienne, a été utilisée pour segmenter les images microscopiques au niveau du pixel, en utilisant les attributs de couleur comme information apportée par l’image. Notre but tout au long de cette partie de thèse, était de chercher parmi les différents concepts de la théorie de l’évidence de Dempster-Shafer, comment modéliser l’incertitude, mais aussi l’imprécision, en tenant compte également des ambiguïtés et des conflits entre les sources. Cette théorie

présente l'avantage de se débarrasser des problèmes de redondance d'information, tout comme elle offre plus de flexibilité dans la modélisation et dans l'intégration des connaissances.

Nous avons traité en deuxième partie de ce chapitre un autre type de fusion, celui des données. La fusion de bas niveau est incarnée par une concaténation, une sélection de variables et une extraction de caractéristiques.

Notons que le modèle basé sur l'analyse discriminante linéaire LDA est celui qui a fourni de très bons résultats, ce qui conforte son fondement théorique de technique supervisée. La LDA est utile particulièrement dans les cas où les fréquences interclasses sont inégales ou disproportionnées. L'analyse en composantes principales, largement utilisée dans le contexte d'extraction par réduction n'est pas très bien adaptée à notre problématique pour deux raisons : la première l'ACP n'est pas supervisée puisqu'elle ne prend pas en compte la classe d'appartenance dans le processus de réduction (on ne voit pas pourquoi doit-on se priver de cela) et deuxièmement, la réduction réalisée par l'ACP concentre l'information dans le premier vecteur caractéristique rendant le classifieur incapable de trouver une bonne séparation.

Nos images sont bruitées (aucun prétraitement), et contiennent souvent des scènes complexes, traduites par un chevauchement ou une condensation de cellules. Contrairement à d'autres méthodes basées sur la morphologie mathématique ou seuillage, notre stratégie a pu atteindre une plus grande précision de segmentation en particulier dans ce type de scène, où des méthodes comme la ligne de partage des eaux, croissance de régions et d'autres ont du mal à segmenter.

Le post-traitement est une opération très importante, et nécessaire afin d'obtenir une segmentation complète satisfaisant tous les prédicats et particulièrement celui de la connexité, il permet également, de remplir les trous, d'éliminer les artéfacts et les toutes petites régions mal classées.

Nous avons ensuite réalisé une approche qui nécessite de créer une imagerie pour chaque WBC, et à partir de cette imagerie plusieurs types de caractéristiques peuvent être extraites ; statistiques, texture et de forme en plus des caractéristiques de couleur. Cette caractérisation nous servira pour la dernière étape, qui consiste à faire apprendre un classifieur binaire pour séparer les plasmocytes des autres WBC's.

# CONCLUSION GÉNÉRALE

Au cours de cette thèse, nous avons développé un modèle de segmentation d'images microscopiques de cytologie médullaire. Ce document décrit en détail notre contribution à la segmentation d'images couleur et présente les différentes étapes qui ont été nécessaires au développement de notre plateforme.

Dans un premier temps, nous avons commencé par découvrir l'hématologie cellulaire, en montrant l'importance de l'analyse et la quantification microscopique, et en parachevant nos connaissances dans ce domaine par un apprentissage de la cytomorphologie des cellules médullaires et sanguines.

Un nombre important de travaux traitant de l'analyse d'images couleur font référence aux propriétés physiques, physiologiques et psychologiques de la perception de la couleur. Nous avons exploré et exploité la couleur, dans toutes ses formes à travers l'étude des différents espaces couleur, et montré les imperfections ainsi que les insuffisances des segmentations de chaque espace pris distinctement.

Après avoir vu l'influence des systèmes avec lesquels la couleur des pixels est représentée, une nouvelle contribution est celle de la fusion, où une nouvelle segmentation est proposée en ayant recours à la fusion et ses différents types d'architectures. Les modèles adoptés sont guidés par les deux stratégies qu'offre la fusion d'information; à savoir classifier séparément les données issues de différentes sources pour ensuite fusionner les décisions, ou bien de combiner ces données en vue de les classifier.

La théorie de Dempster-Shafer est une extension de l'approche probabiliste à la gestion de l'incertain. Nous démontrons à travers notre modélisation, qu'elle peut apporter des informations complémentaires, qu'elle est adaptée aussi bien à la gestion de l'incertitude que de l'imprécision, et qu'elle permet de gérer de manière simple le compromis entre précision et certitude. L'intérêt remarquable de l'approche par Dempster-Shafer est de permettre de valider de manière quantitative la qualité d'une segmentation, par la notion de conflit ou par le calcul de la précision de la segmentation.

En guise de fusion de mesures, nous nous sommes proposés de tester la sélection itérative des composantes couleur associée à différents critères informationnels. Les résultats de segmentation présentés au quatrième chapitre ont montré qu'il est impossible de mettre en évidence un critère informationnel qui permet de déterminer l'espace couleur avec lequel la segmentation fournit les meilleurs résultats. Alors, au lieu de chercher quel est le système de représentation de la couleur le mieux adapté à un problème de segmentation, nous proposons de construire un espace

couleur hybride, composé de composantes colorimétriques n'appartenant pas forcément toutes au même système de représentation de la couleur. Ces composantes sont sélectionnées de telle sorte qu'elles permettent la meilleure discrimination possible entre les classes de pixels.

Dans ce même chapitre, nous avons présenté les résultats de segmentation des images obtenus par une classification effectuée dans un espace d'attributs colorimétriques hybride (LDA). Dans ce cas, les résultats sont meilleurs que ceux obtenus avec les espaces couleur pris séparément.

À la suite des nombreuses segmentations élaborées et tests effectués, les résultats ont montré qu'on peut atteindre des performances élevées en termes de résultats et de temps de traitement.

La dernière partie du chapitre 4 a retracé après la mise en application de la classification des pixels dans la segmentation, une étape de caractérisation basée sur l'extraction d'attributs statistiques, de forme et de texture pour mieux caractériser le plasmocyte. Ensuite un classifieur est construit pour enfin obtenir une reconnaissance, et également aider au diagnostic de la pathologie du myélome.

## PERSPECTIVES

Dans la continuité directe de notre travail de thèse, nous pouvons proposer plusieurs pistes de recherche nécessitant plus d'attention.

- En ce qui concerne la première partie correspondante à la segmentation d'images couleur par classification pixellaire, d'autres classifieurs peuvent apporter une valeur ajoutée et éventuellement déterminer avec précision les paramètres les plus discriminants.
- L'étape de fusion constitue une des contributions majeures de notre thèse, néanmoins il serait aussi intéressant d'évaluer l'apport de nouveaux formalismes et les étudier en termes de coût de calcul.
- À partir des différents résultats de cette thèse, nous suggérons d'ajouter d'autres informations issues de l'image en dehors de la couleur, nous envisageons la poursuite des travaux de recherche en se penchant sur l'exploitation des caractéristiques de texture dans la classification pixellaire.
- Pour la fusion au niveau des pixels, ne pas se contenter d'utiliser la couleur comme unique primitive, mais d'intégrer d'autres paramètres, comme le contexte spatial. Il serait plus intéressant d'intégrer le contexte spatial dans la classification et ainsi obtenir la décision pour un pixel donné à partir de son voisinage.
- L'enrichissement de la base de données est indispensable pour couvrir le maximum de cellules et ainsi disposer de l'intégralité de types existants de cellules. La création de trois bases de référence, une pour l'apprentissage, une autre pour la validation et la dernière pour le test, et veiller à ce qu'elles soient représentatives et englobant une variabilité des données.
- En l'absence d'un benchmark reconnu dans cette nouvelle discipline,

nous projetons la mise en ligne de notre base et ainsi devenir un point de référence servant à effectuer des tests.

- L'amélioration de notre méthode d'évaluation de segmentation adaptée aux images médullaires, en instaurant une évaluation focalisée sur les régions d'intérêt.
- Proposer une nouvelle caractérisation pour les plasmocytes dystrophiques, et en déduire un nouveau modèle d'identification de ce genre de cellules.
- Notre plateforme a commencé par reconnaître les cellules plasmocytaires en vue d'aider au diagnostic de la maladie de Kahler (myélome), nous comptons élargir cette reconnaissance à d'autres types de cellules telles les blastes, et ainsi cibler d'autres pathologies telles les leucémies . . .

# BIBLIOGRAPHIE

- Ackoff, R. L., 1989 : From data to wisdom. *Journal of Applied Systems Analysis*, **16**, 3 – 9. (Cité page 69.)
- Altunbasak, Y., P. E. Eren, and A. M. Tekalp, 1998 : Region-based parametric motion segmentation using color information. *Graphical models and image processing*, **60**(1), 13–23. (Cité page 30.)
- Amro, I., J. Mateos, M. Vega, R. Molina, and A. K. Katsaggelos, 2011 : A survey of classical methods and new trends in pansharpening of multispectral images. *EURASIP Journal on Advances in Signal Processing*, **2011**(1), 1–22. (Cité page 80.)
- Angulo-Lopez, J., 2003 : *Morphologie mathématique et indexation d'images couleur. Application à la microscopie en biomédecine*. PhD thesis, Ecole de Mines de Paris. (Cité page 9.)
- Appriou, A., 2002 : Discrimination multi signal par la théorie de l'évidence. *Décision et Reconnaissance des formes en signal*, Hermes Science Publication. (Cité page 86.)
- Appriou, A., juin 1991 : Synthèse sur les problèmes de fusion rapport technique gdr 134 cnrs. Technical report, Coordonné par Alain Appriou ONERA Châtillon), 29. (Cité page 67.)
- Appriou, A., mai 1990 : Perspectives liées à la fusion de données. Technical report, Science et Défense Paris, 12. (Cité page 67.)
- Atukorale, A. S. and P. N. Suganthan, 1999 : Combining classifiers based on confidence values. In *Proceedings of the Fifth International Conference on Document Analysis and Recognition, 1999. ICDAR'99.*, IEEE, 37–40. (Cité page 74.)
- Ayad, O., M. Sayed Mouchaweh, and P. Billaudel, 2010 : Sélection dynamique des classifieurs pour l'amélioration du taux de classification dans les zones d'ambiguïté. In *6<sup>ème</sup> Conférence Internationale Franco-phone d'Automatique (CIFA 2010)*. (Cité page 80.)
- Baghli, I., M. Benazzouz, and M. Chikh, 2011 : Cytological image segmentation based on fusion in two levels. *WOTIC'11 (The Fourth Workshop on Information Technologies and Communication)*, Casablanca, Morocco. (Cité page 5.)
- Baghli, I., M. Benazzouz, and M. A. Chikh, 10-11 octobre 2012 : Réduction des caractéristiques pour une segmentation svm des images cytologiques. *BIOMEIC'12, Tlemcen (Algérie)*. (Cité page 5.)

