



# MEMOIRE

Présenté à

L'Ecole Nationale d'Ingénieurs de Sfax  
(Département de Génie Informatique)

En vue de l'obtention

du Diplôme National d'Ingénieur en Génie Informatique

Par

Haytham Elghazel

---

## Analyse et identifications de bactéries dans les images microscopiques couleur de biofilms

---

Soutenu le 30 juin 2003, devant la commission d'examen :

M. Mourid MARRAKCHI  
Mme. Yousra Ben Jemâa  
M. Chokri Ben Amar

*Président*  
*Membre*  
*Membre*

## Dédicaces

Je dédie du plus profond de mon cœur ce travail, à mes parents, c'est grâce à leur soutien, leur patience et leur amour que je suis là aujourd'hui, à mon frère *Heni*, à ma sœur *Hiba*, à la mémoire de mon grand-père *Hamda*.

Une pensée aux membres de ma grande famille et à tous ceux que j'aime et qui m'aiment.

Que mes copains de *GI3* trouvent ici le témoignage de ma reconnaissance et de mon amitié, pour l'agréable bout de chemin qu'on a passé ensemble, pour leur disponibilité et leur sympathie : l'irremplaçable ami *Mohamed DAMMAK* ainsi que mes deux amis depuis mes premiers jours au Lycée *Nassim BOUAZIZ* et *Ines TURKI*.

Ma reconnaissance va à tous les amis qui ont franchi la méditerranée en même temps que moi et avec qui j'ai passé de bons moments de joie et de détente. Leur présence a compensé en partie l'éloignement de ma famille et de mon pays, tout particulièrement, *Néjib MOALLA*, *Mohamed KOUBAA*, *Mahmoud GHORBEL*, *Sabeur ELKOSSANTINI*, *Sodki CHÂARI*, *Nadia BALI*, *Zied JAOÛA* et *Fadoua DRIRA* ainsi que mes deux amis depuis mes premiers jours en France *Ronan LE BRUSQ* et *Catharina FERREIRA DA SILVA*.

Ma pensée va également à ceux qui sont en Tunisie : *Kamel*, *Ines*, *Abdessalem*, *Mustapha*, *Hajer*, *Gammoudi* et *Med Ali*. En souhaitant à toutes et à tous, la réussite dans la vie familiale et professionnelle.

Merci à *Mr Khalid IDRISSE* et *Mr Atilla BASKURT* pour leur hospitalité, à *Mr Chokri BEN AMAR* que je lui suis très reconnaissant de l'aide qu'il m'a apporté pour avoir un PFE en France.

Je dédie également ce travail à tous ceux qui m'ont apporté leur savoir et contribué à ma formation : mes instituteurs du primaire, mes professeurs du lycée, mes enseignants de *l'ENIS*. Qu'ils trouvent ici l'expression de ma gratitude et de mon profond respect.

*Haytham Elghazel* 

# Remerciements

Ce projet de fin d'études a été préparé à l'Université Claude Bernard Lyon 1 au sein du Laboratoire d'Informatique en Images et Systèmes d'informations **LIRIS** dirigé par **Mr Bernard Peroche**.

Je tiens à adresser mes remerciements aux membres du laboratoire que j'ai pu côtoyer durant la période de mon stage et qui ont su rendre mon travail agréable.

Plus particulièrement, je tiens à remercier **Mr Atilla Baskurt**, **Mr Khalid Idrissi** et **Mr Chokri Ben Amar** qui m'ont co-encadré durant ce stage et qui m'ont apporté leur aide ainsi que des remarques précieuses qui ont permis de faire aboutir ce travail.

J'exprime également mes vifs remerciements à mon enseignante **Mme Yousra Ben Jemâa** pour avoir accepté d'être rapporteur de ce projet, à **Mr Mourid Marrakchi** mon enseignant et directeur du Département d'Informatique et de Mathématiques Appliquées **DIMA** de l'Ecole Nationale d'Ingénieurs de Sfax **ENIS**, pour l'honneur qu'il m'a fait en présidant mon jury de mémoire de fin d'études.

