

REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE  
Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique  
Université Abou-bekr Belkaid Tlemcen



Faculté des Sciences  
Département Informatique



## MEMOIRE

Pour l'obtention du diplôme de :

### MAGISTER EN INFORMATIQUE

De l'Ecole Doctorale des systèmes et technologies  
d'information et de communication **STIC**

Intitulé :

### Segmentation d'images microscopiques de cytologie

Présenté par :

**Mohammed Lamine BENOMAR**

Soutenu en Octobre 2012 devant le Jury :

Mr. CHIKH Med Amine, Professeur, université Aboubekr Belkaid Tlemcen- Algérie. Directeur de thèse
Mr. BENZAOUZ Mortada, maître de conférences classe A, université Aboubekr Belkaid Tlemcen- Algérie. Encadreur
Mr. BESSAID Abdelhafid, Professeur, Université Aboubekr Belkaid Tlemcen- Algérie, Président du jury
Mr RAHMOUN Abdelatif, Professeur, Université Aboubekr Belkaid Tlemcen- Algérie. Examineur
Mr ABDERRAHIM Amine, maître de conférences classe B, Université Aboubekr Belkaid Tlemcen- Algérie. Examineur.

## Remerciements

Je remercie ALLAH le Tout-Puissant de m'avoir donné le courage, la volonté et la patience de mener à terme ce présent travail.

Je tiens à exprimer d'abord toute ma gratitude à mes encadreurs pour leur disponibilité et la qualité de leur encadrement, *Mr Amine CHIKH* et *Mr Mortada BENAZZOUC* de l'université Abou-Bekr Belkaid Tlemcen, ainsi que pour le temps et l'aide qu'ils m'ont accordée tout au long de la réalisation de ce travail.

Je voudrais aussi remercier Mr Abdelhafid BENSSAID, Professeur à l'université Abou-Bekr Belkaid Tlemcen pour l'intérêt qu'il a porté à ce travail en acceptant d'être président du jury.

Mes remerciements s'adressent à Mr RAHMOUN professeur à l'université de Tlemcen et Mr Amine ABDERRAHIM maître de conférences à l'université de Tlemcen pour l'intérêt qu'ils ont porté à ce travail en acceptant d'être examinateurs.

J'adresse également mes remerciements à Melle I.BAGHLI et à tous les membres de l'équipe d'informatique qui ont contribué à la réalisation de ce travail et qui m'ont prodigué quelques précieux conseils.

Mes derniers mots s'adressent tout particulièrement à ma famille : mon père, mes sœurs, mon frère, ma fiancée et surtout ma mère dont les encouragements et le soutien ont été indispensables à l'aboutissement de mes études, et que sans elle je n'aurai jamais pu réussir.

## *Dédicace*

*A ma chère mère*

Pour son grand amour, ses sacrifices et toute l'affection qu'elle m'a toujours offerte.

*A mon cher père*

Pour sa patience et ses considérables sacrifices pour me parvenir à ce niveau.  
Spécialement à *Amel* ma fiancée pour ses encouragements, sa patience et son aide.

A mon frère, mes sœurs et leurs familles

A mes chers amis

A tous ceux que j'aime et qui m'aiment

Je dédie ce modeste travail.

AMINE

---

## Résumé

La segmentation des cellules sanguines est un enjeu de recherche important en hématologie et dans d'autres domaines connexe. Dans cet article, une technique de segmentation automatique des images microscopiques est proposée dans le but d'extraire les composantes des cellules sanguines (noyau, cytoplasme, globule rouge et plasma). L'image est représentée dans différents espaces couleurs, une analyse discriminante linéaire (LDA) est réalisée pour extraire ses caractéristiques discriminantes afin de réduire le temps d'exécution, les redondances et le bruit.

Dans ce travail, nous s'intéressons à la segmentation des cellules en utilisant la classification floue qui a donné des résultats intéressants dans différents travaux. La segmentation est réalisée tout d'abord en utilisant l'algorithme standard de classification non-supervisée *C-Moyennes Floues (FCM)* dans le but d'extraire les globules blancs (noyau et cytoplasme), globules rouges et le fond (plasma) des images microscopiques de cytologie. L'algorithme *FCM* conventionnel n'exploite pas l'information spatiale et le voisinage des pixels dans l'image, malgré que les pixels dans une image sont fortement corrélés et le voisinage immédiat possède par fois les mêmes caractéristiques et attributs.

Afin de rendre l'algorithme plus robuste face aux imprécisions et aux bruits, deux techniques d'intégration et de prise en compte de l'information spatiale ont été introduites : 1) la fonction spatiale est calculée à partir de la moyenne des composantes colorimétriques des voisins directes du pixel considéré, l'algorithme est noté *FCM\_S1*. 2) la fonction spatiale consiste en la somme des degrés d'appartenances des pixels voisins, l'algorithme est noté *FCM\_S2*. L'objectifs principal est de donner des régions plus homogènes et réduire les taches parasites.

Les trois méthodes proposées ont été testées sur des images réelles de cytologie. Les résultats montrent que les techniques proposées qui intègrent l'information spatiale donnent de meilleur performance de segmentation.

**Mots clés :** *C-Moyennes Floues (FCM), Segmentation d'image, Information spatiale, image microscopique, espaces couleur.*

## Abstract

Analysis of microscopic images is an important task for medical diagnosis and segmentation cell is one of the most important steps. First of all, the microscopic image is a color image represented in a color space. There are several color spaces, each them represents color on different way. To benefit from the complementarity of different color spaces we applied a *Linear discriminant analysis (LDA)* on the original image as pretreatment step before segmentation.

In this work, we focus on cells segmentation using fuzzy clustering which gave interesting results in various studies. At first, the segmentation is performed by using the standard unsupervised clustering algorithm : *Fuzzy C-Means (FCM)* in order to extract the white blood cells (nucleus and cytoplasm), red cells and background of microscopic blood images. The pixels on an image are highly correlated, i.e. the pixels in the immediate neighborhood possess nearly the same feature data. Therefore, the spatial relationship of neighboring pixels is an important characteristic that can be of great aid in imaging segmentation. However, the conventional FCM algorithm does not fully utilize the spatial information.

To improve the results of conventional FCM methods especially on noisy images, we introduced two segmentation methods that incorporate spatial information into the membership function : 1) the spatial function is calculated from the feature means of neighboring pixels of each pixel under consideration, the algorithm is noted FCM\_S1. 2) the spatial function is the summation of the membership function in the neighborhood of each pixel under consideration, the algorithm is denoted FCM\_S2. The aim is to yield region more homogeneous than those of other methods, remove noisy spots and reduce the spurious blobs.

The new methods was tested and evaluated on microscopic color images. Preliminary results showed that the effect of noise in segmentation was considerably less with the new algorithms FCM\_S1 and FCM\_S2 than with the conventional FCM algorithm. The experiments on the real world datasets show that our proposed algorithms (FCM\_S1, FCM\_S2), especially FCM\_S2 with spatial constraints, are more effective and able to extract the regions than the conventional FCM algorithm.

**Keywords** : *Fuzzy C-Means (FCM), image segmentation, spatial information, microscopic image, color spaces.*

# Table des matières

<b>Introduction générale</b>	<b>xii</b>
<b>1 Généralités d’anatomie, d’hématologie et de cytologie sanguine</b>	<b>1</b>
1.1 Introduction . . . . .	1
1.2 Hématologie et cytologie sanguine . . . . .	2
1.3 Cytomorphologie des cellules sanguines . . . . .	3
1.3.1 Le frottis sanguin . . . . .	3
1.3.2 Le plasma . . . . .	4
1.3.3 Les cellules sanguines (globules rouges, plaquettes, globules blancs)	5
1.3.3.1 Les globules rouges (érythrocytes) . . . . .	5
1.3.3.2 Les plaquettes . . . . .	6
1.3.3.3 les globules blancs (leucocytes) . . . . .	7
1.4 Les Systèmes informatiques d’analyse d’images cytologiques . . . . .	12
1.4.1 La segmentation . . . . .	12
1.4.2 La caractérisation des cellules . . . . .	13
1.4.3 La classification des cellules . . . . .	13
1.5 Conclusion . . . . .	14
<b>2 La représentation de la couleur</b>	<b>15</b>
2.1 Introduction . . . . .	15
2.2 Image couleur . . . . .	16
2.3 Espaces couleurs . . . . .	17
2.3.1 Espaces de primaires . . . . .	19
2.3.1.1 Espace $(R_c, G_c, B_c)$ . . . . .	19
2.3.1.2 Espace $(r_c, g_c, b_c)$ . . . . .	20
2.3.1.3 Espace $(X, Y, Z)$ de la CIE . . . . .	21
2.3.2 Espaces luminance-chrominance . . . . .	22
2.3.2.1 Espaces perceptuellements uniformes . . . . .	22
2.3.2.2 Espace antagonistes . . . . .	24

2.3.2.3	Espace de télévision . . . . .	25
2.3.3	Espaces perceptuels . . . . .	26
2.3.3.1	Espaces de coordonnées polaires . . . . .	26
2.3.3.2	Les espaces de coordonnées perceptuelles . . . . .	27
2.3.4	Espaces d'axes indépendants . . . . .	28
2.3.4.1	Analyse en composantes principales (ACP) . . . . .	28
2.3.4.2	Analyse discriminante linéaire (LDA) . . . . .	30
2.3.4.3	Espace d'OHTA . . . . .	32
2.4	Conclusion . . . . .	33
<b>3</b>	<b>Etat de l'art de la segmentation d'images couleurs</b>	<b>34</b>
3.1	Introduction . . . . .	34
3.2	Segmentation couleur . . . . .	35
3.3	La segmentation d'images couleur en régions . . . . .	37
3.3.1	La segmentation basée sur la classification des pixels . . . . .	37
3.3.1.1	Définition d'un classifieur . . . . .	37
3.3.1.2	Seuillage d'histogramme . . . . .	38
3.3.1.3	Classification de pixels non supervisée . . . . .	39
3.3.1.4	Classification de pixels supervisée . . . . .	42
3.3.1.5	Classification spatio-colorimétrique des pixels . . . . .	47
3.3.2	La segmentation basée sur l'analyse des caractéristiques spatiales	48
3.3.2.1	Méthodes ascendantes . . . . .	48
3.3.2.2	Méthodes structurales . . . . .	50
3.3.3	La segmentation basée sur la morphologie mathématique . . . . .	51
3.3.4	Conclusion . . . . .	53
<b>4</b>	<b>Algorithme c-moyennes floues (fuzzy c-means) et ses variantes</b>	<b>55</b>
4.1	Introduction . . . . .	55
4.2	Ensemble flou . . . . .	56
4.3	Représentation matricielle d'une partition floue d'un ensemble discret .	56
4.4	Algorithme des c-moyennes floues (FCM classique) . . . . .	58
4.4.1	Exemple d'application simple de FCM avec des données mono- dimensionnelle . . . . .	62
4.4.2	Déffuzzification . . . . .	62
4.5	FCM avec contraintes spatiales (FCM_S) et ses variantes . . . . .	63
4.5.1	FCM_S1 (Fuzzy c-means with spatial constraints) . . . . .	64
4.5.2	FCM_S2 (Fuzzy c-means with spatial constraints) . . . . .	66
4.6	Les variantes des C-moyennes floues FCM . . . . .	67

---

4.7	Conclusion . . . . .	70
<b>5</b>	<b>Résultats et discussion</b>	<b>72</b>
5.1	Préliminaire . . . . .	72
5.2	Phase d'étiquetage . . . . .	72
5.2.1	Base d'images . . . . .	72
5.2.2	Méthode d'étiquetage . . . . .	73
5.3	Expérimentation . . . . .	74
5.3.1	Introduction . . . . .	74
5.3.2	Analyse Discriminante Linéaire (LDA) . . . . .	75
5.4	Présentation des algorithmes utilisés . . . . .	79
5.4.1	Algorithme FCM standard . . . . .	82
5.4.2	FCM_S1 . . . . .	85
5.4.3	FCM_S2 . . . . .	87
5.5	Interprétation des résultats . . . . .	89
5.6	Conclusion . . . . .	96
	<b>Conclusion générale et perspectives</b>	<b>98</b>
	<b>Références bibliographiques</b>	<b>100</b>



# Table des figures

1.1	Une goutte de sang sur une lame de verre . . . . .	4
1.2	Mise en contact de la lamelle avec le sang . . . . .	4
1.3	Réalisation du frottis sanguin . . . . .	4
1.4	Le plasma ou sérum . . . . .	5
1.5	Erythrocytes (Globules Rouges) . . . . .	6
1.6	Aspect des érythrocytes en microscopie optique . . . . .	6
1.7	Les plaquettes sanguines . . . . .	7
1.8	Aspect des neutrophiles en microscopie optique . . . . .	8
1.9	Neutrophile . . . . .	8
1.10	Aspect des éosinophiles en microscopie optique . . . . .	9
1.11	Eosinophile . . . . .	9
1.12	Aspect des basophiles en microscopie optique . . . . .	9
1.13	Basophile . . . . .	10
1.14	Aspect des lymphocytes en microscopie optique . . . . .	10
1.15	Lymphocyte . . . . .	11
1.16	Aspect des monocytes en microscopie optique . . . . .	11
1.17	Monocyte . . . . .	12
2.1	Représentation d'un pixel dans un espace couleur . . . . .	16
2.2	Nuage de points de l'image dans un espace couleur . . . . .	17
2.3	Les espaces couleurs . . . . .	18
2.4	Cube de couleurs . . . . .	19
2.5	Diagramme de chromacité $(r_c, g_c)$ . . . . .	20
2.6	Diagramme de chromacité $(x, y)$ . . . . .	22
2.7	La représentation spatiale du modèle $L^*a^*b^*$ . . . . .	25
2.8	Espace de coordonnées polaires . . . . .	27
2.9	La représentation spatiale du modèle $HSL$ . . . . .	28
2.10	Les axes fournis par la LDA et l'ACP suit à une réduction de dimension	31
3.1	Segmentation d'une image couleur . . . . .	34

3.2	La détection des contours par le cerveau humain . . . . .	35
3.3	Image originale . . . . .	40
3.4	Nuages de points dans l'espace des couleurs . . . . .	40
3.5	(a) l'image originale, (b) l'image classée par K-means avec K=3, (c) l'image classée par k-means avec K=5 . . . . .	40
3.6	Visualisation du nombre de classes . . . . .	41
3.7	Représentation d'une image dans l'espace RGB . . . . .	42
3.8	Classification pixellaire par l'algorithme de Fisher sur la composante L de l'espace HSL . . . . .	43
3.9	Classification pixellaire par l'algorithme des $k - PPV$ . . . . .	44
3.10	Classification pixellaire par l'algorithme de <i>Bayes</i> . . . . .	45
3.11	Classification pixellaire par l'algorithme des <i>SVM</i> . . . . .	46
3.12	Classification pixellaire par l'algorithme des <i>RNMC</i> . . . . .	47
3.13	Méthode de ségmentation ascendante . . . . .	49
3.14	Une image de cytologie et l'image d'altitude correspondante . . . . .	52
3.15	Principe de la Ligne de Partage des Eaux <i>LPE</i> . . . . .	52
4.1	Exemple d'ensemble flou . . . . .	56
4.2	Exemple de classes floues . . . . .	57
4.3	Classification <i>FCM</i> ( $C_1, C_2, C_3, C_4$ les classes et $V_1, V_2, V_3, V_4$ les centroïdes) . . . . .	61
4.4	Exemple <i>FCM</i> n°01 . . . . .	62
4.5	Exemple <i>FCM</i> n°02 . . . . .	63
4.6	L'influence des points aberrants sur les centres des classes . . . . .	69
4.7	L'influence des points ambigus sur les centres des classes . . . . .	70
5.1	Exemple d'image microscopique de cytologie sanguine . . . . .	73
5.2	La décomposition de l'image . . . . .	73
5.3	Image étiquetée . . . . .	74
5.4	Différentes images microscopiques de la base d'images originale . . . . .	75
5.5	Les étapes d'expérimentation . . . . .	75
5.6	Les 09 premières images de la base d'images microscopique . . . . .	76
5.7	Prétraitement des images couleurs . . . . .	79
5.8	Interface de l'application principale I . . . . .	79
5.9	Interface de l'application principale II . . . . .	80
5.10	Représentation de l'image dans l'espace RGB . . . . .	80
5.11	Représentation de l'image dans l'espace LUV . . . . .	81
5.12	Représentation de l'image dans l'espace HSL . . . . .	81
5.13	Représentation de l'image dans l'espace HSV . . . . .	81
5.14	Représentation de l'image dans l'espace YUV . . . . .	82

---

5.15	Algorithme FCM . . . . .	83
5.16	Résultat de l'algorithme FCM . . . . .	84
5.17	Algorithme FCM_S1 . . . . .	86
5.18	Résultat FCM_S1 . . . . .	87
5.19	Algorithme FCM_S2 . . . . .	88
5.20	Résultat FCM_S2 . . . . .	89
5.21	Résultat visuel : (a) image originale, (b) <i>FCM</i> , (c) <i>FCM_S1</i> , (d) <i>FCM_S2</i> , (e) vérité terrain . . . . .	90
5.22	Exemple d'écart entre la classe noyau et le reste des classes ( <i>image004.bmp</i> )	91
5.23	Exemple de ressemblance entre la classe noyau et le reste des classes ( <i>image015.bmp</i> ) . . . . .	92
5.24	Exemple d'écart dans la classe cytoplasme ( <i>image018.bmp</i> ) . . . . .	93
5.25	Exemple de ressemblance entre le cytoplasme et le noyau ( <i>image008.bmp</i> )	93
5.26	Exemple de globules rouges avec noyaux ( <i>image015.bmp</i> ) . . . . .	94
5.27	Image avec 03 classes ( <i>image011.bmp</i> ) . . . . .	95
5.28	Résultat de segmentation avec <i>FCM_S2</i> ( <i>image011.bmp</i> ) . . . . .	95
5.29	(a) résultat FCM_S2 (b) résultat post traitement (c) vérité terrain . .	96

# Liste des tableaux

3.1	Influence du nombre d'exemples dans la base d'apprentissage avec l'algorithme des <i>SVM</i> dans l'espace de représentation <i>RGB</i> . . . . .	43
5.1	Résultats obtenus pour l'algorithme <i>FCM</i> . . . . .	85
5.2	Résultats obtenus pour l'algorithme <i>FCM_S1</i> . . . . .	87
5.3	Résultats obtenus pour l'algorithme <i>FCM_S2</i> . . . . .	89
5.4	Résultats obtenus pour <i>FCM,FCM_S1</i> et <i>FCM_S2</i> . . . . .	89
5.5	Résultats <i>FCM_S1</i> et <i>FCM_S2</i> par rapport à <i>FCM</i> classique . . . . .	91
5.6	Résultats obtenus pour les trois algorithmes <i>FCM,FCM_S1</i> et <i>FCM_S2</i> appliqués sur l'image <i>image004.bmp</i> . . . . .	92
5.7	Résultats obtenus pour <i>FCM,FCM_S1</i> et <i>FCM_S2</i> sur l'image : <i>image011.bmp</i> . . . . .	94
5.8	Résultats <i>FCM_S2</i> après post traitement . . . . .	96

# Introduction générale

L'anatomie pathologique, familièrement appelée *ANAPATH*, est une spécialité médicale peu connue du grand public et pourtant indispensable dans la chaîne des soins. Elle est axée sur le diagnostic des lésions à partir de leur aspect morphologique. Les médecins spécialistes appelés *pathologistes* ont en effet la responsabilité de diagnostiquer, d'analyser et de déterminer la nature de la maladie, à partir d'un prélèvement de cellules ou de tissus.

En anatomie pathologique on distingue deux types d'examens, l'examen *histologique* et l'examen *cytologique*. Nous pouvons 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. Utilisant le microscope pour analyser sur lame ces prélèvements.

La *pathologie* donne un fondement scientifique pour la médecine clinique et sert de lien entre les sciences de base et les soins au patient. Parmi ces domaines, nous trouvons l'*hématologie* qui est une spécialité médicale consacrée à l'étude du sang. Il existe trois grands types de cellules sanguines, à savoir, les *érythrocytes* (globules rouges), les *leucocytes* (globules blancs), et les *plaquettes*.

L'analyse des cellules sanguines dans les images microscopiques peut fournir des informations utiles concernant la santé des patients, cette étape de lecture ; le *screening*, est une activité manuelle qui consiste en une inspection et analyse visuelle par le cyto-technicien de toutes les cellules présentes sur une lame dans le but de détecter des cellules anormales ou suspectes afin d'établir un diagnostic.

Cette analyse est d'un intérêt capital car le diagnostic dépend de la bonne reconnaissance des cellules anormales ou suspectes. Or cela est difficile et reste toujours un processus très long qui demande énormément de concentration et dépend des compétences et l'expérience de l'expert qui effectue l'analyse, provoquant parfois des erreurs

de diagnostic.

Pour pallier à cet inconvénient, une approche est indispensable pour aider le cyto-technicien en utilisant un système semi-automatique lui permettant de confirmer son analyse visuelle, en se référant aux techniques de traitement et d'analyse d'image par ordinateur, il s'agit de la segmentation des composantes cellulaires qui consiste en la séparation du domaine image en plusieurs zones.

L'image microscopique est avant tout une image couleur qui est un ensemble de pixels. Ces derniers sont généralement représentés dans un espace couleur. Il existe plusieurs espaces couleur : primaire, luminance-chrominance, perceptuels et d'axes indépendants. Chacun d'eux représente la couleur d'une manière différente ce qui donne plusieurs configurations colorimétriques à la même image.

Dans ces cadres là, nous désirons élaborer une méthode de segmentation d'images couleurs, en séparant ses composantes en "globules blancs" (noyau et cytoplasme), "globules rouges" et "fond" (plasma). Cependant la configuration spatiale et colorimétrique de ces images microscopiques est extrêmement variable, ce qui rend difficile leur extraction précise et un algorithme de segmentation peut bien fonctionner sur certaines images et moins sur d'autres.

Ainsi, afin de profiter de la complémentarité des différents espaces couleurs nous avons effectué *une analyse discriminante linéaire (LDA)* sur l'image originale comme pré-traitement avant la segmentation.

Plusieurs techniques de segmentation ont été introduites et appliquées sur les images sanguines et les cellules d'organes aussi [CSP08, DS06, Shi00, SDMD07, CTC<sup>+</sup>05]. La segmentation des cellules en utilisant la classification floue a donné des résultats intéressants dans différents travaux et spécialement l'algorithme *Fuzzy C-Means*, [MSR04, TU05, CZ04, CTC<sup>+</sup>05, YT08, CSP08, YT08, SM06] son succès est principalement due à l'introduction de la notion du flou qui permet de conserver beaucoup plus d'informations à partir de l'image originale que les autres méthodes classiques dites *nettes*.

Dans cette perspective d'élaboration de ce mémoire nous avons choisi d'étudier l'algorithme de classification non-supervisée floue : *Fuzzy C-Means (FCM)*, il introduit la notion d'ensemble flou dans la définition des classes et utilise un critère de minimisation des distances intra-classe et de maximisation des distances inter-classe.

Cependant, l'algorithme *FCM* classique ne prend pas en considération le voisinage des pixels et l'information spatiale n'est pas intégrée dans les fonctions de calcul, malgré que les pixels dans une image sont fortement corrélés et les pixels dans le voisinage immédiat possèdent par fois les mêmes caractéristiques et attributs. De ce fait, dans notre travail nous allons utiliser deux méthodes d'intégration et de prise en compte de l'information spatiale, à savoir *FCM\_s* (*Fuzzy C-Means with spatial constraints*) dans deux versions différentes [CZ04, CTC<sup>+</sup>05, AYM<sup>+</sup>02] qui seront détaillées dans un chapitre à part. Cette modification de l'algorithme *FCM* classique améliore les résultats surtout quand il y'a du bruit et parasite dans l'image originale.

Ce document est organisé comme suit : premièrement une introduction générale aux concepts d'anatomie est présentée dans le chapitre 1, le second chapitre présentera l'image couleur et les différents espaces de représentation de la couleur. Les différentes méthodes et algorithmes de segmentation d'image couleur sont évoqués dans le chapitre 3. Le chapitre 4 décrira l'algorithme *FCM* (*Fuzzy C-Means*) et ses variantes *FCM\_s*. Et finalement l'application et la discussion des résultats sont présentées dans le dernier chapitre.

# Chapitre 1

## Généralités d'anatomie, d'hématologie et de cytologie sanguine

### 1.1 Introduction

La pathologie est l'étude et la science des maladies. La traduction littérale de pathologie en Grec (*pathos, logos*) est : les mots de la souffrance. Le pathologiste étudie les causes et les conséquences de la maladie, comment la maladie affecte certains tissus ou cellules, la progression de la maladie dans le corps humain, comment la maladie se manifeste et enfin les méthodes pour surveiller la progression de la maladie.

La pathologie 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. Cette étude peut se faire :

- **à l'œil nu** : C'est l'anatomie pathologique macroscopique,
- **au microscope** :
  - c'est l'histologie pathologique où l'on examine des coupes de tissus colorées,
  - c'est la cytologie pathologique où l'on examine un étalement de cellules isolées.

Le domaine que nous allons étudier, la cytologie, fait partie intégrante de la pathologie. L'organisme possède quatre niveaux structuraux : les cellules, les tissus, les organes et les systèmes. A son niveau structurel le plus simple, l'organisme est fait de cellules. La cellule est l'unité fonctionnelle la plus petite de l'organisme. Les cellules peuvent être différentes entre elles selon leur fonction.[Oli95]

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 sanguine.

## 1.2 Hématologie et cytologie sanguine

Hématologie, terme issu du grec *haïma* : sang et logos, spécialité médicale consacrée à l'étude du sang du point de vue anatomique, histologique (cellule sanguine), physiologique (mécanisme biologique) et pathologique (concernant les maladies).

L'hématologie est souvent associée à l'immunologie, autre spécialité médicale destinée à étudier les mécanismes de défense immunitaire de l'homme et des animaux (on parle alors de immuno-hématologie). 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.[vul]

Les recherches et les études sur les leucocytes ou globules blancs du sang représentent un problème important en hématologie, il est considéré comme le plus difficile et compliquer dans le traitement et analyse d'images médicales que se soit pour la segmentation des composantes cellulaire dans le but d'une classification ou d'un comptage des cellules sanguines.[CSP08]

Les globules blancs sont les cellules les plus importantes dans un système immunitaire et en générale on les trouve dans tout le corps. Leurs fonction est d'éliminer un corps étranger dans le système de circulation sanguine. En général, une augmentation ou la diminution du nombre total des globules blancs par rapport au niveau normal peut être utilisé comme un indicateur statistique primaire pour une infection ou une maladie inflammatoire dans le corps humain.

Une lame colorée d'échantillon de sang normale est généralement composer de globules rouges, globules blancs et le plasma comme un fond. Chaque cellule WBC (white blood cell, globules blancs) est naturellement différente en taille et en forme de noyau.

Certaines complications trouvées lors du comptage manuel des globules blancs sont principalement dues à la frontière floue entre le cytoplasme et le plasma ou le cytoplasme et le noyau. Malgré que le comptage des cellules du sang est considéré comme une étape important dans le diagnostic médicale, mais il reste toujours un processus très long et propre aux compétences et expériences de l'expert qui effectue le comptage ce qui provoque des erreurs de diagnostic.

Un comptage automatique de cellules de sang en utilisant les techniques de traitement et d'analyse d'image par ordinateur peut améliorer la rapidité et la précision de ce test médical. La plupart des produits commercialisés disponible pour l'analyse et comptage automatique des globules blancs sont composés de trois étapes principales, y compris la segmentation des composantes cellulaires, l'extraction de caractéristiques

et la classification des cellules par type et nature.

Parmi ces étapes de traitement décrites, la segmentation des cellules du sang joue un rôle important en tant que première étape essentielle du processus de comptage de cellules sanguines pour séparer les globules blancs en région du noyau et région du cytoplasme. Cette étape de segmentation affecte directement la précision de l'étape de classification des cellules. Plusieurs techniques de segmentation ont été introduites et appliquées sur les images sanguines des globules blancs et les cellules d'organes aussi.[CSP08]

## 1.3 Cytomorphologie des cellules sanguines

Le sang est constitué de cellules spéciales en suspension dans un liquide appelé plasma leur morphologie peut être étudiée sur un frottis coloré en microscopie optique. Le sang représente environ 1/12 de la masse corporelle d'un homme adulte, ce qui correspond à de 5 à 6 litres de liquide. Il est constitué à 55% de plasma et à 45% de cellules appelées éléments figurés.

Le sang exécute de nombreuses fonctions importantes. Par la voie de l'hémoglobine contenue dans les érythrocytes (globules rouges), il transporte de l'oxygène vers les tissus et recueille le gaz carbonique (CO<sub>2</sub>). Il transporte aussi des substances nutritives (p. ex. les amino-acides, sucres et sels minéraux) et rassemble la matière excrétée qui sera éliminée par le filtre rénal. Le sang transporte également des hormones, des enzymes et des vitamines. Il assure la défense de l'organisme grâce à l'activité phagocytaire<sup>1</sup> des leucocytes (globules blancs), au pouvoir bactéricide du sérum et à la réaction immunitaire dont les lymphocytes sont les protagonistes. [TC97]

### 1.3.1 Le frottis sanguin

Afin d'observer au microscope la structure des cellules sanguines, il faut passer par les principales étapes suivantes :

#### 1. Réalisation d'un frottis sanguin

- Dépôt d'une goutte de sang sur une lame de verre, il est important que le sang ne soit pas en quantité excessive, sinon les globules rouges pourraient cacher les leucocytes (globules blancs), conformément à la Figure 1.1 ;
- Mise en contact de la lamelle avec le sang, conformément à la Figure 1.2 ;
- Réalisation du frottis conformément à la Figure 1.3 ;

---

1. La phagocytose, en biologie, est le procédé par lequel les microbes sont détruits par certains globules blancs ou leucocytes, elle consiste en la capture et l'ingestion des particules solides inertes ou vivantes du milieu ambiant. <http://wikipedia.org/>

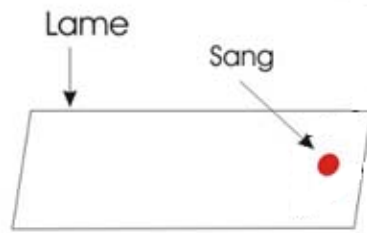


FIGURE 1.1 – Une goutte de sang sur une lame de verre



FIGURE 1.2 – Mise en contact de la lamelle avec le sang

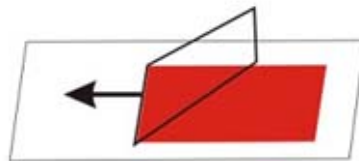


FIGURE 1.3 – Réalisation du frottis sanguin

2. Coloration : pour pouvoir observer et reconnaître les différents types de leucocytes, il faut d'abord les colorer. A cette fin, on utilise généralement le colorant MGG(May-Grünwald Giemsa). Il s'agit d'un mélange de colorants constitué à partir du bleu de méthylène et de l'éosine.
3. Observation du frottis coloré au microscope optique.

### 1.3.2 Le plasma

Le sérum dépourvu de cellules, ou plasma, peut être obtenu au moyen de la centrifugation. Le plasma est un liquide légèrement alcalin, ordinairement jaunâtre. Il est constitué à 90% d'eau et à 10% de matières sèches. Neuf/dix de celles-ci sont constituées de substances organiques, la dernière l'étant de minéraux. Ces substances organiques sont composées de glucides (glucose), de lipides (cholestérol, triglycérides, phospholipides, lécithine, gras), de protéines (globulines, albumines, fibrinogènes), de glycoprotéines, d'hormones (gonadotrophine, érythropoïétine, thrombopoïétine),

d'acides aminés et de vitamines. Les substances minérales sont dissoutes sous forme ionique, c'est-à-dire dissociées en ions positifs et négatifs. [TC97]



FIGURE 1.4 – Le plasma ou sérum

### 1.3.3 Les cellules sanguines (globules rouges, plaquettes, globules blancs)

On observe dans le sang des cellules spéciales réparties entre érythrocytes (globules rouges) et leucocytes (globules blancs). On y trouve aussi des plaquettes, qui ne sont pas considérées comme de véritables cellules. Voyons maintenant les différentes catégories de cellules sanguines.

#### 1.3.3.1 Les globules rouges (érythrocytes)

Les érythrocytes sont les cellules sanguines les plus nombreuses, à raison de 4 à 6 millions d'entre elles par mm<sup>3</sup>. Ils sont aussi appelés "Globules Rouges" ou "Hématies". Chez les humains comme chez tous les mammifères, les érythrocytes sont dépourvus de noyau et prennent la forme d'une lentille biconcave (Figure 1.5). Chez les autres vertébrés (p. ex., poissons, amphibiens, reptiles et oiseaux), ils ont un noyau. Les globules rouges sont riches en hémoglobine, une protéine capable de se lier faiblement à l'oxygène. Ainsi, ces cellules sont chargées de l'apport d'oxygène aux tissus et en partie de la récupération du gaz carbonique rejeté par le corps. Toutefois, l'essentiel du CO<sub>2</sub> est transporté dans le plasma sous forme de carbonates solubles.[TC97]

Dans les globules rouges des mammifères, l'absence de noyau libère de l'espace pour l'hémoglobine, et la forme biconcave de ces cellules accroît le rapport entre la surface et le volume cytoplasmique. Ces caractéristiques rendent plus efficace la diffusion d'oxygène par ces cellules.

Lorsqu'il y a anémie falciforme, aussi appelée "Drépanocytose", les érythrocytes prennent généralement la forme d'une faucille. À l'aide d'un microscope à électrons,

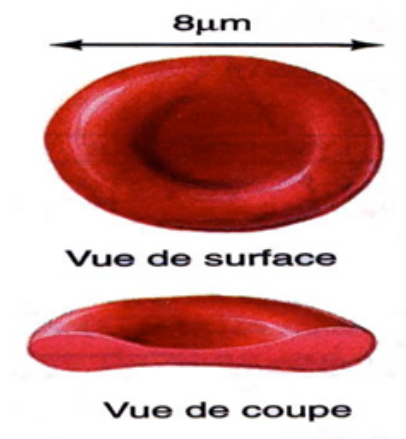


FIGURE 1.5 – Erythrocytes (Globules Rouges)

des biologistes ont constaté que les globules rouges peuvent avoir des formes différentes : normale (discocyte), épineux (échinocyte), crénelé, codocyte, à fuseau, faucille, casque, pointu, indenté, poïkilocyte, etc. La durée de vie moyenne des érythrocytes est d'environ 120 jours. Une fois arrivés à la fin de leur vie, ils sont retenus dans la rate où ils sont phagocytés par les macrophages. [TC97]

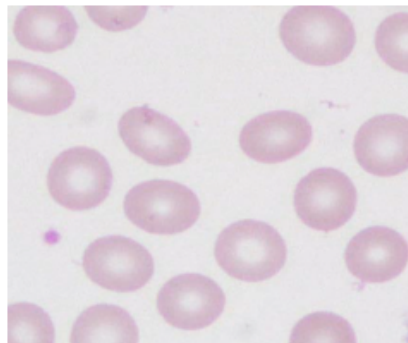


FIGURE 1.6 – Aspect des érythrocytes en microscopie optique

### 1.3.3.2 Les plaquettes

La fonction principale des plaquettes, ou thrombocytes, est de faire cesser l'écoulement du sang par les plaies (hémostase). A cette fin, elles s'agglutinent et libèrent des facteurs favorisant la coagulation du sang. On trouve parmi elles la sérotonine, qui réduit le diamètre des vaisseaux lésés et ralentit le flux sanguin, et la fibrine qui capture les cellules et donne lieu à la coagulation. Même si les plaquettes sont en apparence plutôt rondes, ce ne sont pas de véritables cellules. Dans les frottis colorés au Giemsa (coloration May Grünwald Giemsa MGG), elles prennent une couleur pourpre

intense. En raison de leur diamètre, elles sont beaucoup plus petites que les érythrocytes (globules rouges). Leur densité dans le sang est de 200 000 à 300 000/mm<sup>3</sup>. [TC97]

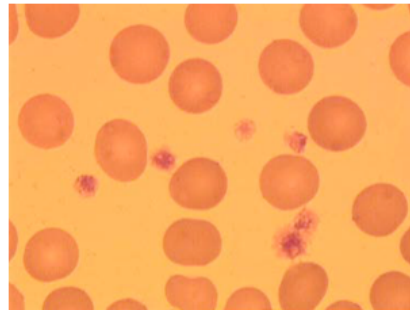


FIGURE 1.7 – Les plaquettes sanguines

### 1.3.3.3 les globules blancs (leucocytes)

Les leucocytes, ou globules blancs, sont chargés de défendre l'organisme. Ils sont beaucoup moins nombreux dans le sang que les globules rouges. La densité des leucocytes dans le sang est de 5 000 à 7 000/mm<sup>3</sup>. Les leucocytes se divisent en deux catégories : les granulocytes et les cellules lymphoïdes ou agranulocytes. Le terme "granulocytes" est dû à la présence de granules dans le cytoplasme de ces cellules.