- Barillot, J. L., 2007 : Segmentation d'images cérébrales : État de l'art. (Cité page 21.)
- Bayard, M. and J. L. Causi, 2007 : Mise en oeuvre de la méthode actif shape modèle pour la détection des vertèbres. *Service d'Informatique, Faculté Polytechnique de Mons*. (Cité page 21.)
- Bedat, L., 1998 : *Aspects psychovisuels de la perception des couleurs. Application au codage d'images couleur fixe avec compression de l'information*. PhD thesis, IRESTE - Université de Nantes. (Cité page 63.)
- Benazzouz, M., I. Baghli, and M. A. Chikh, 2013 : Microscopic image segmentation based on pixel classification and dimensionality reduction. *International Journal of Imaging Systems and Technology*, **23**(1), 22–28. (Cité pages 5, 114 et 116.)
- Benmokhtar, R., 2009 : *Fusion multi-niveaux pour l'indexation et la recherche multimédia par le contenu sémantique*. PhD thesis, Télécom ParisTech. (Cité pages 77, 89 et 92.)
- Benomar, A., M. Benazzouz, M. A. Chikh, and I. Baghli, 10-11 octobre 2012 : Fcm spatiale pour la segmentation d'images microscopiques cytologiques. *BIOMEIC'12, Tlemcen (Algérie)*. (Cité page 5.)
- Berge, C., 1973 : Graphes et hypergraphes. (Cité page 29.)
- Bezdek, J., 1973 : *Fuzzy mathematics in pattern classification*. PhD thesis, Cornell Univ, Ithaca, NY. (Cité page 39.)
- Bierly, P. E., E. H. Kessler, and E. W. Christensen, 2000 : Organizational learning, knowledge and wisdom. *Journal of Organizational Change Management*, **13**(6), 595 – 618. (Cité page 69.)
- Bloch, I., 2003 : *Fusion d'informations en traitement du signal et des images*. Hermès, Paris, France. (Cité pages 68 et 69.)
- Bloch, I., 2005 : Fusion d'informations numériques : panorama méthodologique. In *Journées Nationales de la Recherche en Robotique 2005*, Guidel, France, 79-88. (Cité pages 68 et 71.)
- Borsotti, M., P. Campadelli, and R. Schettini, 1998 : Quantitative evaluation of color image segmentation results. *Pattern recognition letters*, **19**(8), 741–747. (Cité page 35.)
- Bossé, É., A.-L. Joussetme, and P. Maupin, 2005 : Knowledge, uncertainty and belief in information fusion and situation analysis. *NATO SCIENCE SERIES SUB SERIES III COMPUTER AND SYSTEMS SCIENCES, Data Fusion for Situation Monitoring, Incident Detection, Alert and Response Management*, **198**, 61–80. (Cité page 69.)
- Boykov, Y., O. Veksler, and R. Zabih, 2001 : Fast approximate energy minimization via graph cuts. *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, **23**(11), 1222–1239. (Cité page 30.)
- Bretto, A., H. Cherifi, and D. Aboutajdine, 2002 : Hypergraph imaging : an overview. *Pattern Recognition*, **35**(3), 651–658. (Cité page 29.)

- Carron, T., 1995 : *Segmentations d'images couleur dans la base Teinte-Luminance-Saturation : approche numérique et symbolique*. PhD thesis, Université de Savoie. (Cité page 60.)
- Celenk, M., 1995 : Analysis of color images of natural scenes. *Journal of Electronic Imaging*, 4(4), 382–396. (Cité page 61.)
- Chabrier, S., C. Rosenberger, H. Laurent, B. Emile, and P. March, 2004 : Evaluating the segmentation result of a gray-level image. In *In 12th EUSIPCO*, Vienne, Austria. (Cité page 35.)
- Chang, C.-C. and C.-J. Lin, 2011 : LIBSVM : A library for support vector machines. *ACM Transactions on Intelligent Systems and Technology*, 2, 27 :1–27 :27. Software available at <http://www.csie.ntu.edu.tw/~cjlin/libsvm>. (Cité page 44.)
- Chauvin, S., 1995 : Évaluation des performances du modèle bayésien de fusion appliqué à l'imagerie satellitaire. In *15° Colloque sur le traitement du signal et des images, FRA, 1995*, GRETSI, Groupe d'Études du Traitement du Signal et des Images. (Cité page 80.)
- Chitroub, S., 2004 : combinaison de classifieurs : une approche pour l'amélioration de la classification d'images multisources/multidates de télédétection. *Télédétection*, 4(3), 289–301. (Cité page 103.)
- Chou, K.-H., L.-G. Tu, and I.-S. Shyu, 1994 : Performances analysis of a multiple classifiers system for recognition of totally unconstrained handwritten numerals. In *4th International Workshop on Frontiers of Handwritten Recognition*, 480–487. (Cité page 99.)
- Clavier, E., E. Trupin, M. Laurent, S. Diana, and J. Labiche, 2000 : Classifiers combination for forms sorting. In *15th International Conference on Pattern Recognition, 2000.*, volume 1, IEEE, 932–935. (Cité page 74.)
- Cocquerez, J. and S. Philipp, 1995 : *Analyse d'images : filtrage et segmentation.* édition masson. Paris, France. (Cité page 35.)
- Cohen, L., L. Vinet, P. T. Sander, and A. Gagalowicz, 1989 : Hierarchical region based stereo matching. In *IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, Proceedings CVPR'89*, IEEE, 416–421. (Cité page 35.)
- Comaniciu, D. and P. Meer, 2002 : Mean shift : A robust approach toward feature space analysis. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 24(5), 603–619. (Cité page 24.)
- Cornuéjols, A. and L. Miclet, 2011 : *Apprentissage artificiel : concepts et algorithmes*. Eyrolles. (Cité page 79.)
- Dasarathy, B. V., 1997 : Sensor fusion potential exploitation-innovative architectures and illustrative applications. *Proceedings of the IEEE*, 85(1), 24–38. (Cité page 72.)
- Dasarathy, B. V., 2001 : Information fusion—what, where, why, when, and how ? *Information Fusion*, 2(2), 75–76. (Cité page 68.)

- Dempster, A. P., 1967 : Upper and lower probabilities induced by a multivalued mapping. *The annals of mathematical statistics*, **38**(2), 325–339. (Cité pages 83 et 99.)
- Denoeux, T., 1995 : A k-nearest neighbor classification rule based on dempster-shafer theory. *IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics*, **25**(5), 804–813. (Cité pages 102 et 103.)
- Denoeux, T., 1997 : Analysis of evidence-theoretic decision rules for pattern classification. (Cité page 102.)
- Denoeux, T., Y. Zouflicar, and A. Fahed, 2010 : Representing Uncertainty on Set-Valued Variables using Belief Functions. *Artificial Intelligence*, **174**(78), 479–499. (Cité page 102.)
- Desodt-Lebrun, A.-M., 1996 : Fusion de données. *Techniques de l'ingénieur. Informatique industrielle*, **12**(R7226), 1–9. (Cité page 69.)
- Devyver, P. and J. Kittler, 1982 : *Pattern Recognition : A Statistical Approach*. Prentice-Hall. (Cité pages 91, 110 et 111.)
- Dorini, L. B., R. Minetto, and N. Leite, 2012 : Semi-automatic white blood cell segmentation based on multiscale analysis. *IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics*. (Cité page 19.)
- Dou, W., 2006 : *Segmentation d'images multispectrales basée sur la fusion d'informations : application aux images IRM*. PhD thesis, Université de Caen. (Cité page 80.)
- Dougherty, G., 2011 : *Medical image processing : techniques and applications*. Springer. (Cité page 21.)
- Dromigny Badin, A., 1998 : *Fusion d'images par la théorie de l'évidence en vue d'applications médicales et industrielles*. PhD thesis, Laboratoire CREATIS INSA de Lyon. (Cité pages 84 et 85.)
- Dubois, D. and H. Prade, 1985 : Théorie des possibilités. *Applications i Représentation des Connaissances en Informatique. Collection Méthode+ Programmes, Masson, Paris. I MAGE EVALUATION TEST TARGET*. (Cité page 78.)
- Duda, R. O., P. E. Hart, and D. G. Stork, 2012 : *Pattern classification*. John Wiley & Sons. (Cité page 24.)
- Duin, R. P. and D. M. Tax, 2000 : Experiments with classifier combining rules. In *Multiple Classifier Systems*. Springer, 16–29. (Cité page 75.)
- Dunn, J. C., 1973 : A fuzzy relative of the isodata process and its use in detecting compact well-separated clusters. (Cité page 24.)
- Eastwood, D., 1973 : A simple modification to improve the visual uniformity of the cie uyvywy colour space. In *In Second congress of the Association Internationale de la Couleur*, 293296. (Cité page 57.)

- Fabre, S., 1999 : *Apport de l'information contextuelle à la fusion multi capteurs. Application à la fusion pixel*. PhD thesis, École de l'information supérieure de l'Aéronotique et de l'Espace. (Cité page 69.)
- Faugeras, O. D., 1976 : *Digital color image processing and psychophysics within the framework of a human visual model*. PhD thesis, uiversity of salt lake city, Utah. (Cité page 59.)
- Faugeras, O. D., 1979 : Digital color image processing within the framework of a human visual model. *Acoustics, Speech and Signal Processing, IEEE Transactions on*, **27**(4), 380–393. (Cité page 52.)
- Fisher, R. A., 1936 : The use of multiple measurements in taxonomic problems. *Annals of eugenics*, **7**(2), 179–188. (Cité pages 89 et 90.)
- Fix, E. and J. Hodges, 1951 : Discriminatory analysis-nonparametric discrimination : Consistency properties. (Cité page 39.)
- Franke, J. and E. Mandler, 1992 : A comparison of two approaches for combining the votes of cooperating classifiers. In *Pattern Recognition, 1992. Vol. II. Conference B : Pattern Recognition Methodology and Systems, Proceedings., 11th IAPR International Conference on, IEEE*, 611–614. (Cité page 76.)
- Freund, Y., R. E. Schapire, et al., 1996 : Experiments with a new boosting algorithm. In *ICML*, volume 96, 148–156. (Cité page 79.)
- Fukunaga, K., 1990 : *Introduction to Statistical Pattern Recognition*. Computer science and scientific computing. Elsevier Science. (Cité pages 91, 110 et 111.)
- Fukunaga, K. and L. Hostetler, 1975 : The estimation of the gradient of a density function, with applications in pattern recognition. *IEEE Transactions on Information Theory*, **21**(1), 32–40. (Cité page 24.)
- Garbay, C., 1979 : *Modélisation de la couleur dans le cadre de l'analyse d'images et de son application à la cytologie automatique*. PhD thesis, Institut National Polytechnique de Grenoble-INPG. (Cité page 59.)
- Geman, S. and D. Geman, 1984 : Stochastic relaxation, gibbs distributions, and the bayesian restoration of images. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, (6), 721–741. (Cité page 26.)
- Gershon, R., 1984 : Survey on color : Aspect of perception and computation. Technical Report RGBV-TR-84-4, Department of Computer Science, University of Toronto. (Cité page 51.)
- Giacinto, G., F. Roli, and G. Fumera, 2000 : Selection of classifiers based on multiple classifier behaviour. In *Advances in Pattern Recognition*. Springer, 87–93. (Cité pages 75 et 80.)
- Guérif, S., 2006 : Réduction de dimension en apprentissage numérique non supervisé. *Unpublished doctoral dissertation, Université Paris*, **13**. (Cité pages 88 et 109.)