# Table des matières

<b>Dédicaces .....</b>	<b>2</b>
<b>Remerciements.....</b>	<b>3</b>
<b>Liste des figures .....</b>	<b>6</b>
<b>Introduction générale.....</b>	<b>8</b>
<b>1. Système matériel.....</b>	<b>9</b>
<b>2. Système logiciel .....</b>	<b>9</b>
<b>3. Synopsis du système .....</b>	<b>10</b>
<b>Chapitre 1. Etat de l'art.....</b>	<b>12</b>
<b>1. Images couleur .....</b>	<b>12</b>
1.1. Introduction .....	12
1.2. Les espaces couleur .....	13
1.2.1. Espace couleur YCbCr.....	13
1.2.2. Espace couleur I1I2I3 .....	13
1.2.3. Espace couleur HSI.....	14
1.3. Conclusion.....	15
<b>2. Segmentation d'images couleur.....</b>	<b>16</b>
2.1. Introduction .....	16
2.2. Segmentation par les régions.....	17
2.2.1. Le seuillage .....	19
☞ Manuellement .....	20
☞ Automatiquement .....	21
☞ Conclusion .....	23
2.2.2. Segmentation par analyse des propriétés spatiales.....	23
☞ Segmentation par division de régions .....	23
☞ Segmentation par croissance de régions .....	25
☞ Segmentation par fusion de régions.....	27
☞ Segmentation par division-fusion .....	29
☞ Conclusion .....	31
2.3. Segmentation par les contours.....	31
2.3.1. Détecteurs de contours : max de la dérivée 1ère.....	33
☞ Calcul d'un gradient.....	33
☞ Du gradient au contour .....	35
2.3.2. Détecteurs de contours : zero crossing .....	37
☞ Calcul du Laplacien.....	37
☞ Du Laplacien au contour .....	37
2.3.3. Conclusion.....	38
2.4. Conclusion.....	38
<b>Chapitre 2. Approche proposée.....</b>	<b>40</b>
<b>1. Introduction .....</b>	<b>40</b>
<b>2. La modélisation analytique.....</b>	<b>41</b>
2.1. Contraintes géométriques de croissance.....	42

2.2. Contraintes colorimétriques de croissance .....	43
2.2.1. Critères de la moyenne.....	44
2.2.2. Critères de la variance.....	46
2.2.3. Conclusion.....	46
<b>3. Les résultats initiaux .....</b>	<b>46</b>
<b>4. Solutions adoptées .....</b>	<b>47</b>
4.1. Changement d'espaces couleur .....	48
4.2. Amélioration des critères de similarité.....	48
4.3. Nouveaux résultats .....	50
4.4. Amélioration .....	50
4.4.1. 1 <sup>er</sup> cas : Les bactéries à couleur proche du fond.....	50
☞ La division .....	50
☞ La fusion .....	51
☞ L'étirement d'histogramme.....	51
4.4.2. 2 <sup>ème</sup> cas : Les bactéries en amas.....	53
<b>5. Schémas .....</b>	<b>53</b>
5.1. Le diagramme de cas d'utilisation.....	55
5.2. Le diagramme de séquence .....	56
5.3. Le diagramme de collaboration.....	57
<b>Test et évaluation .....</b>	<b>59</b>
<b>Conclusions et perspectives .....</b>	<b>62</b>
<b>Références .....</b>	<b>65</b>
<b>Annexe .....</b>	<b>67</b>