Les granules varient selon les différents types de granulocyte, ce qui aide à les distinguer entre eux. En fait, ces granules ont des affinités différentes à l'égard des colorations neutres, acides ou basiques, et donnent au cytoplasme des couleurs différentes. Ainsi, on distingue les granulocytes entre les neutrophiles, les éosinophiles (ou acidophiles) et les basophiles, tandis qu'on distingue les cellules lymphoïdes entre les lymphocytes et les monocytes. Comme nous le constaterons plus loin, la forme du noyau aide elle aussi à reconnaître les leucocytes.[TC97]

Chaque type de leucocyte (globule blanc) est présent dans le sang en proportions différentes :

- Neutrophiles, de 50 à 70%
- Eosinophiles, de 2 à 4%
- Basophiles, de 0,5 à 1%
- Lymphocytes, de 20 à 40%
- Monocytes, de 3 à 8%

1. Granulocytes : ils 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. On trouve également dans le

sang des cellules immatures. Elles se distinguent par leur noyau moins segmenté. Comme nous l'avons dit précédemment, on compte trois types de granulocytes : les neutrophiles, les éosinophiles et les basophiles.

- a. Neutrophiles : phagocytent très activement les bactéries et sont présents en nombre élevé dans le pus des plaies. Malheureusement, ces cellules sont incapables de renouveler les lysosomes utilisés dans la digestion des microbes et meurent après en avoir phagocyté quelques-uns.

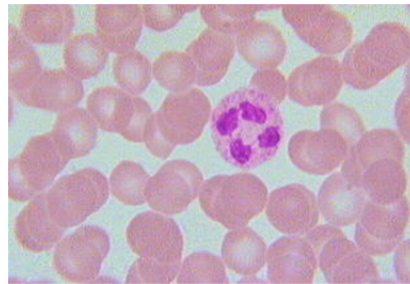


FIGURE 1.8 – Aspect des neutrophiles en microscopie optique

Les neutrophiles ont un diamètre de 12 à 15  $\mu m$ , leur noyau est divisé de 2 à 5 lobes reliés par un mince filament nucléaire (Figure 1.9). On les appelle polynucléaires neutrophiles. Le cytoplasme est transparent vu que ses granules sont minuscules et ont une légère teinte rosée.

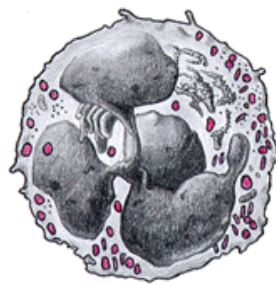


FIGURE 1.9 – Neutrophile

- b. Eosinophiles : attaquent les parasites et phagocytent les complexes antigènes-anticorps, ils sont assez rares dans le sang. Leur taille est la même que celle des neutrophiles. Leur noyau comporte généralement deux lobes. Le cytoplasme est rempli de granules qui prennent une couleur rose orangée caractéristique.

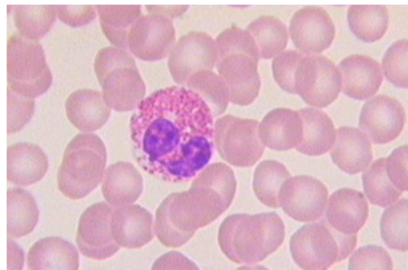


FIGURE 1.10 – Aspect des éosinophiles en microscopie optique

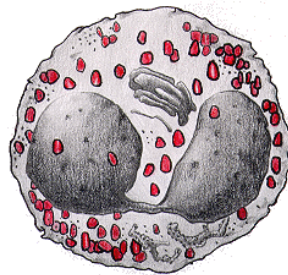


FIGURE 1.11 – Eosinophile

- c. Basophiles : sécrètent des substances anticoagulantes et vasodilatatrices comme les histamines et la sérotonine. Malgré leur capacité phagocytaire, leur principale fonction est de sécréter les substances qui servent à la médiation de la réaction d'hypersensibilité. Les basophiles sont les leucocytes les plus rares, avec un taux de moins de 1%.

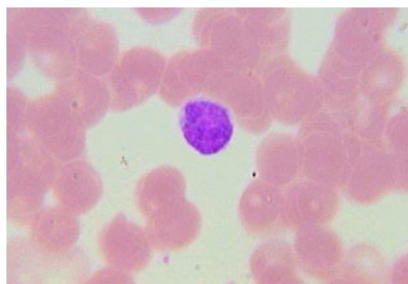


FIGURE 1.12 – Aspect des basophiles en microscopie optique

Ils sont aussi un peu petits : leur diamètre est de 9 à 10  $\mu m$ . 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 cachent.



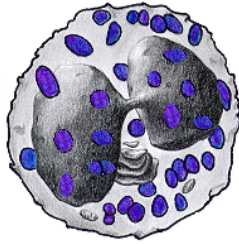


FIGURE 1.13 – Basophile

2. Lymphoïdes (Agranulocytes) : étant donné que normalement ces cellules semblent dépourvues de granules, on les appelle aussi agranulocytes. Elles ont un noyau compact et un cytoplasme transparent. Il existe deux types de cellules lymphoïdes : les lymphocytes et les monocytes. Leur apparence est semblable, mais leur origine est différente. En fait, alors que les lymphocytes proviennent des organes lymphatiques, les monocytes ont la même origine que les granulocytes.
- a. Lymphocytes : la plupart des lymphocytes qui circulent dans le sang se trouve en état de repos. Ils ressemblent à de petites cellules ayant un noyau circulaire compact qui occupe la quasi totalité du volume cellulaire. Par conséquent, le cytoplasme est beaucoup réduit. Les lymphocytes des organes et des tissus lymphoïdes peuvent être activés de différentes manières par suite d'une stimulation antigénique. Dans le sang, les lymphocytes comptent pour de 20 à 40% de tous les leucocytes et sont un peu plus gros que les globules rouges. Les lymphocytes sont les principaux éléments du système immunitaire, qui assure la défense contre les attaques de micro-organismes pathogènes comme les virus, bactéries, champignons et protistes. Les lymphocytes produisent aussi des anticorps et les disposent sur leur membrane.

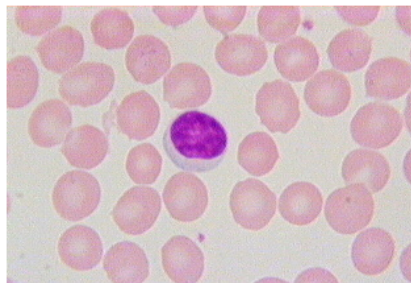


FIGURE 1.14 – Aspect des lymphocytes en microscopie optique

Avec un diamètre de 8 à 10  $\mu m$ , les lymphocytes sont très communs dans le

sang. Ils sont généralement plus petits que les autres leucocytes, mais quand même un peu plus gros que les globules rouges. Le cytoplasme est transparent. Le noyau est gros et arrondi en comparaison de la cellule et en occupe la majeure partie.



FIGURE 1.15 – Lymphocyte

- b. Monocytes : sont les précurseurs des macrophages. Ce sont des cellules sanguines plus grosses qui, après avoir atteint leur maturité dans la moelle osseuse, entrent dans le flux sanguin où elles demeurent pendant 24 à 36 heures. Elles migrent ensuite vers les tissus conjonctifs, où elles deviennent des macrophages et se déplacent dans les tissus. S'ils parviennent au site d'une inflammation, les monocytes migrent rapidement à partir du vaisseau sanguin et se lancent dans une intense activité phagocytaire. La phagocytose n'est pas le rôle exclusif de ces cellules car elles ont aussi une activité de sécrétion intense. Elles produisent des substances exerçant des fonctions de défense comme les lysozymes, les interférons et des substances qui modulent la fonctionnalité d'autres cellules. Les macrophages participent à la défense immunitaire. Ils exposent les molécules de corps digérés sur leur membrane et les présentent à des cellules plus spécialisées, comme les lymphocytes B et T auxiliaires.

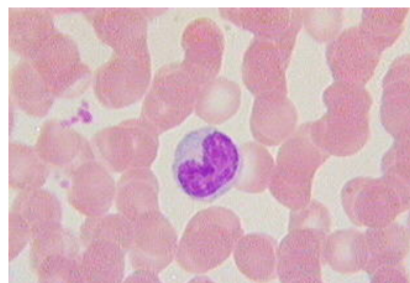


FIGURE 1.16 – Aspect des monocytes en microscopie optique

Les monocytes sont les plus gros leucocytes, ils mesurent de 16 à 20  $\mu m$ . Ils

ont un grand noyau réniforme ou en forme de fer à cheval, dans certains cas à deux lobes. Le cytoplasme est transparent, mais à l'apparence du verre dépoli.



FIGURE 1.17 – Monocyte

## 1.4 Les Systèmes informatiques d'analyse d'images cytologiques

Un système informatique d'analyse d'images cytologiques est constitué de trois parties ou étapes principales [Oli95] :

- *La segmentation* : qui consiste en l'extraction de régions et/ou de primitives adaptées au problème rencontré. Ici on cherche à isoler les composants cellulaires en l'occurrence.
- *La caractérisation* : qui évalue les caractères extraits à la segmentation. Cela consiste à fournir les données représentatives de chaque cellule : taille, surface, texture etc.
- *L'étiquetage* : qui recherche la meilleure classification pour les régions extraites à la segmentation. Pour cela on se sert des caractéristiques cellulaires trouvées lors de l'étape précédente. Cela consiste en fait à trouver le type de la cellule et à affirmer sa nature.

### 1.4.1 La segmentation

D'après WIED G.L [GPH89] une segmentation robuste et sûre est un pré requis de base pour l'analyse d'images. Elle détermine la consistance et l'exactitude des informations extraites et interprétées. Cette étape reste une des étapes des plus difficiles et des plus imprédictibles.

Durant les dernières années un nombre substantiel de procédures et d'enchaînement de procédures ont été développées résultant d'intenses recherches dans ce do-

maine. On peut dire que le type de segmentation utilisé dépend beaucoup du but recherché. La segmentation est confrontée avec les tâches suivantes : délimiter le cytoplasme du fond et déterminer les limites du noyau. Cela peut généralement être fait par simple seuillage direct, par seuillage adaptatif ou par suivi de contours. Mais la principale difficulté rencontrée est le chevauchement possible des cellules ce qui peut aller du simple contact au chevauchement complet des noyaux interdisant alors toute mesure de caractéristiques cellulaires.

Les techniques de segmentation rencontrées dans la littérature sont diverses (voir chapitre suivant), au vu de la disparité des techniques utilisées, on ne peut pas dire qu'il existe une segmentation type sur des images de cytologie, cela s'explique par la diversité des images.

### 1.4.2 La caractérisation des cellules

Une fois l'image initiale (I) contenant les cellules segmentée, on obtient une image (I') qui contient les différents objets à analyser. Chaque objet de l'image a une étiquette ou référence et pour pouvoir classer chaque cellule (i.e pour connaître son type), il nous faut des critères mesurables. On conçoit facilement quels genres de critères peuvent être mesurés :

- la surface du cytoplasme,
- la surface du noyau,
- la forme du noyau,
- le nombre de cellule
- la densité optique
- la texture
- etc.

### 1.4.3 La classification des cellules

Une fois chaque cellule caractérisée par différentes valeurs mesurables, le système informatique de cytologie se sert de ces valeurs pour classer la cellule. C'est à ce stade qu'intervient donc une décision. Le système de décision doit intégrer les résultats de mesures quantitatives avec éventuellement des données cliniques. L'introduction de systèmes de décision a été un effort significatif pour le développement de la cytopathologie. Ces systèmes doivent avoir des capacités d'apprentissage et doivent être capables de réactualiser leurs connaissances compte tenu des données qui leur sont proposées.

## 1.5 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons donné des généralités sur l'anatomie et l'hématologie ; de façon générale. Nous avons énumérés quelques difficultés rencontrés dans ce domaine, tels que le comptage et la classification des cellules sanguines. Nous avons aussi parlé de la cytomorphologie des cellules sanguines (les globules blancs, les globules rouges, les plaquettes) de leurs structures et fonctions dans le corps humain. Ensuite nous avons présenté les systèmes informatiques d'analyse d'images cytologiques avec ses différentes étapes (segmentation, étiquetage, classification).

Dans ce chapitre, nous remarquons le grand intérêt et l'importance des systèmes informatiques d'analyse d'images cytologiques dans le domaine d'hématologie, parmi ces étapes de traitement décrites, la segmentation des cellules du sang joue un rôle important en tant que première étape essentielle du processus de comptage de cellules sanguines pour séparer les globules blancs en région du noyau et région du cytoplasme. Cette étape de segmentation affecte directement la précision de l'étape de classification des cellules.

De ce fait, nous nous sommes intéressés à la segmentation d'images cytologiques couleurs auquel nous avons consacré notre étude.

# Chapitre 2

## La représentation de la couleur

### 2.1 Introduction

Avec la parole, l'image constitue l'un des moyens les plus importants de communication universelle, dont la richesse du contenu permet aux êtres humains de tout âge et de toute culture de se comprendre.

Alors que dans le passé le traitement d'image couleur se limitait essentiellement aux images satellitaires, ces dernières années il a gagné de l'importance grâce aux nouvelles possibilités. Ceci est du, entre autres, au haut niveau d'information que l'image couleur contient par rapport à l'image au niveau de gris. Cette information permet au traitement d'image couleur de succéder dans divers domaines où le traitement classique d'image au niveau de gris dominait généralement [KHO97].

Dans ce chapitre, nous présenterons ce que c'est l'image couleur et comment la couleur, pour être mesurée, peut être représentée en utilisant différents systèmes de représentation. Nous nous arrêterons sur les systèmes de représentation de la couleur les plus utilisés dans la littérature pour analyser leurs propriétés colorimétriques. Nous verrons qu'il existe de nombreux systèmes de représentation de la couleur et même de nombreuses définitions pour un même système. C'est pourquoi, nous tenterons de faire une synthèse des systèmes les plus utilisés. Suivant leurs caractéristiques, ceux-ci sont regroupés en quatre familles, à savoir [VAN00] :

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

Ce chapitre est indispensable à notre travail. En effet, la compréhension de chaque système de représentation de la couleur nous permettra, par la suite, d'exploiter au mieux les différentes composantes couleurs proposées afin de traiter des images en

couleur.

## 2.2 Image couleur

Informatiquement parlé, une image couleur est avant tout une image numérique. Cette dernière est un tableau (une matrice) de dimensions finies, de valeurs numériques et de précision finie. Chaque élément fondamental de ce tableau s'appelle un pixel (de l'anglais picture element). Chaque pixel est caractérisé par sa position spatiale dans la matrice et sa valeur numérique.

Une image est acquise à l'aide d'un capteur, et selon la capacité spectrale <sup>1</sup> de ce dernier, trois classes de capteurs peuvent être différenciées : panchromatique, multispectrale et hyperspectrale.

Les senseurs panchromatiques sont sensibles à l'ensemble du spectre visible et l'information est contenue à l'intérieur d'une seule large bande spectrale.

Les senseurs multispectraux sont sensibles à certaines bandes prédéfinies du spectre électromagnétique dans le visible et dans l'infrarouge alors que les senseurs hyperspectraux sont sensibles à une large bande du spectre électromagnétique (prédéfinies), divisée en plusieurs petites bandes spectrales.

Dans le cas général, la couleur d'un pixel va être représentée par trois composantes notées  $C_1$ ,  $C_2$  et  $C_3$ , et à ces trois composantes nous faisons correspondre respectivement trois vecteurs directeurs normés  $\vec{C}_1$ ,  $\vec{C}_2$  et  $\vec{C}_3$  qui forment le repère d'un espace vectoriel d'origine  $O$  appelé *espace couleur*. Dans cet espace, chaque couleur est ainsi représentée par un point  $C$ , qui définit le vecteur couleur  $\vec{OC}$  et dont les coordonnées sont les valeurs de composantes  $C_1$ ,  $C_2$  et  $C_3$ . La figure 2.1 illustre ce propos. Une image sera donc représentée dans l'espace couleur  $(C_1, C_2, C_3)$  par un nuage de points (figure 2.2).

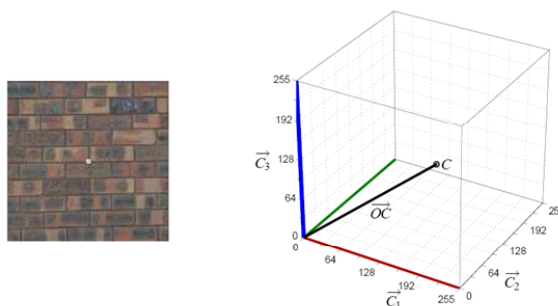


FIGURE 2.1 – Représentation d'un pixel dans un espace couleur

1. un spectre est l'ensemble des rayons colorés résultants de la décomposition de la couleur par un prisme

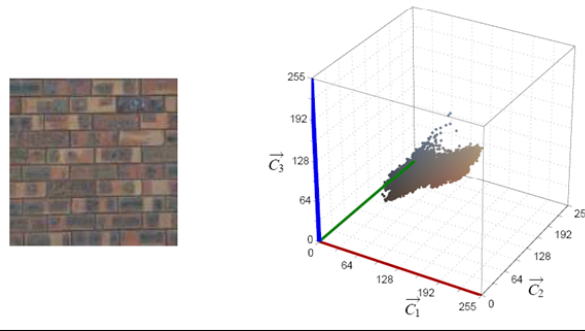


FIGURE 2.2 – Nuage de points de l'image dans un espace couleur

## 2.3 Espaces couleurs

Un espace couleur est un système de coordonnées couleurs où les valeurs de l'image sont représentées [AM08]. Les espaces couleurs ont été étudiés et modélisés par la *Commission Internationale de l'Éclairage (CIE)*. En 1931 la CIE a défini et adopté des illuminants et observateurs standard afin de représenter l'ensemble des couleurs. La CIE a ensuite montré par l'expérience psychovisuelle d'égalisation des couleurs qu'en combinant trois stimuli de longueurs d'ondes particulières nous pouvons synthétiser presque toutes les couleurs existantes, donc les espaces de couleurs sont des systèmes de coordonnées en trois dimensions où la couleur à analyser a été transformé en un tri-stimulus particulier [Oli00].

La figure 2.3 illustre les grandes familles des espaces couleurs, que nous détaillerons dans ce qui suit [VAN00] :



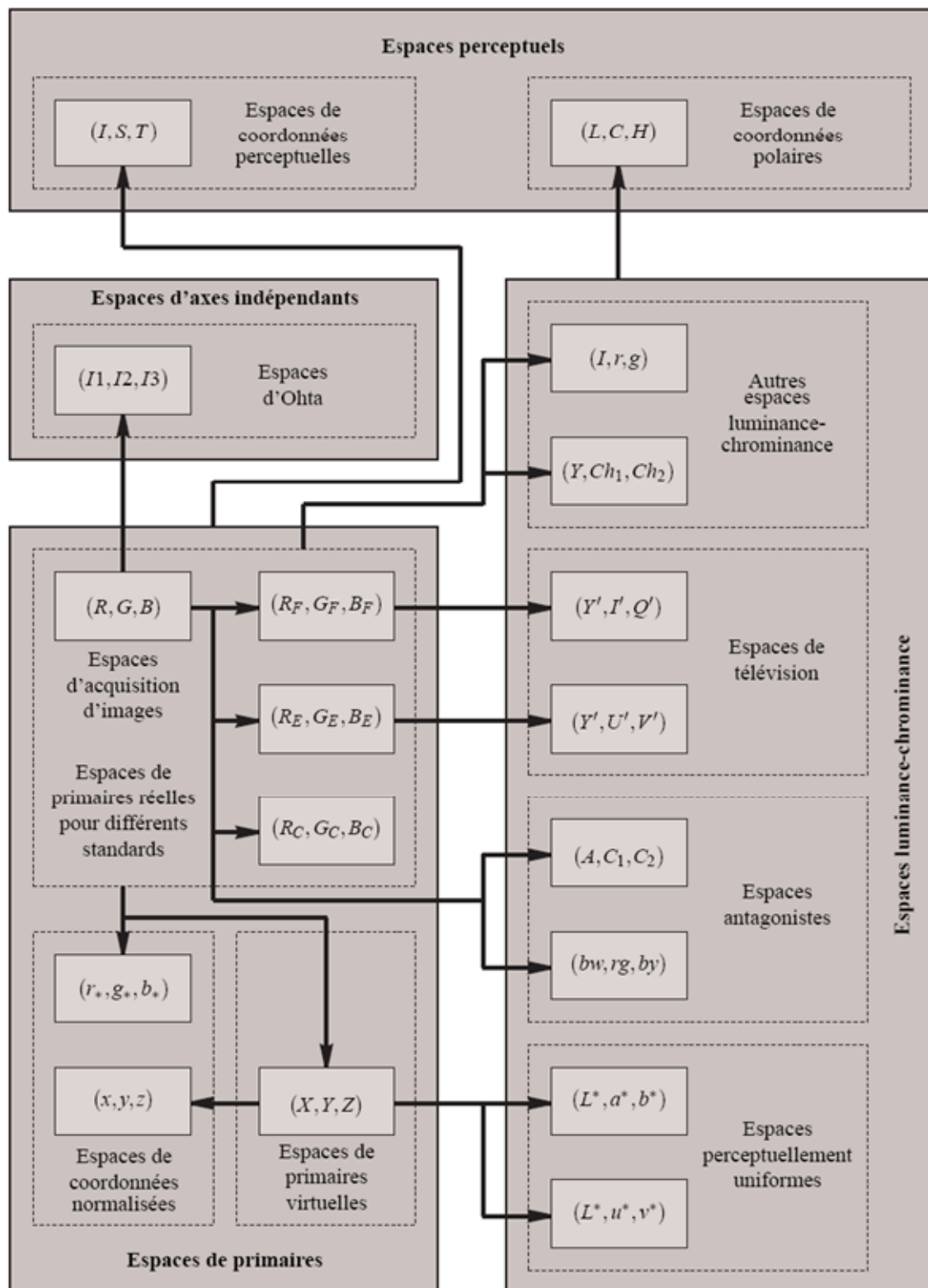


FIGURE 2.3 – Les espaces couleurs

### 2.3.1 Espaces de primaires

La perception humaine de la couleur est caractérisée par un aspect tridimensionnel. Trois primaires sont nécessaires et suffisantes pour reproduire toute couleur et la colorimétrie, science de la mesure de la couleur, est basée sur cette théorie.

Les quantités de chacune des primaires nécessaires à reproduire une couleur sont appelées composantes trichromatiques. Pour reproduire cette couleur, elles peuvent être mélangées par synthèse additive (juxtaposition de lumières colorées, correspondant chacune à une des trois primaires). Il existe une multitude d'espaces RVB (RGB en anglais) qui est un système additif défini à partir des trois primaires monochromatiques de couleur rouge, verte et bleue utilisées pour reproduire la couleur [BAG11].

#### 2.3.1.1 Espace $(R_c, G_c, B_c)$

L'espace  $(R_c, G_c, B_c)$  de la CIE a été défini en 1931. L'indice  $c$  est utilisé en référence à cette commission. 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 correspondant à des stimuli de couleur, dont les composantes trichromatiques sont positives, sont contenus dans un cube, connu sous le nom de cube des couleurs (figure 2.4). 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*, *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 [BAG11].

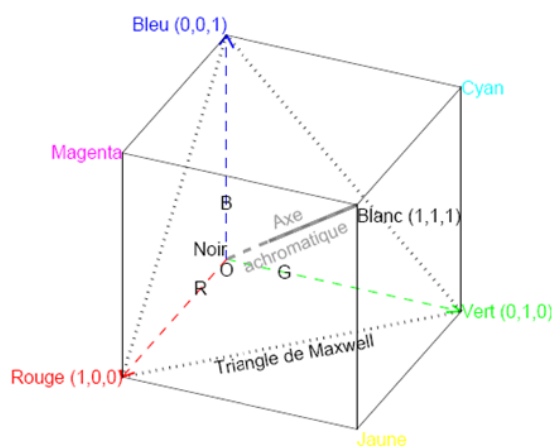


FIGURE 2.4 – Cube de couleurs

### 2.3.1.2 Espace $(r_c, g_c, b_c)$

Les composantes trichromatiques d'un stimulus de couleur du système  $(R_c, G_c, B_c)$  sont liées à sa luminance (nous définissons ici la luminance comme étant l'attribut d'une sensation visuelle selon laquelle une surface paraît émettre plus ou moins de lumière). 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 et ceci à cause de leur luminance. 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  $r_c, g_c, b_c$  et sont définies par :

$$\begin{cases} r_c = \frac{R_c}{R_c + G_c + B_c} \\ g_c = \frac{G_c}{R_c + G_c + B_c} \\ b_c = \frac{B_c}{R_c + G_c + B_c} \end{cases} \quad (1.1)$$

L'espace de représentation associé aux coordonnées trichromatiques est appelé l'espace  $(R_c, G_c, B_c)$  *normalisé*. Il est noté  $(r_c, g_c, b_c)$ . 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 dans la figure 2.5.

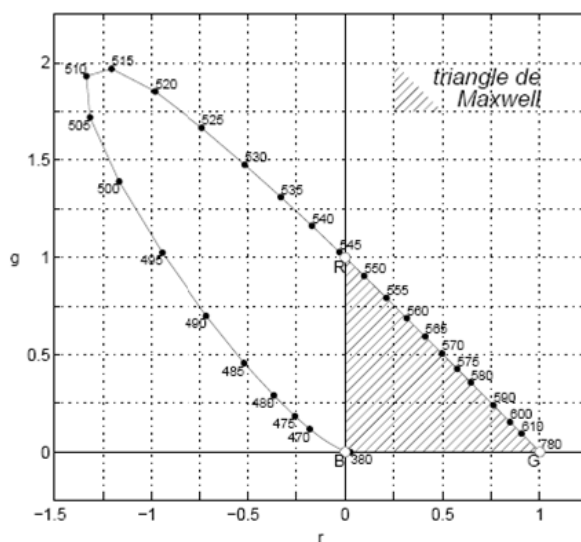


FIGURE 2.5 – Diagramme de chromaticité  $(r_c, g_c)$

Nous voyons sur cette figure que cette représentation impose l'existence de co-

ordonnées négatives. Ces coordonnées représentent des couleurs physiquement non réalisables par synthèse additive. Pour palier à ce problème, entre autres, la CIE a établi *le système de référence colorimétrique*  $(X, Y, Z)$ .

### 2.3.1.3 Espace $(X, Y, Z)$ de la CIE

Dans cet espace, les primaires  $[X]$ ,  $[Y]$  et  $[Z]$ , dites *primaires de références*, ont été créés de telle sorte que toutes les couleurs soient exprimées par des composantes trichromatiques positives. Ces primaires sont donc virtuelles, sans réalité physique. Nous pouvons ainsi reproduire toutes les couleurs du visible par synthèse additive. La primaire  $[Y]$  représente une information sur la luminosité (plus précisément  $Y$  représente la luminance visuelle). Nous pouvons noter qu'il est possible de passer de n'importe quel espace  $(R, G, B)$  à l'espace  $(X, Y, Z)$  par l'intermédiaire d'une matrice de passage dont les coefficients sont principalement conditionnés par le choix des primaires  $[R]$ ,  $[G]$  et  $[B]$  utilisées.

Le système  $(X, Y, Z)$  palier l'inconvénient du système  $(R, V, B)$  pour lequel certaines couleurs sont représentées par une valeur du stimulus négative. Une couleur est représentée par une combinaison positive de  $X$ ,  $Y$  et  $Z$  et sont définies par :

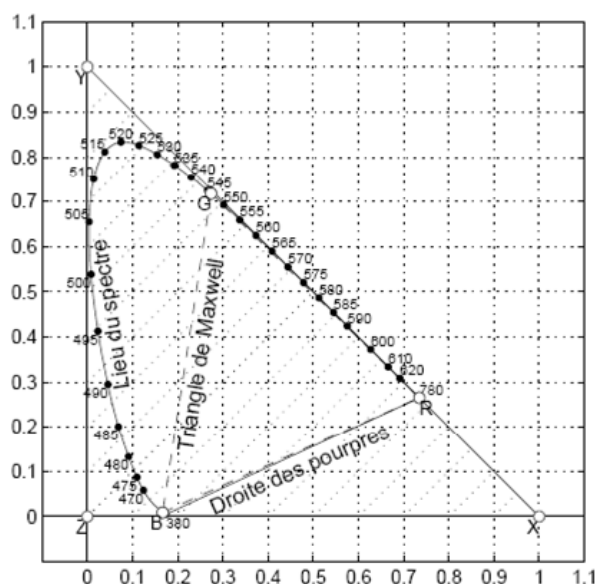
$$\begin{bmatrix} X \\ Y \\ Z \end{bmatrix} = P \times \begin{bmatrix} R \\ G \\ B \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_r & X_g & X_b \\ Y_r & Y_g & Y_b \\ Z_r & Z_g & Z_b \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} R \\ G \\ B \end{bmatrix} \quad (1.2)$$

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  $R$ ,  $G$ ,  $B$ .

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 :

$$\begin{cases} x = \frac{X}{X+Y+Z} \\ y = \frac{Y}{X+Y+Z} \\ z = \frac{Z}{X+Y+Z} \end{cases} \quad (1.3)$$

Comme  $x + y + z = 1$ ,  $z$  peut être déduit à partir de  $x$  et  $y$ , ce qui permet de représenter la couleur dans un plan et donc de construire le diagramme de chromaticité  $(x, y)$ , représenté par la figure 2.6. Nous voyons bien sur ce diagramme que toutes les couleurs sont exprimées par des coordonnées trichromatiques positives, contrairement au diagramme de la figure 2.5.

FIGURE 2.6 – Diagramme de chromaticité  $(x, y)$ 

### 2.3.2 Espaces luminance-chrominance

De nombreux différents espaces de représentation de la couleur présentent un point commun : ils possèdent une composante de luminance permettant de quantifier la luminosité et deux autres composantes de chrominance suffisantes pour quantifier le caractère chromatique d'un stimulus de couleur. Les espaces de ce type peuvent être regroupés en une famille particulière d'espaces de représentation de la couleur, les *espaces luminance-chrominance*.

Les composantes d'un espace luminance-chrominance sont évaluées à partir des composantes trichromatiques 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 de l'espace. Ainsi, nous distinguons différents types d'espaces luminance-chrominance [VAN00] :

#### 2.3.2.1 Espaces perceptuellements uniformes

L'espace  $(X, Y, Z)$  n'est pas perceptuellement uniforme. En effet, dans le diagramme de chromaticité  $(x, y)$  (figure 2.6) une même distance entre deux couleurs ne sera pas perçue de la même façon par l'être humain selon la zone du diagramme considérée. Ce fait a notamment pu être mis en évidence par les travaux de MACADAM en 1942 [Mac42b, Mac43].

Ce dernier montre qu'il existe, dans le diagramme de chromaticité  $(x, y)$ , des zones

pour lesquelles les différences de couleur<sup>2</sup> ne sont pas perceptibles par un observateur. Ces zones correspondent à des ellipses (ellipses de MACADAM) qui ont des tailles et des orientations différentes selon le lieu où elles se trouvent dans le diagramme, ce qui démontre la non uniformité du système  $(X, Y, Z)$ . [VAN00]

- Espace  $(L^*, u^*, v^*)$  : Sur la base des travaux de JUDD et de MACADAM [Mac37, Mac42a], la CIE propose d'abord en 1960 un nouveau espace de représentation de la couleur noté  $(U, V, W)$  définissant un diagramme de chromaticité uniforme appelé diagramme UCS 1960 (*Uniform Chromaticity Scale*) ou *diagramme de chromaticité*  $(u, v)$  CIE 1960. Il est possible alors de définir l'espace  $(u, v, V)$  à partir de l'espace  $(U, V, W)$  de la même façon que l'espace  $(x, y, Y)$  est défini à partir de l'espace  $(X, Y, Z)$ . Cependant, ces premiers systèmes n'apportent pas de solutions satisfaisantes au problème de mesures d'écart de couleurs [VAN00]. En 1964, suite aux travaux de WYSZECKI [Wys63], la CIE propose un nouveau espace tridimensionnel en intégrant l'information de luminance, prenant ainsi en compte le type d'illuminant correspondant aux conditions d'éclairage. Cet espace, appelé l'espace  $(U^*, V^*, W^*)$  1964, subit une modification mineure selon une proposition de EASTWOOD [Eas73] et devient finalement en 1976 l'espace CIELUV, encore appelé espace  $(L^*, u^*, v^*)$  1976. Les équations permettant de passer de l'espace  $XYZ$  au  $L^*u^*v^*$  sont [VAN00, Oli00] :

$$L^* = 116 \left( \frac{Y}{Y_0} \right)^{\frac{1}{3}} - 16 \quad \text{si} \left( \frac{Y}{Y_0} \right) > 0.008856$$

$$L^* = 903.3 \left( \frac{Y}{Y_0} \right) \quad \text{ailleurs}$$

$$u^* = 13L^* (u' - u'_0)$$

$$v^* = 13L^* (v' - v'_0)$$

$$u' = \frac{4X}{X + 15Y + 3Z} \quad v' = \frac{9X}{X + 15Y + 3Z}$$

$$u'_0 = \frac{4X_0}{X_0 + 15Y_0 + 3Z_0} \quad v'_0 = \frac{9X_0}{X_0 + 15Y_0 + 3Z_0}$$

Où  $X_0, Y_0, Z_0$  sont les composantes d'un blanc de référence dans l'espace  $XYZ$ .  $L^*$  est la luminance et  $u^*$  et  $v^*$  donnent la chrominance de la couleur.