- Guo, N., L. Zeng, and Q. Wu, 2007 : A method based on multispectral imaging technique for white blood cell segmentation. *Computers in Biology and Medicine*, **37**(1), 70–76. (Cité page 18.)
- Guyon, I., J. Weston, S. Barhill, and V. Vapnik, 2002 : Gene selection for cancer classification using support vector machines. *Machine Learning*, **46**, 389–422. (Cité pages 110 et 115.)
- Hall, D. and J. Llinas, 2001 : *Multisensor Data Fusion*. Electrical Engineering & Applied Signal Processing Series. Taylor & Francis. (Cité page 68.)
- Hall, M. A. and L. A. Smith, 1997 : Feature subset selection : a correlation based filter approach. (Cité page 94.)
- Hamghalam, M., M. Motameni, and A. E. Kelishomi, 2009 : Leukocyte segmentation in giemsa-stained image of peripheral blood smears based on active contour. In *2009 International Conference on Signal Processing Systems, IEEE*, 103–106. (Cité page 19.)
- Hanbury, A. and J. Serra, 2002 : A 3d-polar coordinate colour representation suitable for image analysis. Technical Report N-37/02/MM, CMM-Ecole des Mines de Paris. (Cité page 63.)
- Haralick, R. M., K. Shanmugam, and I. H. Dinstein, 1973 : Textural features for image classification. *IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics*, **6**, 610–621. (Cité page 118.)
- Hastie, T., R. Tibshirani, and J. J. H. Friedman, 2001 : *The elements of statistical learning*, volume 1. Springer New York. (Cité pages 91, 110 et 111.)
- Ho, T. K., 1998 : The random subspace method for constructing decision forests. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, **20**(8), 832–844. (Cité page 80.)
- Ho, T. K., J. J. Hull, and S. N. Srihari, 1994 : Decision combination in multiple classifier systems. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, **16**(1), 66–75. (Cité page 75.)
- Jain, A. K., R. P. W. Duin, and J. Mao, 2000 : Statistical pattern recognition : A review. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, **22**(1), 4–37. (Cité pages 74 et 75.)
- Judd, D. B., 1930 : Reduction of data on mixture of color stimuli. *Bureau of Standards Journal Research*, **4**(163), 515–548. (Cité page 55.)
- Judd, D. B., 1935 : A maxwell triangle yielding uniform chromaticity scales. *JOSA*, **25**(1), 24–35. (Cité page 57.)
- Karhunen, K., 1947 : *Über lineare Methoden in der Wahrscheinlichkeitsrechnung*, volume 37. Universitat Helsinki. (Cité page 89.)
- Kass, M., A. Witkin, and D. Terzopoulos, 1988 : Snakes : Active contour models. *International journal of computer vision*, **1**(4), 321–331. (Cité page 29.)

- Keller, J. M. and R. Krishnapuram, 1992 : Fuzzy set methods in computer vision. In *An Introduction to Fuzzy Logic Applications in Intelligent Systems*. Springer, 121–145. (Cité page 78.)
- Kernbaum, S., J.-P. Grünfeld, J.-M. Costa, F. Delatour, F. Faurisson, C. Girard, P. Kamoun, and B. Rouveix, 2001 : Dictionnaire de médecine flammarienne. *MS. Médecine sciences*. (Cité page 117.)
- Kimura, F. and M. Shridhar, 1991 : Handwritten numerical recognition based on multiple algorithms. *Pattern recognition*, **24**(10), 969–983. (Cité page 76.)
- Kohavi, R. and G. H. John, 1997 : Wrappers for feature subset selection. *Artificial intelligence*, **97**(1), 273–324. (Cité page 95.)
- Kowaliski, P., F. Viénot, and R. Sève, 1990 : *Vision et mesure de la couleur*. Collection Physique fondamentale et appliquée. Masson. (Cité page 49.)
- Kuncheva, L. I., J. C. Bezdek, and R. P. Duin, 2001 : Decision templates for multiple classifier fusion : an experimental comparison. *Pattern Recognition*, **34**(2), 299–314. (Cité pages 74, 75 et 78.)
- Kuncheva, L. I., C. J. Whitaker, C. A. Shipp, and R. P. Duin, 2000 : Is independence good for combining classifiers ? In *15th International Conference on Pattern Recognition, 2000.*, volume 2, IEEE, 168–171. (Cité page 75.)
- Lambert, P. and T. Carron, 1999 : Symbolic fusion of luminance-hue-chroma features for region segmentation. *Pattern recognition*, **32**(11), 1857–1872. (Cité page 60.)
- Larousse-Médical, 2013 : Grande encyclopédie, larousse médical. (Cité pages 8, 15 et 17.)
- Lee, J.-H., B.-H. Chang, and S.-D. Kim, 1994 : Comparison of colour transformations for image segmentation. *Electronics Letters*, **30**(20), 1660–1661. (Cité page 63.)
- Levine, M. D. and A. M. Nazif, 1985 : Dynamic measurement of computer generated image segmentations. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, (2), 155–164. (Cité page 35.)
- Liu, J. and Y.-H. Yang, 1994 : Multiresolution color image segmentation. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, **16**(7), 689–700. (Cité page 35.)
- Liu, X., 1991 : *Analyse d'images couleur en composantes indépendantes par réseau de neurones*. PhD thesis, Université de Grenoble. (Cité page 64.)
- Loève, M., 1945 : Fonctions aléatoires de second ordre. *CR Acad. Sci. Paris*, **220**, 380. (Cité page 89.)
- Lucien, W., 1998 : A european proposal for terms of reference in data fusion. In *In International Archives of Photogrammetry and Remote Sensing Commission VII Symposium Resource and Environmental Monitoring*, volume 32, Budapest, Hongrie, 651654. (Cité page 68.)

- MACADAM, D. L., 1937 : Projective transformations of i. c. i. color specifications. *J. Opt. Soc. Am.*, **27**(8), 294–297. (Cité page 57.)
- MacAdam, D. L., 1942a : Projective transformations of color-mixture diagrams. *J. Opt. Soc. Am.*, **32**(1), 2–5. (Cité page 57.)
- MacAdam, D. L., 1942b : Visual sensitivities to color differences in daylight. *JOSA*, **32**(5), 247–273. (Cité page 57.)
- MacAdam, D. L., 1943 : Specification of small chromaticity differences. *JOSA*, **33**(1), 18–26. (Cité page 57.)
- Macaire, L., 2004 : *Exploitation de la couleur pour la segmentation et l'analyse d'images*. Habilitation à diriger des recherches, Université des Sciences et Technologie de Lille-Lille I. (Cité pages 53 et 61.)
- MacQueen, J. et al., 1967 : Some methods for classification and analysis of multivariate observations. In *Proceedings of the fifth Berkeley symposium on mathematical statistics and probability*, volume 1, California, USA, 14. (Cité page 38.)
- Markiewicz, T., S. Osowski, and B. Mariańska, 2007 : White blood cell automatic counting system based on support vector machine. In *Adaptive and Natural Computing Algorithms*. Springer, 318–326. (Cité page 18.)
- Marko, R. S. and K. Igor, 2003 : Theoretical and empirical analysis of relief and relief. *Machine Learning Journal*, **53**, 23–69. (Cité page 110.)
- Martin, A., 2005 : La fusion d'informations. Technical report, Polycopié de cours ENSIETA, 117. (Cité pages 70, 71 et 81.)
- Martin, D. R., 2002 : *An empirical approach to grouping and segmentation*. PhD thesis, University of California, Berkeley, USA. (Cité page 35.)
- Mastrogiovanni, F., A. Sgorbissa, and R. Zaccaria, 2007 : A distributed architecture for symbolic data fusion. In *In Proceedings of IJCAI-07 International Joint Conference on Artificial Intelligence*. (Cité page 68.)
- Mercer, J., 1909 : Functions of positive and negative type, and their connection with the theory of integral equations. *Philosophical transactions of the royal society of London. Series A, containing papers of a mathematical or physical character*, **209**, 415–446. (Cité page 44.)
- Meurie, C., 2005 : *Segmentation d'images couleur par classification pixellaire et hiérarchie de partitions*. PhD thesis, Thèse de doctorat, Université de Caen. (Cité page 63.)
- Meziane, A., 2002 : Digital images segmentation : a state of art of the different methods. *Revue d'Information Scientifique et Technique*, **12**(1). (Cité page 20.)
- Miller, M., 1972 : leukocyte classification by morphological criteria. In *Eng foundation Conf. on Automatic cytology. Saxtons Rivers. VT.*, 173–178. (Cité page 18.)

- Montseny, E., P. Sobrevilla, and S. Romani, 2004 : A fuzzy approach to white blood cells segmentation in color bone marrow images. In *Fuzzy Systems, 2004. Proceedings. 2004 IEEE International Conference on*, volume 1, IEEE, 173–178. (Cité page 18.)
- Murphy, R., 1996 : Biological and cognitive foundations of intelligent sensor fusion. *IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics, Part A : Systems and Humans*, **26**(1), 42–51. (Cité page 68.)
- Ohta, Y.-I., T. Kanade, and T. Sakai, 1980 : Color information for region segmentation. *Computer graphics and image processing*, **13**(3), 222–241. (Cité pages 63 et 64.)
- Oliveira, L., N. Benahmed, R. Sabourin, F. Bortolozzi, and C. Y. Suen, 2001 : Feature subset selection using genetic algorithms for handwritten digit recognition. In *Proceedings of XIV Brazilian Symposium on Computer Graphics and Image Processing*, IEEE, 362–369. (Cité page 95.)
- Pan, C., H. Lu, and F. Cao, 2009 : Segmentation of blood and bone marrow cell images via learning by sampling. In *Emerging Intelligent Computing Technology and Applications*. Springer, 336–345. (Cité page 19.)
- Panda, D. P. and A. Rosenfeld, 1978 : Image segmentation by pixel classification in (gray level, edge value) space. *IEEE Transactions on Computers*, **100**(9), 875–879. (Cité pages 30 et 31.)
- Pappas, T. N., 1992 : An adaptive clustering algorithm for image segmentation. *IEEE Transactions on Signal Processing*, **40**(4), 901–914. (Cité page 31.)
- Park, S. H., I. D. Yun, and S. U. Lee, 1998 : Color image segmentation based on 3-d clustering : : morphological approach. *Pattern Recognition*, **31**(8), 1061–1076. (Cité page 31.)
- Phung, S. L., A. Bouzerdoum Sr, and D. Chai Sr, 2005 : Skin segmentation using color pixel classification : analysis and comparison. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, **27**(1), 148–154. (Cité page 31.)
- POREBSKI, A., 2009 : *Sélection d'attributs de texture couleur pour la classification d'images. Application à l'identification de défauts sur les décors verriers imprimés par sérigraphie*. PhD thesis, Université de Caen. (Cité page 60.)
- Pratt, W. K., 1978 : *Digital image processing*. John Wiley & Sons, Inc., New York, NY, USA. (Cité page 52.)
- Raudys, Š. and F. Roli, 2003 : The behavior knowledge space fusion method : analysis of generalization error and strategies for performance improvement. In *Multiple Classifier Systems*. Springer, 55–64. (Cité page 77.)
- Rezatofighi, S. H., K. Khaksari, and H. Soltanian-Zadeh, 2010 : Automatic recognition of five types of white blood cells in peripheral blood. In *Image Analysis and Recognition*. Springer, 161–172. (Cité page 19.)