L'espace  $LUV$  tente de produire un espace plus perceptuellement linéaire que les autres espaces. Perceptuellement linéaire veut dire que le changement totale de la valeur de la couleur doit produire un changement visuel de la meme

---

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

importance

- Espace  $(L^*, a^*, b^*)$  : En 1976, la CIE propose dans le même temps un autre espace perceptuellement uniforme, l'espace CIELAB ou  $(L^*, a^*, b^*)$ , établi par des relations non linéaires à partir de l'espace  $(X, Y, Z)$  [CIE86]. L'espace  $L^*a^*b^*$  est basé sur le modèle des couleurs opposées [Oli00].

La variable  $L^*$  mesure la luminance (l'opposition noir-blanc) par une valeur entre 0 (noir) et 100 (blanc), La variable  $a^*$  mesure l'opposition rouge-vert par une valeur 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, La variable  $b^*$  mesure l'opposition jaune-bleu par une valeur entre  $-100$  et  $+100$ ,  $b^*$  est positif si la couleur contient du jaune, négatif si la couleur contient du bleu et nulle si aucun des deux.

Comme pour le système  $L^*u^*v^*$ , on obtient les valeurs des composantes à partir des valeurs  $XYZ$  de la couleur et d'un blanc de référence. Les équations de changement d'espace de  $XYZ$  vers  $L^*a^*b^*$  sont [VAN00] :

$$L^* = 116 \left( \frac{Y}{Y_0} \right)^{\frac{1}{3}} - 16 \text{ si } \left( \frac{Y}{Y_0} \right) > 0.008856 \text{ et } L^* = 903.3 \left( \frac{Y}{Y_0} \right) \text{ sinon}$$

$$a^* = 500 \left[ f \left( \frac{X}{X_0} \right) - f \left( \frac{Y}{Y_0} \right) \right] \text{ et } b^* = 200 \left[ f \left( \frac{Y}{Y_0} \right) - f \left( \frac{Z}{Z_0} \right) \right]$$

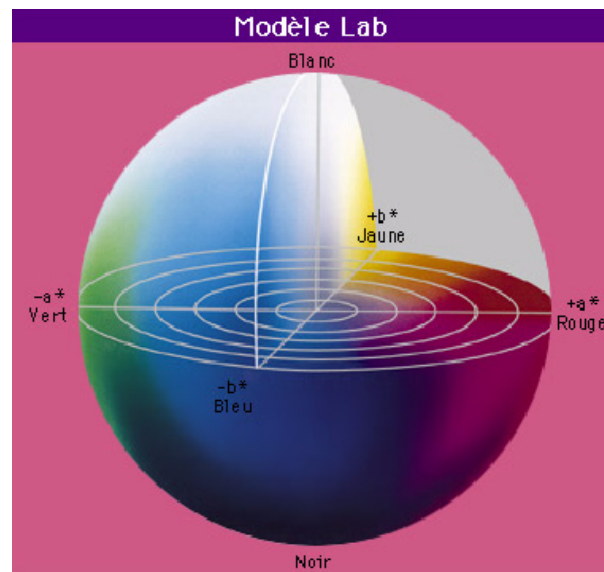
$$\text{avec } f(x) = (x)^{\frac{1}{3}} \text{ si } x > 0.008856 \text{ et } f(x) = 7.787(x) + \frac{16}{116} \text{ sinon}$$

Comme le système  $L^*u^*v^*$ , ce système est perceptuellement uniforme. Sa représentation spatiale est donnée par une sphère (Figure 2.7).

### 2.3.2.2 Espace antagonistes

Cette famille d'espaces de représentation de la couleur a été créé pour tenter de modéliser le système visuel humain. Afin de parvenir à ce but, quelques auteurs ont proposés différents modèles appliqués à l'analyse d'image. Nous retrouvons notamment les travaux de FAUGERAS [O.D76] (espace  $(L, M, S)$ ) ou encore ceux de GARBAY [C.79] (espace  $(A, C_1, C_2)$ ).

Ces travaux sont basés sur la théorie des couleurs opposées de HERING. Selon cette théorie, l'information couleur captée par l'oeil est transmise au cerveau sous la forme de trois composantes, une composante achromatique ( $L$  ou  $A$ ) et deux composantes de chrominance  $C_1$  et  $C_2$ , correspondant respectivement à un signal d'opposition vert-rouge et à un signal d'opposition jaune-bleu. En ce sens les espaces  $(L^*, u^*, v^*)$  et

FIGURE 2.7 – La représentation spatiale du modèle  $L^*a^*b^*$ 

$(L^*, a^*, b^*)$  présentés précédemment peuvent être considérés comme des espaces antagonistes [VAN00].

### 2.3.2.3 Espace de télévision

Le codage des signaux de télévision en couleur a été réalisé de façon à rester compatible avec les téléviseurs noir et blanc qui doivent pouvoir recevoir en noir et blanc les émissions en couleur. De même, les téléviseurs couleurs doivent pouvoir recevoir en noir et blanc les émissions en noir et blanc. Pour satisfaire ces deux principes, les signaux de télévision séparent donc l'information de luminance de celle de chrominance.

Cette séparation peut être réalisée par une transformation linéaire des composantes trichromatiques du système  $(R_c, G_c, B_c)$ . La luminance correspond à la composante  $Y$  du système  $(X, Y, Z)$ . Les composantes de chrominance  $Chr_1$  et  $Chr_2$  sont alors calculées par les relations suivantes :

$$\begin{cases} Chr_1 = a_1(R_c - Y) + b_1(B_c - Y) \\ Chr_2 = a_2(R_c - Y) + b_2(B_c - Y) \end{cases} \quad (1.6)$$

Les coefficients  $a_1$ ,  $b_1$ ,  $a_2$  et  $b_2$  sont spécifiques aux différents standards de transmission (NTSC, PAL ou SECAM).

- Espace  $YUV$

l'espace  $YUV$  est un espace de représentation de la couleur dédié à la vidéo analogique et utilisé dans les standards vidéo PAL et SECAM. Il utilise l'illuminant



D65 comme blanc de référence. L'espace  $YUV$  présent dans les travaux de ULTRÉ, LIANG, CLARAMONT [Ult96, Lia87, Cla84] et dont la transformation est issue de l'espace  $RGB$  est définie comme suit :

$$\begin{bmatrix} Y \\ U \\ V \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0.299 & 0.587 & 0.114 \\ -0.147 & -0.289 & -0.436 \\ 0.615 & -0.515 & -0.100 \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} R \\ G \\ B \end{bmatrix} \quad (1.7)$$

Où  $Y$  représente la luminance,  $U$  et  $V$  la chrominance.

### 2.3.3 Espaces perceptuels

L'être humain ne perçoit pas la couleur comme une combinaison de composantes trichromatiques liées à des primaires mais plutôt comme des entités liées à la teinte, la saturation et la luminance. La teinte correspond aux dénominations des couleurs telles que rouge, vert, bleu, jaune,... La saturation, elle, est une grandeur permettant d'estimer le niveau de coloration d'une teinte indépendamment de sa luminosité.

Il existe dans la littérature un grand nombre d'espaces perceptuels utilisant ces entités mais ils traitent dans la plupart des cas des mêmes grandeurs uniquement différenciées par leur calcul. Cette approche perceptuelle permet, en outre, une meilleure communication entre l'homme et la machine quand il s'agit d'exprimer la couleur. Il existe de nombreux espaces de ce type dans la littérature, présentés sous différentes dénominations telles que *ISH*, *HSL*, *HSV*, *TLS*, *LCH*, *LSH*, *LST*, *ITS*,... Nous distinguons deux familles d'espaces perceptuels :

- Les espaces de coordonnées polaires ou cylindriques (transformation en coordonnées polaires des composantes de systèmes de luminance-chrominance) ;
- Les espaces humains de perception de la couleur (en utilisant directement les entités liées à la teinte, la saturation et la luminance).

Il est à noter que les espaces perceptuels ressemblent aux espaces luminance-chrominance puisqu'ils sont composés d'une information quantifiant la luminance ainsi que de deux informations quantifiant la chrominance [VAN00, Meu05].

#### 2.3.3.1 Espaces de coordonnées polaires

Cette famille se déduit directement des espaces luminance-chrominance dans lesquels, la représentation de la couleur se fait avec un axe pour la luminosité et un plan pour la chrominance comme le montre la figure 2.8.

Un point  $P$  aura alors pour coordonnées  $L$ ,  $C$  et  $H$  ;  $L$  étant la luminosité,  $C$  le chroma (qui est une grandeur permettant d'estimer le niveau de coloration d'une teinte, tout comme la saturation, mais qui, lui, est dépendant de la luminosité) et  $H$

l'information de teinte. Les espaces de coordonnées polaires sont en fait une transposition des coordonnées cartésiennes des espaces luminance-chrominance en coordonnées polaires.  $C$  représente alors le module des coordonnées du point  $P$  et  $H$  l'angle d'orientation.

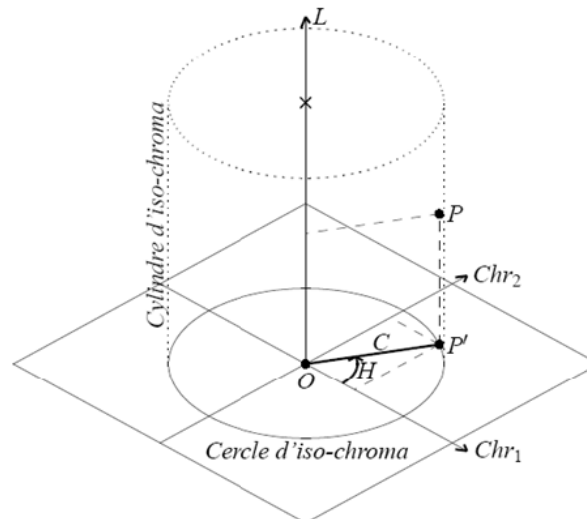


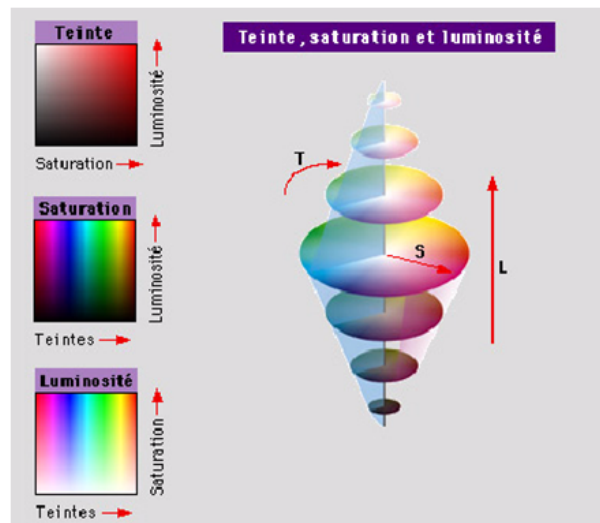
FIGURE 2.8 – Espace de coordonnées polaires

### 2.3.3.2 Les espaces de coordonnées perceptuelles

Ces espaces sont directement évalués à partir d'un espace de primaires et représentent la couleur en termes d'intensité  $I$ , de saturation  $S$  et de teinte  $T$ . L'intensité correspond à l'information de luminance, mais elle est désignée ainsi principalement dans un souci de la différencier des espaces de coordonnées polaires vue précédemment. La saturation représente le niveau de coloration d'une surface indépendamment de sa luminance. La teinte est notée  $T$  pour la différencier de la teinte notée  $H$  vue au paragraphe précédent. Ces trois composantes forment un espace et rencontrent des formulations très diverses dans la littérature.

Il existe de nombreux modèles d'espaces de coordonnées perceptuelles : *le modèle triangulaire, le modèle de cône hexagonal, le modèle de cône hexagonal double,...* qui se différencient par les relations exprimant l'intensité, la teinte ou la saturation. Chaque modèle correspond en fait à une projection particulière du cube des couleurs sur l'axe achromatique ou sur le plan perpendiculaire à cet axe.

- L'espace HSL : Cet espace est basé sur le modèle de PRATT. Comme son nom l'indique il est basé sur les trois grandeurs de *Teinte, Saturation et Luminance*. La Figure 2.9 donne une représentation de cet espace. Cet espace est obtenu à partir de l'espace  $RVB$  et est décrit par des équations de transformation.

FIGURE 2.9 – La représentation spatiale du modèle *HSL*

### 2.3.4 Espaces d'axes indépendants

Un des inconvénients des espaces  $(R, G, B)$  est que ses trois composantes sont fortement corrélées. En effet, elles possèdent un fort facteur de luminance réparti sur chacune d'entre elles [OKS80, LCK94, Bed98]. Nous dirons que des composantes sont corrélées si elles portent en elle une information commune. Cette corrélation peut être plus ou moins importante selon les cas. Ainsi, de nombreux auteurs ont tenté de déterminer des systèmes de représentation de la couleur dont les composantes sont indépendantes, c'est-à-dire des composantes qui portent des informations différentes.

L'image est représentée dans différents espaces cela augmente la dimension de l'image. Il existe différentes méthodes de réduction de dimension, la plus célèbre méthode de réduction du nombre de dimensions est l'Analyse en Composantes Principales (ACP). 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. Elle trouve ses origines dans les travaux de HOTELLING [Hot33], KARHUNEN [Kar47] et LOÈVE [M.48].

#### 2.3.4.1 Analyse en composantes principales (ACP)

L'analyse en composantes principales (ACP) est une méthode d'analyse de données. Son but est d'analyser un ensemble de données quantitatives, représentées dans un espace multidimensionnel, afin d'obtenir un espace de représentation de dimension éventuellement réduit dont les composantes, appelées composantes principales, sont décorrélées, c'est-à-dire qu'elles ne portent pas le même type d'information. Dans le cas où les données sont les composantes trichromatiques  $R$ ,  $G$  et  $B$ , par exemple,

l'analyse en composantes principales fournit un espace de représentation de la couleur dont les composantes sont non corrélées et qui peuvent être traitées indépendamment [VAN00].

En général, la réduction du nombre de variables utilisées pour décrire un ensemble de données provoque une perte d'information. L'ACP procède de façon à ce que cette perte d'information soit la plus faible possible, selon un sens précis et naturel que l'on donnera au mot "information". L'Analyse en Composantes principales peut donc être vue comme une technique de réduction de dimensionnalité [Sal11].

*Les différentes opérations de l'ACP sont [BHMN03] :*

1. Le calcul des matrices de covariance et de corrélation de l'image couleur, ce sont des matrices carrées dont la dimension est égale au dimension de l'espace d'image.

Soit  $X_{n \times p}$  une matrice contenant les données (les pixels dans notre cas) :

$$X = \begin{pmatrix} x_{11} & \dots & \dots & x_{1p} \\ x_{21} & \dots & \dots & x_{2p} \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ x_{n1} & \dots & \dots & x_{np} \end{pmatrix}$$

Où  $x_{ij}$  est la valeur de l'individu  $i$  pour la variable  $j$ ,  $j$  représente les coordonnées du pixel dans l'espaces utilisé.

La matrice R des corrélations est définie ainsi :

$$R = \begin{pmatrix} 1 & r_{21} & \dots & r_{1p} \\ r_{21} & 1 & \dots & r_{2p} \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ r_{p1} & r_{p2} & \dots & 1 \end{pmatrix}$$

où  $r_{ij} = \text{corr}(X_i, X_j)$  est le coefficient de corrélation entre les variables  $X_i$  et  $X_j$ .

2. Le calcul des valeurs et vecteurs propres : la matrice R des corrélations est une matrice symétrique. Elle peut être écrite comme suit :  $R = U\Lambda U'$

Où  $\Lambda$  est la matrice des valeurs propres ordonnées telles que  $\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \dots \geq \lambda_p \geq 0$  avec :

$$\Lambda = \begin{pmatrix} \lambda & 0 & \dots & 0 \\ 0 & \lambda & \dots & 0 \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ 0 & 0 & \dots & \lambda \end{pmatrix}$$

Et  $U(p \times p) = (u_1 | u_2 | \dots | u_p)$ , est la matrice des vecteurs propres associés aux valeurs propres.

### 3. Le calcul des composantes principales de l'image couleur

Après le calcul des valeurs propres noté  $\lambda_i$  et d'extraire les vecteurs propres correspondants notés  $u_i$ . Le calcul des nouvelles composantes  $Y_i$  se fait donc par la relation [VAN00] :  $Y_i = u_i X_i^T$

C'est donc une transformation linéaire qui conserve la métrique du système d'origine. La valeur propre correspondant à la première composante est maximale, ce qui signifie que cette composante porte le maximum d'information. Elle est donc la plus discriminante. Les composantes sont ainsi ordonnées en fonction de leur pouvoir discriminant décroissant qui est quantifié par les valeurs propres  $\lambda$  [VAN00].

Dans le domaine du traitement d'images, il n'est pas rare que certains auteurs utilisent l'ACP afin, soit de réduire la dimension de l'espace de représentation, soit de disposer d'un système d'axes indépendants. TOMINAGA réalise l'analyse en composantes principales à partir du système  $(L^*, a^*, b^*)$  afin de segmenter des images couleurs de scènes naturelles par un algorithme de classification [Tom92].

L'ACP est une méthode préliminaire à une méthode de classification car elle permet de déterminer les paramètres qui seront les plus pertinents pour une éventuelle classification [BHMN03].

Le problème de l'analyse en composantes principales est qu'elle dépend des propriétés statistiques d'un ensemble de données. En analyse d'images, il faut donc réaliser l'ACP de chaque image, ce qui est fort coûteux en temps de calcul. Pour éviter ce problème, OHTA tente de déterminer des espaces d'axes indépendants par approximation de la transformation de KARHUNEN-LOEVE, pour un ensemble d'images liées à une application spécifique.

#### 2.3.4.2 Analyse discriminante linéaire (LDA)

Nous venons de voir que l'ACP peut être utilisée pour réduire le nombre de dimensions. Cependant, c'est technique non-supervisée, elle n'utilise donc pas les classes associées aux données. Contrairement à l'ACP, l'objectif de l'Analyse Linéaire Discriminante(LDA) est 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. Dans notre travail, nous avons utilisé la LDA comme une étape de prétraitement pour la segmentation de nos images.

La figure (2.10) 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.

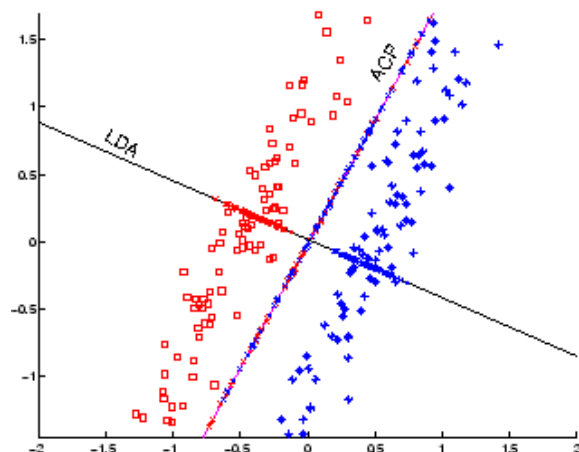


FIGURE 2.10 – Les axes fournis par la LDA et l'ACP suit à une réduction de dimension

Cette approche (LDA) définit la matrice de transformation optimale  $\Omega$  qui maximise le critère de FISHER ( $J$ ) [THF01, Fuk90, DK, Str88]. 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 :

$$J_{LDA}(\Omega) = \frac{|\Omega^T S_B \Omega|}{|\Omega^T S_W \Omega|} \quad (2.1)$$

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 :

$$S_W = \sum_{k=1}^{n_C} \sum_{x_i \in C_k} (x_i - \mu_k)(x_i - \mu_k)^T = \sum_{k=1}^{n_C} S_k \quad (2.2)$$

où :

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

$$\mu_k = \frac{1}{n_{C_k}} \sum_{i \in C_k} x_i \quad (2.3)$$

- $S_k$  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 :

$$S_B = \sum_{k=1}^{n_C} n_{C_k} (\mu_k - \mu)(\mu_k - \mu)^T \quad (2.4)$$

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 estimés, 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 correspond 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  $\lambda_i$  associé aux vecteurs propres  $\omega_i$  de  $V$ .

Finalement, la sélection des vecteurs propres pour la matrice  $\Omega$ , le nombre des vecteurs propres est de  $(C - 1)$ , tel que  $C$  est le nombre de classe [MLP05]. Le calcul des nouvelles composantes  $Y$  à partir des données  $X$  avec la matrice de transformation  $\Omega$ , tel que :

$$Y = \Omega X \quad (2.5)$$

### 2.3.4.3 Espace d'OHTA

Dans le domaine du traitement d'images couleur, une expérience menée par OHTA en 1980 sur une série de huit images différentes a permis de déterminer un espace de représentation de la couleur basé sur une analyse en composantes principales [OKS80]. Il propose de segmenter ces images en régions par la méthode de seuillage récursif de OHLANDER [OPR78] et d'appliquer une analyse en composantes principales à chaque itération de l'algorithme. Il montre alors qu'il existe une transformation unique appelée  $(I_1, I_2, I_3)$  modélisant l'analyse en composantes principales et se montrant tout aussi efficace que cette dernière. Cette transformation est définie par les équations suivantes :

$$\begin{cases} I_1 &= \frac{R+G+B}{3} \\ I_2 &= \frac{R-B}{2} \\ I_3 &= \frac{2G-R-B}{4} \end{cases} \quad (1.8)$$

Nous constatons que la première composante, qui est aussi la plus discriminante, représente la luminance. Les deux autres composantes représentent respectivement une opposition bleu-rouge et une opposition magenta-vert. En somme, il est également possible de considérer l'espace  $(I_1, I_2, I_3)$  comme un espace luminance-chrominance.

## 2.4 Conclusion

Nous venons de présenter un certain nombre de systèmes de représentation de la couleur, chacun ayant des propriétés particulières. Il faut savoir que cette liste est loin d'être exhaustive car il existe de nombreux autres systèmes parfois spécifiques à une application particulière.

Cette multitude de systèmes de représentation de la couleur rend difficile le choix du système de représentation le mieux adapté à un problème donné. De nombreux auteurs se sont heurtés à ce problème, il n'est pas évident de conclure sur la réelle supériorité d'un espace couleur par rapport à un autre. Ce qui paraît évident puisque les différents espaces couleurs ont été conçus au fur et à mesure de différents besoins et certains sont liés soit à des méthodes, concepts, ou des applications spécifiques.

Ce chapitre nous fait donc prendre connaissance des notions fondamentales liées à la couleur que nous utiliserons tout au long de ce travail, nous utiliserons une sélection de cinq espaces couleurs qui sont : *RGB*, *LUV*, *HSL*, *HSV* et *YUV* et qui sont largement utilisés dans la littérature pour le traitement d'images couleur, ce choix est justifié par leurs résultats remarquables.

Dans le chapitre suivant, nous allons étudier comment la couleur peut être exploitée dans un domaine qui nous concerne plus particulièrement, la segmentation d'image couleur.



# Chapitre 3

## Etat de l'art de la segmentation d'images couleurs

### 3.1 Introduction

La segmentation est une étape importante et primordiale dans le processus de traitement et d'analyse d'images qui a pour but de partitionner une image en régions homogènes et regroupés des pixels ayant des propriétés communes suivant des critères prédéfinis, dans le cas d'une image couleur les composantes colorimétriques des pixels sont utilisées.

Voici un exemple de segmentation d'images permettant de montrer ce que l'on entend par régions homogènes [DUB08].

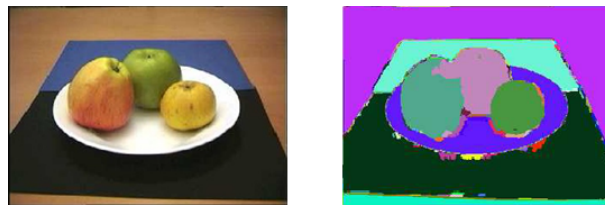


FIGURE 3.1 – Segmentation d'une image couleur

Sur cette image, on voit bien que chaque objet de l'image se voit attribué une couleur, d'où la séparation en régions dites homogènes. Cependant on voit qu'il peut y avoir des défauts de reconnaissance et donc y avoir des confusions entre les régions comme c'est le cas ici entre la pomme du milieu et celle se situant à sa gauche car elles ont une zone en violet commune.

Généralement, les méthodes de segmentation sont regroupées en deux grandes classes : approche contour et approche région. Chacune ayant des avantages et ses domaines d'application et elles sont par fois complémentaires.

### 1. Approche contour :

basée sur la recherche de discontinuités locales ou de transitions détectables de certains paramètres (couleur, intensité, texture) entre différentes zones et régions. Cette approche a en général l'avantage de fournir des contours bien localisés et donner de bons résultats lorsque les régions ont des intensités moyennes différentes. Les méthodes qui extraient les régions sont peu précises sur les contours [Meu05].

La détection des contours par le cerveau humain se fait de manière intuitive ; ce qui n'est pas toujours le cas pour un ordinateur.



FIGURE 3.2 – La détection des contours par le cerveau humain

### 2. Approche région :

basée sur la manipulation directe des régions et regroupements de pixels ayant des attributs communs (couleur, texture,) ces méthodes aboutissent directement à une partition de l'image où chaque pixel est affecté à une région unique, dans cette approche les méthodes de classification sont beaucoup utilisées.

## 3.2 Segmentation couleur

L'emploi de la couleur en segmentation d'images est un sujet de recherche relativement récent. L'évolution de la puissance et de la capacité de stockage des ordinateurs a fourni un regain d'intérêt à l'utilisation d'images couleur depuis quelques années. Bien que l'on trouve plusieurs sortes d'algorithmes de segmentation couleur, la littérature n'est pas aussi riche que pour les images en niveaux de gris. Pourtant les chercheurs ont pensé assez tôt à utiliser la couleur pour segmenter des images. En effet, la couleur étant une information que l'on attache directement et naturellement aux régions, une segmentation couleur devrait permettre d'obtenir des régions qui soient davantage significatives [Oli00].

Avant de rappeler les différentes méthodes de segmentation couleur que l'on peut trouver dans la littérature, il nous semble important de préciser en quoi celles-ci

peuvent varier. Les méthodes de segmentation couleur présentent plusieurs particularités et que l'on retrouve systématiquement [Oli00] :

1. La méthode utilisée : elle caractérise la manière d'extraire les régions d'une image grâce à son information couleur. Ces méthodes sont variées et nous les verrons par la suite.
2. L'espace couleur utilisé : c'est le choix de cet espace couleur qui pose la principale difficulté pour le traitement des images couleur. Chaque espace possède ses propres caractéristiques et peut présenter un intérêt particulier pour un type d'application. Généralement les méthodes proposées dans la littérature se veulent fonctionner quelque soit l'espace considéré, mais aucun test approprié n'est généralement donné pour choisir l'espace couleur adéquat en fonction de la méthode de segmentation. En ce sens que ce choix ne semble pouvoir être fait qu'une fois la méthode de segmentation mise en place. Plusieurs travaux se sont attachés à comparer une méthode dans différents espaces couleur [OKS80, JH94, SRWG93], mais le choix de l'espace couleur n'en est pas facilité pour autant. D'autres travaux contournent la difficulté en choisissant d'utiliser plusieurs espaces couleur en même temps.

Le principal problème réside donc dans le choix de l'espace couleur pour la résolution d'une application donnée et en fonction de la méthode de segmentation employée [Oli00].

3. La métrique utilisée : La distance *euclidienne* et la distance de *Mahalanobis* sont les plus communément utilisées. Le problème de la mesure des différences colorimétriques est un des plus importants problèmes qui se pose pour l'analyse de la distribution des couleurs. Evidemment une métrique particulière peut-être utilisée, ceci dépend de l'espace couleur utilisé et de la méthode de segmentation. Par exemple SCHETTINI [R.93] utilise la distance de *Fisher* pour définir une mesure de similarité entre des régions couleur adjacentes, TREMEAU [AN97] utilise la distance de *Mahalanobis* afin de prendre en compte la dispersion des couleurs autour de la couleur moyenne. On notera aussi la distance de *Stiles* [PRM97, GW82] qui a l'avantage d'être fidèle à la perception des couleurs.

On retrouve de façon similaire ce problème de choix de la métrique en niveaux de gris, mais en couleur ce problème est directement lié à la mesure de la perception des couleurs. Pour résumer, le choix de la métrique se fait d'une part, suivant la précision que l'on souhaite atteindre dans la mesure des différences colorimétriques et d'autre part suivant le respect (en terme de distance) de la perception des couleurs [Oli00].

### 3.3 La segmentation d'images couleur en régions

En général, la segmentation est considérée comme une étape de traitement "*bas niveau*" de l'image. Elle consiste à partitionner cette dernière en un ensemble de régions homogènes ou à détecter les contours (recherche des discontinuités locales) en se basant sur un calcul de statistiques sur l'image. Une grande variété de techniques existante dans la littérature permet de réaliser ces tâches. Dans ce travail nous nous intéressons à la segmentation d'images couleur en régions. Nous présentons les principales méthodes que l'on peut trouver dans la littérature à savoir [GHA10] :

- La segmentation basée sur la classification des pixels.
- La segmentation basée sur l'analyse des caractéristiques spatiales.
- La segmentation basée sur la morphologie mathématique.

#### 3.3.1 La segmentation basée sur la classification des pixels

De nombreux travaux sur la classification des pixels qui consiste à affecter à chaque pixel de l'image une classe qui définit les régions à extraire de l'image, ont vu le jour [Cel90, Rob98, AEt98, Pap92, OKS80, Soi96, PYL98]. Nous présentons dans cette section trois techniques de classification pixellaire permettant la construction de classes de pixels. La première technique correspond à une classification par *seuillage d'histogramme* et les deux autres techniques correspondent à une classification des pixels «supervisées» et une classification des pixels «non-supervisées». Nous entrerons plus en détails dans la classification des pixels *non-supervisées* en présentant différents algorithmes [Meu05].

##### 3.3.1.1 Définition d'un classifieur

Un classifieur désigne tout outil de reconnaissance qui pour un vecteur reçu en entrée, donne des informations sur sa classe d'appartenance. Cet outil peut s'écrire sous la forme d'une fonction  $e$ , qui à l'aide de descripteur d'un vecteur  $x$  à reconnaître, attribue à  $x$  la classe  $C_i$  parmi  $k$  classes possibles ( $i \in [1, k]$ ). Nous pouvons alors définir un classifieur par la relation suivante où l'ensemble  $K = C_1, \dots, C_k$  :

$$e : x \in R^n \longrightarrow K \quad (3.1)$$

Dans notre travail, la réponse fournie directement en sortie de classification pixellaire sera considérée 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 :

$e(x) = C_i$ , indique que le classifieur a attribué la classe  $C_i$  à  $x$ .

### 3.3.1.2 Seuillage d'histogramme

Les méthodes de seuillage d'histogramme reposent sur l'exploitation de l'histogramme caractérisant la distribution spectrale de l'image. Elles ont pour objectif de segmenter une image en plusieurs classes différentes où chaque pic de l'histogramme est associé à une classe. Les approches existantes dans la littérature utilisent l'histogramme dans ces trois versions [GHA10] :

a. Seuillage d'histogramme tridimensionnel (3D)

Ces méthodes d'analyses d'histogramme se basent uniquement sur l'aspect vectoriel de la couleur. Généralement l'extraction des modes d'histogrammes 3D se fait à l'aide des techniques issues de la morphologie mathématique qui sera présentée ultérieurement. Ces techniques de seuillage sont assez rares dans la littérature à cause du fort coût en temps de calcul et la complexité algorithmique qu'elles représentent.

POSTAIRE ET ZHANG [PZ93] développent une méthode de seuillage d'histogramme 3D, basée sur la morphologie mathématique, permettant d'obtenir une image binaire dans laquelle les centres des classes apparaissent. Dans [PZ94] ils proposent d'augmenter la différence entre les classes en procédant par une étape de prétraitement de l'histogramme 3D basée sur un filtrage morphologique. SHAFARENKO ET AL. [SPk98] utilisent l'algorithme de la ligne de partage des eaux (LPE) pour segmenter des histogrammes 2D et 3D d'une image couleur suivie par une étape de post traitement.

b. Seuillage d'histogramme bidimensionnel (2D)

Afin de réduire la complexité d'analyse d'images couleurs dans l'espace 3D, de nombreux auteurs n'hésitent pas à ignorer l'un des trois plans chromatiques et procèdent de façon à avoir une vue partielle de la corrélation entre les différentes composantes de l'espace mesuré.

LEZORAY ET AL. [LC03], proposent une méthode de seuillage 2D dans l'espace couleur RVB, en combinant deux composantes telles que RV, RB, VB. L'histogramme de chaque composante est simplifié par des opérations d'érosion morphologique pour extraire les pics significatifs de l'histogramme 2D. Dans [LL07], ils proposent de filtrer l'histogramme 2D qui sera ensuite reconstruit par un processus de reconstruction morphologique. À partir de cet histogramme régularisé, les classes dominantes sont recherchées par l'intermédiaire de l'algorithme K-means.

c. Seuillage d'histogramme monodimensionnel (1D) Les méthodes d'analyse d'histogramme monodimensionnel sont les méthodes les plus utilisées en raison de leur capacité à réduire la complexité d'un traitement dans l'espace couleur 3D

ou dans l'espace 2D. Cette approche est une approche marginale qui considère l'histogramme de chaque composante couleur séparément sur lequel des seuils sont calculés. Les résultats sont combinés pour obtenir l'image finale classifiée selon plusieurs méthodes comme l'intersection, la théorie de l'évidence [Sha76] ou la théorie bayésienne.

LEZORAY ET AL. [Lez03] procèdent à une approche marginale qui tend à calculer les valeurs des seuils en divisant l'histogramme de chaque composante en différentes classes. Ces seuils sont obtenus par l'application de l'algorithme de *la ligne de partages des eaux* qui sera détaillé dans la suite de ce travail.

BUSIN ET AL. [BVM<sup>+</sup>04] proposent une méthode de seuillage multidimensionnelle qui agit en sélectionnant différents espaces couleurs dans lesquels les modes de l'histogramme 1D correspondent effectivement à des régions dans l'image.

L'avantage de ces différentes approches de classification des pixels est qu'elles sont non-supervisées et qu'elles sont largement exploitées en littérature. En revanche, elles souffrent du fait que l'information spatiale est négligée ainsi que la non prise en compte de la corrélation entre les différentes composantes de l'espace couleur. Par conséquent, des étapes de réajustement suivent souvent ces méthodes de classification [GHA10].

### 3.3.1.3 Classification de pixels non supervisée

La classification de pixels non supervisée appelée aussi classification de pixels sans apprentissage consiste à découper l'espace de représentation en zones homogènes selon un critère de vraisemblance entre les individus. Cette approche est utilisée pour effectuer une classification de pixels en aveugle c'est-à-dire sans connaissance a priori sur l'image et ne nécessite donc pas de phase d'apprentissage.

Néanmoins, notre travail s'articulant autour d'images numériques couleur et ayant pour application l'imagerie microscopique médicale où la principale information dont nous disposons est la couleur, cette information sera utilisée comme critère de vraisemblance.

Ces méthodes analysent, dans l'espace couleur considéré, les nuages formés par les points associés aux pixels et tentent de retrouver  $k$  nuages correspondant aux  $k$  classes de pixels de l'image (fig. 3.3 et fig. 3.4).

Nous allons à présent présenter trois des algorithmes de classification de pixels non-supervisée à savoir :

1. L'algorithme des  $k$ -moyennes ;
2. L'algorithme des  $C$ -moyennes floues ;
3. L'algorithme de Fisher.

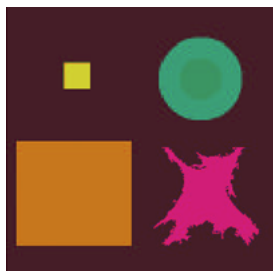


FIGURE 3.3 – Image originale

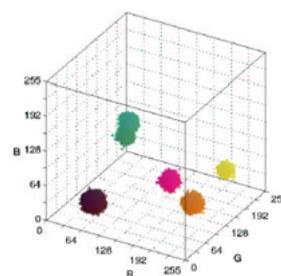


FIGURE 3.4 – Nuages de points dans l'espace des couleurs

### 1. Algorithme des k-moyennes

L'un des algorithmes les plus connus, pour la classification est l'algorithme *K-means* largement adopté en traitement d'images vu sa simplicité de mise en œuvre et sa capacité à fournir une bonne approximation de la segmentation recherchée.

C'est un algorithme itératif qui minimise la somme des distances entre chaque pixel et le centroïde de son cluster. Ces centroïdes sont initialement placés le plus loin possible les uns des autres afin d'optimiser la qualité des résultats obtenus. Le principe de cet algorithme consiste à échanger des pixels entre deux classes jusqu'à ce que la somme des distances intra classes ne puisse plus diminuer. Le résultat idéal serait un ensemble de clusters compacts et clairement séparés.

Néanmoins cette méthode nécessite comme unique paramètre un nombre de classes  $K$  prédéfini a priori par l'utilisateur [GHA10].

La figure 3.5 présente le résultat obtenu de l'application de l'algorithme *K-means* sur une image test où le nombre de classe  $K$  a été choisi arbitrairement. Sur cette image, nous remarquons qu'un mauvais choix de la valeur de  $K$  conduira à un résultat qui n'a pas de rapport avec l'image originale.

FIGURE 3.5 – (a) l'image originale, (b) l'image classée par K-means avec  $K=3$ , (c) l'image classée par k-means avec  $K=5$ 

Les résultats de classification établis par l'algorithme des k-moyennes peuvent fluctuer selon les paramètres d'entrées qui sont [Meu05] :

- le paramètre  $k$  correspondant au nombre de classes fixé par l'utilisateur. Ce paramètre peut être fixé de deux manières possibles : soit en utilisant des connaissances à priori sur l'image à traiter, soit de manière empirique en essayant différentes valeurs de  $k$  et en choisissant celle qui maximise un critère de qualité du résultat obtenu. La figure 3.6 illustre le résultat de la classification sur une partie d'une image de microscopie bronchique pour différentes valeurs de  $k$ . Nous pouvons constater qu'une valeur de  $k$  plus élevée (ex.  $k = 4$ ) que le nombre de classes désirées en sortie (ex.  $k = 2$ ) entraîne une classification plus fine.

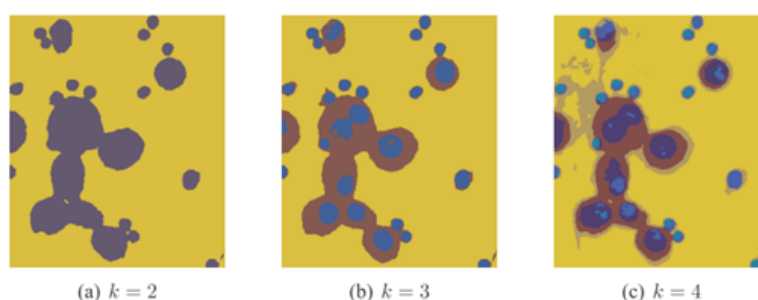


FIGURE 3.6 – Visualisation du nombre de classes

- la position initiale des centres de gravité des différentes classes. Dans de nombreux cas, les centres de gravité des classes sont initialisés de façon aléatoire, mais une alternative consiste à les fixer manuellement à une valeur proche des couleurs 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.

A contrario, cela peut engendrer (surtout dans le cas d'utilisation d'images réelles) des erreurs de classification pouvant être dues au recouvrement des distributions colorimétriques de certaines régions. A titre d'illustration, nous montrons sur la figure 3.7 que les points sont situés près de l'axe de luminance (la corrélation entre composante est élevée) et donc qu'il est assez difficile de fixer manuellement le centre de gravité de certaines classes.

## 2. Algorithme des C-moyennes floues (FCM)

L'algorithme des C-moyennes floues (*Fuzzy C-means*) diffère peu de l'algorithme des k-moyennes si ce n'est qu'il est basé sur une classification floue. Il n'associe pas directement une classe  $C_i$  à un pixel  $x$  de l'image mais plutôt un degré d'appartenance à une classe (compris entre 0 et 1). Il est basé sur l'optimisation d'un critère quadratique où la somme des écarts quadratiques intra-classes doit être minimale [Meu05].



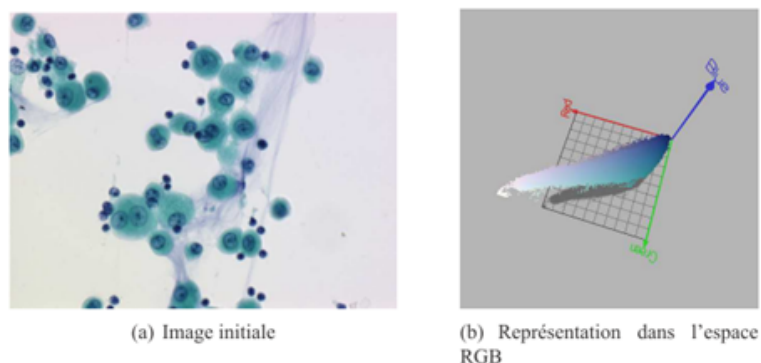


FIGURE 3.7 – Représentation d'une image dans l'espace RGB

Les deux paramètres d'entrées de cet algorithme devant être définis au préalable sont respectivement le paramètre de flou  $m$  et le nombre de classes  $k$ . Mais notons que FRIGUI ET KRISHNAPURAM [FK96] proposent une méthode permettant de trouver automatiquement le nombre de classes.

Dans notre travail *segmentation d'image couleur microscopique de cytologie* nous utiliserons l'algorithme de classification de pixels non-supervisé : *C-moyennes Floues (Fuzzy C-means)*. Nous détaillons cet algorithme *FCM (Fuzzy C-means)* et nous proposons deux autres approches de segmentation d'images couleur (*FCM\_S1* et *FCM\_S2*) avec la prise en charge des contraintes spatiales dans un chapitre à part.

### 3. Algorithme de Fisher

L'algorithme de FISHER [Fis36, Fis36] consiste à effectuer une classification de pixels de l'image en  $k$  classes, en utilisant le partitionnement d'un histogramme de niveaux de gris en  $k$  classes disjointes tel que la somme des variances des classes soit minimale. Dans le cadre de la couleur, il convient d'appliquer cet algorithme séparément sur les trois composantes de l'espace de représentation couleur. La figure 3.8 illustre une classification pixellaire effectuée par l'algorithme de FISHER sur la composante  $L$  de l'espace  $HSL$  et sur deux images d'une base de tests.

#### 3.3.1.4 Classification de pixels supervisée

La classification de pixels supervisée appelée aussi classification de pixels avec apprentissage consiste à définir une fonction de discrimination effectuant un découpage de l'espace de représentation à partir d'une connaissance a priori de l'image.

Ce type de classification nécessite la création d'une base d'apprentissage faisant intervenir une segmentation de référence. La taille de cette base d'apprentissage doit

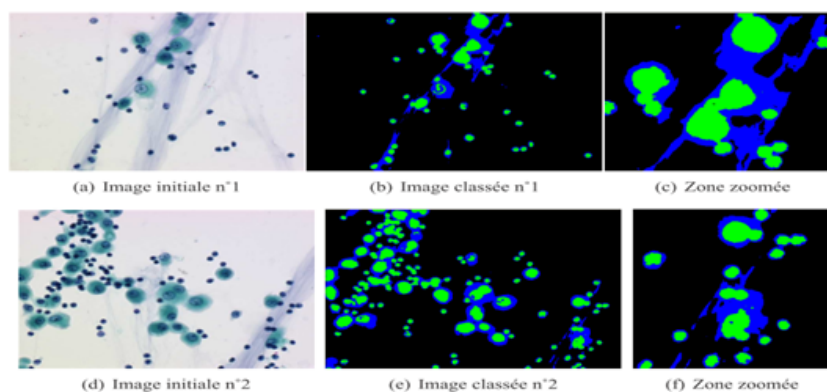


FIGURE 3.8 – Classification pixelaire par l'algorithme de Fisher sur la composante L de l'espace HSL

être choisie avec précaution. En effet, l'augmentation de la taille de cette base pour certains algorithmes comme celui des *SVM* ou des *k-PPV* améliore très légèrement le taux de classification comme le montre le tableau 3.1 mais entraîne 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. Les valeurs données dans ce tableau représentent des indices de qualité sur la reconnaissance du cytoplasme et du noyau des globules blancs calculés à partir d'une méthode d'évaluation spécifique à la microscopie [Meu05].

Base d'apprentissage	$Indice_{cytoplasme}$	$Indice_{noyau}$
Base n°1 (334 exemples)	77.4%	74.2%
Base n°2 (1002 exemples)	78.2%	75%

TABLE 3.1 – Influence du nombre d'exemples dans la base d'apprentissage avec l'algorithme des *SVM* dans l'espace de représentation *RGB*

Nous allons à présent présenter quatre algorithmes de classification de pixels supervisée à savoir :

1. Algorithme des k-plus proches voisins
2. Algorithme de Bayes
3. Algorithme des Machines à support de vecteurs
4. Algorithme des Réseaux de Neurones Multi Couches

#### 1. Algorithme des k-plus proches voisins

La méthode des k-plus proches voisins (*k-PPV*) est une méthode d'estimation

non paramétrique de densité [MST94, DHS01]. Elle consiste à rechercher à partir d'une base d'apprentissage et d'une distance définie sur l'espace des données les  $K$  plus proches voisins d'un élément. Ce qui revient à calculer l'estimation de densité  $r_i$  de la classe  $C_i$  au point  $x$  défini par la relation suivante :

$$r_i(x) = \frac{k_i(x)}{n_i \times V(x)} \quad (3.1)$$

où  $k_i(x)$  est le nombre de points de  $C_i$  appartenant aux  $k - PPV$  de  $x$ ,  $n_i$  est le cardinal de la classe  $C_i$  et  $V(x)$  le volume de la plus petite boule contenant le  $k - PPV$  de  $x$ .

La probabilité d'appartenance à une classe de cet élément  $x$  est alors proportionnelle au nombre d'exemples de cette classe parmi ses  $k - PPV$ . La classe de l'élément  $x$  est alors celle ayant la plus grande probabilité. Les résultats dépendant fortement de la valeur de  $k$ , il convient de choisir une valeur minimisant le risque d'erreur déterminé à partir d'une base de tests.

La figure 3.9 illustre une classification pixellaire effectuée par l'algorithme des  $k - PPV$  sur deux images d'une base de tests.

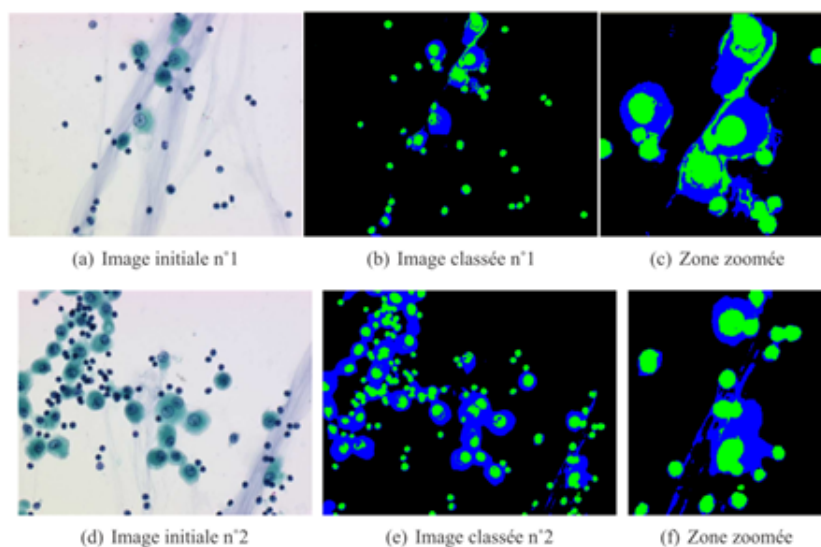


FIGURE 3.9 – Classification pixellaire par l'algorithme des  $k - PPV$

## 2. Algorithme de Bayes

Cet algorithme de classification est basé sur la théorie de décision *Bayésienne* [CP95]. La méthode utilisée est une approche statistique supposant que le problème de classification peut être exprimé en termes probabilistes. L'hypothèse de base est généralement que la fonction de densité de probabilité d'un pixel

$x$  d'appartenir à une classe  $C_i$  est de forme gaussienne. L'algorithme de *Bayes* cherche à déterminer pour chaque élément  $x$  la classe  $C_i$  qui maximise la probabilité de contenir cet élément.

$$f(x, C_i) = -\frac{1}{2}(x - \mu_i)^T \Sigma_i^{-1} (x - \mu_i) - \frac{1}{2} \log |\Sigma_i| - \log p_i + \frac{k}{2} \log 2\Pi \quad (3.2)$$

où  $k$  est le nombre de classes,  $\mu_i$  la moyenne des éléments de la classe  $C_i$ ,  $\Sigma_i$  la matrice de variance-covariance et  $p_i$  la probabilité a priori de la classe  $C_i$ .

La figure 3.10 illustre une classification pixellaire effectuée par l'algorithme de *Bayes* sur deux images d'une base de tests.

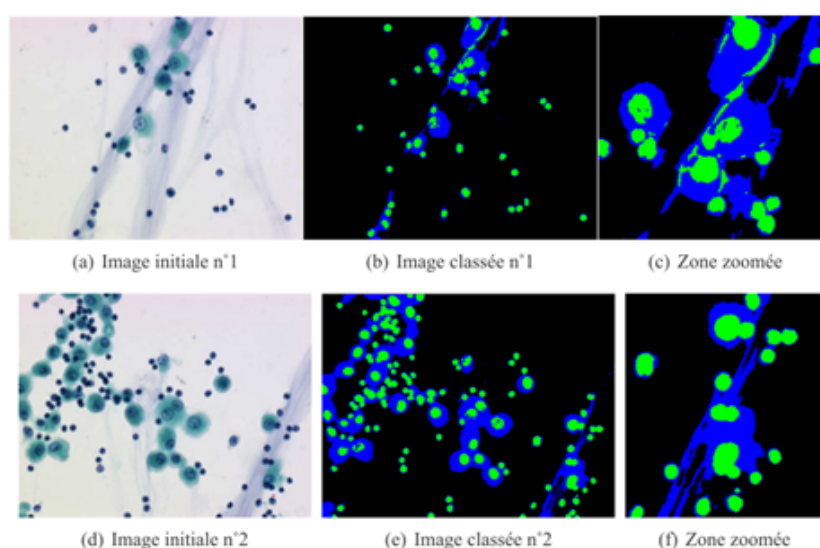


FIGURE 3.10 – Classification pixellaire par l'algorithme de *Bayes*

### 3. Algorithme des Machines à support de vecteurs

Les méthodes des *Machines à support de vecteurs* (*Support Vector Machines* : *SVM*) ont reçu une attention considérable ces dernières années et un grand nombre d'applications sont décrites dans la littérature [CST00, DKS05, Cri05]. L'objectif des *SVM* est de maximiser la marge de séparation entre les classes. Une marge importante implique une faible dimension de VAPNIK ET CHERVONENKIS [VC71], qui a pour conséquence de bonnes performances en généralisation. Les *SVM* sont des algorithmes d'apprentissage faisant l'hypothèse que les éléments sont linéairement séparables s'ils sont préalablement projetés dans un espace à grande dimension adéquat. La projection est réalisée par l'utilisation de fonctions *kernel*  $k(.,.)$ .

La fonction la plus utilisée est *le noyau gaussien* qui réalise cette projection de façon implicite [Vap98].

$$k(x_i, x_j) = \exp\left(\frac{-\|x_i - x_j\|^2}{2\sigma^2}\right) \quad (3.3)$$

La recherche du meilleur hyperplan de séparation peut alors se formaliser comme un problème de programmation quadratique sous contrainte linéaire. L'hyperplan fournit par les *SVM* est ainsi représenté comme une combinaison linéaire de certains exemples de la base d'apprentissage appelés vecteurs de support.

Il existe plusieurs algorithmes pouvant résoudre le problème cité ci-dessus. Le plus compétitif étant l'algorithme *Séquentiel Minimal Optimisation (Optimisation Minimum Séquentiel)* [Pla98].

La figure 3.11 illustre une classification pixellaire effectuée par l'algorithme des *SVM* sur deux images d'une base de tests.

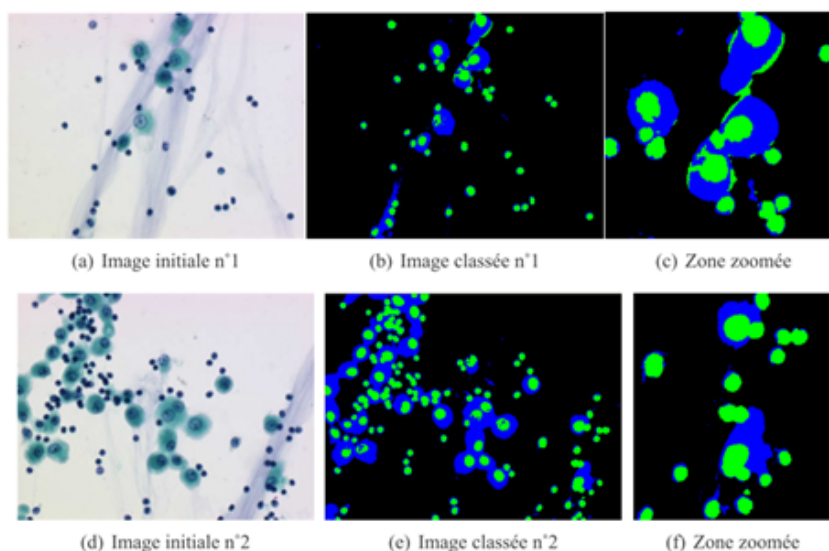


FIGURE 3.11 – Classification pixellaire par l'algorithme des *SVM*

#### 4. Algorithme des Réseaux de Neurones Multi Couches

Les réseaux de neurones multicouches (*MLP : Multi Layer Perceptron*) sont utilisés depuis de nombreuses années dans le domaine de la classification étant donné leurs bons résultats. L'idée principale des *MLP* est de grouper des neurones par couche et de connecter complètement les neurones des couches adjacentes.

Typiquement, les couches sont organisées de la façon suivante : une couche d'entrée (paramètres caractérisant un objet), une ou plusieurs couches cachées (augmentant les possibilités d'apprentissage), et une couche de sortie (fournissant la classe trouvée pour un objet).

La phase d'apprentissage consiste à modifier les poids reliant les neurones de façon à ce que la classe en sortie correspond à celle de l'objet présenté en entrée. Cette modification est effectuée par un algorithme de *rétro-propagation* [HJ94]. 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. La figure 3.12 illustre une classification pixellaire effectuée par l'algorithme des Réseaux de Neurones Multi Couches sur deux images d'une base de tests.

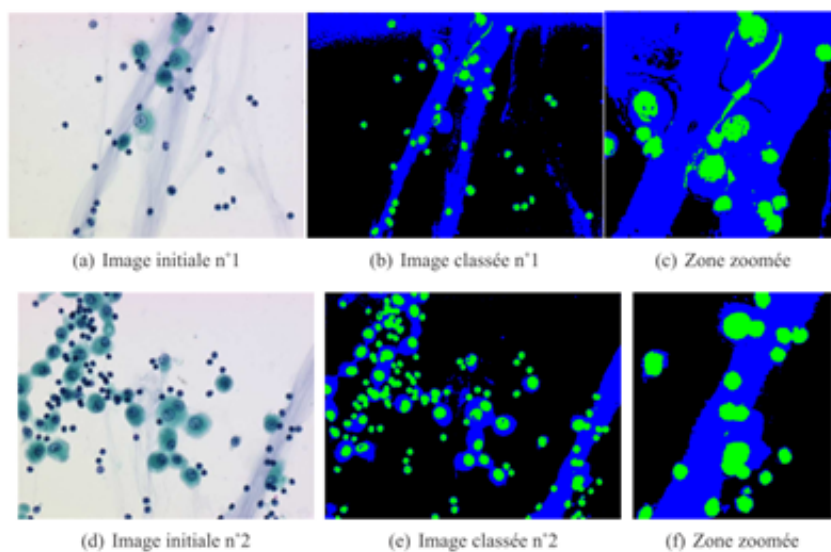


FIGURE 3.12 – Classification pixellaire par l'algorithme des *RNNC*

### 3.3.1.5 Classification spatio-colorimétrique des pixels

Les méthodes de classification pixellaire que nous venons de présenter ne prennent pas en compte l'interaction spatiale entre les pixels. Certains auteurs ont donc cherché à définir des méthodes de classification spatio-colorimétrique [Meu05].

CHANG ET AL. [CST94] proposent une généralisation de l'algorithme *k-means* basée sur les travaux de PAPPAS [Pap92] qui considère la segmentation d'images couleurs comme l'estimation maximum a posteriori (MAP).

MACAIRE [Mac04] présente une stratégie qui consiste à sélectionner des domaines couleur de l'espace couleur qui définissent des sous ensembles couleur constitués de pixels fortement connexes dans l'image et ayant des couleurs les plus homogènes possible.

ORCHARD ET BOUMAN [OB91] proposent une classification de pixels qui minimise des écarts quadratiques inter-classes pondérés par un facteur tenant compte de l'inter-

action spatiale entre les pixels. L'idée consiste à pondérer les erreurs de classification en fonction d'un degré d'uniformité des différentes zones de l'image.

Ainsi que l'algorithme *C-moyennes floues (Fuzzy c-means FCM)* a été modifié afin de prendre en compte les contraintes spatiales, dans notre travail de segmentation d'images couleurs nous avons utilisé l'algorithme classique *FCM* ainsi que ses variantes *FCM\_S1* et *FCM\_S2* qui intègrent les contraintes spatiales des pixels adjacents dans les images couleurs. Ces algorithmes seront détaillés dans le prochain chapitre.

### 3.3.2 La segmentation basée sur l'analyse des caractéristiques spatiales

Toutes les méthodes de segmentation qui ont été présentées ci-dessus agissent selon l'information spectrale. Cependant une deuxième information spatiale semble être un critère indispensable pour améliorer la qualité de la segmentation.

Les algorithmes de segmentation basés sur l'analyse des caractéristiques spatiales prennent en compte l'information spatiale des pixels dans l'image et traitent donc les pixels de façon spatio-colorimétrique. Ces méthodes se répartissent selon deux approches à savoir :

- Les méthodes ascendantes regroupant les pixels par croissance de régions à partir de germes précédemment extraits.
- Les méthodes structurelles qui agissent directement sur une image de régions.

#### 3.3.2.1 Méthodes ascendantes

Les méthodes ascendantes par *croissance de régions (Region growing)* proposées par plusieurs auteurs dont CHASSERY ET GARBAY [CG84], ZUGAJ ET LATTUATI [Pla98], TRÉMEAU ET BOREL [AN97] et MONGA [Mon87] consistent à agréger aux régions, les pixels adjacents d'une image selon un certain critère de similarité.

L'image est préalablement décomposée en plusieurs régions qui se trouvent ensuite regroupées de manière itérative selon un critère de similarité colorimétrique. La méthode de CHASSERY ET GARBAY [CG84] pionnière dans ce domaine peut être décomposée en deux phases qui sont respectivement une phase d'initialisation et d'agrégation.

1. La première phase consiste à initialiser une région à partir d'un germe d'une zone de l'image non encore segmentée ;
2. La deuxième phase consiste en une opération de croissance où chaque pixel est agrégé à une région si le critère de similarité est inférieur à un seuil. L'auteur

définit ici le critère de similarité comme une distance entre la couleur du pixel candidat et la couleur de référence de la région.

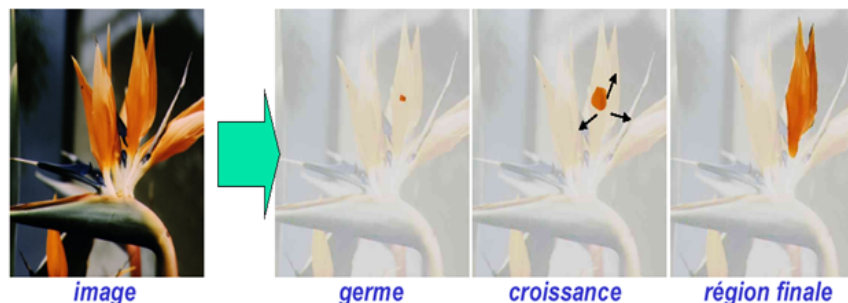


FIGURE 3.13 – Méthode de ségmentation ascendante

Des variantes de cette méthode ont été proposées par MOGHADDAMZADEH ET BOURKABIS [MB97], SHAFFARENKO ET PETROU [SPK97] et par TRÉMEAU ET BOREL [AN97] qui proposent d'autres critères de similarité colorimétriques prenant en compte l'information spatiale et colorimétrique. En voici une liste non exhaustive :

- un critère de similarité local s'assurant que les couleurs respectives de deux pixels voisins d'une même région sont relativement proches ;
- un critère de similarité moyen vérifiant que la couleur d'un pixel ajouté à une région soit relativement proche de la couleur moyenne de ses voisins appartenant déjà à la région ;
- le nombre minimal de pixels voisins du pixel candidat et appartenant déjà à la région.

Le résultat d'une segmentation par croissance de régions dépend fortement du réglage des différents paramètres (sélection des germes, réglage des seuils, ordre de construction des régions et critère de similarité). Un mauvais choix de l'un d'entre eux peut entraîner des problèmes de sous ou de sur-segmentation. Mais en règle générale, ces méthodes fournissent de bons résultats sur l'extraction des régions homogènes de l'image mais s'avèrent moins performantes sur la qualité des contours [Meu05].

De nombreux algorithmes de segmentation existants dans la littérature combinent le processus de croissance de régions avec la *morphologie mathématique* [Kan98, Mey92, MLCE05]. Ils procèdent d'abord à l'extraction des marqueurs par des opérations de morphologie mathématique (sélection des minima du gradient couleur, ouverture et fermeture morphologique). Ensuite, un processus de croissance de régions basé sur la *ligne de partage des eaux* prend lieu à partir de ces marqueurs diminuant ainsi le nombre des régions segmentées.



### 3.3.2.2 Méthodes structurelles

Les méthodes structurelles peuvent être classées en deux catégories :

1. La division-fusion de régions reposant sur une structuration de l'image en régions faisant intervenir leur adjacences.
2. La fusion de régions intervenant comme un post-traitement à l'étape de segmentation à la suite d'une sur-segmentation de l'image.

#### 1. Approche division-fusion de régions (Split-and-Merge)

En 1974, HOROWITZ ET PAVLIDIS [HP74] ont proposé un algorithme de *division-fusion (split-and-merge)* pour des images en niveaux de gris, basé sur une structure arborescente appelée *tétra-arbre (Quadtree)*. Cet algorithme est décomposé en deux étapes :

- (a) Dans la première étape, chaque bloc (correspondant à un nœud du tétra-arbre) est analysé de sorte à savoir s'il doit être divisé en quatre sous blocs et ce jusqu'à ce que chaque sous-bloc respecte un prédicat d'homogénéité ;
- (b) Dans une deuxième étape, une fusion de blocs adjacents possédant des caractéristiques colorimétriques identiques est réalisée.

L'adaptation de cette technique aux images couleurs n'est pas sans poser quelques problèmes dans la définition du prédicat d'homogénéité. Les auteurs se consacrent alors à la définition de nouveaux algorithmes. COUTANCE [Cou91] propose dans une première étape de diviser un bloc en quatre sous blocs si la somme des variances des trois composantes  $R$ ,  $G$  et  $B$  des pixels d'un bloc est supérieure à un seuil fixé et dans une deuxième étape de fusionner les blocs adjacents si la distance entre les couleurs moyennes des pixels de chaque bloc est inférieure à un seuil fixé.

L'inconvénient de cette approche basé sur un tétra-arbre réside dans le découpage de l'image. En effet le découpage carré ne permet pas toujours de prendre en compte la forme des régions de l'image. PANJWANI ET HEALEY [PH95] proposent une approche de division-fusion basée sur les *champs de markov* prenant en compte les interactions spatiales et colorimétriques entre les pixels mais très coûteuse en temps de calcul.

#### 2. Approche fusion de régions

Dans un cadre de la segmentation d'image, il n'est pas rare d'obtenir une image présentant un nombre de régions trop important au regard d'un problème donné. Ceci peut par exemple être du à l'utilisation de certaines méthodes de segmentation ou à une valeur de paramètre non adaptée.

Une approche par fusion de régions peut alors être utilisée en post-traitement de l'étape de segmentation afin de réduire cette sur-segmentation de l'image.

Les algorithmes de fusion de régions diffèrent les uns des autres par le critère de fusion, l'ordre de fusion et parfois le modèle de régions qu'ils utilisent. L'algorithme de SAARINEN [Saa94] par exemple, pondère chaque arête du graphe proportionnellement à la distance colorimétrique entre les deux régions et à chaque itération, les régions reliées par l'arête qui porte le poids minimal sont fusionnées.

L'algorithme de TRÉMEAU ET COLANTONI [TC00] utilise quant à lui trois critères spatio-colorimétriques de fusion que nous présentons ci-après et devant être impérativement respectés pour que deux régions adjacentes puissent être fusionnées.

- la distance colorimétrique entre la couleur moyenne des deux régions adjacentes doit être inférieure à un seuil fixé ;
- la distance colorimétrique entre la couleur d'une région et la couleur moyenne des régions adjacentes doit être inférieure à un seuil fixé. En d'autres mots, la région considérée ne doit pas être trop éloignée colorimétriquement de l'ensemble des régions qui lui sont adjacentes ;
- la région considérée doit être non seulement proche colorimétriquement de la région avec laquelle elle va fusionner mais également de toutes celles ayant déjà fusionné avec cette dernière.

### 3.3.3 La segmentation basée sur la morphologie mathématique

*La morphologie mathématique* est une théorie d'analyse des structures spatiales dont les premiers concepts ont été introduits par SERRA [Ser82] pour étudier la forme et la structure des objets dans l'image. Les outils de *morphologie mathématique* proposés ont été développés au départ pour le traitement d'images binaires en faisant appel à la morphologie mathématique ensembliste. Leur utilisation a été ensuite étendue aux images en niveaux de gris : on parle à ce moment, de morphologie mathématique fonctionnelle. Désormais, certains opérateurs fonctionnent sur les images couleurs comme *la ligne de partage des eaux*.

*La ligne de partage des eaux (L.P.E) (Watershed)* est l'outil de base pour la segmentation d'images par morphologie mathématique [LP91, Ser82, MJ89].

La *LPE* utilise la description de l'image en terme géographique. L'idée de base est de considérer l'image comme un relief topographique, où la valeur du niveau de gris représente l'altitude, la figure 3.14 montre une image de cytologie et l'image d'altitude correspondante. Ensuite, elle cherche les lignes qui séparent les différentes zones de

l'image [GHA10].

Il est alors possible de définir la ligne de partage des eaux comme étant la crête formant la limite entre deux bassins versants. 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 minima. La ligne de partage des eaux est représentée par les points où deux lacs disjoints se rejoignent au cours de l'immersion. La figure 3.15 montre le principe de la *LPE* [LB08].

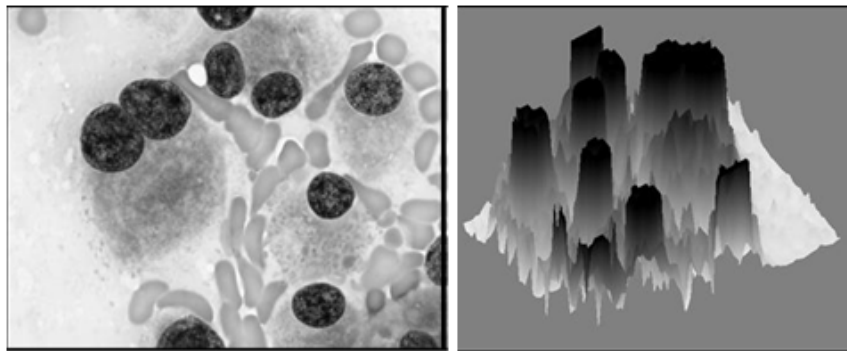


FIGURE 3.14 – Une image de cytologie et l'image d'altitude correspondante

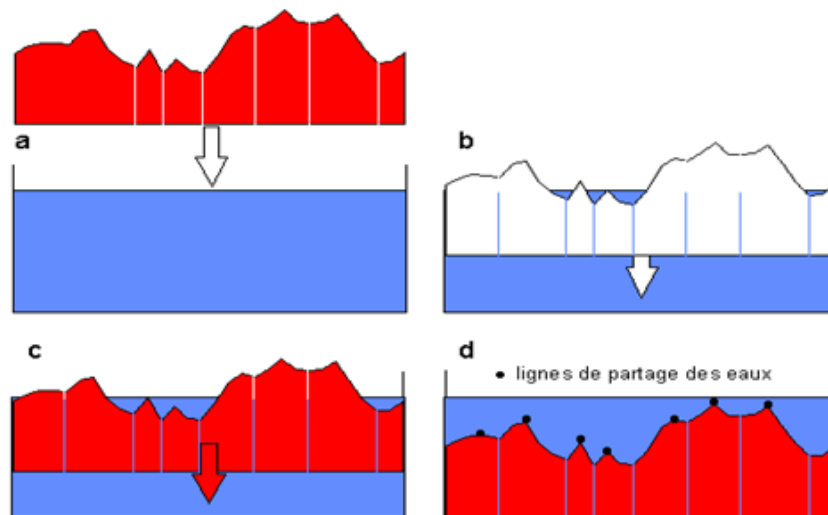


FIGURE 3.15 – Principe de la Ligne de Partage des Eaux *LPE*

Il existe différents algorithmes pour le calcul de la *LPE* qui opère généralement sur un gradient de l'image. En premier temps, cette technique a été utilisée pour segmenter les images en niveau de gris puis son utilisation a été étendue aux images couleurs. Pour utiliser la couleur à travers la *LPE*, plusieurs choix sont possibles [PH95] :

- on peut calculer la *LPE* sur chacune des composantes couleurs séparément et combiner ensuite les résultats.
- On peut calculer la *LPE* directement sur l'image couleur ou encore sur le gradient de l'image couleur.

MEYER [Mey92] a proposé un algorithme de *LPE* pour segmenter les images couleur qui s'apparente à une méthode de croissance de régions. La croissance de régions est initialisée à partir de marqueurs obtenus par la sélection de tous les minima du gradient couleur. Mais cette obtention des marqueurs peut se faire par n'importe quelle méthode morphologique. MEYER utilise les différences de couleur entre les pixels qui sont ordonnés dans une file afin d'établir une croissance de régions rapide.