- Rombaut M., L. F.-P. N., 1997 : Driving activity : How to improve knowledge of the environment. *Journal of Intelligent and Robotic Systems*, **18**(4), 399–408. (Cité page 68.)
- Sabino, D. M. U., L. da Fontoura Costa, E. Gil Rizzatti, and M. Antonio Zago, 2004 : A texture approach to leukocyte recognition. *Real-Time Imaging*, **10**(4), 205–216. (Cité page 18.)
- Sabourin, M. and G. Genest, 1995 : Coopération de classifieurs pour la vérification automatique des signatures. In *3eme Colloque National sur l'Écrit et le Document*, 89–98. (Cité page 76.)
- Saranli, A. and M. Demirekler, 2001 : A statistical unified framework for rank-based multiple classifier decision combination. *Pattern Recognition*, **34**(4), 865–884. (Cité page 76.)
- Shafarenko, L., H. Petrou, and J. Kittler, 1998 : Histogram-based segmentation in a perceptually uniform color space. *Image Processing, IEEE Transactions on*, **7**(9), 1354–1358. (Cité page 31.)
- Shafer, G., 1976 : *A mathematical theory of evidence*, volume 1. Princeton university press Princeton. (Cité pages 83 et 99.)
- Shafer, G. and R. Logan, 1987 : Implementing dempster's rule for hierarchical evidence. *Artificial Intelligence*, **33**(3), 271–298. (Cité page 87.)
- Skurichina, M. and R. P. Duin, 1998 : Bagging for linear classifiers. *Pattern Recognition*, **31**(7), 909–930. (Cité page 79.)
- Smets, P., 1990 : The combination of evidence in the transferable belief model. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, **12**(5), 447–458. (Cité page 86.)
- Smets, P. and R. Kennes, 1994 : The transferable belief model. *Artificial intelligence*, **66**(2), 191–234. (Cité pages 83 et 84.)
- Soille, P., 1996 : Morphological partitioning of multispectral images. *Journal of Electronic Imaging*, **5**(3), 252–265. (Cité page 31.)
- Stathaki, T., 2011 : *Image fusion : algorithms and applications*. Access Online via Elsevier. (Cité page 80.)
- Stiles, W., 1931 : *Commision Internationale de l'Éclairage*. Number vol. 1 in Proceedings of the International Illumination Congress, 1931, Great Britain. International Illumination Congress. (Cité page 51.)
- Strang, G., 1988 : *Linear Algebra and its Applications*. third ed., Harcourt, Brace and Jovanovich, New York. (Cité pages 91 et 111.)
- Theera-Umpon, N., 2005 : White blood cell segmentation and classification in microscopic bone marrow images. In *Fuzzy Systems and Knowledge Discovery*. Springer, 787–796. (Cité page 18.)
- Tollari, S., 2006 : *Indexation et recherche d'images par fusion d'informations textuelles et visuelles*. PhD thesis, laboratoire LSIS Université du Sud Toulon-Var. (Cité pages 93 et 140.)

- Torkkola, K., 2003 : Feature extraction by non parametric mutual information maximization. *The Journal of Machine Learning Research*, **3**, 1415–1438. (Cité page 94.)
- Universalis, 1995 : œil humain. Jean-Antoine Bernard et Guy Offret In *Encyclopaedia Universalis*, France S.A ; En ligne. (Cité page 48.)
- Vandenbroucke, N., Décembre 2000 : *Segmentation d'images couleur par classification de pixels dans des espaces d'attributs colorimétriques adaptés. Application à l'analyse d'images de football*. Thèse de doctorat, Université des Sciences et Technologies de Lille. (Cité pages ix, 53, 54 et 65.)
- Vandenbroucke, N., L. Macaire, and J.-G. Postaire, 2003 : Color image segmentation by pixel classification in an adapted hybrid color space. application to soccer image analysis. *Computer Vision and Image Understanding*, **90**(2), 190–216. (Cité page 31.)
- Vapnik, V., 2000 : *The nature of statistical learning theory*. springer. (Cité page 93.)
- Vapnik, V. N., 1995 : *The nature of statistical learning theory*. (Cité page 41.)
- Wald, L., 2002 : *Data fusion : definitions and architectures : fusion of images of different spatial resolutions*. Presses de l'Ecole des Mines. (Cité page 70.)
- Wang, E.-y., Z. Gou, A.-m. Miao, S.-q. Peng, Z.-y. Niu, and X.-l. Shi, 2009 : Recognition of blood cell images based on color fuzzy clustering. In *Fuzzy Information and Engineering Volume 2*. Springer, 69–75. (Cité page 19.)
- White, F., 1991 : Data fusion lexicon. Technical report, Data Fusion Subpanel of the Joint Directos of Laboratories Technical Panel Code 42402, NOSC, San Diego, Californie, 1991. (Cité page 68.)
- Wilson, D. L., A. J. Baddeley, and R. A. Owens, 1997 : A new metric for grey-scale image comparison. *International Journal of Computer Vision*, **24**(1), 5–17. (Cité page 35.)
- WYSZECKI, G., 1963 : Proposal for a new color-difference formula. *J. Opt. Soc. Am.*, **53**(11), 1318–1319. (Cité page 57.)
- Xu, L., A. Krzyzak, and C. Y. Suen, 1992 : Methods of combining multiple classifiers and their applications to handwriting recognition. *IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics*, **22**(3), 418–435. (Cité pages 74 et 75.)
- Yager, R. R., 1987 : On the dempster-shafer framework and new combination rules. *Information sciences*, **41**(2), 93–137. (Cité page 86.)
- Yasnoff, W., W. Galbraith, J. Bacus, et al., 1978 : Error measures for objective assessment of scene segmentation algorithms. *Analytical and quantitative cytology*, **1**(2), 107–121. (Cité page 35.)

- Young, T., 1802 : The bakerian lecture : On the theory of light and colours. *Philosophical transactions of the Royal Society of London*, **92**, 12–48. (Cité page 46.)
- Zadeh, L. A., 1988 : Fuzzy logic. *Computer*, **21**(4), 83–93. (Cité page 78.)
- Zhang, H., L. Zeng, H. Ke, H. Zheng, and Q. Wu, 2005 : A novel multispectral imaging analysis method for white blood cell detection. In *Advances in Natural Computation*. Springer, 210–213. (Cité page 18.)
- Zhang, Y., C. Ding, and T. Li, 2008 : Gene selection algorithm by combining relieff and mrmr. *BMC Genomics*, **9**, S27. (Cité page 110.)
- Zouari, H., L. Heutte, Y. Lecourier, and A. Alimi, 2002 : Un panorama des méthodes de combinaison de classifieurs en reconnaissance de formes. *Reconnaissance des Formes et d'Intelligence Artificielle RFAI*, **2**, 449–508. (Cité pages ix, 75 et 76.)
- Zouhal, L. M. and T. Denoeux, 1998 : An evidence-theoretic k-nn rule with parameter optimization. *IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics*, **28**, 263–271. (Cité pages 102 et 103.)

# Liste des tableaux

4.1	Tableau comparatif des principales caractéristiques des techniques d'extraction de caractéristiques (Tollari 2006) . . .	93
5.1	Précisions obtenues pour les espaces couleur . . . . .	101
5.2	Précisions obtenues de la Fusion . . . . .	103
5.3	Rappels obtenus de la Fusion . . . . .	104
5.4	Pixels conflictuels . . . . .	105
5.5	Résultats obtenus après le post-traitement. . . . .	106
5.6	Classement ReliFF . . . . .	112
5.7	Classement mRMR . . . . .	113
5.8	Rappel . . . . .	114
5.9	Précisions obtenues des expériences . . . . .	114
5.10	Segmentation processing time (image 1024*768) . . . . .	116
5.11	Résultats obtenus après le post traitement . . . . .	116

# NOTATIONS

CIE	Commission Internationale de l'Éclairage
SVM	Support Vector Machine
RN	Réseau de Neurones
RGB	Red Green Blue
HSL	Hue Saturation Lightness
CREDOM	Caractérisation Reconnaissances des Données Médicales
KNN	K Nearest Neighbor
ROI	Region Of Interest
RdF	Reconnaissance de Formes
ARN	ACIDE RIBONUCLÉIQUE
ADN	ACIDE DÉSOXYRIBONUCLÉIQUE
MGG	May-Grünwald Giemsa
WBC	WHITE BLOOD CELL

Ce document a été préparé à l'aide de l'éditeur TeXnicCenter 2.0 : un logiciel libre sous la licence open source GNU GPL, qui se présente sous la forme d'un environnement de développement intégré pour le langage LaTeX sous Windows. Il est basé sur les distributions MiKTeX 2.9 L<sup>A</sup>T<sub>E</sub>X 2<sub>ε</sub>.



# Microscopic Image Segmentation Based on Pixel Classification and Dimensionality Reduction

Mourtada Benazzouz, Ismahan Baghli, Med Amine Chikh

Genie Biomedical Laboratory, Abou Bekr Belkaid University, Algeria

Received 30 July 2012; revised 19 September 2012; accepted 23 October 2012

**ABSTRACT:** Pathological image analysis plays a significant role in effective disease diagnostics. In this article, a tool for diagnosis assistance by automatic segmentation of bone marrow images is introduced. The aim of our segmentation is to demarcate cell's component: nucleus, cytoplasm, red cells, and background. Different color spaces were used to extract color's features to profit of their complementarity. We introduce several dimensionality reduction techniques. These techniques are exemplified on a support vector machine pixel-based bone marrow image segmentation problem in which it is shown that it may give significant improvement in segmentation accuracy and time consuming. © 2013 Wiley Periodicals, Inc. *Int J Imaging Syst Technol*, 23, 22–28, 2013; Published online in Wiley Online Library (wileyonlinelibrary.com). DOI 10.1002/ima.22032

**Key words:** segmentation; color spaces; dimensionality reduction; support vector machine; microscopic images

## I. INTRODUCTION

Recognition and inspection of white blood cells (WBCs) in bone marrow smears can assist hematologists in diagnosing diseases such as leukemia and myeloma. This analysis can be accomplished by automatic and manual approaches. Computer-aided automatic analysis not only saves manpower and time but also reduces the effects of human error.