MEYER calcule la *LPE* sur l'image couleur initiale mais d'autres travaux [PAPD97, APP<sup>+</sup>96, PPJM96] ont modifié cette méthode et utilisent le gradient couleur ainsi que l'image couleur initiale.

La mesure de similarité entre un pixel et le vecteur couleur moyen de la région est réalisée dans l'espace couleur *RVB* par une distance euclidienne. Evidemment les similarités d'un tel algorithme avec les méthodes de croissance de régions sont nombreuses et la *LPE* couleur s'affilie plus à un algorithme optimal de croissance de régions qu'à une méthode morphologique. Cette méthode a été utilisée pour segmenter diverses classes d'images [SPK97].

Le problème principal de la *LPE* réside dans la sur-segmentation dus aux minima parasites (souvent causés par le bruit) que l'on peut trouver dans les images couleur. Cela peut s'éviter par l'usage de marqueurs [LP91], de filtrage de l'image initiale [APP<sup>+</sup>96] ou bien par la construction du Graphe d'Adjacence des Régions [Saa94] suivi de la fusion des régions suivant une mesure de similarité (taille, forme, couleur etc.).

### 3.3.4 Conclusion

Suite aux différentes méthodes de segmentation d'images que nous avons présentées dans ce chapitre, nous pouvons conclure qu'il n'y a pas une méthode universelle pour une segmentation générale d'images. Les méthodes existantes dans la littérature sont adaptées à des applications particulières et ne peuvent fonctionner que sous certaines hypothèses.

La plupart des algorithmes de segmentation cités dans ce chapitre sont des extensions des techniques de segmentation d'images en niveau de gris comme la classification de pixel, la croissance des régions, la ligne de partage des eaux et d'autres. Cependant, l'information couleur génère une segmentation d'images plus fiable que la segmentation fournie par les images en niveau de gris. Le problème majeur de

la segmentation d'images couleurs reste dans la façon de connaître comment utiliser l'information couleur pour chaque pixel.

Les méthodes de classification de pixel (non-supervisée, supervisée) sont caractérisées par la simplicité de leur implantation algorithmique et le coût en temps de calcul qu'elles procurent et qui s'avère très intéressant. Elles semblent de part la nature de nos images bien adaptées pour notre application.

Dans ce travail, nous présentons une méthode de segmentation d'images couleurs non-supervisée par l'algorithme des *c-moyennes floues* (*fuzzy c-means FCM*) avec la prise en compte de la localisation spatiales et le voisinage des pixels.

# Chapitre 4

## Algorithme c-moyennes floues (fuzzy c-means) et ses variantes

### 4.1 Introduction

Avec les travaux de BEZDEK, les méthodes floues de regroupement atteignent une certaine maturité. En 1973, BEZDEK a soutenu une thèse de doctorat sur les mathématiques floues pour la classification [Bez73] dans laquelle figurent les conditions nécessaires de la minimisation du critère général qui définit la famille d'algorithmes connus sous le nom des *c-moyennes floues (FCM)*. BEZDEK a aussi étudié la convergence des *FCM* [Bez80]. D'autres variantes de ces algorithmes ont ensuite été mises au point afin d'en accroître les performances. Ces versions améliorées sont souvent dédiées à une application particulière, et aujourd'hui encore les *FCM* restent généralement utiles dans un grand nombre de situations et spécialement dans la segmentation des images médicales. Parmi ces versions, certaines généralisent l'algorithme de base au cas de distances non euclidiennes, d'autres essaient d'intégrer des contraintes supplémentaires ou de tenir compte de l'environnement de chacun des éléments à grouper (pixels) [KHO97].

Les c-moyennes floues sont un cas particulier d'algorithmes basés sur la minimisation d'une fonction objectif. C'est aussi une méthode métrique, i.e le critère minimisé fait intervenir des distances séparant les points du nuage des prototypes, ou centres, des différents groupes.

Nous adopterons, dans ce chapitre, une notation matricielle pour la représentation des partitions floues. Nous rappellerons au début le principe d'ensemble flou ensuite l'algorithme général correspondant aux c-moyennes floues(FCM), et nous décrirons les deux variantes des *FCM* (*FCM\_S1* et *FCM\_S2*) qui intègrent des contraintes spatiales supplémentaires.

## 4.2 Ensemble flou

Un ensemble flou est un ensemble dont les bords sont mal définis [FF00]. Cela se traduit par une fonction d'appartenance à valeurs dans l'intervalle  $[0, 1]$  tout entier, par opposition au cas classique où la fonction d'appartenance prend deux valeurs seulement : 0 ou 1. Cela permet de définir des ensembles d'une manière plus souple, tolérant des informations imprécises, incomplètes et/ou incertaines [HBF04].

Exemple d'ensembles flous figure 4.1 :

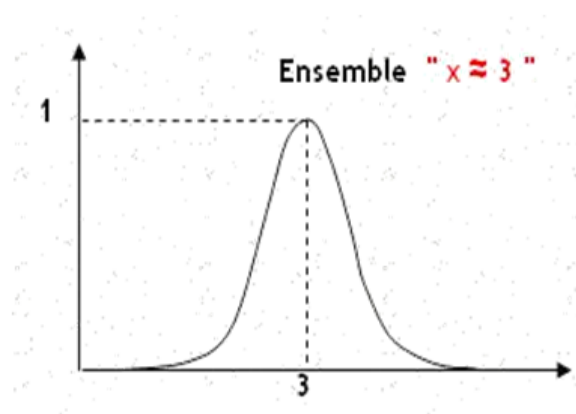


FIGURE 4.1 – Exemple d'ensemble flou

Cet ensemble contient les nombres réels proches de 3. Ainsi, 3 appartient complètement à cet ensemble et il a, par conséquent, un degré 1. Plus on s'éloigne de 3, plus le degré d'appartenance diminue [HBF04].

Cette propriété est exploitée en traitement d'images, et plus précisément en classification où les classes, appelées aussi régions, sont représentées par des ensembles flous [FF00]. Cela est fort utile lorsque les régions ne peuvent pas être définies de manière nette et précise. Leur manipulation en gardant le caractère flou permet de traiter des données imprécises, incertaines et/ou redondantes d'une manière plus flexible.

Une segmentation floue peut être obtenue par affectation de chaque pixel à la classe pour laquelle son degré d'appartenance est maximal voir figure 4.2.

## 4.3 Représentation matricielle d'une partition floue d'un ensemble discret

Soit  $W_{cn}$  l'ensemble des matrices à  $c$  lignes et  $n$  colonnes dont tous les éléments appartiennent à l'intervalle  $[0, 1]$  et dont la somme des éléments d'une colonne quelconque vaut 1.

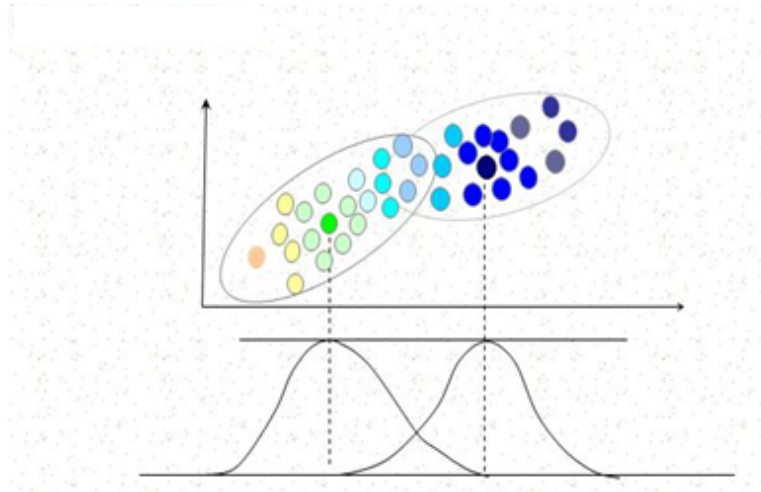


FIGURE 4.2 – Exemple de classes floues

Une matrice  $A$  appartenant à  $W_{cn}$  est donc telle que :

$$\forall i, \forall j, a_{ij} \in [0, 1] \quad (4.1)$$

$$\forall j, \sum_{i=1}^c a_{ij} = 1 \quad (4.2)$$

Etant donné un sous-ensemble fini  $X$  de  $R^p$  de cardinal  $n$ ,  $X = \{x_1, x_2, \dots, x_n\}$ , et un entier  $c$  tel que  $2 \leq c \leq n$ , (dans le cas d'une image numérique couleur :  $X_i$  est un vecteur de trois composantes ( $RVB$  par exemple,  $n$  est le nombre de pixel de l'image,  $C$  est le nombre de régions dans l'image) une partition floue de  $X$  peut être représentée par une matrice  $U$  de  $W_{cn}$  dont les éléments sont définis par :

$$U = \begin{pmatrix} u_{11} & u_{12} & \dots & u_{1j} & \dots & u_{1n} \\ u_{21} & u_{22} & \dots & u_{2j} & \dots & u_{2n} \\ \cdot & \cdot & \dots & \cdot & \dots & \cdot \\ \cdot & \cdot & \dots & \cdot & \dots & \cdot \\ u_{i1} & u_{i2} & \dots & u_{ij} & \dots & u_{in} \\ \cdot & \cdot & \dots & \cdot & \dots & \cdot \\ \cdot & \cdot & \dots & \cdot & \dots & \cdot \\ u_{c1} & u_{c2} & \dots & u_{cj} & \dots & u_{cn} \end{pmatrix} \quad (4.3)$$

1. la  $i^{\text{ème}}$  ligne de  $U$ ,  $U_i = (u_{i1}, u_{i2}, \dots, u_{in})$  contient les  $n$  degrés d'appartenance au  $i^{\text{ème}}$  sous-ensemble flou.
2. la  $j^{\text{ème}}$  colonne  $U_j = (u_{1j}, u_{2j}, \dots, u_{cj})$  contient les  $c$  degrés d'appartenance du  $j^{\text{ème}}$  élément de  $X$  aux  $c$  sous-ensembles flous.



3. la somme de tous les degrés d'appartenance d'une donnée  $X_k$  quelconque étant égale à 1, la somme de tous les éléments d'une même colonne vaut par conséquent un ( $= 1$ ) :

$$\forall k \in \{1, 2, \dots, n\}, \sum_{i=1}^c u_{ik} = 1 \quad (4.4)$$

4. aucun sous-ensemble flou ne doit être vide, par conséquent, la somme de tous les éléments d'une même ligne doit être strictement supérieure à 0 :

$$\forall i \in \{1, 2, \dots, c\}, \sum_{k=1}^n u_{ik} > 0 \quad (4.5)$$

5. aucun sous-ensemble flou ne peut être l'ensemble  $X$  lui même, donc la somme des éléments d'une même ligne est strictement inférieure à  $n$  :

$$\forall i \in \{1, 2, \dots, c\}, \sum_{k=1}^n u_{ik} < n \quad (4.6)$$

Nous désignerons par  $Mfc$  l'ensemble des  $c$ -partitions floues de  $X$ . Il existe un sous ensemble particulier  $Mc$  de  $Mfc$  constitué de  $c$ -partitions pour lesquelles tous les éléments  $U_{ik}$  des matrices associées ne prennent leurs valeurs que dans la paire  $\{0,1\}$ .  $Mc$  correspond aux  $c$ -partitions nettes de  $X$  et constitue l'espace solution des méthodes classiques (non floues) de classification [KHO97].

## 4.4 Algorithme des c-moyennes floues (FCM classique)

L'algorithme des *c-moyennes floues (fuzzy c-means FCM)* est une extension directe de l'algorithme classique des *c-moyennes (c-means)*, où l'on a introduit la notion d'ensemble flou dans la définition des classes. Cet algorithme a été développé essentiellement par BEZDEK, à partir des idées originales de RUSPINI (*clustering flou*) [Rus69] et de DUNN (*ISODATA flou*) [Dun73]. On peut trouver des détails sur cet algorithme dans de nombreux ouvrages et articles (le livre de BEZDEK [Bez81] bien sûr) [Gra00].

Le principe de base est de former à partir des individus non étiquetés  $c$  groupes qui soient les plus homogènes et naturels possible. Homogène et naturel signifient que les groupes obtenus doivent contenir des individus les plus semblables possible, tandis que des individus de groupes différents doivent être les plus dissemblables possibles.

L'algorithme des *c-moyennes floues* effectue une optimisation itérative en évaluant de façon approximative les minimums d'une fonction d'erreur. Il existe toute une famille de fonctions d'erreur associées à cet algorithme qui se distinguent par des valeurs

différentes prises par un paramètre réglable,  $m$ , appelé *indice de flou* (*fuzzy index*) et qui détermine le degré de flou de la partition obtenue. L'algorithme nécessite de connaître le nombre de classes au préalable, *FCM* est un cas particulier d'algorithmes basés sur la minimisation d'un critère ou d'une fonction objectif [KHO97, Gra00].

Soit  $U \in Mfc$  une c-partition floue de  $X$ , et soit  $v$  le c-uplet :

$$v = (v_1, v_2, \dots, v_c) \quad (4.7)$$

Où  $\forall i, v_i \in R_p$ . La fonction objectif associée aux c-moyennes floues,  $J_m$ , est définie par :

$$J_m(U, v) = \sum_{k=1}^n \sum_{i=1}^c (u_{ik})^m (d_{ik})^2 \quad (4.8)$$

Pour tout  $i(1 \leq i \leq c)$ ,  $v_i$  est un vecteur à  $p$  composantes qui représente le centroïde de la  $i^{\text{ème}}$  classe, et pour tout  $i$  et pour tout  $k(1 \leq k \leq n)$ ,  $(d_{ik})^2 = \|x_k - v_i\|^2$  est une norme associée à un produit scalaire défini dans  $R_p$ . On peut aussi écrire :

$$d_{ik}^2 = d^2(x_k - v_i) = (x_k - v_i)^T A(x_k - v_i) \quad (4.9)$$

Où :

- $A$  est une matrice  $p \times p$  définie positive, dans la version habituelle des *FCM*  $A$  est la matrice identité.
- $U_{ik}$  est le degré d'appartenance de l'échantillon  $k$  à la classe  $i$ . Les  $U_{ik}$  forment une matrice  $C \times n$  dite matrice d'appartenance  $U$ .
- $m$  l'indice flou (fuzziness) doit être strictement supérieur à 1 :  $m \in ]1, +\infty[$ , il règle le degré de fuzziness des clusters<sup>1</sup>. Si  $m$  tend vers 1, on tend vers des clusters *nets*, c'est-à-dire que la matrice  $U$  comportera uniquement des 0 et des 1.

Par contre, plus  $m$  est grand, plus les clusters sont *mous*, c'est-à-dire que leur fonction d'appartenance est très étendue, en pratique  $m = 2$  pour faciliter les calculs [Gra00].

- Le carré de la distance séparant un vecteur  $x_k$  d'un centre  $v_i$ ,  $(d_{ik})^2$ , est pondéré par la puissance  $m^{\text{ème}}$  du degré d'appartenance de la donnée  $x_k$  à la classe  $i$  :  $(u_{ik})^m$ .

---

1. Un cluster est un ensemble de données ou d'éléments présentant des similarités dans un partitionnement de données. Tandis que le clustering, c'est la structuration des données en classes homogènes, son objectif est de regrouper les points en clusters ou classes tels que les données d'un cluster soient les plus similaires possibles

$J_m$  est donc une erreur quadratique généralisée et sa minimisation conduit, théoriquement à la partition optimale. Les c-moyennes floues produisent une c-partition floue qui est une approximation de cette partition optimale de l'ensemble de données  $X = \{x_1, x_2, \dots, x_n\}$ .

$J_m$  est minimisée lorsque des degrés d'appartenance élevées sont attribuées à des éléments proches des centroïdes des classes et des degrés d'appartenance faible aux éléments éloignés des centroides des classes [KAN09].

L'algorithme *FCM*, dont la convergence a été étudiée par BEZDEK [Bez80, Bez81], peut être décrit par les étapes suivantes [KHO97] :

1. Fixer le nombre de classes  $c$  tel que  $2 \leq c < n$ ,  $n$  étant le nombre de données. Fixer une valeur pour  $m$  telle que  $m > 1$ . Choisir une norme  $\|\cdot\|$  dans  $R_p$  :  $\|x - v\|^2 = (x - v)^T A(x - v)$  où  $A$  est une matrice à  $p$  lignes et  $p$  colonnes définie et positive. Le plus souvent  $A$  est la matrice identité qui correspond à la *distance euclidienne*.
2. Initialiser la c-partition floue en donnant des valeurs quelconques (éventuellement les deviner dans la mesure du possible) aux éléments de la matrice de départ correspondante  $U_{(0)}$  vérifiant :

$$\forall k \in \{1, 2, \dots, n\}, \sum_{i=1}^c u_{ik}^{(0)} = 1 \quad (4.10)$$

3. initialiser le compteur de boucle :  $b = 0$
4. Calculer les  $c$  centroïdes de classe :  $v_i^{(b)}$ ,  $1 \leq i \leq c$ , en utilisant  $U_{(b)}$  à l'aide de la formule suivante :

$$v_i^{(b)} = \frac{\sum_{j=1}^n (u_{ij}^{(b)})^m \cdot x_j}{\sum_{j=1}^n (u_{ij}^{(b)})^m} \quad (4.11)$$

5. Mettre à jour la matrice  $U$ , calculer la nouvelle matrice de degrés d'appartenance  $U_{(b+1)}$  comme suit. Pour  $k = 1$  allant jusqu'à  $n$ ,

$$u_{ik} = \frac{1/(d(x_k, v_i))^{2/(m-1)}}{\sum_{j=1}^c 1/(d(x_k, v_j))^{2/(m-1)}} \quad (4.12)$$

$u_{ik}$  désigne le degré d'appartenance du pixel  $k$  à la classe  $i$  ( $1 \leq i \leq C$ )

Si  $d_{ik} = \|x_k - v_i\| = 0$ ,  $x_k$  est identique au centroïde de classe  $i$ ,  $u_{ik} = 1$  avec ( $u_{hk} = 0, h \neq i$ )

6. Comparer  $U_{(b)}$  et  $U_{(b+1)}$  à l'aide d'une norme matricielle : si  $\|U_{(b+1)} - U_{(b)}\| < \epsilon$  arrêter l'algorithme, sinon, incrémenter  $b$  et aller à l'étape 4) jusqu'à stabilité des solutions.

$\epsilon$  est un nombre réel prédéfini par l'utilisateur et qui sert dans le critère d'arrêt 6) basé sur la distance séparant la matrice calculée à l'itération au rang  $(b + 1)$  de celle calculée au rang  $(b)$ . Le critère d'arrêt des itérations, peut consister en la stabilité des centres des classes sur deux itérations successives.

---

**Algorithm 1** FCM classique
 

---

**Input**  $c$  : nombre de classe ;  $m$  : l'indice flou (fuzziness) ;  $\epsilon$  : critère d'arrêt ;  $U_{ij}^0$  : matrice d'appartenance initiale

**Output** matrice d'appartenance finale  $U$

$b = 0$  ;

**Repeat**

    mise à jours des centres  $v_i^{(b)}$  avec l'équation Eq.4.11

    mise à jours des degrés d'appartenance  $u_{ij}^{(b+1)}$  avec l'équation Eq.4.12

$b = b + 1$  ;

**Until**  $\|u_{ij}^{(b+1)} - u_{ij}^{(b)}\| < \epsilon$

Fin.

---

La figure 4.3 illustre la classification par *FCM*. Il existe quatre classes à segmenter ( $C_1, C_2, C_3, C_4$ ). Le carré dans chaque sous-région est le centre de la classe correspondante ( $V_1, V_2, V_3, V_4$ ).

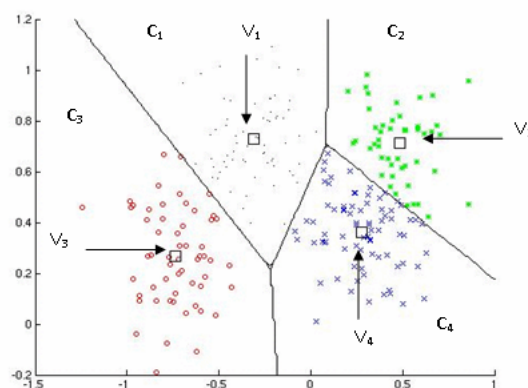


FIGURE 4.3 – Classification *FCM* ( $C_1, C_2, C_3, C_4$  les classes et  $V_1, V_2, V_3, V_4$  les centroïdes)

#### 4.4.1 Exemple d'application simple de FCM avec des données mono-dimensionnelle

Avec l'utilisation du *Fuzzy C-Means - Interactive demo*<sup>2</sup>,

1. Input :  $X = 20(\text{donnes}); C = 3(\text{clusters}); m = 2; \epsilon = 0,3$

Output : nombre d'itérations = 8, la figure 4.4 montre les données ( $X = 20$ ) en fonction du degré d'appartenance qui est représenté avec la couleur du cluster.

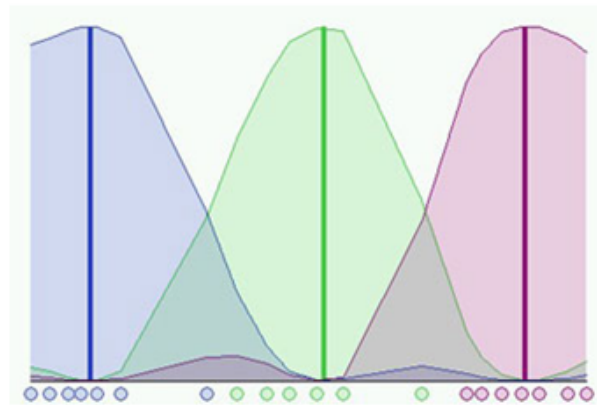


FIGURE 4.4 – Exemple FCM n°01

2. il est possible de faire mieux avec une plus grande précision ( $\epsilon$ ), mais le nombre d'itération (temps de calcul) va augmenter aussi.

Input :  $X = 20(\text{donnes}); C = 3(\text{clusters}); m = 2; \epsilon = 0,01$

Output : nombre d'itérations = 37, dans la figure 4.5 nous pouvons voir un meilleur résultat après avoir utilisé les mêmes conditions initiales et  $\epsilon = 0,01$ , mais nous avons besoin de 37 étapes.

Il est également important de noter que les différentes initialisations provoquent différentes évolutions de l'algorithme. En fait, il pourrait converger vers le même résultat mais sans doute avec un nombre différent d'itération.

#### 4.4.2 Défuzzification

Enfin, une ultime étape est nécessaire lorsque le résultat souhaité est une classification non floue. On parle alors de *défuzzification*. Lorsque l'on ne souhaite pas mettre en évidence les pixels où les degrés d'appartenance sont approximativement les mêmes pour chaque classe, une façon naturelle de procéder est de considérer que

2. [http://home.dei.polimi.it/matteucc/Clustering/tutorial\\_html/AppletFCM.html](http://home.dei.polimi.it/matteucc/Clustering/tutorial_html/AppletFCM.html)


 FIGURE 4.5 – Exemple *FCM* n°02

la classe finale d'un pixel est celle pour laquelle le degré d'appartenance est maximal :

$$\forall k \in [1, n] x_k \in C_j \Leftrightarrow (u_{ik} < u_{jk} \forall i \neq j \in [1, c]) \quad (4.13)$$

L'étape de la déffuzzification se fait après la dernière itération de l'algorithme des c-moyennes floues *FCM*.

## 4.5 FCM avec contraintes spatiales (FCM\_S) et ses variantes

L'algorithme *FCM* conventionnel n'utilise pas pleinement l'information spatiale dans l'image [AYM<sup>+</sup>02, CTC<sup>+</sup>05, CZ04, Pha02]. Dans cette section nous présentons deux algorithmes c-moyennes flous *FCM* qui intègrent l'information spatiale avec deux techniques différentes, à savoir :

- **FCM\_S1** : l'information spatiale consiste en la moyenne des composantes colorimétriques des voisins directe du pixel considéré avec une modification au niveau de la fonction objective et la formule de calcul de la matrice  $U$  et les centres  $V$ , l'algorithme se déroule avec un seul passage par itération [CZ04].
- **FCM\_S2** : l'information spatiale consiste en la somme des degrés d'appartenance des voisins directes du pixel considéré, l'algorithme *FCM* standard reste le même avec l'insertion d'une nouvelle formule de calcul du degré d'appartenance spatiale  $U'$ , dans ce cas chaque itération comprend deux passages successifs (two-pass process) [CTC<sup>+</sup>05].

Ces techniques donnent des régions plus homogènes que ceux des méthodes classiques, réduits et/ou élimines les tâches parasites et bruyantes, elles sont moins sensible au bruit.

Rappelons que l'algorithme standard *FCM* stipule que :

– La fonction objective  $J_m$

$$J_m = \sum_{i=1}^c \sum_{k=1}^n u_{ik}^m \|X_k - V_i\|^2 \quad (4.14)$$

– La matrice d'appartenance  $U$  vérifie les conditions suivantes

$$U \in \left\{ u_{ik} \in [0, 1] \left| \sum_{i=1}^c u_{ik} = 1, \forall k \right. \left| 0 < \sum_{k=1}^N u_{ik} < N, \forall i \right. \right\} \quad (4.15)$$

#### 4.5.1 FCM\_S1 (Fuzzy c-means with spatial constraints)

Dans [AYM<sup>+</sup>02], une approche a été proposée d'augmenter la robustesse de l'algorithme *FCM* au bruit en modifiant directement la fonction objectif  $J_m$  défini en 4.14 comme suit :

$$J_m = \sum_{i=1}^c \sum_{k=1}^N u_{ik}^m \|X_k - V_i\|^2 + \frac{\alpha}{N_R} \sum_{i=1}^c \sum_{k=1}^N u_{ik}^m \sum_{r \in N_k} \|X_r - V_i\|^2 \quad (4.16)$$

Où  $N_k$  représente l'ensemble des voisins qui sont dans une fenêtre autour de  $X_k$  et  $N_R$  est sa cardinalité (nombre de voisin). Le paramètre  $\alpha$  contrôle l'effet de la pénalisation. L'ajout du second terme dans 4.16 est équivalent a une formulation d'une contrainte spatiale et vise à maintenir la continuité des valeurs des pixels voisins autour  $X_k$  [CZ04].

Par un moyen d'optimisation similaire à l'algorithme *FCM* standard, la fonction objective  $J_m$  peut être minimisée sous la contrainte de  $U$  comme indiqué dans 4.15. Le calcul de  $U_{ik}$  et  $V_i$  dans 4.16 revient à calculer :

$$u_{ik} = \frac{\left( \|X_k - V_i\|^2 + \frac{\alpha}{N_R} \sum_{r \in N_k} \|X_r - V_i\|^2 \right)^{-1/(m-1)}}{\sum_{j=1}^c \left( \|X_k - V_j\|^2 + \frac{\alpha}{N_R} \sum_{r \in N_k} \|X_r - V_j\|^2 \right)^{-1/(m-1)}} \quad (4.17)$$

$$V_i = \frac{\sum_{k=1}^n u_{ik}^m \left( X_k + \frac{\alpha}{N_R} \sum_{r \in N_k} X_r \right)}{(1 + \alpha) \sum_{k=1}^n u_{ik}^m} \quad (4.18)$$

Une lacune dans les formules 4.17 et 4.18 est que le calcul des termes des voisins  $X_r$  prendra beaucoup plus de temps que dans le *FCM* standard. Nous allons présenter des modifications de faible complexités ou des variantes à la formule 4.16 [CZ04].

Tout d'abord, nous remarquons dans 4.17 que le terme suivant :

$$\frac{1}{N_R} \sum_{r \in N_k} \|X_r - V_i\|^2$$

Peut être écrit comme suit :

$$\frac{1}{N_R} \sum_{r \in N_k} \|X_r - \bar{X}_k\|^2 + \|\bar{X}_k - V_i\|^2$$

Où  $\bar{X}_k$  est une moyenne des pixels voisins situés à l'intérieur d'une fenêtre autour du pixel courant  $X_k$ .

Aussi,  $\bar{X}_k$  peut être calculé à l'avance, donc le temps de classification peut être amélioré si :  $\frac{1}{N_R} \sum_{r \in N_k} \|X_r - V_i\|^2$  Dans 4.16 sera remplacé par :  $\|\bar{X}_k - V_i\|^2$

Par conséquent, la fonction objective 4.16 simplifiée peut être réécrite comme suit :

$$J_m = \sum_{i=1}^c \sum_{k=1}^N u_{ik}^m \|X_k - V_i\|^2 + \alpha \sum_{i=1}^c \sum_{k=1}^N u_{ik}^m \|\bar{X}_k - v_i\|^2 \quad (4.19)$$

De même, on obtient :

$$u_{ik} = \frac{\left( \|X_k - V_i\|^2 + \alpha \|\bar{X}_k - V_i\|^2 \right)^{-1/(m-1)}}{\sum_{j=1}^c \left( \|X_k - V_j\|^2 + \alpha \|\bar{X}_k - V_j\|^2 \right)^{-1/(m-1)}} \quad (4.20)$$

$$V_i = \frac{\sum_{k=1}^n u_{ik}^m (X_k + \alpha \bar{X}_k)}{(1 + \alpha) \sum_{k=1}^n u_{ik}^m} \quad (4.21)$$

Par conséquent les formules 4.17 et 4.18 seront simplifiés en 4.20 et 4.21 respectivement. De même à partir de 4.20 et 4.21, nous pouvons voir que  $\alpha$  contrôle le compromis entre l'image originale et l'image filtre-moyen correspondante. Lorsque  $\alpha$  est mis à zéro, l'algorithme *FCM\_S1* est équivalent à l'algorithme *FCM* standard, tandis que si  $\alpha$  approche l'infinie, l'algorithme *FCM\_S1* acquiert le même effet que l'algorithme *FCM* original appliquer sur l'image filtre-moyen directement [CZ04].

Pour plus de commodité de notation, nous allons nommer l'algorithme en utilisant 4.19, 4.20 et 4.21 *FCM\_S1* (Fuzzy c-means with spatial constraints) L'algorithme ci-dessus peut être résumé de manière uniforme dans les étapes suivantes [CZ04] :



---

**Algorithm 2** FCM\_S1
 

---

**Input**  $c$  : nombre de classe;  $m$  : l'indice flou (fuzziness);  $\epsilon$  : critère d'arrêt;  $\alpha$  : penalty coefficient;  $U_{ij}^0$  : matrice d'appartenance initiale

**Output** matrice d'appartenance finale  $U$

$b = 0$ ;

Calcule de l'image filtre-moyen  $\overline{X}_k, \forall k \in [1, n]$ ;

**Repeat**

    mise à jours des centres  $v_i^{(b)}$  avec l'équation Eq.4.21

    mise à jours des degrés d'appartenance  $u_{ij}^{(b+1)}$  avec l'équation Eq.4.20

$b = b + 1$ ;

**Until**  $\left\| u_{ij}^{(b+1)} - u_{ij}^{(b)} \right\| < \epsilon$

Fin.

---

### 4.5.2 FCM\_S2 (Fuzzy c-means with spatial constraints)

Une des caractéristiques importantes d'une image, c'est que les pixels voisins sont fortement corrélés [CTC<sup>+</sup>05]. En d'autres termes, ces pixels voisins possèdent des valeurs caractéristiques similaires, et la probabilité qu'ils appartiennent à la même classe est grande. Cette relation spatiale est importante dans la classification, mais elle n'est pas utilisée dans l'algorithme *FCM* standard. Pour exploiter l'information spatiale, une fonction spatiale est définie comme suite [CTC<sup>+</sup>05] :

$$h_{ij} = \sum_{k \in NB(x_j)} u_{ik} \quad (4.22)$$

Où  $NB(x_j)$  représente une fenêtre carrée centrée sur le pixel  $X_j$  dans le domaine spatial. La fenêtre (5x5) a été utilisée tout au long de ce travail. Tout comme la fonction d'appartenance  $u_{ij}$  la fonction d'appartenance spatiale  $h_{ij}$  représente la probabilité que le pixel  $X_j$  appartient à la classe  $i$ . La fonction d'appartenance spatiale d'un pixel à une classe est grande si la majorité de son voisinage appartient à la même classe. La fonction d'appartenance spatiale est intégrée dans la fonction d'appartenance comme suite [CTC<sup>+</sup>05] :

$$u'_{ij} = \frac{u_{ij}^p h_{ij}^q}{\sum_{k=1}^c u_{kj}^p h_{kj}^q} \quad (4.23)$$

Où  $p$  et  $q$  sont des paramètres pour contrôler l'importance relative des deux fonctions ( $u, h$ ). Dans une région homogène, la fonction d'appartenance spatiale renforce simplement l'appartenance originale et le résultat de classification reste inchangé. Cependant, pour un pixel bruité, cette formule permet de réduire la pondération d'un

cluster bruité par les étiquettes de ses pixels voisins. En conséquence, les pixels mal classés des régions bruitées ou de taches parasites peuvent être facilement corrigées. Le *FCM* spatiale de paramètre  $p$  et  $q$  est notée  $sFCM_{p,q}$ . sachant que  $sFCM_{1,0}$  est équivalent à l'algorithme *FCM* classique, les valeurs  $p = 0$  et  $q = 2$  sont utilisées tout au long de ce travail.

L'algorithme  $sFCM_{p,q}$  se déroule en deux passages (two-pass process) à chaque itération (b). Le premier passage est le même que celui dans le *FCM* standard pour calculer la fonction d'appartenance  $U$ . Dans le second passage, l'information d'appartenance de chaque pixel est mise en correspondance avec le domaine spatial et la fonction d'appartenance spatiale est calculée en utilisant les fonctions 4.22 et 4.23.

L'itération (b+1) procède avec la nouvelle fonction d'appartenance  $u'_{ij}$  qui intègre la fonction d'appartenance spatiale  $h_{ij}$ . L'algorithme s'arrête lorsque la différence maximale entre deux centres de cluster après deux itérations successives (b+1, b) est inférieure à un seuil ( $\epsilon$ ).

Après la convergence de l'algorithme, une déffuzzification est appliquée pour attribuer chaque pixel à une classe spécifique pour laquelle le degré d'appartenance est maximal.

Pour plus de commodité de notation, nous allons nommer l'algorithme *FCM* spatiale  $sFCM_{p,q} \rightarrow FCM\_S2$  (Fuzzy c-means with spatial constraints) l'algorithme ci-dessus peut être résumé de manière uniforme dans les étapes suivantes [CTC<sup>+</sup>05] :

---

**Algorithm 3** FCM\_S2

---

**Input**  $c$  : nombre de classe ;  $m$  : l'indice flou (fuzziness) ;  $\epsilon$  : critère d'arrêt ;  $p, q$  : paramètres ;  $U_{ij}^0$  : matrice d'appartenance initiale

**Output** matrice d'appartenance finale  $U$

$b = 0$  ;

**Repeat**

mise à jours des centres  $v_i^{(b)}$  avec les équations de *FCM* classique

mise à jours des degrés d'appartenances  $u_{ij}^{(b+1)}$  avec les équations de *FCM* classique

calcule des degrés d'appartenances spatials  $u'_{ij}{}^{(b+1)}$  avec les équations 4.22 et 4.23

$b = b + 1$  ;

**Until**  $\left\| u_{ij}^{(b+1)} - u_{ij}^{(b)} \right\| < \epsilon$

Fin.

---

## 4.6 Les variantes des C-moyennes floues FCM

Un grand nombre d'algorithmes est dérivé du *FCM*, utilisant des métriques différentes ou des prototypes de dimensions supérieures. L'algorithme des *FCM* a été

généralisé aux cas où le prototype (centroïde) n'est plus un point, mais une droite, un plan, une sphère, etc. : il devient alors l'algorithme des c-variétés floues  $FcV$ . On utilise cette extension pour la détection de lignes droites, de cercles dans une image, voir les travaux de BEZDEK [BCGW81], DAVÉ [DB92] et KRISHNAPURAM [KNF92] sur le sujet.

On voit aussi qu'il est nécessaire de connaître le nombre de clusters a priori. Si ce nombre n'est pas connu, on est contraint de faire plusieurs essais, et d'évaluer la qualité du résultat. Ceci se fait en calculant un critère de validité (Il existe différents critères de validité. BEZDEK en a proposé deux, XIE ET BENI [XB91] ont proposé un autre critère très simple) que l'on cherche à minimiser. La version complètement non supervisée des  $FCM$ , où  $c$  est obtenu automatiquement par minimisation du critère de validité, s'appelle l'algorithme *ISODATA flou* [Gra00].

Le  $FCM$  et ses algorithmes dérivés souffrent de plusieurs inconvénients [STM07] :

- Les degrés d'appartenance sont des degrés relatifs. Autrement dit, l'appartenance d'un individu à une classe dépend de l'appartenance de cet individu aux autres classes. Les fonctions d'appartenance construites sont donc interdépendantes. Aussi, les estimations des centres des classes ne correspondent pas aux centres réels ou typiques.
- Les points aberrants (éloignés) peuvent avoir des valeurs d'appartenance élevées et ils peuvent affecter de façon significative l'estimation des centres des classes.
- Ces algorithmes modélisent dans la phase de classement l'hésitation ou l'ambiguïté entre classes à partir de règles de décisions floues fixées a priori [Mén98]. Dans la phase de classification, les points ambigus ou non représentatifs des classes peuvent alors affecter la position des centres.

Pour pallier aux deux premiers problèmes, KRISHNAPURAM ET KELLER [Kri96] ont proposé un nouvel algorithme de classification appelé *PCM Possibilistic C-means*, où la contrainte (la somme des degrés d'appartenance doit valoir 1) est relâchée. Selon les auteurs, cette équation ne doit pas contraindre les appartenances d'un vecteur quelconque  $X_j$  si les classes représentées par les nuages sont considérées comme des sous-ensembles flous sur le domaine  $X = \{x_j, j = 1 \dots N\}$ . Les degrés d'appartenance doivent seulement appartenir à l'intervalle  $[0, 1]$ .

En prenant le cas de 2 classes, on peut très bien avoir un échantillon qui soit très typique des 2 prototypes (classes se recouvrant), et un autre échantillon qui soit très peu semblable d'eux (échantillon atypique, proche d'aucune classe). Avec les  $FCM$ , on ne peut distinguer ces deux situations, car le degré d'appartenance aux 2 classes sera de 0.5 dans les deux cas. Avec les  $PCM$ , la contrainte sur la somme des degrés d'appartenance disparaît, et l'échantillon atypique aura un faible degré d'appartenance aux 2 clusters.

Les *PCM* reviennent en fait à considérer que le degré d'appartenance est fonction uniquement de la distance au prototype.

La figure 4.6 illustre l'influence des points éloignés (résultants, par exemple, d'une erreur de mesure ou d'un bruit) sur la position des centres de classes.

Avec la classification floue, par un algorithme comme le *FCM* ou une de ses variantes, on remarque, que les points éloignés (figure. 4.6(a), au dessous du nuage des points) par rapport aux centres des classes, vont être pris en compte lors de la phase de classification, c'est la cause principale du décalage des centres des classe.1 et classe.2 par rapport aux nuages des points [STM07].

Contrairement aux points de la figure 4.6(b) où la notion de rejet des points éloignés a été introduite, pour remédier au problème précédent. Dans ce cas là les centres de classes se trouvent aux milieux des nuages des points.

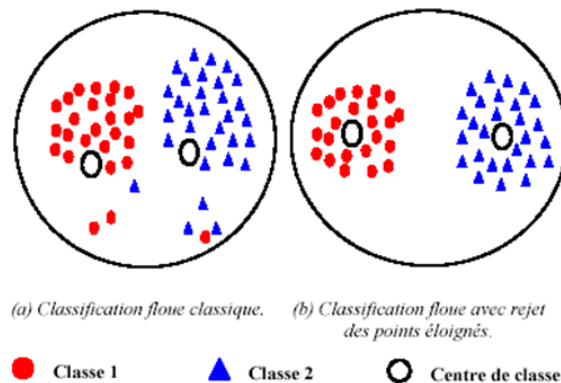


FIGURE 4.6 – L'influence des points aberrants sur les centres des classes

Quant à la figure 4.7, elle illustre bien l'influence des points ambigus (mélange de classe) sur les centres des classes où les centres se trouvent proches les uns des autres (voir figure 4.7(a)), mais lorsqu'on classe ces nuages avec le rejet des points ambigus, on remarque que les centres prennent une position optimale (figure 4.7(b)) [STM07].

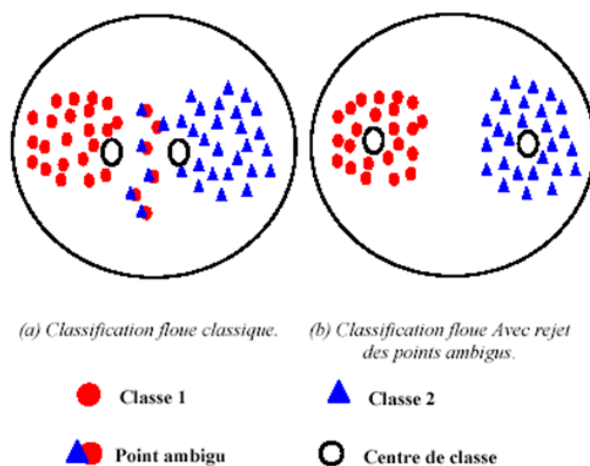


FIGURE 4.7 – L’influence des points ambigus sur les centres des classes

## 4.7 Conclusion

C-moyennes floues *FCM* est une technique non-supervisé qui a été appliquée avec succès à l’analyse des caractéristiques, le clustering dans des domaines tels que l’astronomie, la géologie, l’imagerie médicale, reconnaissance de la cible, et la segmentation d’images. Une image peut être représentée dans des espaces différents et l’algorithme *FCM* classe l’image en regroupant les données et points caractéristiques similaires dans l’espace en clusters.

Ce groupement est réalisé par une minimisation itérative d’une fonction de coût qui dépend de la distance des pixels aux centres de clusters dans l’espace caractéristique.

Les pixels sur une image sont fortement corrélées, c’est à dire des pixels dans le voisinage immédiat possèdent à peu près les mêmes données caractéristiques. Par conséquent, la relation spatiale des pixels voisins est une caractéristique importante qui peut être un grand aide dans la segmentation d’images. Les techniques générales de détection de contour ont tiré parti de cette information spatiale pour la segmentation d’images. Cependant, l’algorithme *FCM* conventionnel n’utilise pas pleinement cette information spatiale.

AHMED ET AL. [AYM<sup>+</sup>02] a modifié la fonction objective de l’algorithme *FCM* standard afin de permettre les étiquettes dans le voisinage immédiat d’un pixel d’influer sur son étiquetage. L’algorithme *FCM* modifié (*FCM\_S*) améliore les résultats par rapport à l’application de l’algorithme classique *FCM* sur des images bruitées.

Nous avons présenté deux méthodes afin de prendre en compte les caractéristiques spatiales des pixels et les intégrés dans l’algorithme standard *FCM*, dans notre travail nous avons utilisé l’algorithme *FCM\_S1* et l’algorithme *FCM\_S2* pour la segmentation d’images microscopiques couleur de cytologie sanguine, afin d’extraire les 4

classes de pixels de l'image à savoir : le noyau et le cytoplasme des globules blancs, les globules rouges et le plasma (fond). L'application et les résultats seront présentés dans le chapitre suivant.

# Chapitre 5

## Résultats et discussion

### 5.1 Préliminaire

Ce dernier chapitre est consacré à l'application des méthodes proposées dans le chapitre précédent et à leurs évaluations quantitativement et qualitativement en faisant appel à plusieurs critères différents. Les méthodes proposées ont été appliquées sur des images microscopiques réelles de cytologie sanguine. Le but de cette application consiste à extraire les différentes régions de ces images.

Nous commençons au début par une présentation de la méthode élaborée pour étiqueter notre base d'images. Ensuite, nous parlerons de la classification dans le but d'une segmentation, réalisé par les algorithmes : C-Moyennes Floues standard (*FCM*) et C-Moyennes Floues Spatial avec les deux techniques *FCM\_S1* et *FCM\_S2*. Puis, nous examinons les résultats obtenus.

### 5.2 Phase d'étiquetage

#### 5.2.1 Base d'images

Les images réelles sur lesquelles nous avons travaillé ont été acquises au sein du service d'hématologie dans le cadre d'une collaboration entre le laboratoire *G.B.M* (*Génie Biomédicale*) de l'université de *Tlemcen* et le *C.H.U* de *Tlemcen*.

Notre base est construite à partir d'images acquises sur des lames avec la coloration de *May Grunwald Giemsa* (*MGG*)<sup>1</sup> en utilisant un environnement *LEICA* (*caméra et microscope*)<sup>2</sup> qui permet d'obtenir des images couleurs *RGB* de bonne qualité, au format *BMP* de dimension  $1024 \times 768$ .

---

1. MGG est une méthode de coloration utilisée en hématologie pour différencier les cellules du sang lors des préparations cellulaires(cytologie). <http://fr.wikipedia.org/wiki/May-Gr>

2. Leica Microsystems : fabricant Allemand réputé d'appareils photographiques et d'optiques.

### 5.2.2 Méthode d'étiquetage

Afin d'évaluer les résultats de segmentation, calculer les taux de reconnaissances et les précisions pour chaque classe, nous devons disposer d'une base étiquetée (vérité terrain).

Ce qui nous intéresse dans cette étude est de détecter les globules blancs (noyau et cytoplasme), les globules rouges et le fond (plasma) (figure 5.1).

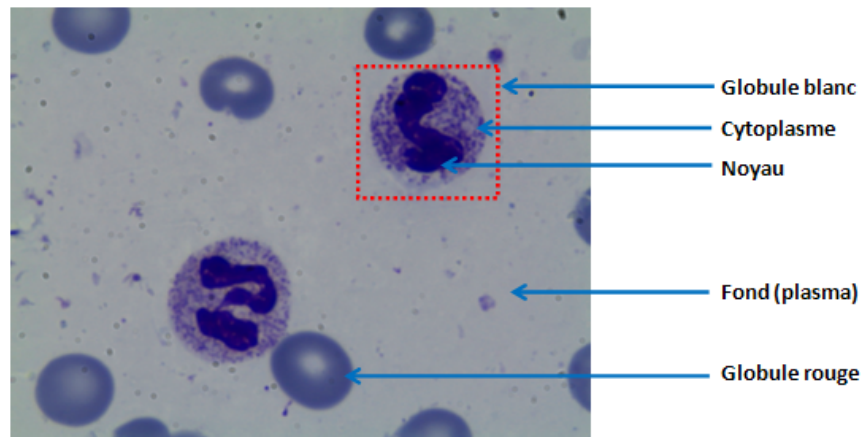


FIGURE 5.1 – Exemple d'image microscopique de cytologie sanguine

Pour les 27 images acquises, nous avons suivi le procédé cité ci-dessous pour les étiqueter :

1. Décomposer l'image en 3 parties, en éliminant les parties *noyau* (image 1 de la figure 5.2), les parties *cytoplasme* (image 2 de la figure 5.2) et les parties *globule rouge* (image 3 de la figure 5.2) à l'aide du logiciel *Photoshop*.

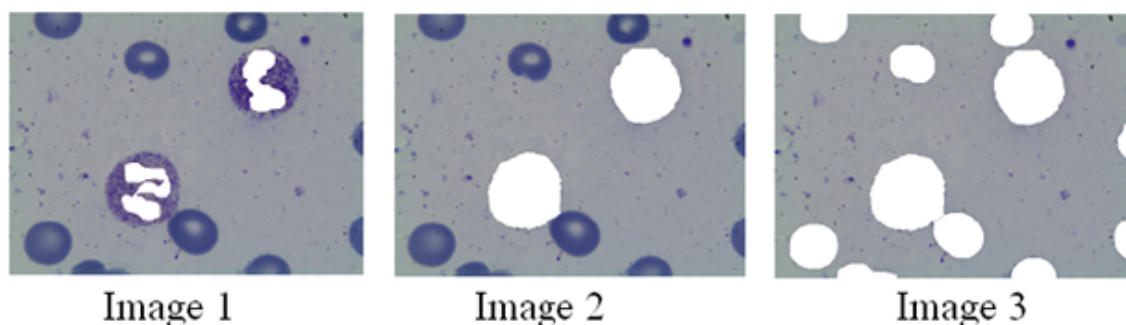


FIGURE 5.2 – La décomposition de l'image

2. Recomposer l'image à l'aide d'un programme exécuté sous l'environnement *MATLAB* en colorant les parties blanches non encore colorées des trois images avec



du vert pour l'image 1(noyau), du jaune pour l'image 2 (cytoplasme) sachant que la partie verte qui représente le noyau dans l'image 1 est écartée, ensuite du rouge pour l'image 3 (globule rouge) là aussi les parties en vert et en jaune sont écartées (noyau et cytoplasme). Enfin, la partie restante de l'image est colorée avec du noir(fond) (figure 5.3).

3. Prendre les composantes couleurs de chaque pixel pour chaque espace à partir de l'image originale pour avoir la base numérique.

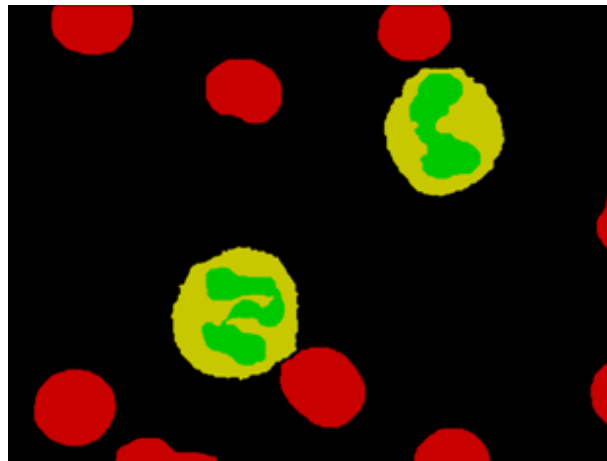


FIGURE 5.3 – Image étiquetée

## 5.3 Expérimentation

### 5.3.1 Introduction

Pour évaluer la segmentation de nos trois algorithmes proposés  $FCM$ ,  $FCM\_S1$  et  $FCM\_S2$  nous avons utilisé des images microscopiques couleurs réelles décrites dans le paragraphe précédent. Ces images sont variées selon leurs caractéristiques colorimétriques (figure 5.4).

Ainsi, afin de profiter de la complémentarité des différents espaces couleurs nous avons effectué une *analyse discriminante linéaire (LDA)* sur l'image originale comme étape de prétraitement avant la segmentation. Cette étape sera détaillée dans le paragraphe suivant. Finalement nous avons effectué la segmentation des images avec nos trois algorithmes  $FCM$ ,  $FCM\_S1$  et  $FCM\_S2$  (figure 5.5).

Pour ce faire, nous avons implémenté les trois (03) algorithmes sous un environnement *MATLAB* (qui est un outil très puissant de calcul matriciel et de traitement d'images). Nous l'avons exécuté sur un ordinateur portable équipé d'un micro-

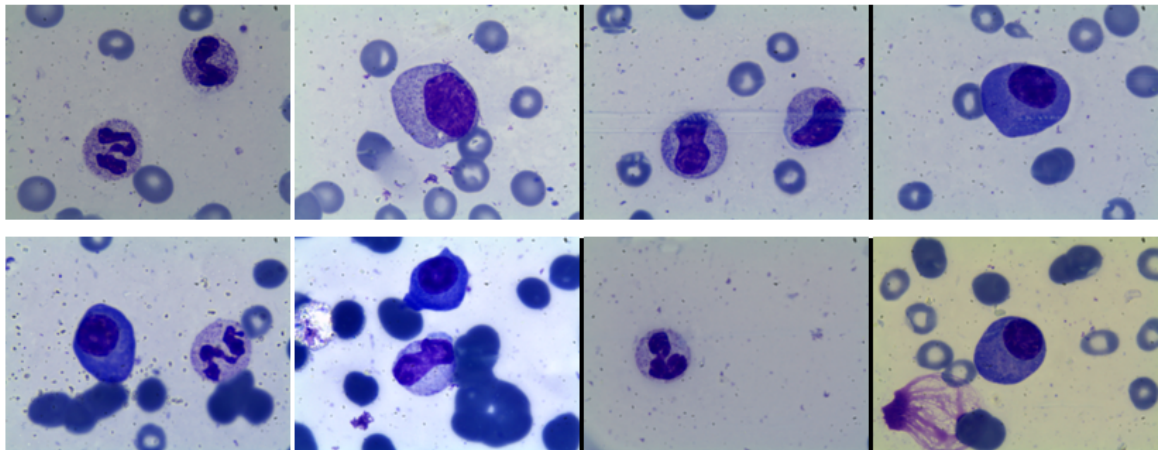


FIGURE 5.4 – Différentes images microscopiques de la base d'images originale

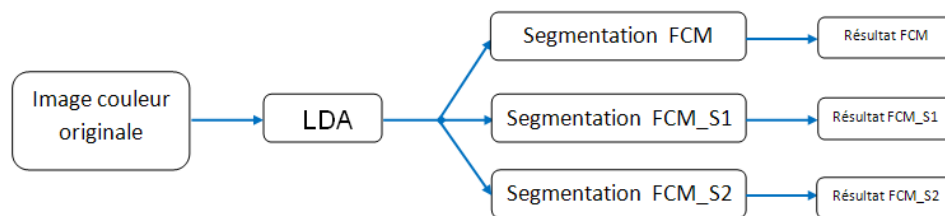


FIGURE 5.5 – Les étapes d'expérimentation

processeur *Intel Core 2 Duo* d'une fréquence de 2Ghz, et d'une mémoire RAM de 2Go.

### 5.3.2 Analyse Discriminante Linéaire (LDA)

Nous cherchons ici à extraire les caractéristiques discriminantes des images couleurs en effectuant une *analyse discriminante linéaire (LDA)* sur les images originales ayant chacune des caractéristiques colorimétriques différentes afin de profiter de la complémentarité des différents espaces couleurs. Les étapes de la LDA sont détaillées dans le chapitre (2).

Cinq espaces couleur ont été utilisés : *RGB* (espaces de primaire), *HSL* et *HSV* (espaces perceptuels), *LUV* (espace perceptuellement uniformes) et *YUV* (espaces de télévision), ce choix est justifié par leurs résultats remarquables.

L'espace *LUV* tente de produire un espace plus perceptuellement linéaire que les autres espaces. Perceptuellement linéaire veut dire que le changement totale de la valeur de la couleur doit produire un changement visuel de la même importance.

Le modèle *YUV* définit un espace couleur en termes d'une luminance et deux chrominances. *YUV* est utilisé dans le système *PAL* du codage couleur dans la video

analogique.  $YUV$  se rapproche de la perception humaine de la couleur mieux que le standard  $RGB$ , mais l'espace  $HSL$  reste le plus indiqué.

L'espace  $HSL$  (Hue, Saturation, Lightness/Luminance) est un peu similaire à l'espace  $HSV$  connu aussi sous le nom  $HSB$  (Hue, Saturation, Brightness). La différence est que la luminosité d'une couleur est égale à la luminosité du blanc tant que la luminance d'une couleur est égale à la luminance du niveau de gris moyen.

Dans notre travail nous avons suivi le procédé suivant :

1. Sélection de neuf (09) images couleurs parmi les (27) images originales avec leurs images étiquetées équivalentes (les images sont sous forme de vecteurs), (figure 5.6), le choix de ces images est basé sur un critère de représentativité de toutes les classes.

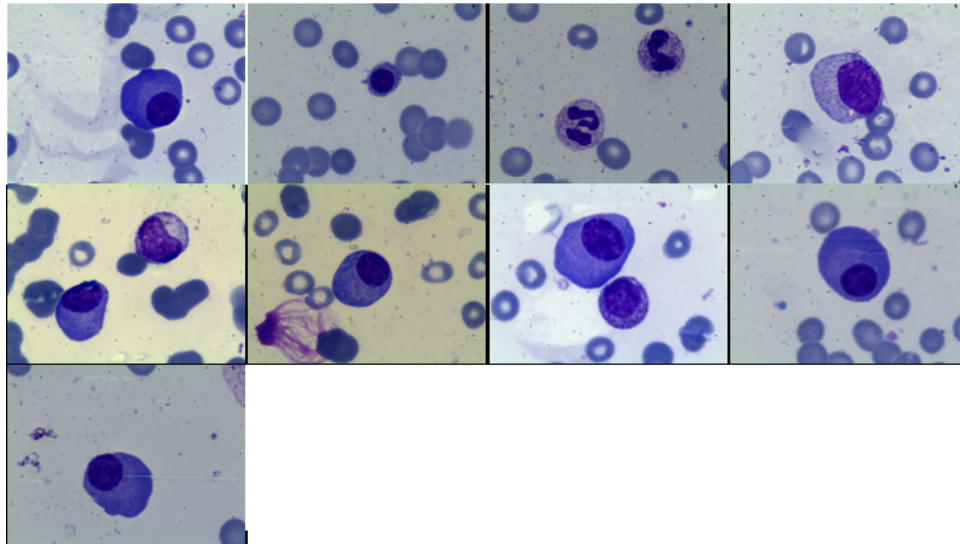


FIGURE 5.6 – Les 09 premières images de la base d'images microscopique

2. Nous Considérons les 09 images sélectionnées en entrée comme une image unique, ensuite nous transformons l'image globale vers les cinq (05) espaces couleurs utilisés, à savoir :  $RGB$ ,  $HSV$ ,  $HSL$ ,  $YUV$ ,  $LUV$ . Sachant que chaque espace représente un pixel de l'image avec 03 composantes différentes :

Espace  $RGB \implies$  R : rouge, G : vert, B : bleu

Espace  $HSV \implies$  H : Hue(teinte) , S : Saturation, V : valeur(valeur)

Espace  $HSL \implies$   $H_1$  : Hue,  $S_1$  : Saturation,  $L_1$  : Luminance

Espace  $YUV \implies$   $Y_2$  : luminance,  $U_2$  et  $V_2$  : Chrominance

Espace  $LUV \implies$   $L_3$  : luminance,  $U_3$  et  $V_3$  : Chrominance

De ce fait, après la conversion de l'image, chaque pixel sera représenté par 15 composantes différentes, qui sont : R,G,B,H,S,V, $H_1$ , $S_1$ , $L_1$ , $Y_2$ , $U_2$ , $V_2$ , $L_3$ , $U_3$ , $V_3$ . à

la fin, l'image est représentée sous forme d'une matrice de dimension :  $(n \times 15)$ , avec  $n$  : nombre total de pixel. Cette matrice est notée :  $BASE$

3. A ce niveau, nous introduisons la notion des 04 classes (noyau, cytoplasme, globule rouge, fond) cette information est extraite à partir des images étiquetées équivalentes aux 09 images déjà utilisées au début.

Nous divisons la totalité des pixels sur quatre ensembles qui représente les 04 classes (noyau, cytoplasme, globule rouge, fond), ces ensembles sont représentés par des matrices notées :

$BASE_1$  de dimension  $(n_1 \times 15)$  avec  $n_1$  le nombre de pixel dans la classe 01 (noyau),

$BASE_2$  de dimension  $(n_2 \times 15)$  avec  $n_2$  le nombre de pixel dans la classe 02 (cytoplasme),

$BASE_3$  de dimension  $(n_3 \times 15)$  avec  $n_3$  le nombre de pixel dans la classe 03 (globule rouge),

$BASE_4$  de dimension  $(n_4 \times 15)$  avec  $n_4$  le nombre de pixel dans la classe 04 (fond),

4. La matrice de covariance moyenne intra-classe  $S_W$  (within) est calculée par l'équation (5.1) :

$$S_W = \sum_{k=1}^{n_C} \sum_{x_i \in C_k} (x_i - \mu_k)(x_i - \mu_k)^T = \sum_{k=1}^{n_C} S_k \quad (5.1)$$

où :

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

$$\mu_k = \frac{1}{n_{C_k}} \sum_{i \in C_k} x_i \quad (5.2)$$

- $S_k$  est la matrice intra-classe  $k$  de la classe  $C_k$
- $n_C$  est le nombre de classe (=4)
- $n_{C_k}$  est le nombre de pixel appartenant à  $C_K$
- $x_i$  les caractéristiques du pixel  $i$

5. La matrice de covariance inter-classe  $S_B$  (between) est calculée par l'équation (5.3) :

$$S_B = \sum_{k=1}^{n_C} n_{C_k} (\mu_k - \mu)(\mu_k - \mu)^T \quad (5.3)$$

où :

- $\mu$  est la moyenne de tous les pixels
  - $\mu_k$  est la moyenne des pixels de la classe  $k$
6. Nous cherchons une transformation linéaire de matrice  $\Omega$  qui maximise la dispersion des classes (mesurée par la matrice  $S_B$  interclasse) par rapport à la dispersion des éléments au sein des classes (mesurée par la matrice  $S_W$  intraclasse). Une mesure simple de dispersion est la valeur du déterminant des matrices de dispersion. Le critère de FISHER [THF01, Fuk90, DK, Str88] propose de choisir la transformation linéaire qui maximise le ratio :

$$J_{LDA}(\Omega) = \frac{|\Omega^T S_B \Omega|}{|\Omega^T S_W \Omega|} \quad (5.4)$$

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 correspond aux plus grandes valeurs propres  $\lambda_k$  solutions de l'équation :  $S_B V = S_W V \Lambda$ .
  - $V$  est une matrice ( $15 \times 15$ ) des vecteurs propres et  $\Lambda$  est une matrice diagonale ( $15 \times 15$ ) avec 15 valeurs propres  $\lambda_i$  associées aux vecteurs propres  $\omega_i$  de  $V$ .
7. Sélection des vecteurs propres, dans notre cas nous avons choisis les 03 premiers vecteurs qui représentent le nombre de classe moins un ( $C - 1 = 4 - 1 = 3$ ) [MLP05].
8. Calcul des nouvelles composantes  $Y$  à partir des données  $X$  avec la matrice de transformation  $\Omega$ , tel que :

$$Y = \Omega X \quad (5.5)$$

Dans cette étape nous appliquons la formule 5.5 sur toutes les images de notre base.

La figure (5.7) Récapitule l'ensemble des étapes citées.

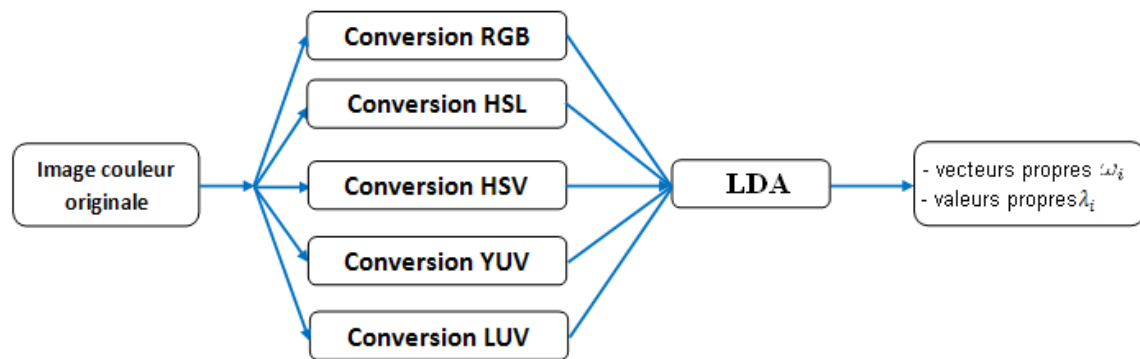


FIGURE 5.7 – Prétraitement des images couleurs

## 5.4 Présentation des algorithmes utilisés

Nous avons développé sous *Matlab* une interface graphique pour la segmentation d'images, elle intègre les trois algorithmes *FCM*, *FCM\_S1* et *FCM\_S2*. La figure (5.8) représente la page principale de l'interface.

Le bouton (*Charger image*) donne la main à l'utilisateur pour sélectionner l'image à segmenter. Après la sélection, l'image sera affichée sur la droite de la page principale de l'interface (voir figure 5.9), à ce niveau là, l'utilisateur peut sélectionner un algorithme parmi les trois algorithmes de segmentation (*FCM*, *FCM\_S1* et *FCM\_S2*).



FIGURE 5.8 – Interface de l'application principale I

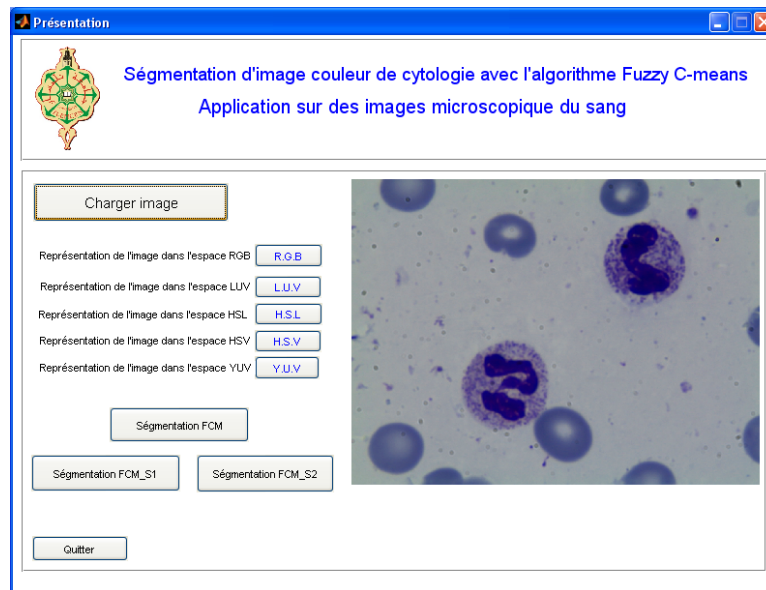


FIGURE 5.9 – Interface de l'application principale II

Aussi, l'utilisateur peut visualiser l'image originale sous différents espaces à savoir : *RGB*, *LUV*, *HSL*, *HSV* et *YUV* (voir figures 5.10 à 5.14).

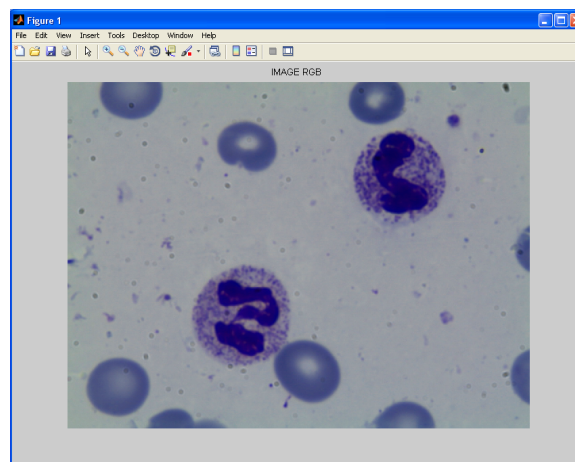


FIGURE 5.10 – Représentation de l'image dans l'espace RGB

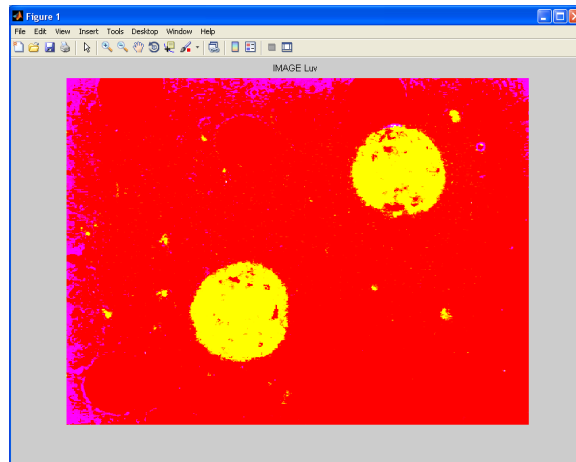


FIGURE 5.11 – Représentation de l'image dans l'espace LUV

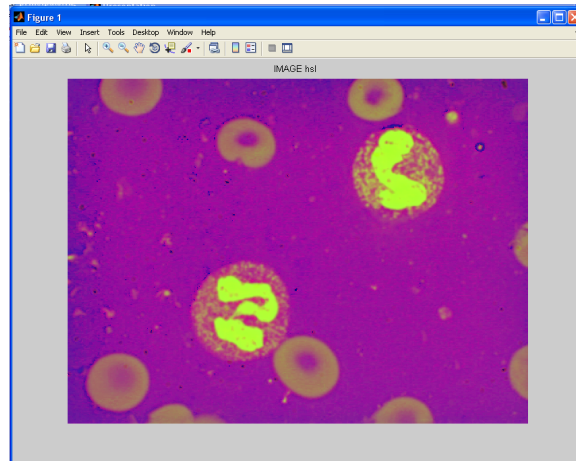


FIGURE 5.12 – Représentation de l'image dans l'espace HSL

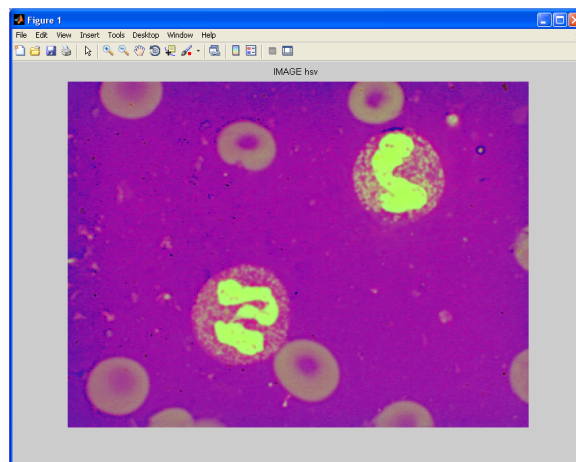


FIGURE 5.13 – Représentation de l'image dans l'espace HSV



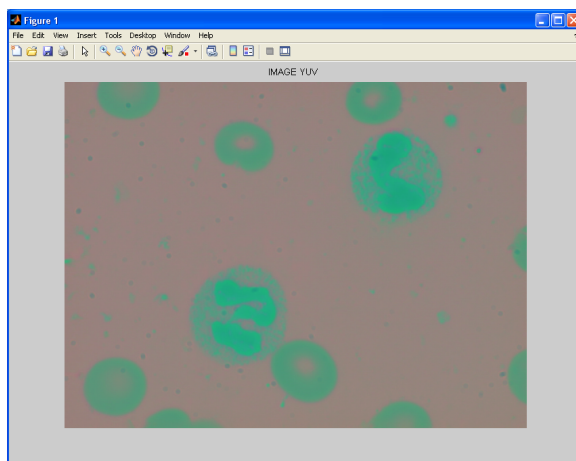


FIGURE 5.14 – Représentation de l'image dans l'espace YUV

### 5.4.1 Algorithme FCM standard

Nous utilisons l'algorithme *FCM*, décrit dans le chapitre (4) pour segmenter les images microscopiques de cytologie sanguine. Pour cela, nous présentons les différents paramètres liés à l'algorithme à savoir :

- **Initialisation de l'algorithme** : initialisation aléatoire de la matrice d'appartenance  $U$  en vérifiant les conditions suivantes :

La somme de tous les degrés d'appartenance d'une donnée  $X_k$  quelconque étant égale à 1, la somme de tous les éléments d'une même colonne vaut par conséquent 1 :

$$\forall k \in \{1, 2, \dots, n\}, \sum_{i=1}^c u_{ik} = 1 \quad (5.6)$$

Aucun sous-ensemble flou ne doit être vide, par conséquent, la somme de tous les éléments d'une même ligne doit être strictement supérieure à 0 :

$$\forall i \in \{1, 2, \dots, c\}, \sum_{k=1}^n u_{ik} > 0 \quad (5.7)$$

aucun sous-ensemble flou ne peut être l'ensemble  $X$  lui même, donc la somme des éléments d'une même ligne est strictement inférieure à  $n$  :

$$\forall i \in \{1, 2, \dots, c\}, \sum_{k=1}^n u_{ik} < n \quad (5.8)$$

- **Choix du paramètre  $m$  (fuzziness)** : il contrôle le degré de flou de la partition floue  $U$ . si  $m$  est proche de 1, la partition résultante est quasiment non floue, chaque pixel  $x_j$  est assigné à une classe  $i$  et une seule avec un degré d'appartenance  $u_{ij} = 1$ . Inversement, alors que la croissance de  $m$  dans le *FCM* tend à

augmenter le degré de partage des pixels aux classes (les degrés d'appartenance de  $x_j$  à chacune des  $C$  classes sont égaux à  $1/C$  lorsque  $m$  tend vers l'infini). Selon BARA dans [BB99], il n'existe pas de méthodes pour optimiser de manière générale ce paramètre, chaque problème fait le choix qui dépend de la nature des données. Une valeur comprise dans l'intervalle  $[1.5, 3]$  est généralement une valeur acceptable. Dans notre travail de magister le paramètre  $m$  est choisi égale à deux ( $m = 2$ ).