The article presents the first step for building an automatic system of blood cell recognition, and this gait consists in segmentation of blood cell images, which is a crucial step for automatic cell analysis, because the success of the final classification depends mainly on the correct image segmentation.

Several general-purpose algorithms and techniques have been developed for image segmentation. As there is no general solution to the image segmentation problem, these techniques often have to be combined with domain knowledge to effectively solve an image segmentation problem for problem domain (Bamford, 2003; Pan et al., 2009) used mean shift to extract a few significant samples as training set for pixel classification and recently (Pan et al., 2012) construct a segmentation model using simulated visual attention via learning by on-line sampling. A method based on GramSchmidt orthogonalization is proposed along with a snake algorithm to segment nucleus and cytoplasm of the cells

in Rezatofighi and Soltanian-Zadeh (2011). With using color information and after applying several preprocessing steps, nucleus are extracted by means of K-means method in Soltanzadeh et al. (accepted for publication). Dorini et al. (accepted for publication) proposed, after a preprocessing step with SMMT, watershed transform and level set methods for nucleus segmentation and two different schemes based on granulometric analysis and morphological transformations to identify cytoplasm region. A texture approach has been presented by Sabino et al. (2004). Jiang et al. (2003) proposed a WBC segmentation scheme on color space images using feature space clustering techniques, scale-space filtering for nucleus extraction, and watershed clustering for cytoplasm extraction. Dorini et al. (2007) used morphological operators and examined the scale-space properties of toggle operator to improve segmentation accuracy. Pandit and Hengen (2001a,b), Park and Keller (1997), and Sobrevilla et al. (1999) did a lot of meaningful work in the segmentation, feature extraction, and classification of the WBCs in the gray or color bone marrow image. Interesting segmentation schemes have been presented by Quelhas et al. (2010) using the sliding band filter, and Ko et al. (2011) combined probability density function and a morphological operation for nucleus and cytoplasm, respectively. Another works on dimensionality reduction such as Fu et al. (2005) who have done forward selection to mammographic segmentation, and Fan (2007) has used support vector machine (SVM)-based criteria to select the most discriminative features, according to their effect on the upper bound of the leave-one-out generalization error.

In our approach, the whole image is segmented into four types of regions: nucleus, cytoplasm, erythrocytes, and background. Before that, we have realized the construction of several datasets from different color spaces to have a segmentation quite close to the ground truth, to eliminate redundancy, and especially to reduce time-consuming segmentation. Those datasets are built from several techniques of features selection (filters and wrappers), and another dataset has extracted principal components from linear discriminant analysis (LDA). After that, different segmentations are done by SVM pixel classification.

This article is organized as follows: Section II presents color spaces, and dimensionality reduction with different aspects is presented in Section III. In Section IV, the basic concepts of the SVM

Correspondence to: Mourtada Benazzouz; e-mail: mourtada.benazzouz@gmail.com

classifier are expounded. Section V discusses implementation issues and gives experimental results on our datasets. Finally, conclusions are stated in Section VII.

## II. COLOR FEATURES

Our images come from colored blades, and therefore, it will be useful to exploit the color information as considered in several articles (Jiang et al., 2006; Rezatofghi and Soltanian-Zadeh, 2011; Pan et al., 2012; Soltanzadeh et al., accepted for publication). The color space is a joined coordinated system in three dimensions where the color has been analyzed and transformed particularly in three stimuli. In other terms, each space has an interest with different stimuli, consequently it is always difficult to predict the performance of the method in a color space (Koschan and Mongi, 2008). Also, it was proved that the different segmentation schemes do not have the same behavior in different color spaces (Meurie et al., 2010).

To be rather exhaustive without having to test all existing color spaces, we used five representative color spaces belonging to the families of four color spaces described by Vandenbroucke (2000). Initially, seven color spaces have been experimented, but our choice has focused on five color spaces: RGB (primary spaces) HSL and HSV (perceptual space), LUV (perceptually uniform spaces), and YUV (spaces of television), because they have given best results.

The intention of the  $L^*u^*v^*$  color space is to produce a color space that is more perceptually linear than other existing color spaces. Perceptually linear means that a change of the same amount in a color value should produce a change of about the same visual importance.

The YUV model defines a color space in terms of one luminance and two chrominance components. YUV is used in the PAL system of color encoding in analog video, which is part of television standards in much of the world. YUV models human perception of color more closely than the standard RGB model used in computer graphics hardware, but not as closely as the HSL color space.

The HSL color space (hue, saturation, and lightness/luminance) is quite similar to the HSV space, also known as HSB (hue, saturation, and brightness). The difference is that the brightness of a pure color is equal to the brightness of white, whereas the lightness of a pure color is equal to the lightness of a medium gray. The HSL color space is often used by artists, because it is often more natural to think about a color in terms of hue and saturation than in terms of additive or subtractive color components.

As these color spaces have their own properties, it would be useful to exploit them altogether in a whole segmentation process to increase the quality of the results. For this reason, we opted for the use of several spaces to take advantage of complementarity's spaces.

## III. DIMENSIONALITY REDUCTION

Generally, the main goal of reducing the dimensionality of feature data, which is also called feature extraction, is to prevent the subsequently used model from over-fitting in the training phase. An important additional effect in, for example, pattern classifiers is often the decreased amount of time and memory required to perform the necessary operations. Consequently, image segmentation may benefit from the technique.

**A. Features Selection.** Features selection methods can be divided into filters and wrappers. Filters select features based on

criteria independent of any supervised learner. Therefore, the performance of filters may not be optimum for a chosen learner. Wrappers use a learner as a black box to evaluate the relative usefulness of a feature subset. Wrappers search the best feature subset for a given supervised learner; however, wrappers tend to be computationally expensive.

*A.1. ReliefF.* The key idea of the ReliefF is to estimate the quality of attributes according to how well their values distinguish between instances that are near to each other. Given a randomly selected instance  $Ins_m$  from class  $Cl$ , ReliefF searches for  $K$  of its nearest neighbors from the same class called nearest hits  $H$ , and also  $K$  nearest neighbors from each of the different classes, called nearest misses  $M$ . It then updates the weight  $w_i$  for attribute  $i$  based on their values for  $Ins_m$ ,  $H$ , and  $M$ . If instance  $Ins_m$  and those in  $H$  have different values on attribute  $i$ , then the weight  $w_i$  is decreased. On the other hand, if instance  $Ins_m$  and those in  $M$  have different values on the attribute  $i$ , then  $w_i$  is increased. The whole process is repeated  $n$  times, which is set by users. The updating of  $w_i$  can use this equation:

$$w_{e_i} = w_{e_i} - \frac{\sum_{k=1}^K D_H}{n \cdot K} + \sum_{cl=1}^{Cl-1} P_{cl} \cdot \frac{\sum_{k=1}^K D_{M_{cl}}}{n \cdot K}, \quad (1)$$

where  $n_{cl}$  is the number of instances in class  $cl$ ,  $D_H$  (or  $D_{M_{cl}}$ ) is the sum of distance between the selected instance and each  $H$  (or  $M_{cl}$ ),  $P_{cl}$  is the prior probability of class  $cl$ .

Detailed discussion on ReliefF can be found in Marko and Igor (2003).

- Recently, ReliefF and minimum redundancy maximum relevance (mRMR) algorithms were combined in a two-stage strategy for large scale attributes selection (Zhang et al., 2008). In the first stage, a small subset of attributes were selected using ReliefF, and then, mRMR method was applied to select nonredundant attributes into the subset.

*A.2. SVM-Recursive Features Elimination.* SVMs—recursive features elimination (SVM-RFE) was introduced by Guyon et al. (2002), for ranking attributes from gene expression data for cancer classification. Starting with all the attributes, removes the attribute that is least significant for classification recursively in a backward elimination manner. The ranking score is given by the components of the weight vector  $w_{rfe}$  of the SVM as follows:

$$w_{rfe} = \sum_k \alpha_k cl_k x_k, \quad (2)$$

where  $cl_k \in Cl$  is the class label of the sample  $x_k$  and the summation is taken over all the training samples.  $\alpha_k$  is the Lagrange multipliers involved in maximizing the margin of separation of the classes. If  $w_{rfe_i}$  denotes the component weight connecting to the attribute  $i$ ,  $w_{rfe_i}^2$  gives a measure ranking of the attribute  $i$  based on its effect on the margin of separation on removal (Guyon et al., 2002).

**B. Features Combination by LDA.** As alternative to previous selection methods, the classical approach to supervised linear dimensionality reduction is based on LDA. This approach defines the optimal transformation matrix  $L$  to be the one that maximizes the so-called Fisher criterion  $J$  (Devijver and Kittler, 1982; Fukunaga, 1990; Hastie et al., 2001)

$$L = \operatorname{argmax}_A J(A) \quad (3)$$

with

$$J(A) = \operatorname{tr}((AS_W A^T)^{-1} AS_B A^T), \quad (4)$$

where  $A$  is a  $d \times n$  transformation matrix,  $S_W$  is the mean within-class covariance matrix, and  $S_B$  is the between-class covariance matrix. The  $n \times n$  matrix  $S_W$  is a weighted mean of class covariance matrices and describes the (co)variance that is (on average) present within every class. The  $n \times n$  matrix  $S_B$  describes the covariance present between the several classes. In Eq. (4),  $AS_W A^T$  and  $AS_B A^T$  are the  $d \times d$  within-class and between-class covariance matrices of the feature data after reducing the dimensionality of the data to  $d$  using the linear transform  $A$ .

When maximizing Eq. (4), one simultaneously minimizes the within-class covariance and maximizes the between-class covariance in the lower-dimensional space that is spanned by the rows of  $A$ . The criterion tries to determine a transform  $L$  that maps the feature vectors belonging to one and the same class as close as possible to each other, while trying to keep the vectors that do not belong to the same class as far from each other as possible. The matrix that does so optimally, as defined by Eq. (4), is the transform associated with LDA.