- **Détermination du nombre de classes  $C$**  : nous nous plaçons ici dans une problématique de segmentation d'images microscopiques de cytologie sanguine. Nous cherchons donc à segmenter le noyau et le cytoplasme du globule blanc, globule rouge et le fond (plasma).  $C$  est logiquement égale à quatre ( $C = 4$ ).
- **Détermination du seuil  $\epsilon$**  : c'est un nombre réel prédéfini par l'utilisateur et sert comme critère d'arrêt de l'algorithme, basé sur la distance séparant la matrice  $U$  calculée à l'itération au rang  $(b + 1)$  de celle calculée au rang  $(b)$ . Le critère d'arrêt des itérations, peut servir à la stabilité des centres des classes sur deux itérations successives. Dans notre travail le seuil  $\epsilon$  est choisi égale à 0.001 ( $\epsilon = 0.001$ ). (voir figure 5.15).

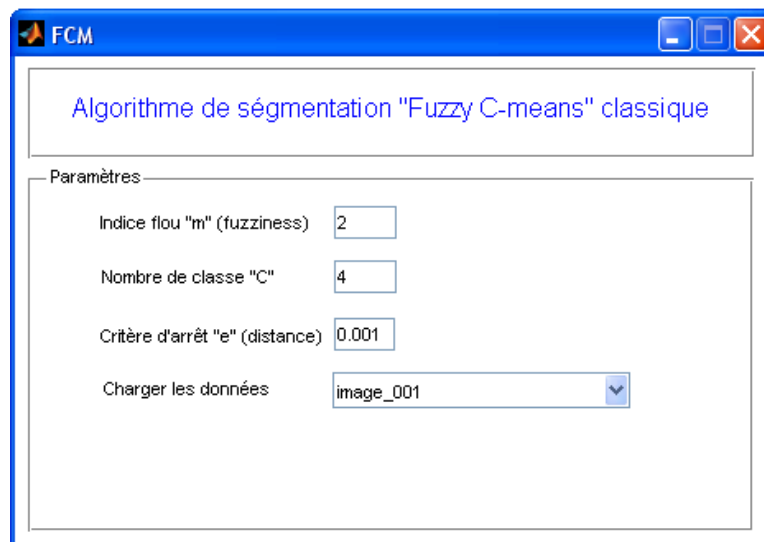


FIGURE 5.15 – Algorithme FCM

A la fin de l'exécution de l'algorithme, nous obtenons la matrice finale d'appartenance  $U$  de dimension :  $(4 \times N)$ , où 4 représente le nombre de classes ( $C$ ) et  $N$  le nombre de pixel total sur l'image en entrée. Les images utilisées sont de dimension :

( $1024 \times 768$ ) ce qui donne un nombre total de pixel :  $N = 786432 \text{pixels/image}$

$$U = \begin{pmatrix} u_{11} & u_{12} & \dots & u_{1j} & \dots & u_{1N} \\ u_{21} & u_{22} & \dots & u_{2j} & \dots & u_{2N} \\ u_{31} & u_{32} & \dots & u_{3j} & \dots & u_{2N} \\ u_{41} & u_{42} & \dots & u_{4j} & \dots & u_{4N} \end{pmatrix} \quad (5.9)$$

Enfin, une ultime étape est nécessaire lorsque le résultat souhaité est une classification non floue. Nous parlons alors de déffuzification. Nous considérons que la classe finale d'un pixel est celle pour laquelle le degré d'appartenance  $u_{ij}$  est maximal :

$$\forall k \in [1, n] x_k \in C_j \Leftrightarrow (u_{ik} < u_{jk} \forall i \neq j \in [1, c]) \quad (5.10)$$

Le résultat est un vecteur de dimension  $N$  (nombre de pixels) qui indique la classe d'appartenance de chaque pixel de l'image en entrée.

Par la suite nous construisons l'image résultat à partir de ce vecteur, nous avons utilisé le vert pour le noyau, le jaune pour le cytoplasme, le rouge pour globule rouge et le noir pour le fond (figure 5.16).

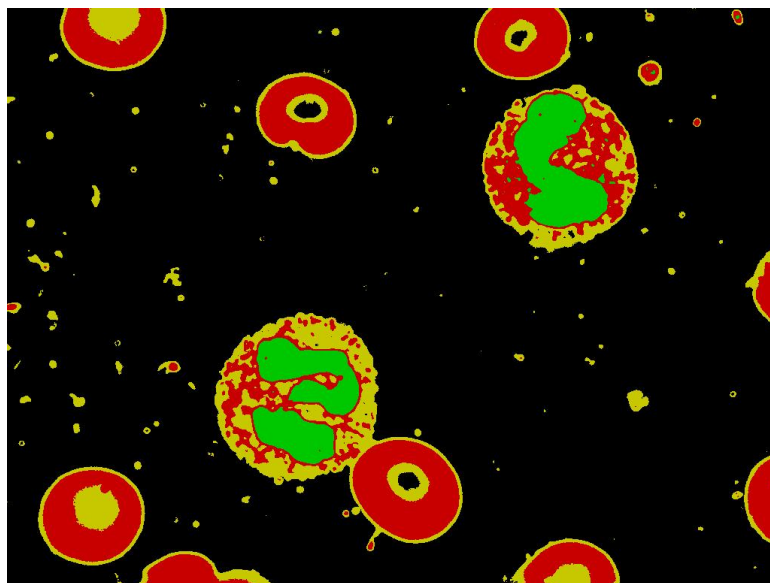


FIGURE 5.16 – Résultat de l'algorithme FCM

Dans le but d'évaluer les résultats de notre méthode de segmentation, nous avons calculé le taux de reconnaissance (équation 5.11) et la précision (équation 5.12) de chaque classe , tel que :

$$Taux = \frac{\text{nombre de pixels correctement classés}}{\text{nombre total de pixels}} \times 100 \quad (5.11)$$

Ce taux correspond à la proportion de vrais positifs par rapport à l'ensemble des pixels qui devraient être segmentés. Cet indicateur permet d'évaluer dans quelle mesure l'intégralité d'une structure recherchée est segmentée.

$$Précision = \frac{\text{nombre de pixels correctement classés}}{\text{nombre de pixels correctement classés} + \text{nombre de pixels mal classés}} \times 100 \quad (5.12)$$

Elle correspond à la proportion de vrais positifs par rapport à l'ensemble des structures qui ont été ou devraient avoir été segmentées. Cet indicateur permet d'évaluer dans quelle mesure la structure recherchée correspond quantitativement et qualitativement à la segmentation.

Ces résultats sont présentés dans le tableau (5.1), nous avons calculé les taux de reconnaissance et la précision sur la totalité des images afin d'avoir une moyenne de ces valeurs. Les résultats obtenus sont comparés avec ceux des deux nouvelles approches (FCM\_S1 et FCM\_S2) dans la partie interprétation des résultats du même chapitre.

	noyau	cytoplasme	G.rouge	fond
Taux	96.49%	55.40%	32.14%	92.69%
Précision	50.70%	29.69%	46.67%	99.54%

TABLE 5.1 – Résultats obtenus pour l'algorithme *FCM*

### 5.4.2 FCM\_S1

L'algorithme FCM\_S1 présenté dans le chapitre (4) pour la segmentation d'images microscopiques de cytologie avec la prise en compte des contraintes spatiales et le voisinage des pixels, nécessite les mêmes paramètres que ceux de l'algorithme standard *FCM* à savoir : l'indice flou ( $m$ ), un seuil ( $\epsilon$ ) et le nombre de classes ( $C$ ). En plus de ça, il existe deux autres paramètres qui sont liés directement avec la prise en compte des contraintes spatiales, il s'agit du voisinage (une fenêtre carrée centrée sur le pixel considéré) noté par  $N_R$  et le paramètre de contrôle de la pénalisation  $\alpha$ .

DAOQIANG ZHANG [18] a utilisé l'algorithme *FCM\_S1* avec  $\alpha = 3,8$  et une fenêtre de  $3 \times 3$  ( $N_R = 9$  nombre de voisins) et il a montré que l'algorithme donne des résultats remarquables pour  $3 \leq \alpha \leq 8$ . Dans notre travail et après plusieurs essais de paramètres, nous avons utilisé l'algorithme *FCM\_S1* (figure 5.17) avec les paramètres d'entrés suivants :

- L'indice flou (fuzziness)  $m$  : comme pour l'algorithme *FCM*, la valeur de  $m$  est égale à deux ( $m = 2$ ).

- Le seuil  $\epsilon$  : c'est un nombre réel prédéfini, comme pour l'algorithme *FCM* la valeur de  $\epsilon = 0.001$ .
- Le nombre de classes  $C$  : il s'agit des mêmes images utilisées, donc  $C = 4$ .
- Paramètre  $\alpha$  : il contrôle le compromis entre l'image originale et l'image filtre-moyen correspondante. Lorsque  $\alpha$  est mis à zéro, l'algorithme *FCM\_S1* est équivalent à l'algorithme *FCM* standard, tandis que si  $\alpha$  approche l'infinie, l'algorithme *FCM\_S1* acquiert le même effet que l'algorithme *FCM* originale appliquer sur l'image filtre-moyen directement. Dans notre travail alpha est choisi égale à huit ( $\alpha = 8$ ).
- $N_R$  : le nombre de voisins qui sont considérés lors du calcul du degré d'appartenance d'un pixel à une classe, nous avons testé trois fenêtres ( $3 \times 3$ ), ( $5 \times 5$ ), ( $7 \times 7$ ) notre choix s'est porté sur la fenêtre ( $5 \times 5$ ) centré sur le pixel considéré d'où  $N_R = 24$ .

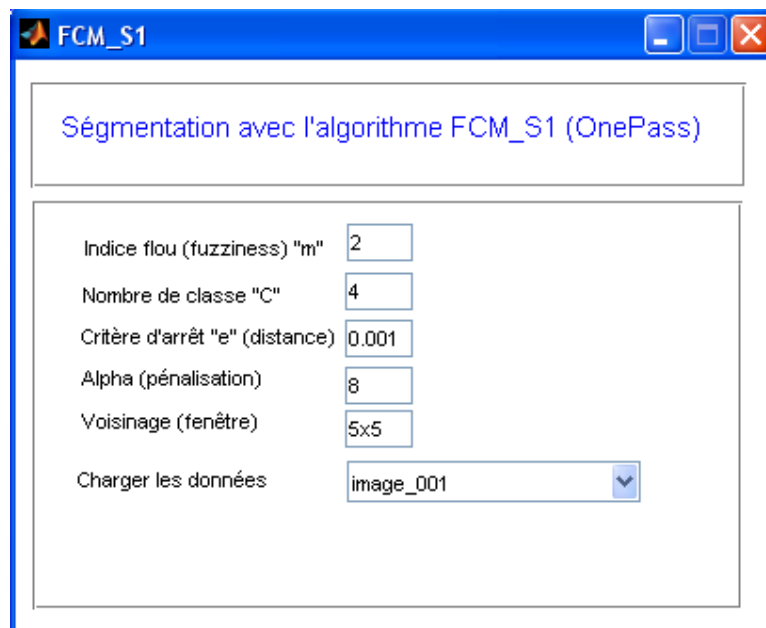


FIGURE 5.17 – Algorithme FCM\_S1

A la fin de l'exécution de l'algorithme, nous obtenons le même résultat comme celui de l'algorithme *FCM*, il s'agit de la matrice  $U$  d'appartenance, par la suite nous passons à l'étape de defuzzification qui nous donne un vecteur de dimension  $N$  (nombre de pixels) qui indique la classe d'appartenance de chaque pixel de l'image en entrée.

Finalement, nous construisons l'image résultat à partir de ce vecteur, nous avons utilisé le vert pour le noyau, le jaune pour le cytoplasme, le rouge pour globule rouge et le noir pour le fond (figure 5.18).

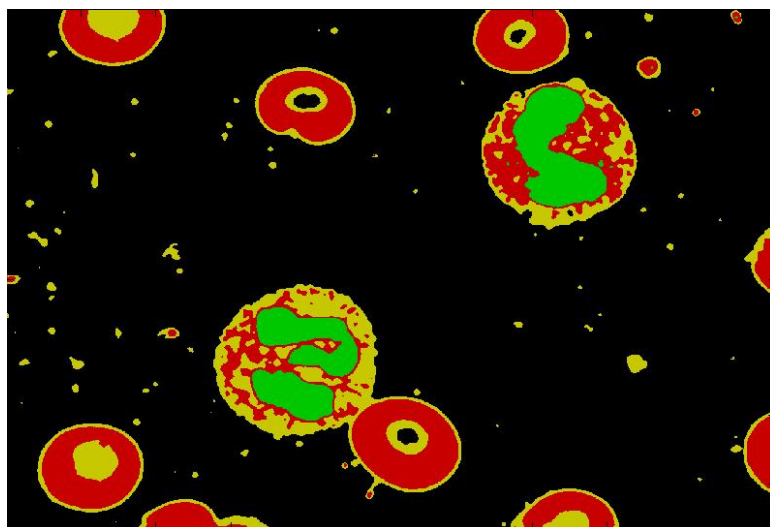


FIGURE 5.18 – Résultat FCM\_S1

Dans le but d'évaluer les résultats de notre méthode de segmentation, nous avons calculé le taux de reconnaissance et la précision de chaque classe exactement de la même manière dans l'algorithme *FCM*. Les résultats obtenus dans le tableau (5.2) sont comparés avec ceux de l'approche classique *FCM* et la deuxième approche *FCM\_S2* dans la partie interprétation des résultats du même chapitre.

	noyau	cytoplasme	G.rouge	fond
Taux	96.60%	55.61%	32.19%	92.85%
Précision	50.72%	29.96%	46.76%	99.55%

TABLE 5.2 – Résultats obtenus pour l'algorithme *FCM\_S1*

### 5.4.3 FCM\_S2

Exactement comme pour les deux premiers algorithmes (*FCM* et *FCM\_S1*) *FCM\_S2* utilise les mêmes paramètres qui sont :

- L'indice flou (fuzziness)  $m$  : comme pour l'algorithme *FCM* et *FCM\_S1*, la valeur de  $m$  est égale à deux ( $m = 2$ ).
- Le seuil  $\epsilon$  : c'est un nombre réel prédéfini, comme pour l'algorithme *FCM* et *FCM\_S1*, la valeur de  $\epsilon = 0.001$
- Le nombre de classes  $C$  : il s'agit des mêmes images utilisées, donc  $C = 4$

En plus, nous trouvons dans l'algorithme *FCM\_S2* d'autres paramètres supplémentaires qui sont :

- Le voisinage (une fenêtre carrée centrée sur le pixel considéré) noté par  $N_R$ .

- Deux autres paramètres notés  $(p, q)$  qui sont des paramètres pour contrôler l'importance relative des deux fonctions  $(u, h)$  déjà présentées dans le chapitre (4).

KEH-SHIH CHUANG [19] a utilisé l'algorithme *FCM\_S2* avec  $p = 0$ ,  $q = 2$  et une fenêtre de  $3 \times 3$  ( $N_R = 9$  nombre de voisins). Nous avons testé trois fenêtres ( $3 \times 3$ ), ( $5 \times 5$ ), ( $7 \times 7$ ) notre choix s'est porté sur la fenêtre ( $5 \times 5$ ) centrée sur le pixel considéré, avec  $p = 0$  et  $q = 2$ .

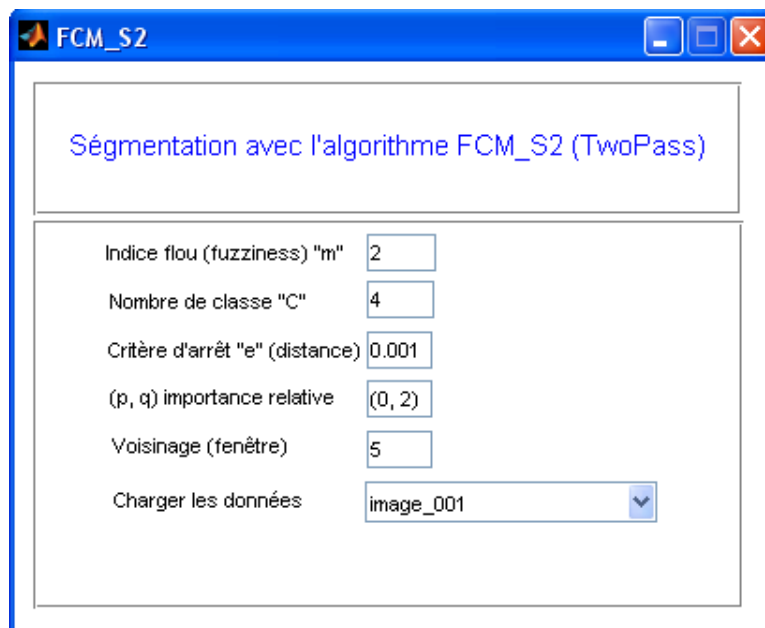


FIGURE 5.19 – Algorithme *FCM\_S2*

A la fin de l'exécution de l'algorithme et après l'étape de defuzzification, nous obtenons un vecteur de dimension  $N$  (nombre de pixels) qui indique la classe d'appartenance de chaque pixel de l'image en entrée. Par la suite nous construisons l'image résultat à partir de ce vecteur, nous avons utilisé le vert pour le noyau, le jaune pour le cytoplasme, le rouge pour globule rouge et le noir pour le fond (figure 5.20).

De la même façon que l'algorithme *FCM* et *FCM\_S1*, dans le but d'évaluer les résultats de cette nouvelle méthode de segmentation, nous avons calculé le taux de reconnaissance et la précision de chaque classe pour toutes les images de notre base (tableau 5.3)

Les résultats obtenus sont comparés avec ceux de l'approche classique *FCM* et la première approche *FCM\_S1*, dans la partie interprétation des résultats du même chapitre.

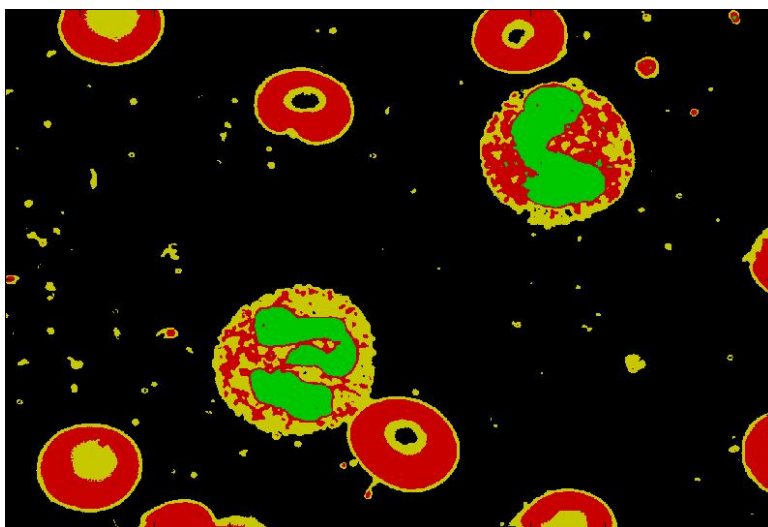


FIGURE 5.20 – Résultat FCM\_S2

	noyau	cytoplasme	G.rouge	fond
Taux	96.25%	57.83%	32.32%	93.26%
Précision	54.32%	30.49%	47.65%	99.51%

TABLE 5.3 – Résultats obtenus pour l'algorithme *FCM\_S2*

## 5.5 Interprétation des résultats

Nous avons mesuré et quantifié les performances de segmentation de l'ensemble des images en comparant les résultats avec les images vérité terrain. Pour cela nous avons utilisé deux critères : taux de reconnaissance et la précision. Des résultats visuels de la segmentation sont présentés (figures 5.21). Le tableau (5.4) montre les taux de reconnaissance et de précision obtenus pour les trois algorithmes *FCM*, *FCM\_S1* et *FCM\_S2*.

	Taux				Précision			
	noyau	cytoplasme	G.rouge	fond	noyau	cytoplasme	G.rouge	fond
FCM	96,49%	55,40%	32,14%	92,69%	50,70%	29,69%	46,67%	99,54%
FCMS1	96,60%	55,61%	32,19%	92,85%	50,72%	29,96%	46,76%	99,55%
FCMS2	96,25%	57,83%	32,32%	93,26%	54,32%	30,49%	47,65%	99,51%

TABLE 5.4 – Résultats obtenus pour *FCM*, *FCM\_S1* et *FCM\_S2*



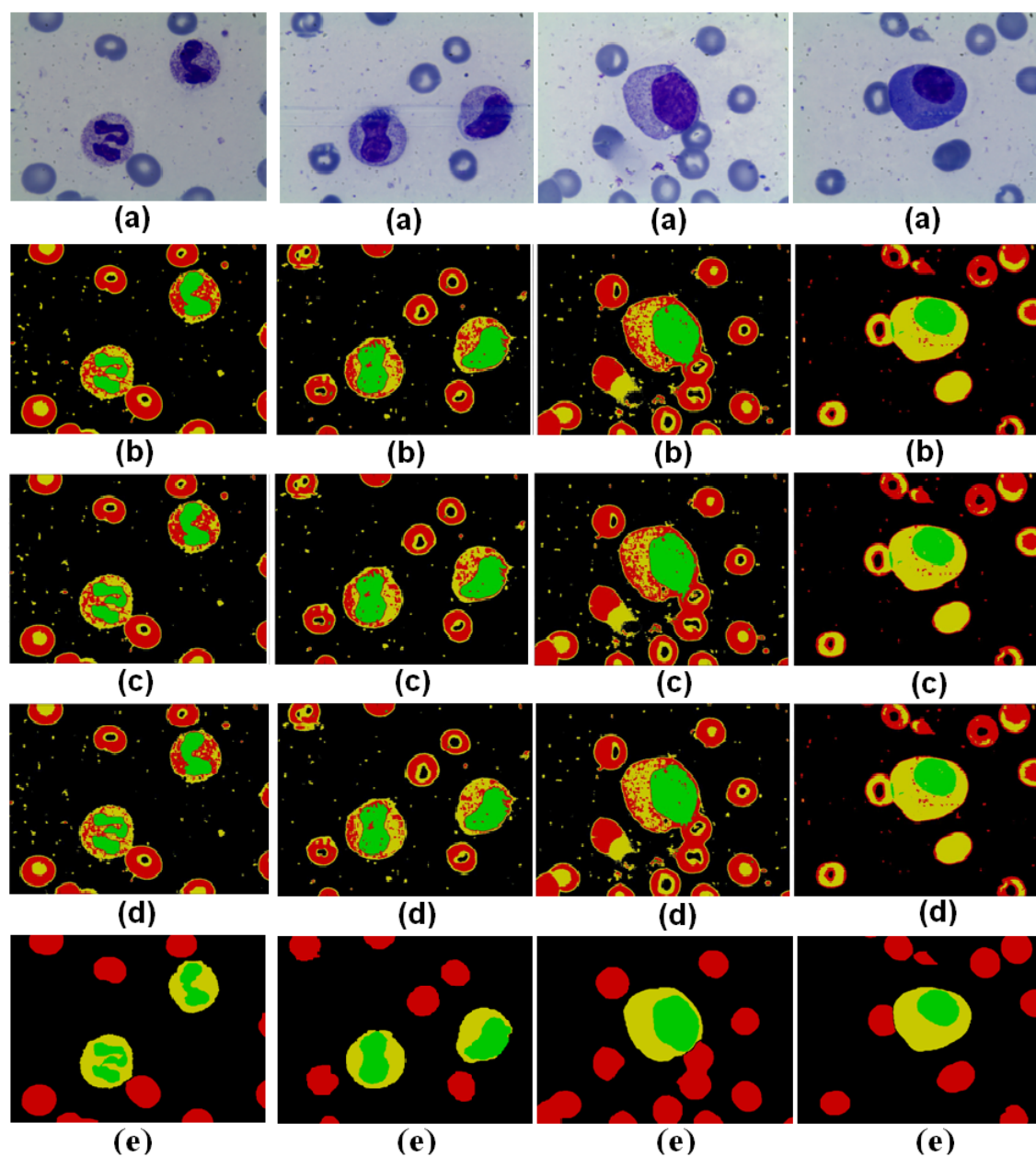


FIGURE 5.21 – Résultat visuel : (a) image originale, (b)  $FCM$ , (c)  $FCM\_S1$ , (d)  $FCM\_S2$ , (e) vérité terrain

A la lumière des résultats présentés et des résultats visuels, nous constatons une amélioration remarquable de la segmentation entre l'algorithme  $FCM$ ,  $FCM\_S1$  et  $FCM\_S2$  (voir table 5.5) cela est due à l'intégration de l'information spatiale et la prise en compte des contraintes spatiales dans  $FCM\_S1$  et  $FCM\_S2$ .

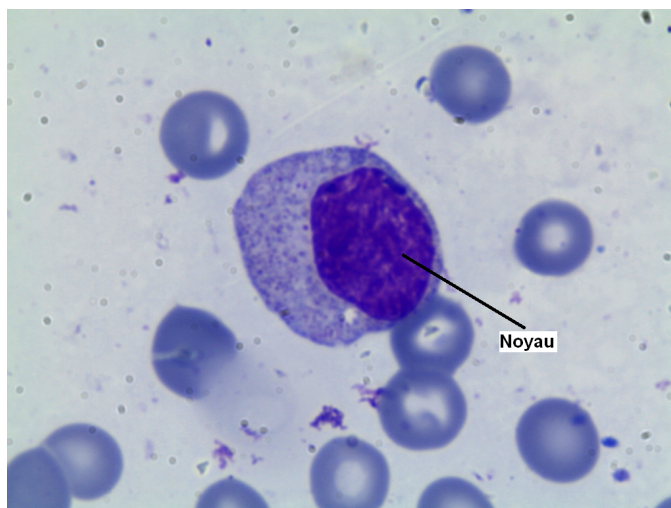
Aussi nous pouvons dire que  $FCM\_S2$  donne de bons résultats par rapport à  $FCM\_S1$ . En effet, le premier algorithme  $FCM\_S2$  utilise les degrés d'appartenance ( $u_i$ ) des pixels voisins comme information supplémentaire lors de son déroule-

	Taux de reconnaissance	Précision
Résultats <i>FCM_S1</i> par rapport à <i>FCM</i>	+0.20%	+0.29%
Résultats <i>FCM_S2</i> par rapport à <i>FCM</i>	+1.32%	+2.98%

TABLE 5.5 – Résultats *FCM\_S1* et *FCM\_S2* par rapport à *FCM* classique

ment par contre le deuxième algorithme *FCM\_S1* utilise les caractéristiques colorimétriques ( $x_i$ ) des pixels voisins comme information supplémentaire.

La segmentation de la région *noyau* et la région *fond* est très satisfaisante (table 5.4). Cela est due à la différence de configurations colorimétriques de ces deux classes à l'intérieur d'une même image par rapport aux restes des classes, d'où le classifieur a pu reconnaître le *noyau* et le *fond*, un exemple d'image est présenté la figure (figure 5.22) avec les résultats de segmentation des trois algorithmes appliqués sur la même image sont présentés dans la table 5.6).

FIGURE 5.22 – Exemple d'écart entre la classe noyau et le reste des classes (*image004.bmp*)

	Taux				Précision			
	noyau	cytoplasme	G.rouge	fond	noyau	cytoplasme	G.rouge	fond
FCM	98,35%	48,09%	78,14%	94,17%	92,84%	27,60%	79,81%	99,16%
FCMS1	98,41%	44,95%	78,78%	94,02%	92,53%	26,30%	78,99%	99,18%
FCMS2	98,20%	55,36%	75,34%	94,69%	93,94%	30,26%	81,62%	99,08%

TABLE 5.6 – Résultats obtenus pour les trois algorithmes *FCM*, *FCM\_S1* et *FCM\_S2* appliqués sur l'image *image004.bmp*

Par contre sur certaines images nous obtenons des résultats moyens pour la classe *noyau*, cela est due à la ressemblance importante de configurations colorimétriques entre la classe *noyau* et les deux autres classes *cytoplasme* et *globules rouges* d'où le classifieur ne fait pas la différence entre ces 03 classes (voir figure 5.23).

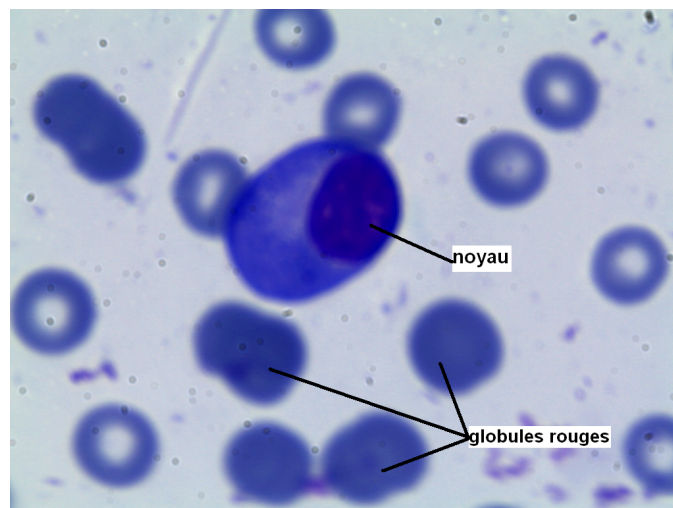


FIGURE 5.23 – Exemple de ressemblance entre la classe *noyau* et le reste des classes (*image015.bmp*)

La classe *cytoplasme* a été moyennement reconnue (des pourcentages aux alentours des 57% de taux de reconnaissance et 30% de précision puisqu'il y'avait un nombre important de faux positifs).

Effectivement, dans certaines images l'écart enregistré des configurations colorimétriques des régions *cytoplasme*, à l'intérieur d'une même image, est grand (voir figure 5.24).

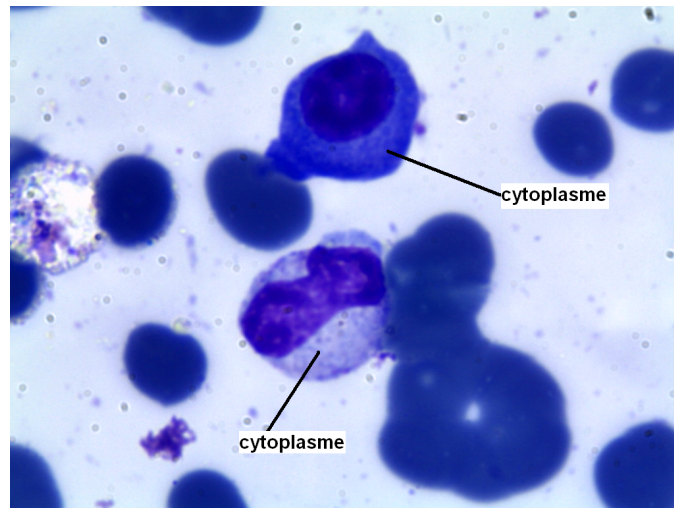


FIGURE 5.24 – Exemple d'écart dans la classe cytoplasme (*image018.bmp*)

Parfois les configurations colorimétriques du *cytoplasme* sont très proche de celles des noyaux ou globules rouges (voir figure 5.25) de ce fait, le classifieur confond les régions du *cytoplasme* avec les autres régions d'où le nombre important des pixels faux positifs dans la classe cytoplasme.

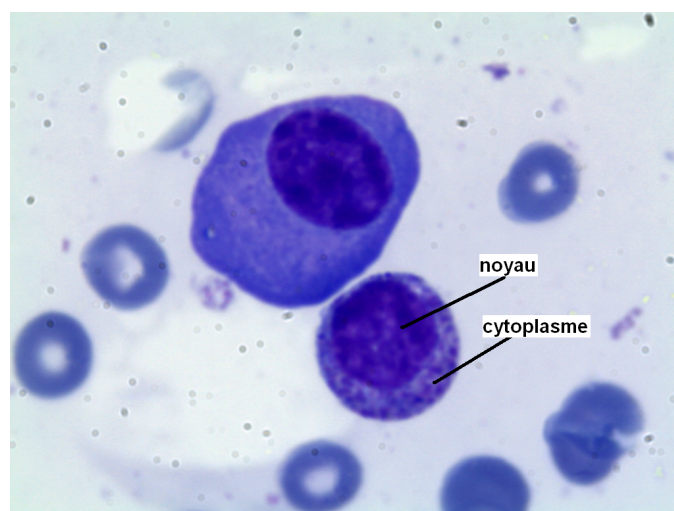


FIGURE 5.25 – Exemple de ressemblance entre le cytoplasme et le noyau (*image008.bmp*)

En ce qui concerne la classe *globule rouge*, nous avons enregistré de faible taux de reconnaissance (des pourcentages aux alentours des 32% de taux de reconnaissance et 47% de précision due aux faux positifs).

Aussi, puisque nos images contiennent des globules rouges de type *Erythroblaste*<sup>3</sup> (voir figure 5.26), toutes les segmentations faites ont détecté le noyau du *globule rouge* comme étant un fond, cela a beaucoup perturbé les résultats du classifieur.

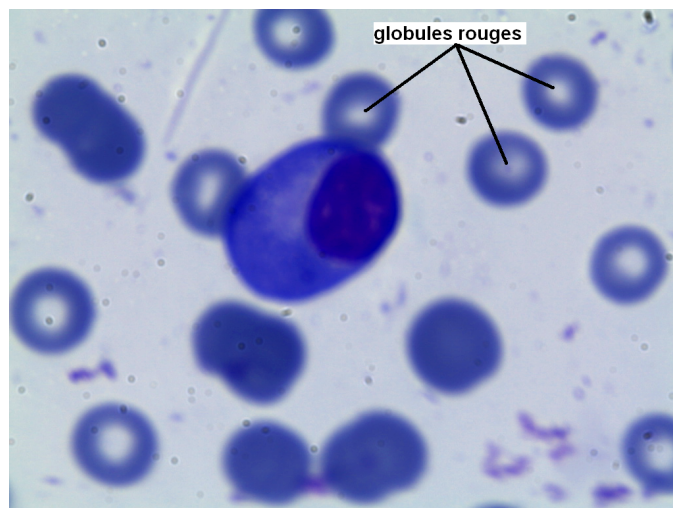


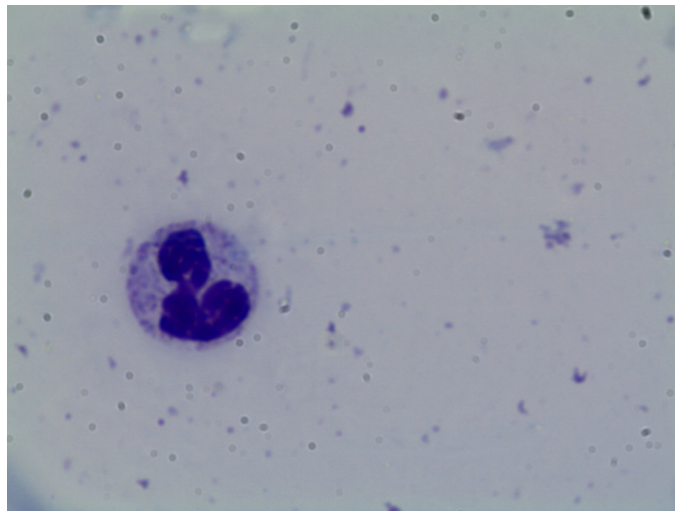
FIGURE 5.26 – Exemple de globules rouges avec noyaux (*image015.bmp*)

Un cas particulier de la base d'images (voir figure 5.27) concerne une image qui ne contient que 03 classes (*noyau*, *cytoplasme* et *fond*) nous avons enregistré de très bon résultats (voir tableau 5.7).

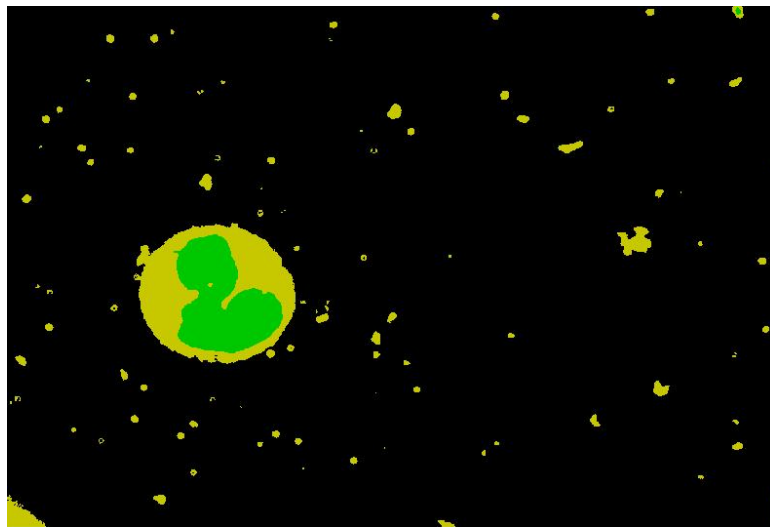
	Taux			Précision		
	noyau	cytoplasme	fond	noyau	cytoplasme	fond
FCM	99,20%	94,38%	98,33%	94,01%	53,88%	100,00%
FCMS1	99,23%	94,53%	98,47%	94,12%	56,17%	100,00%
FCMS2	99,06%	94,70%	98,60%	94,51%	58,29%	99,99%

TABLE 5.7 – Résultats obtenus pour *FCM*, *FCM\_S1* et *FCM\_S2* sur l'image : *image011.bmp*

3. *Erythroblaste* : Cellule contenant un noyau (contrairement au globule rouge définitif) et appartenant à la lignée des globules rouges présents dans la moelle osseuse. <http://www.vulgaris-medical.com>

FIGURE 5.27 – Image avec 03 classes (*image011.bmp*)

Cela est expliqué par l'absence des globules rouges et la bonne configuration colorimétrique du *noyau* et *cytoplasme*. La précision de la classe *cytoplasme* peut être améliorée par un post-traitement qui va éliminé les petites zones du *cytoplasme* sur le *fond* (voir figure 5.28).

FIGURE 5.28 – Résultat de segmentation avec *FCM\_S2* (*image011.bmp*)

Cependant nous remarquons toujours une petite confusion restante entre le cytoplasme et les globules rouges, vu la ressemblance considérable de leurs caractéristiques colorimétriques ; cela est dû aussi à une mauvaise classification des pixels appartenant à d'autres régions classés cytoplasme (faux positifs). Cette confusion a été constatée même dans des travaux utilisant les algorithmes de segmentation supervisés [IBC11].

De ce fait, un post traitement est nécessaire afin d'améliorer la qualité de la segmentation en éliminant les petites régions parasites (artefacts) sur le fond et les petites zones rouge à l'intérieur de la région cytoplasme. Aussi, les images originales contiennent des régions claires aux centres des globules rouges, ce qui mène à leur classification comme fond (plasma) ceci peut être corrigé par un simple remplissage dans l'étape de post traitement.

Puisque le diagnostic de l'expert médical est basé essentiellement sur les leucocytes (noyau + cytoplasme) nous avons trouvé utile d'ajouter quelques résultats de précision concernant le noyau et cytoplasme (table 5.8) ainsi que les résultats visuels pour ce type de cellules (fig 5.29).

	Noyau	Cytoplasme
Taux de reconnaissance	96,51%	64,08%
Précision	60,18%	51,23%

TABLE 5.8 – Résultats *FCM\_S2* après post traitement

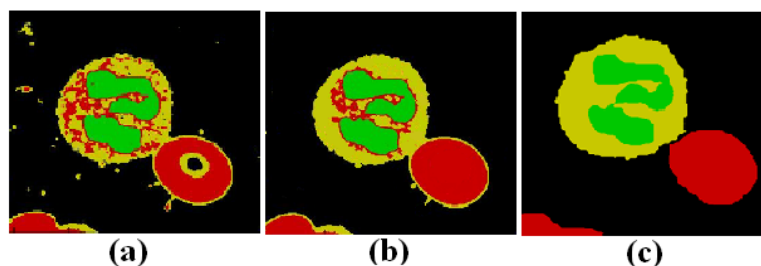


FIGURE 5.29 – (a) résultat *FCM\_S2* (b) résultat post traitement (c) vérité terrain

## 5.6 Conclusion

Nous avons décrit dans ce chapitre la dernière étape d'expérimentation de l'algorithme C-Moyennes Floues (FCM) et ses deux variantes *FCM\_S1* et *FCM\_S2*. Nous avons commencé par la phase d'étiquetage de notre base d'images microscopiques réelles. Ensuite nous avons appliqué sur les images originales, une analyse discriminante linéaire (LDA) pour extraire les caractéristiques des différents espaces couleurs, cinq espaces couleur ont été utilisés : RGB (espaces de primaire), HSL et HSV (espaces perceptuels), LUV (espace perceptuellement uniformes) et YUV (espaces de télévision).

Par la suite, nous avons présenté l'algorithme C-Moyennes Floues FCM et ses deux

variantes FCM\_S1 et FCM\_S2, une évaluation des résultats a été effectuée sur la base d'images étiquetées (vérité terrain). Nous avons constaté les points suivants :

- La segmentation des cellules en utilisant la classification floue a donné des résultats intéressants et prometteurs.
- Les algorithmes FCM\_S1 et FCM\_S2 permettent d'améliorer la qualité de la segmentation basée sur un processus de classification de pixels non-supervisé FCM. La segmentation FCM\_S2 a amélioré davantage les pourcentages.
- Les deux nouvelles méthodes ont donné des régions plus homogènes que ceux des méthodes classiques, réduits et/ou éliminent les tâches parasites et bruyantes, elles sont moins sensibles au bruit.
- Les résultats obtenus pour la classe "Noyau" et la classe "Fond" ont été satisfaisants en termes de taux de reconnaissance et de précision pour la plupart des images testées, cela est due à la différence de configurations colorimétriques de ces deux classes par rapport aux autres classes.
- De faibles et moyens résultats ont été enregistrés pour la classe cytoplasme et globule rouge, cela est due généralement à la ressemblance de configuration colorimétrique de ces deux classes.
- FCM\_S1 et FCM\_S2 sont plus au moins complexe par rapport à FCM et consomment beaucoup plus en terme de temps de calcul.
- Malgré les avantages de FCM\_S1 et FCM\_S2, mais il reste toujours des points faibles qui peuvent être résolus avec d'autres méthodes et variantes du même algorithme FCM. Exemple des points aberrants et éloignés.

Finalement, les résultats obtenus dans notre mémoire de magister ont été très convaincants et encourageants ce qui permet de poursuivre la recherche en testant d'autres pistes d'amélioration de l'extraction des différentes régions des images microscopiques.



# Conclusion générale et perspectives

L'analyse d'images couleurs microscopiques dans le domaine de la cytopathologie est un outil de diagnostic qui fournit des informations sur la forme et la structure des cellules (noyau, cytoplasme des globules blancs et les globules rouges) qui sont utiles et précieuses pour la santé des patients. Cette étude de paramètres ne peut se faire qu'à partir d'objets parfaitement segmentés, d'après WIED G.L [GPH89] une segmentation robuste et sûre est un pré requis de base pour l'analyse d'images.

Alors que dans le passé le traitement d'image couleur se limitait essentiellement à des domaines limités, ces dernières années il a gagné de l'importance grâce aux nouvelles possibilités. Ceci est du, entre autres, au haut niveau d'information que l'image couleur contient par rapport à l'image au niveau de gris. Cette information permet au traitement d'image couleur de succéder dans divers domaines où le traitement classique d'image au niveau de gris dominait généralement.

En effet, la couleur étant une information que nous l'on attachons directement et naturellement aux régions, une segmentation couleur devrait permettre d'obtenir des régions qui soient davantage significatives.

Dans notre approche, l'image complète est segmentée en quatre régions : noyau, cytoplasme, globule rouge et fond. Nous appliquons en premier lieu une *analyse discriminante linéaire* (LDA) pour extraire les composantes des différents espaces couleurs, cinq espaces couleur ont été utilisés : *RGB* (espaces de primaire), *HSL* et *HSV* (espaces perceptuels), *LUV* (espace perceptuellement uniformes) et *YUV* (espaces de télévision), ce choix est justifié par leurs résultats remarquables.

La segmentation des cellules est difficile, cette difficulté est liée par fois aux chevauchements des cellules, aux frontières non claires entre les cellules, à l'éclatement et division des cellules lors de la réalisation du frotti, à la diversité et la variation des formes et couleur d'une même cellule sur un seul prélèvement et au contexte dans le quel les cellules sont récoltées.

Les techniques de segmentation rencontrées dans la littérature sont diverses, au vu de la disparité des techniques utilisées, nous ne pouvons pas dire qu'il existe une segmentation type sur des images de cytologie. Cela s'explique par la diversité des images.

Plusieurs algorithmes non-supervisés de segmentation d'images médicales sont proposés, la segmentation des cellules en utilisant la classification floue a donné des résultats intéressants dans différents travaux. Dans ce mémoire, l'algorithme de classification non-supervisés C-Moyennes Floues (Fuzzy C-Means *FCM*) est présenté, il introduit la notion d'ensemble flou dans la définition des classes et utilise un critère de minimisation des distances intra-classe et de maximisation des distances inter-classe pour calculer les degrés d'appartenance.

Ce type de segmentation conventionnelle n'intègre pas le contexte spatial de l'image (voisinage des pixels), ce qui la rend sensible au bruit et aux variations d'intensité. Afin de surmonter ces insuffisances, deux approches ont été proposées en combinant les techniques de classification avec les contraintes spatiales. La première notée *FCM\_S1*, où l'information spatiale consiste en la moyenne des composantes colorimétriques des voisins directs du pixel considéré avec une modification au niveau de la fonction objective et la formule de calcul de la matrice d'appartenance et les centres des classes, l'algorithme se déroule en un seul passage par itération (one-pass process). La deuxième technique notée *FCM\_S2*, cette fois l'information spatiale consiste en la somme des degrés d'appartenance des voisins directs du pixel considéré, l'algorithme *FCM* standard reste le même avec l'insertion d'une nouvelle formule de calcul du degré d'appartenance spatiale, dans ce cas chaque itération comprend deux passages successifs (two-pass process).

Une évaluation a été effectuée sur une base réelle d'images microscopiques de cytologie afin d'examiner et de comparer les résultats des trois algorithmes à savoir : *FCM*, *FCM\_S1* et *FCM\_S2*. Elle nous a permis de constater en premier lieu que les deux algorithmes *FCM\_S1* et *FCM\_S2* améliorent les résultats de segmentation par rapport l'algorithme classique *FCM*. Aussi il faut noter que *FCM\_S2* est beaucoup plus performant en termes d'amélioration des résultats par rapport à *FCM\_S1*. Ces techniques donnent des régions plus homogènes que ceux des méthodes classiques, réduits et/ou éliminent les taches parasites et bruyantes, elles sont moins sensible au bruit. Par contre elles sont plus au moins complexe et consomme beaucoup plus de temps de calcul par rapport à l'algorithme standard *FCM*.

D'une manière générale, nous avons constaté que les résultats de segmentation du noyau et du fond (plasma) ont été très satisfaisants cela est due principalement à la différence de configuration colorimétrique des deux classes. Par contre des résultats juste moyens ont été enregistrés pour le cytoplasme et globule rouge du fait que leurs caractéristiques colorimétriques sont très proches. Aussi, les images originales contiennent des régions claires aux centres des globules rouges, ce qui mène à leur classification comme fond (plasma)

Comme perspectives, nous proposons d'utiliser la texture des images couleurs comme information supplémentaire pour la classification et il serait intéressant aussi de tester d'autres versions de l'algorithme C-Moyennes Floues (*FCM*) où la contrainte de la somme des degrés d'appartenance d'un pixel est égale à 1 sera relâchée (Possibilistic C-means) et la distance utilisée n'est plus la distance Euclidienne mais bien d'autres distance (Kernel FCM). Ou encore la coopération de plusieurs classifieurs. Il s'agit précisément de remédier aux défauts résultants d'un seul classifieur. En effet, la coopération apporte des améliorations par rapport à un seul classifieur et cela parce qu'on utilise plusieurs référentiels et plusieurs contraintes à la fois, ce qui nous permet de cerner le problème dans toute ses dimensions.

Aussi, après la segmentation nous pouvons passer à la caractérisation des cellules. Cette dernière s'intéresse à détecter le type des cellules pour diagnostiquer une maladie bien précise.

# Références bibliographiques

- [AEt98] Y. Altunbasak, P. Eren, and A. tekalp. region-based motion segmentation using color segmentation, 1998. Graphical Models and image Processing.
- [AM08] Koschan Andreas and Abidi Mongi. Digital color image processing, 2008. John Wiley and Sons, Inc.
- [AN97] Tremeau A. and Borel N. A region growing and merging algorithm to color segmentation, 1997. Pattern Recognition.
- [APP+96] Elmoataz A., Belhomme P., Herlin P., Schupp S., and Revenu M. Automated segmentation of cytological and histological images for the nuclear quantification : An adaptative approach based on mathematical morphology. 1996. Microsc. Microanal. Microstruct. Vol.7.
- [AYM+02] M.N. Ahmed, S.M. Yamany, N. Mohamed, A.A. Farag, and T. Moriarty. A modified fuzzy c-means algorithm for bias field estimation and segmentation of mri data. *IEEE Trans. on Medical Imaging*, 2002.
- [BAG11] Ismahan BAGHLI. Fusion de segmentation d'images cytologiques par svm dans différents espaces couleur, 2011. Université Abou Bekr Belkaid Tlemcen (UABT).
- [BB99] V. Barra and JY Boire. Fusion de données en imagerie 3d du cerveau. *L'incertitude et l'imprécision en fusion d'informations*, 1999.
- [BCGW81] J.C. Bezdek, C. Coray, R. Gunderson, and J. Watson. Detection and characterization of cluster substructure. *SIAM J. Appl. Math*, 1981.
- [Bed98] L. Bedat. *Aspects psychovisuels de la perception des couleurs, Application au codage d'images couleur fixes avec compression de l'information*. PhD thesis, Université de Nantes, 1998.
- [Bez73] J.C. Bezdek. *Fuzzy mathematics in pattern classification*. PhD thesis, Cornell Univ., Ithaca, NY, 1973.
- [Bez80] J.C. Bezdek. A convergence theorem for the fuzzy isodata clustering algorithms. *IEEE Trans. Pattern Anal. Machine Intell.*, 1980.

- [Bez81] J.C Bezdek. Pattern recognition with fuzzy objective function algorithms, 1981. Plenum Press, New York.
- [BHMN03] Stéphane BAZEILLE, Paul HEMAR, Baptise MOUGEL, and Fabien NG-FOK. Rapport d'image numérique, 2003. Université de la Rochelle.
- [BVM<sup>+</sup>04] L. Busin, N. Vandenbroucke, L. Macaire, J.G. Postaire, and O. Lezoray. Color space selection for unsupervised color image segmentation by histogram multithresholding, 2004. IEEE International Conference on Image Processing.
- [C.79] Garbay C. *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, 1979.
- [Cel90] M. Celenk. A color clustering technique for image segmentation, 1990. Computer vision Graphics and Image Processing.
- [CG84] J. Chassery and C. Garbay. An iterative segmentation method based on contextual color and shape criterion. *IEEE transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 1984.
- [Cla84] G. Claramont. *Développement de techniques de segmentation chromatique et implantation dans un module de vision*. PhD thesis, Institut National Polytechnique de Toulouse, 1984.
- [Cou91] V. Coutance. *La couleur en vision par ordinateur. Application à la robotique*. PhD thesis, Université Paul Sabatier de Toulouse, 1991.
- [CP95] J. Cocquerez and S. Philipp. Analyse d'images : filtrage et segmentation, 1995. Paris : Masson.
- [Cri05] N. Cristianini. Dimension reduction in text classification with support vector machines, 2005. JMLR, vol.6.
- [CSP08] S. Chinwaraphat, A. Sanpanich, and C. Pintavirooj. A modified fuzzy clustering for white blood cell segmentation. *The 3rd International Symposium on Biomedical Engineering (ISBME 2008)*, 2008. Research Center for Communication and Information Technology (ReCCIT), Bangkok, Thailand.
- [CST94] M.M. Chang, I. Sezan, and M. Tekalp. Adaptive bayesian segmentation of color images. *Electronic Imaging*, 1994.
- [CST00] N. Cristianini and J. Shawe-Taylor. Introduction to support vector machines and other kernel-based learning methods, 2000. Cambridge University Press.

- [CTC<sup>+</sup>05] Keh-Shih Chuang, Hong-Long Tzeng, Sharon Chen, Jay Wu, and Tzong-Jer Chen. Fuzzy c-means clustering with spatial information for image segmentation. *ELSEVIER, Computerized Medical Imaging and Graphics*, 2005. Department of Nuclear Science, National Tsing-Hua University, Taiwan.
- [CZ04] Songcan Chen and Daoqiang Zhang. Robust image segmentation using fcm with spatial constraints based on new kernel-induced distance measure. *IEEE Transactions on systems, MAN, and Cybernetics*, 2004. Department of Computer Science and Engineering, Nanjing University of Aeronautics and Astronautics, Nanjing, China.
- [DB92] R.N. Dave and K. Bhaswan. Adaptive fuzzy c-shells clustering and detection of ellipses. *IEEE Trans. on Neural Networks*, 1992.
- [DHS01] R. Duda, P. Hart, and D. Stork. Pattern classification, 2001. Xiley Interscience 2e édition.
- [DK] P.A. Devijver and J. Kittler. Pattern recognition : a statistical approach. *Prentice-Hall, London*.
- [DKS05] J. Dong, A. Krzyzak, and C. Suen. Fast svm training algorithm with decomposition on very large data sets. *IEEE trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 2005.
- [DS06] K. Deshmukh and G. N. Shinde. An adaptive neuro-fuzzy system for color image segmentation. *J. Indian Inst. Sci.*, 2006.
- [DUB08] Julien DUBOIS. Segmentation par approche contours. 2008. Université de ROUEN.
- [Dun73] J.C. Dunn. A fuzzy relative of the isodata process and its use in detecting compact well-separated clusters, 1973. *J. Cybernetics*.
- [Eas73] D. Eastwood. A simple modification to improve the visual uniformity of the cie 1964  $u^*v^*w^*$  color space. *In Second congress of the Internationale Association of Color*, 1973.
- [FF00] Sylvie Philipp-Foliguet. Segmentation d'images en régions floues, 2000. Logique Floue et Applications, LFA 2000, La Rochelle.
- [Fis36] R. Fisher. The use of multiple measurements in taxonomic problems, 1936. *Anal. of Eugenics*, vol. 7, pages 179-188.
- [FK96] H. Frigui and R. Krishnapuram. A robust algorithm for automatic extraction of an unknown number of clusters from noisy data, 1996. *IEEE Transactions on Pattern Recognition Letters*.

- [Fuk90] K. Fukunaga. Introduction to statistical pattern recognition. *Academic Press, New York*, 1990.
- [GHA10] Sarah GHANDOUR. *Segmentation d'images couleurs par morphologie mathématique : application aux images microscopiques*. PhD thesis, Université de Toulouse III - Paul Sabatier, 2010.
- [GPH89] Wied G.L., Bartels P.H., and Bibbo M. ANDDytch H.E. Image analysis in quantitative cytopathology and histopathology, 1989. *Human Pathology*, Vol 20, n°6.
- [Gra00] Michel Grabisch. Classification, 2000. Université de Paris 1.
- [GW82] Wysecki G. and Stiles W.S. Color science : Concepts and methods, quantitative data and formulae, second edition, 1982. John Wiley and Sons.
- [HBF04] Mohamed Hachama, Nasse Bohoua, and Olivier Franck. Une segmentation grossière et rapide des images en couleurs, 2004. <http://www.tsi.telecom-paristech.fr/pages/enseignement/ressources/beti/gric/index.htm>.
- [HJ94] J. Héroult and C. Jutten. Réseaux neuronaux et traitement du signal, 1994.
- [Hot33] Hotelling. Analysis of complex statistical variables into principal components, 1933. *Journal of Educational Psychology*.
- [HP74] S. Horowitz and S. Pavlidis. Picture segmentation by a directed split and merge procedure. *Second International Conference on Pattern Recognition*, 1974.
- [IBC11] M.Benazzouz I. Baghli and M.A. Chikh. Cytological image segmentation based on fusion in two levels. *WOTIC'11 (The Fourth Workshop on Information Technologies and Communication)*, Casablanca, Morocco, 2011.
- [JH94] Liu J. and Yang H. Multiresolution color image segmentation. *IEEE transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 1994.
- [Kan98] Y. Kanai. Image segmentation using intensity and color information. *The International Society for Optical Engineering Proc. SPIE*, 1998.
- [KAN09] Han KANG. *Contribution To Automatic Corporal Tissue Classification By Integrating Qualitative Medical Knowledge : Application To The Analysis Of Musculo Skeletal Diseases And Disabilities From MRI Sequences*. PhD thesis, Université de Valenciennes et du Hainaut-Cambrésis, 2009.
- [Kar47] Karhunen. Uber lineare methodem in wahrscheinlichkeitsrechnung, 1947. *Ann. Acad. Sci. Fenn.*

- [KHO97] Lotfi KHODJA. *Contribution à la Classification Floue non Supervisée*. PhD thesis, Université de SAVOIE, 1997.
- [KNF92] R. Krishnapuram, O. Nasraoui, and H. Frigui. The fuzzy c spherical shells algorithm : a new approach. *IEEE Tr. on Neural Networks*, 1992.
- [Kri96] Krishna. The possibilistic c-means algorithm : Insights and recommendations. *IEEE transactions on Fuzzy Systems*, 1996.
- [LB08] Jérémy Lecoeur and Christian Barillot. Segmentation d'images cérébrales : État de l'art, 2008. Institut National de Recherche en Informatique et en Automatique (INRIA).
- [LC03] O. Lezoray and H. Cardot. Segmentation of color images by clustering 2d histogram and merging regions. *Moroccan Journal of Control Computer Science and Signal Processing*, 2003.
- [LCK94] J.H Lee, B.H Chang, and S.D Kim. Comparison of colour transformations for image segmentation, 1994. Electronics Letters.
- [Lez03] O. Lezoray. Supervised automatic histogram clustering and watershed segmentation : application to microscopic medical images, 2003. Image Analysis and Stereology.
- [Lia87] L. Liang. *Contribution à la segmentation chromatique des images. Application à l'identification d'objets colorés*. PhD thesis, Institut National Polytechnique de Toulouse, 1987.
- [LL07] O. Lezoray and M. Lecluse. Automatic segmentation and classification of cells from broncho alveolar lavage. *Image Analysis and Stereology*, 2007.
- [LP91] Vincent L. and Soille P. Watersheds in digital spaces : An efficient algorithm based on immersion simulations. *IEEE transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 1991.
- [M.48] Loève M. Fonctions aléatoires de second ordre, 1948. Hermann, Paris.
- [Mac37] D.L MacAdam. Projective transformations of i.c.i. color specifications. *Journal of the Optical Society of America*, 1937.
- [Mac42a] D.L MacAdam. Projective transformations of color-mixture diagram. *Journal of the Optical Society of America*, 1942.
- [Mac42b] D.L MacAdam. Visual sensitivities to color differences in daylight. *Journal of the Optical Society of America*, 1942.
- [Mac43] D.L MacAdam. Specification of small chromaticity differences. *Journal of the Optical Society of America*, 1943.



- [Mac04] L. Macaire. *Exploitation de la couleur pour la segmentation et l'analyse d'images*. PhD thesis, Université des Sciences et des Technologies de Lille, 2004.
- [MB97] A. MOGHADDAMZADEH and N. BOURKABIS. A fuzzy region growing approach for segmentation of color images. *Pattern Recognition*, 1997.
- [Meu05] Mr Cyril Meurie. *Segmentation d'images couleur par classification pixelaire et hiérarchie de partitions*. PhD thesis, Université de CAEN/BASSE-NORMANDIE, 2005.
- [Mey92] F. Meyer. Color image segmentation. *the 4th Conference Image Processing and its Applications*, 1992.
- [MJ89] Coster M. and Chermant J.L. Précis d'analyse d'images. *Les Presses du CNRS, Paris*, 1989.
- [MLCE05] C. Meurie, O. Lezoray, C. Charrier, and A. Elmoataz. Combination of multiple pixel classifiers for microscopic image segmentation. *International Journal of Robotics and Automation, Special Issue on Colour Image Processing and Analysis for Machine Vision*, 2005.
- [MLP05] Bram van Ginneken Marco Loog and Robert P.W. Dimensionality reduction of image features using the canonical contextual correlation projection. *Elsevier, Pattern Recognition*, 2005.
- [Mén98] Michel Ménard. The fuzzy c+2 means : Solving the extended ambiguity reject in clustering. *IEEE Transactions on fuzzy systems*, 1998.
- [Mon87] O. Monga. An optimal region growing algorithm for image segmentation. *IJPRAI*, 1987.
- [MSR04] E. Montseny, P. Sobrevilla, and S. Romani. A fuzzy approach to white blood cells segmentation in color bone marrow images. *FUZZ-IEEE*, 2004.
- [MST94] D. Michie, D. Spiegelhalter, and C. Taylor. Machine learning, neural and statistical classification, 1994. vol. 6, pages 84106.
- [OB91] M. Orchard and C. Bouman. Color quantization of images. *IEEE Transactions on Signal Processing*, 1991.
- [O.D76] Faugeras O.D. *Digital color image processing and psychophysics within the framework of a human visual model*. PhD thesis, University of Utah, 1976.
- [OKS80] Y.I. Ohta, T. Kanade, and T. Sakai. Color information for region segmentation, 1980. Computer Graphics and Image Processing.
- [Oli95] Lezoray Olivier. La réalisation d'une étude sur le tri informatique en cytologie, 1995. Université de CAEN.

- [Oli00] M. LEZORAY Olivier. *Segmentation d'images couleur par morphologie mathématique et classification de données par réseaux de neurones : application à la classification de cellules en cytologie des séreuses*. PhD thesis, Université de CAEN BASSE-NORMANDIE, 2000.
- [OPR78] R. Ohlander, K. Price, and D.R Reddy. Picture segmentation using a recursive region splitting method, 1978. Computer Graphics and Image Processing.
- [Pap92] T. Papas. An adaptative clustering algorithm for image segmentation, 1992. IEEE Transactions on Signal Processing.
- [PAPD97] Belhomme P., Elmoataz A., Herlin P., and Bloyet D. Generalized region growing operator with optimal scanning : application to segmentation of breast cancer images. *Journal of Microscopy*, 1997.
- [PH95] D. Panjwani and G. Healey. Markov random field models for unsupervised segmentation of textured color images. *IEEE Trans on Pattern Analysis and Machine intelligence*, 1995.
- [Pha02] D.L. Pham. Fuzzy clustering with spatial constraints. *IEEE Proc. Int. Conf. Image Processing, New York*, 2002.
- [Pla98] J. Platt. Sequential minimal optimization : A fast algorithm for training support vector machines, 1998. Advances in Kernel Methods - Support Vector Learning.
- [PPJM96] Salembier P., Brigger P., Casas J.R., and Pardas M. Morphological operators for image and video compression. *IEEE transactions on Image Processing*, 1996.
- [PRM97] Lasserre P., Murrieta R., and Briot M. Le modèle nominatif de régions : segmentation couleur et identification de régions par analyse de couleur et de texture, 1997. Proceedings du 16ème colloque GRETSI.
- [PYL98] S. Park, I. Yun, and S.U Lee. color image segmentation based on 3-d clustering : morphological approach. *Pattern recognition*, 1998.
- [PZ93] J.G. Postaire and R.D. Zhang. Cluster analysis by binary morphology. *IEEE Trans. On PAMI, vol.15*, 1993.
- [PZ94] J.G. Postaire and R.D. Zhang. Convexity dependent morphological transformations for mode detection in cluster analysis. *Pattern Recognition*, 1994.
- [R.93] Schettini R. A segmentation algorithm for color images, 1993. Pattern Recognition Letters.

- [Rob98] G. Robinson. Segmentation via rgb clustering, 1998. [Http ://www.npac.syr.edu/copywrite/pcw/node431.html/](http://www.npac.syr.edu/copywrite/pcw/node431.html/).
- [Rus69] E.H. Ruspini. A new approach to clustering, 1969. *Inform. Control*.
- [Saa94] K. Saarinen. Color image segmentation by a watershed algorithm and region adjacency graph processing. *International Conference on Image Processing*, 1994.
- [Sal11] Ahmed Salmi. Reconnaissance des visages par l'acp concept d'eigenfaces), 2011. Université du QUÉBEC À TROIS-RIVIÈRES.
- [SDMD07] W. Shitong, F. Duana, X. Mina, and H. Dewen. Advanced fuzzy cellular neural network : Application to ct liver images. 2007. *Artificial Intelligence in Medicine*.
- [Ser82] J. Serra. Image analysis and mathematical morphology. *Academic Press, London*, 1982.
- [Sha76] G. Shafer. A mathematical theory of evidence, 1976. Princeton University Press.
- [Shi00] A.I. Shihabp. Fuzzy clustering algorithms and their application to medical image analysis. 2000. University of London.
- [SM06] W. Shitong and W. Min. A new detection algorithm (nda) based on fuzzy cellular neural networks for white blood cell detection. *IEEE trans Information Technology in Biomedicine*, 2006.
- [Soi96] P. Soille. Morphological partitioning of multispectral images. *Journal of Electronic Imaging*, 1996.
- [SPK97] L. Shafarenko, M. Petrou, and J. Kittler. Automatic watershed segmentation of randomly textured color images. *IEEE transactions on Image Processing*, 1997.
- [SPk98] L. Shafarenko, M. Petrou, and J. kittler. Histogram-based segmentation in a perceptually uniform color space. *IEEE Trans. On Image Processing*, 1998.
- [SRWG93] Umbaugh S.E., Moss R.H., Stoecker W.V., and Hance G.A. Automatic color segmentation algorithms with application to skin tumor feature identification. *IEEE Engineering in Medicine and Biology*, 1993.
- [STM07] Moussa SEMCHEDINE, Lyazid TOUMI, and Abdelouaheb MOUSSAOUI. Classification adaptative robuste pour la segmentation d'images irm cérébrales. *JIG'2007 - 3èmes Journées Internationales sur l'Informatique Graphique*, 2007. Université Ferhat Abbas de Sétif.

- [Str88] G. Strang. Linear algebra and its applications. *third ed.*, Harcourt, Brace and Jovanovich, New York, 1988.
- [TC97] Daniela Tagliasacchi and Giorgio Carboni. Cellule sanguines, 1997. <http://www.funsci.com>.
- [TC00] A. Trémeau and P. Colantoni. Regions adjacency graph applied to color image segmentation. *IEEE Transactions on Image Processing*, 2000.
- [THF01] R. Tibshirani T. Hastie and J. Friedman. The elements of statistical learning. *Springer Series in Statistics*, New York, 2001.
- [Tom92] S. Tominaga. Color classification of natural color images, 1992. Color Research and Application.
- [TU05] Nipon Theera-Umpon. Patch-based white blood cell nucleus segmentation using fuzzy clustering. *ECTI Transactions on Electrical ENG., Electronics, and Communications*, 2005. Department of Electrical Engineering, Faculty of Engineering, Chiang Mai University, Thailand.
- [Ult96] V. Ultré. *Contribution à la segmentation chromatique d'images de mosaïque en couleur*. PhD thesis, Université des Sciences et Technologies de Lille, 1996.
- [VAN00] Nicolas VANDENBROUCKE. *Segmentation d'images couleur par classification de pixels dans des espaces d'attributs colorimétriques adaptés. Application à l'analyse d'images de football*. PhD thesis, Université des sciences et technologies de LILLE 1, 2000.
- [Vap98] V. Vapnik. Statistical learning theory, 1998.
- [VC71] V. Vapnik and A. Chervonenkis. On the uniform convergence of relative frequencies of events to their probability, 1971. *Theory of Probability and its Applications*, vol.16.
- [vul] Vulgaris medical. <http://www.vulgaris-medical.com/encyclopedie/>.
- [Wys63] G. Wyszecki. Proposal for a new color-difference formula. *Journal of the Optical Society of America*, 1963.
- [XB91] X.L. Xie and G. Beni. A validity measure for fuzzy clustering. *IEEE Trans. PAMI*, 1991.
- [YT08] Miin-Shen Yang and Hsu-Shen Tsai. A gaussian kernel-based fuzzy c-means algorithm with a spatial bias correction. *ELSEVIER, Pattern Recognition Letters*, 2008. Graduate School of Engineering, National Taiwan University of Science and Technology, Taipei, Taiwan.