Once the covariance matrices  $S_W$  and  $S_B$  have been estimated from the train data, the maximization problem in Eq. (4) can be solved by means of a generalized eigenvalue decomposition related to maximizing a generalized Rayleigh quotient involving the matrices  $S_B$  and  $S_W$  (Devijver and Kittler, 1982; Strang, 1988; Fukunaga, 1990; Hastie et al., 2001). The eigenvalue problem to be solved is

$$S_B V = S_W V \Lambda. \quad (5)$$

Or equivalently

$$S_W^{-1} S_B V = V \Lambda, \quad (6)$$

in which  $V$  is an  $n \times n$  matrix consisting of  $n$  eigenvectors (as column vectors) and  $\Lambda$  is an  $n \times n$  diagonal matrix with the  $n$  eigenvalues  $\lambda_i$  associated with the eigenvectors  $v_i$  in  $V$  on the diagonal. A  $d \times n$  transformation matrix  $L$  that maximizes the Fisher criterion is obtained by setting the rows of  $L$  equal to the  $d$  transposed eigenvectors  $v_i^T$  corresponding to the  $d$  largest eigenvalues.

#### IV. SVMs FOR PIXEL CLASSIFICATION

Let the training set  $D$  be  $\{(x_i, l_i)\}_{i=1N}$  with input  $x_i$  and  $l_i = \{\pm 1\}$ . SVM (Vapnik, 1998) first maps  $x$  to  $y = \phi(x) \in F$ . When the data are linearly separable in  $F$ , SVM constructs a hyperplane  $w^T z + b$  for which separation between the positive and negative examples is maximized.

It can be shown that  $w = \sum_{i=1N} \alpha_i l_i z_i$ , where  $\alpha = (\alpha_1, \dots, \alpha_N)$  can be found by solving the following quadratic programming problem:

$$\min \frac{1}{2} \alpha^T Q \alpha - e^T \alpha. \quad (7)$$

Subject to  $\alpha \geq 0$  and  $\alpha^T l = 0$ . Where  $e$  is the vector of all ones,  $l = (l_1, \dots, l_N)^T$  and  $Q$  has entries  $l_i l_j z_i^T z_j = l_i l_j K(x_i, x_j)$ , where  $K(x_i, x_j)$  is called a kernel. When the training set is not separable in  $F$ , the SVM algorithm introduces non-negative slack variable  $\xi_j \geq 0$ . The result problem becomes

$$\min \frac{1}{2} \|w\|^2 + C \sum_{i=1}^n \xi_i. \quad (8)$$

Subject to  $l_i(w^T z + b) \geq 1 - \xi_j$ .  $C$  is a regularization parameter controlling the trade off between model complexity and training error.

The  $x_i$  for which  $\alpha_i \neq 0$  are defined as the support vectors, as they determine the optimal hyperplane, the hyperplane with maximal margin. Geometrically, the support vectors correspond to the closest to the optimal hyperplane. The optimal decision functions is

$$f(x) = \operatorname{sign} \left( \sum_{i=1N} \alpha_i l_i K(x_i, x) + b \right). \quad (9)$$

In this article, radial basis function is selected as the kernel of SVM, which is

$$K(x_i, x_j) = \exp \left( -g \|x_i - x_j\|^2 \right). \quad (10)$$

The rest parameters in training are the kernel parameter  $g$  and the regularization parameter  $C$  of SVM. The program code and more detailed discussion about C-SVM algorithm can be found in Chih-Chung and Chih-Jen (2011).

SVM being binary classifiers,  $\frac{m(m-1)}{2}$  SVM classifiers are induced for a multiclass problem. A final decision is taken from the outputs of all binary SVM (Hsu and Lin, 2002).

#### V. EXPERIMENTATION

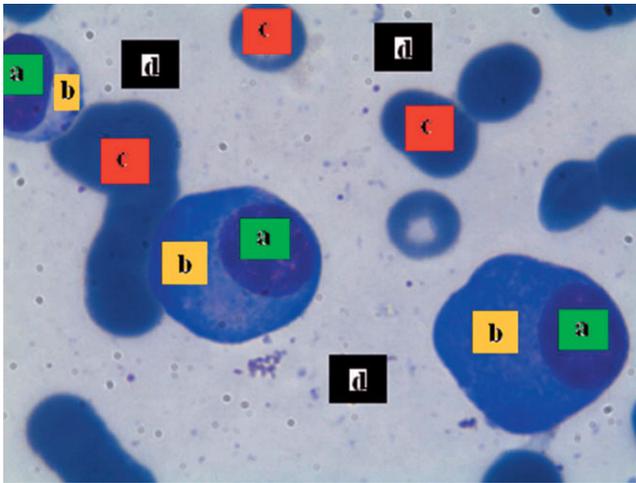
Our base is constructed from acquired images in hemobiology service (Tlemcen Hospital), on blades with the MGG coloration (May Grunwald Giemsa). The LEICA environments (camera and microscope) permit to obtain RGB 24-bit color pictures of 1024 per 768 with good quality format bitmap. The camera is attached to a LEICA microscope with 100 objective magnification.

Twenty-seven microscopic images were used to evaluate proposed segmentation algorithm. Our images have been divided into two groups: the first for learning and the second for testing.

**A. Training Set.** For each image from the first group, we took nucleus regions, cytoplasm regions, erythrocytes regions, and background regions to construct the training set (Fig. 1); this set contains 155,010 pixels.

**B. Segmentation Steps.** Image segmentation in terms of pixel classification is considered, and we selected SVM as a classifier for all our experiences. From Section III, where techniques of dimensionality reduction were mentioned, several experimentations have been realized:

- *No feature selection:* we construct an SVM applied on all color features (15 features), obtained from conversion of the original image into the five color spaces (RGB, LUV, HSL, HSV, and YUV) denoted by C1–C15, respectively. The SVM parameters  $c$  and  $g$  were optimized after using multiple-fold cross validation, which leads to the following parameters  $c = 512$  and  $g = 0.0001$ .
- *ReliefF:* On the same training set with number of neighbors  $k = 10$ , ReliefF has selected seven attributes taking account their ranking weight (Table I).



**Figure 1.** (a) Nucleus region, (b) cytoplasm region, (c) erythrocyte region, and (d) background region. [Color figure can be viewed in the online issue, which is available at [wileyonlinelibrary.com](http://wileyonlinelibrary.com).]

- *ReliefF (mRMR)*: we use mutual-information-based mRMR criterion to find a minimally redundant set of attributes from precedent (ReliefF) results, which decrease to three attributes (Table II).
- *SVM-RFE*: Starting with all the attributes measured, we used SVM-RFE to gradually remove attributes to select the most relevant subset of attributes. After parameter estimation with 10-fold cross validation, six attributes (C3, C12, C8, C6, C9, and C2 by order of ranking) were selected using optimal parameters on training data.
- *LDA*: From  $n = 15$  features and the use of the transformation matrix  $L$  ( $3 \times 15$ ); LDA has reduced the dimensionality to three components, the choice of number 3 is not trivial but based on theoretical concepts of LDA, which cannot extract more features than the number of classes minus one, leading to this projection Figure 2.

## VI. RESULTS AND DISCUSSION

The results of implementing the proposed cell image segmentation method were obtained using 2.8 GHz PC with 2 GB of RAM, Windows XP OS and LibSVM software tools. The segmentation results were evaluated with ground truth images (Fig. 3). Part of visual segmentation results are shown in Figures 4 and 5. Table III shows the classification rate of the experiences.

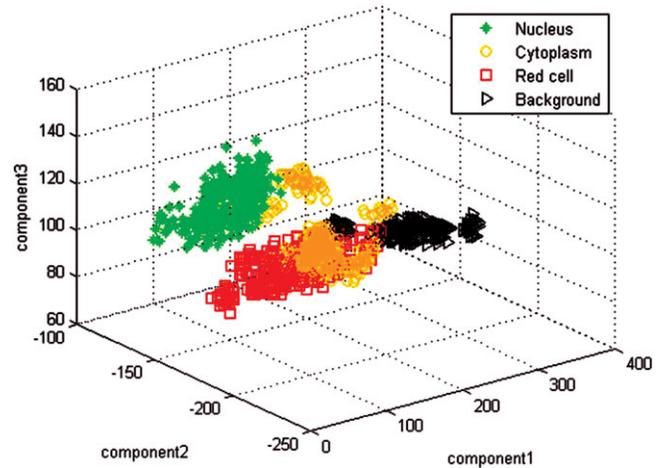
The most promising results have been obtained by nucleus segmentation. But the color of cytoplasm often looks like erythrocyte as shown by the overlap between these two classes (Fig. 2). Therefore, the segmentation results are sometimes inaccurate.

**Table I.** ReliefF's ranking

Designation	C2	C13	C1	C11	C9	C8	C14
Weight	0.927	0.899	0.880	0.855	0.850	0.846	0.824

**Table II.** mRMR's ranking

Designation	C13	C8	C9
Weight	0.748	0.117	0.100

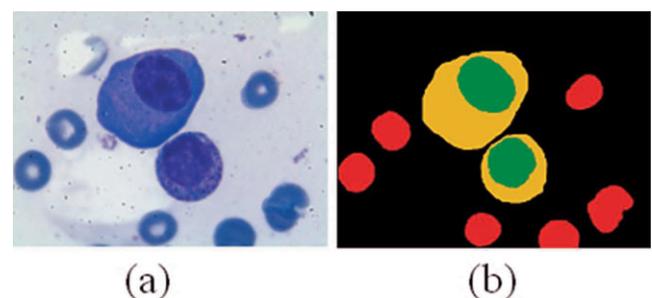


**Figure 2.** LDA projection. [Color figure can be viewed in the online issue, which is available at [wileyonlinelibrary.com](http://wileyonlinelibrary.com).]

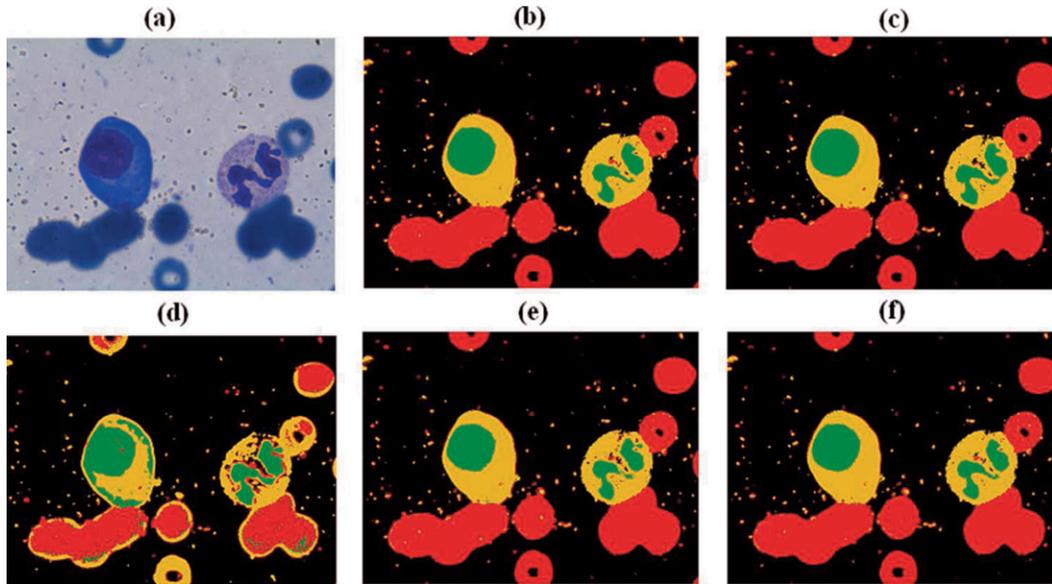
Even the diagnostic of experts is based essentially on leukocyte characteristics. Indeed, our segmentation focuses on this type of cell that includes nucleus and cytoplasm known as region of interest. Table IV shows obtained accuracy for the experiences. Tables IV and V give a comparison of classification performances of No features selection, ReliefF, mRMR, SVM-RFE, and LDA. As seen, the performance of ReliefF and LDA were significantly better in most of the performance measures on dataset. Additionally, mRMR gives a dramatic drop performance compared with no dimensionality reduction. SVM-RFE has given disappointing results relative to its status as a wrapper method, which is supposed improving the classification rate. For computational efficiency, more than one attribute can be removed at a single step, although it may have negative effect on selection of attributes when the set of attributes is small (Guyon et al., 2002).

Dimensionality reduction plays an important role in segmentation based on pixel classification, resulting in less data, so the classification algorithm can learn faster and the most important profit consists on the use of LDA and ReliefF, which generate less time consuming (Table V).

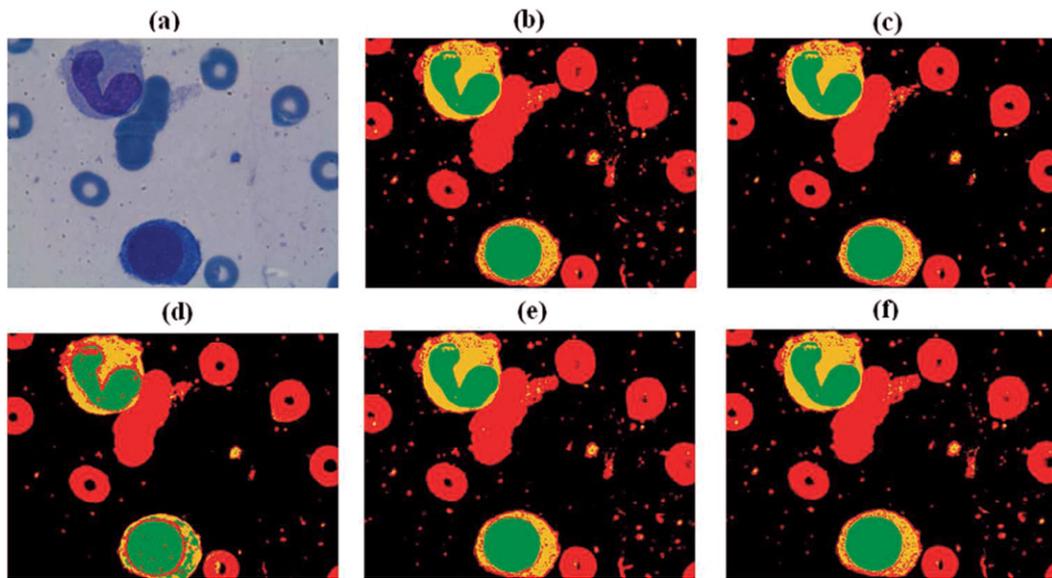
The original images contain red blood cells with a clear area in the center, this led the SVM detect red cell's center as a background. But this misclassification does not affect the result, because this kind of cells does not contribute to the diagnostic. It can be corrected by filling operation. A postprocessing is needed to improve the quality of the segmentation; achieved by elimination of



**Figure 3.** (a) Microscopic image and (b) ground truth image. [Color figure can be viewed in the online issue, which is available at [wileyonlinelibrary.com](http://wileyonlinelibrary.com).]



**Figure 4.** (a) Original image, (b) no selection result, (c) ReliefF result, (d) mRMR result, (e) SVM-RFE result, and (f) LDA result. [Color figure can be viewed in the online issue, which is available at [wileyonlinelibrary.com](http://wileyonlinelibrary.com).]



**Figure 5.** (a) Original image, (b) no selection result, (c) ReliefF result, (d) mRMR result, (e) SVM-RFE result, and (f) LDA result. [Color figure can be viewed in the online issue, which is available at [wileyonlinelibrary.com](http://wileyonlinelibrary.com).]

**Table III.** Classification rate

	Nucleus	Cytoplasm	Erythrocytes	Background
No selection	0.9033	0.8735	0.9080	0.9452
ReliefF	0.9368	0.8531	0.9383	0.9525
mRMR	0.9102	0.6654	0.6160	0.9594
SVM-RFE	0.8737	0.8563	0.8984	0.9377
LDA	0.9010	0.8729	0.9099	0.9488

**Table IV.** Obtained accuracy of the experiences

	Nucleus	Cytoplasm
No selection	92.45%	65.08%
ReliefF	92.64%	70.42%
mRMR	66.83%	35.88%
SVM-RFE	92.33%	64.08%
LDA	91.87%	65.76%

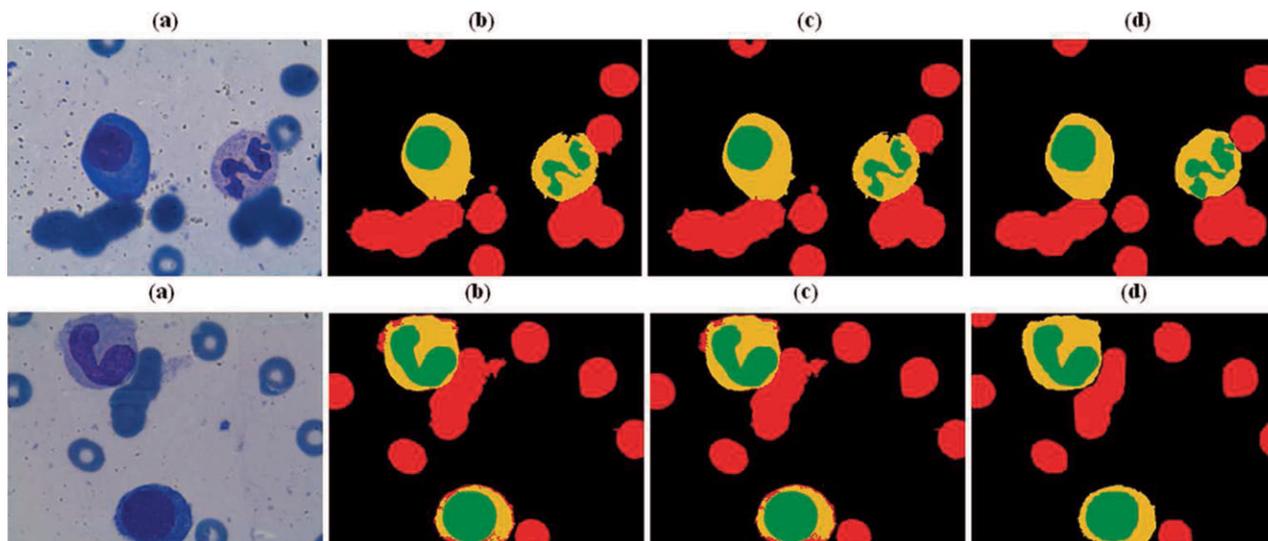
artifacts, and also by removing the small red areas in the cytoplasm region. After postprocessing on LDA result and ReliefF result, we obtained the following accuracy and classification rate (Table VI).

**Table V.** Segmentation processing time (image  $1024 \times 768$ )

	No Selection	ReliefF	mRMR	SVM-RFE	LDA
Time consuming (s)	201	174	1443	174	138

**Table VI.** Obtained results after postprocessing

	LDA		ReliefF	
	Nucleus	Cytoplasm	Nucleus	Cytoplasm
Accuracy (%)	94.19	79.43	95.02	84.53
Classification rate (%)	90.70	90.64	94.63	90.25



**Figure 6.** (a) Original image, (b) LDA + postprocessing, (c) ReliefF + postprocessing, and (d) ground truth. [Color figure can be viewed in the online issue, which is available at [wileyonlinelibrary.com](http://wileyonlinelibrary.com).]

The major errors were caused by the following reasons. First, misclassification occurs mainly between closely related classes (red cells and some cytoplasm regions), no distinction is made between them. Second, when cytoplasmic granules are as dark as a nucleus or a cytoplasm as bright as a background, they are classified as a nucleus and a background, respectively. Our postprocessing has tried to overcome these shortcomings cited above by eliminating small regions detected as background inside the cytoplasm and also by eliminating small regions detected as nucleus inside the cytoplasm.

Our images are noisy (not pretreated images) and often contain overlapping and condensed cells. In contrast to other methods based on morphology or thresholding, our strategy can achieve higher accuracy of segmentation especially in complex scenes where watershed, region growing, and others have struggling to segment.

Considering both classification accuracy and processing time, the use of ReliefF algorithm is computationally more expensive than LDA (174 s instead of 138 s). Therefore, the best accuracy results are obtained from ReliefF that is able to yield 95.02% accuracy for nucleus segmentation and 84.53% for cytoplasm segmentation (Fig. 6).

Automatic recognition of WBCs in light microscopic images usually consists of major steps, including: image segmentation, feature extraction, and classification. Here, our aim is to accurately segment the nucleus and cytoplasm components of blood smear images, to further extract attribute for automated differential counting. According to medical experts, different characteristics of nucleus and cytoplasm are important features for discrimination of certain leukocyte types. We plan to realize an approach that require one subimage for each WBC, and from this subimage several types of features can be extracted: texture features and shape features in addition to color features.

## VII. CONCLUSIONS

In this article, we proposed a segmentation scheme to recognize the components of blood cells in the bone marrow smear images. This scheme is based on a pixel classification technique developed by Vapnik known to be the SVMs. This choice is justified by two criteria:

(1) a high classification rate and (2) a fast pixel classification process.

The proposed method has a reasonable processing time and is sufficiently accurate by including LDA or ReliefF features selection within color spaces. Future work are envisaged by adding texture attributes for color images and proceed to the characterization stage to recognize cell's type.

## ACKNOWLEDGMENTS

Our team have completed the acquisition of microscopic images and the annotation (labeling) of the different regions (classes). This base did not exist without the contribution of Mrs. N. Benmansour (Hemobiology service, Tlemcen Hospital) who opened her service and gave us access to the LEICA microscope and patients slides. The authors thank her and express their gratitude.

## REFERENCES

- P. Bamford, Empirical comparison of cell segmentation algorithms using an annotated dataset, PhD thesis, University of Queensland, Brisbane, Australia, 2003.
- C-C. Chung and C-J. Lin, A library for support vector machines, *ACM Trans Intell Syst Technol* 2 (2011), 1–27.
- P.A. Devijver and J. Kittler, *Pattern recognition: A statistical approach*, Prentice-Hall, London, 1982.
- L.B. Dorini, R. Minetto, and N.J. Leite, White blood cell segmentation using morphological operators and scale-space analysis, *Proceedings of the XX Brazilian Symposium on Computer Graphics and Image Processing, Minas Gerais Brazil*, 2007.
- L.B. Dorini, R. Minetto, and N.J. Leite, Semi-automatic white blood cell segmentation based on multiscale analysis (accepted for publication in *IEEE Trans Inf Technol Biomed*) (2012) [Epub ahead of print].
- Y. Fan, Compare: Classification of morphological patterns using adaptive regional elements, *IEEE Trans Med Imaging* 26 (2007), 93–105.
- J.C. Fu, S.K. Lee, S.T. Wong, J.Y. Yeh, A.H. Wang, and H.K. Wu, Image segmentation feature selection and pattern classification for mammographic microcalcifications, *Comput Med Imaging Graph* 29 (2005), 419–429.

- K. Fukunaga, Introduction to statistical pattern recognition, Academic Press, New York, 1990.
- I. Guyon, J. Weston, S. Barhill, and V. Vapnik, Gene selection for cancer classification using support vector machines, *Mach Learn* 46 (2002), 389–422.
- T. Hastie, R. Tibshirani, and J. Friedman, “The elements of statistical learning,” In Springer series in statistics, Springer, New York/Berlin/Heidelberg, 2001.
- C.W. Hsu and C.J. Lin, A comparison of methods for multiclass support vector machines, *IEEE Trans Neural Netw* 13 (2002), 415–425.
- K. Jiang, Q.-M. Liao, and S.-Y. Dai, A novel white blood cell segmentation scheme using scale-space filtering and watershed clustering, *International Conference on Machine Learning and Cybernetics, China, Vol. 5, 2003*, pp. 2820–2825.
- K. Jiang, Q. Liao, and Y. Xiong, A novel white blood cell segmentation scheme based on feature space clustering, *Soft Comput* 10 (2006), 12–19.
- B.C. Ko, J.W. Gim, and J.Y. Nam, Automatic white blood cell segmentation using stepwise merging rules and gradient vector flow snake, *Micron* 42 (2011), 695–705.
- A. Koschan and A. Mongi, *Digital color image processing*, Wiley, New York, 2008.
- R.S. Marko and K. Igor, Theoretical and empirical analysis of ReliefF and RRelieff, *Mach Learn J* 53 (2003), 23–69.
- C. Meurie, O. Lezoray, L. Khoudour, and A. Elmoataz, Morphological hierarchical segmentation and color spaces, *Int J Imaging Syst Technol* 20 (2010), 167–178.
- C. Pan, H. Lu, and F. Cao, Segmentation of blood and bone marrow cell images via learning by sampling, *ICIC 2009, Ulsan, South Korea, 2009*, pp. 336–345.
- C. Pan, D.S. Park, S. Yoon, and J.C. Yang, Leukocyte image segmentation using simulated visual attention, *Expert Syst Appl* 39 (2012), 7479–7494.
- M. Pandit and H. Hengen, Image analysis of blood and bone marrow smears, *IEEE/BMESI BIOVISION*, Bangalore, 2001a.
- M. Pandit and H. Hengen, Declustering algorithms for the analysis of blood and bone marrow smears, *IEEE SPCOM*, Bangalore, July 2001b.
- J. Park and J.M. Keller, Fuzzy patch label relaxation in bone marrow cell segmentation, *Proceedings, IEEE International Conference on Systems, Man, and Cybernetics, Orlando, October 1997*, pp. 1133–1138.
- P. Quelhas, M. Marcuzzo, A.M. Mendonca, and A. Campilho, Cell nuclei and cytoplasm joint segmentation using the sliding band filter, *IEEE Trans Med Imaging* 29 (2010), 1463–1473.
- S. H. Rezaatofighi and H. Soltanian-Zadeh, Automatic recognition of five types of white blood cells in peripheral blood, *Comput Med Imaging Graph* 35 (2011), 333–343.
- D.M.U. Sabino, L. da Fontoura Costa, E.G. Rizzatti, and M.A. Zago, A texture approach to leukocyte recognition, *Real-Time Imaging* 10 (2004), 205–216.
- P. Sobrevilla, E. Montseny, and J. Keller, White blood cell detection in bone marrow images, *18th International Conference of the North American Fuzzy Information Processing Society, 1999, NAFIPS, New York, U.S.A., 1999*, pp. 403–407.
- R. Soltanzadeh, H. Rabbani, and A. Talebi, Extraction of nucleolus candidate zone in white blood cells of peripheral blood smear images using curvelet transform (accepted for publication in *Computat Math Methods Med*) 2012 (2012). doi:10.1155/2012/574184.
- G. Strang, *Linear algebra and its applications*, third ed., Harcourt, Brace and Jovanovich, New York, 1988.
- N. Vandenbroucke, Segmentation d’images couleur par classification de pixels dans des espaces d’attributs colorimétriques adaptés. Application l’analyse d’image de football, PhD thesis, University of Lille 1, France, 2000.
- V. Vapnik, *Statistical learning theory*, Wiley, Chichester, 1998.
- Y. Zhang, C. Ding, and T. Li, Gene selection algorithm by combining ReliefF and mRMR, *BMC Genomics* 9(Suppl 2) (2008), S27.

## **Titre : analyse intelligente des images médicales : application aux images microscopiques de cytologie**

**Résumé :** L'analyse d'images cellulaires, appelée communément screening est une opération de repérage, manuelle, qui s'avère longue, fastidieuse et demande une concentration continue ; cette inspection visuelle des cellules peut être réalisée à partir des images microscopiques, ces dernières proviennent de l'étalement d'un frottis de moelle osseuse sur une lame ; permettant d'aider le médecin à aiguïser son diagnostic et compléter son bilan. Dans la chaîne d'analyse d'image et de vision par ordinateur, la segmentation occupe une place prépondérante ; consistant à extraire et délimiter les objets ou plus exactement les composantes cellulaires pour notre application. L'évolution technologique a procuré un regain d'attention particulier aux images couleurs, provoquant l'avènement de nouvelles méthodes de segmentation d'images couleurs faisant l'objet de plusieurs publications et travaux scientifiques. Après une lecture d'un panorama des méthodes de segmentation d'images présentes dans la littérature de ces dernières années, et spécialement celles ayant trait aux images microscopiques cellulaires, nous proposons un schéma de segmentation en utilisant la classification pixellaire, basé sur la fusion d'information. Le modèle adopté est guidé par les deux stratégies qu'offre la fusion d'information ; à savoir classifier séparément les données issues de différentes sources pour ensuite fusionner les décisions ou bien de combiner ces données en vue de les classifier. Une caractérisation est réalisée afin de fournir des descripteurs pertinents aux constituants cellulaires précédemment segmentés : cytoplasme et noyau. Ensuite un classifieur est construit pour identifier et dénombrer les différents types de cellules afin de venir en aide à la reconnaissance pathologique.

**Mots-clés :** segmentation, image microscopique, espaces couleur, fusion, réduction de dimension, théorie évidence.

## **Title : intelligent analysis of medical images : application to microscopic images of cytology**

**Abstract :** The analysis of cell images, commonly called screening, is a manual process of identification which proves long and tedious, requiring continuous concentration. Such visual inspection of the cells can be made from microscopic images which come from spreading a bone-marrow smear on a slide, allowing the doctor to sharpen diagnosis and complete assessment. In the chain of image analysis and computer vision, segmentation figures prominently, consisting in extracting and delineating objects, or more precisely the cell components of our application. Technological progress has brought renewed attention to colour images in particular, causing the emergence of new methods of colour images segmentation which have been the subject of several publications and scientific works. After reading an overview of methods for image segmentation found in the literature in recent years, especially those related to microscopic cellular images, we propose a segmentation scheme using pixel classification based on the fusion of information. The adopted model is guided by the two strategies offered by information fusion, i.e. classifying separately the data from different sources then merging decisions, or combining these data to classify them. Characterization is performed to provide relevant descriptors for the cellular components previously segmented : the cytoplasm and nucleus. Then a classifier is constructed to identify and count the different types of cells to help the pathological recognition.

**Keywords:** segmentation, microscopic image, color spaces, fusion, dimensionality reduction, evidence theory.

### **العنوان: تحليل ذكي للصور الطبية : تطبيق على الصور المجهرية للخلايا**

**ملخص :** تحليل صور الخلايا، الذي يطلق عليه الفرز هو عملية يدوية هدفها تحديد نوع الخلايا، والتي تتطلب وقتا طويلا و تركيزا مستمرا مما يجعلها جد شاقة ، هذا الفحص البصري لخلايا الصور المجهرية المتحصل عليها من طمسة النخاع العظمي على الشريحة، يساعد الطبيب في تدقيق التشخيص وإتمامه. في ميدان التحليل الرقمي للصور، التجزئة تحتل مكانا بارزا، يتمثل في استخراج وتحديد الأشكال أو بتعبير أدق مكونات الخلايا. التطور التكنولوجي أعطي اهتماما خاصا للصور الملونة، مما أدى إلى ظهور أساليب جديدة لتجزئة الصور الملونة والتي شكلت هدف العديد من المطبوعات والمصنفات العلمية. بعد القيام بقراءة عامة لمختلف طرق تجزئة الصور المطروحة في منشورات السنوات الأخيرة، وخاصة تلك المتعلقة بالصور المجهرية للخلايا، نقترح مخطط تجزئة باستخدام التصنيف البيكسيلي استنادا إلى دمج المعلومات. النموذج المعتمد موجه من قبل إستراتيجيتين مستمدتين من دمج المعلومات، إما عن طريق التصنيف بشكل منفصل للمعطيات المتحصل عليها من مصادر مختلف، ومن ثم دمج القرارات أو الجمع بين هذه المعطيات من أجل التصنيف. بعد هذا يتم إجراء توصيف لتوفير الميزات ذات الصلة بمكونات الخلايا المجزأة سابقا: السيتوبلازم والنواة. ثم يتم بعد هذا تشييد مصنف آلي لتحديد وتمييز أنواع الخلايا من أجل المساعدة على تشخيص المرض.

**الكلمات المفتاحية :** تجزئة ، صورة مجهرية ، ومساحات اللون ، الدمج ، تخفيض الحجم ، نظرية الاعتقاد.