# Liste des figures

Figure 1 : Exemple d'une base d'images de biofilm .....	9
Figure 2 : Synopsis du système .....	10
Figure 3 : Espace couleur RGB .....	12
Figure 4 : Espace couleur $YCbCr$ .....	13
Figure 5 : Espace couleur $I_1I_2I_3$ .....	14
Figure 6 : Espace couleur HSI .....	15
Figure 7 : Image originale .....	20
Figure 8 : Histogramme associé à l'image de la figure 7 .....	20
Figure 9 : Calcul manuel du seuil .....	21
Figure 10 : Image résultat .....	21
Figure 11 : Image originale .....	22
Figure 12 : Histogramme associé à l'image de la figure 11 .....	22
Figure 13 : Image résultat .....	22
Figure 14 : Image originale .....	24
Figure 15 : Histogrammes des composantes couleur de l'image de la figure 14 .....	24
Figure 16 : Image segmentée par la méthode classique de division de régions .....	25
Figure 17 : Image originale .....	27
Figure 18 : Graphe d'adjacence de régions de l'image de la figure 17 .....	28
Figure 19 : Structure pyramidale du quadtree .....	29
Figure 20 : Image originale .....	30
Figure 21 : Image segmentée après la phase de division .....	31
Figure 22 : Image segmentée après la phase de fusion .....	31
Figure 23 : Opérateurs de Robert à deux directions .....	34
Figure 24 : Exemple d'application de l'opérateur de Sobel horizontal .....	35
Figure 25 : Image originale .....	36
Figure 26 : Image contour de l'image de la figure 25 avec l'opérateur de Roberts .....	36
Figure 27 : Image contour de l'image de la figure 25 avec l'opérateur de Perwit .....	36
Figure 28 : Image contour de l'image de la figure 25 avec l'opérateur de Sobel .....	36
Figure 29 : Démarche de détection de contour par le maxima du gradient .....	37
Figure 30 : Image contour de l'image de la figure 25 avec l'opérateur de Laplacien .....	38
Figure 31 : Démarche de détection de contour par le zero crossing .....	38
Figure 32 : Carré Englobant .....	41
Figure 33 : Allure de croissance du Carré Englobant .....	42
Figure 34 : Allure de croissance de la forme ronde de la bactérie .....	42
Figure 35 : Les parties d'intérêts .....	44
Figure 36 : Allure décroissante des moyennes de la Partie 1 et 2 .....	45
Figure 37 : Allure croissante de la moyenne de la partie Différence .....	45
Figure 38 : Allure croissante des variances du carré englobant et de la forme ronde .....	46
Figure 39 : Exemples de cas de problèmes .....	47
Figure 40 : Allure décroissante du quotient de la moyenne .....	49
Figure 41 : Exemples de cas de problèmes .....	50
Figure 42 : Principe de l'étirement d'histogramme .....	51
Figure 43 : Exemple d'application de l'étirement d'histogramme .....	52
Figure 44 : Exemple de résolution du problème de l'amas .....	53
Figure 45 : Schéma général de l'approche de segmentation adoptée .....	54
Figure 46 : Diagramme de cas d'utilisation .....	55
Figure 47 : Diagramme de séquence .....	57

Figure 48 : Diagramme de collaboration.....	58
Figure 49 : Exemples de réalisations.....	59
Figure 50 : Interface graphique du logiciel .....	60
Figure 51 : Etat d'avancement de l'approche envisagée pour le cas des bacilles .....	63

# Introduction générale

Au cours des dernières décennies, le domaine de la vision artificielle s'est énormément développé et de nombreux systèmes de vision sont de nos jours utilisés dans des domaines d'applications très variés tels que le contrôle qualité, le domaine médical, la cartographie aérienne, etc...

Ces systèmes de vision mettent en oeuvre un ou plusieurs capteurs qui fournissent une ou plusieurs images d'une scène observée et possèdent un ou plusieurs processeurs qui les analysent et en interprètent le contenu sémantique.

Les images numériques fournies par les capteurs se distinguent par :

- ☞ leur dimension spatiale qui peut être :
  - \* de dimension 3 : « images volumétriques »,
  - \* de dimension 2 : « images matricielles »,
  - \* de dimension 1 : « images linéaires ».
- ☞ la nature de l'information qui est contenue dans chaque élément de l'image :
  - \* colorimétrique,
  - \* densitométrique,
  - \* métrique,
  - \* multispectrale,
  - \* photométrique,
  - \* etc...

Dans ce projet de fin d'étude, nous nous intéressons aux images matricielles dans le cadre de l'industrie agro-alimentaire où le contrôle de la qualité des produits alimentaires apparaît de plus en plus comme un des nouveaux défis de notre société.

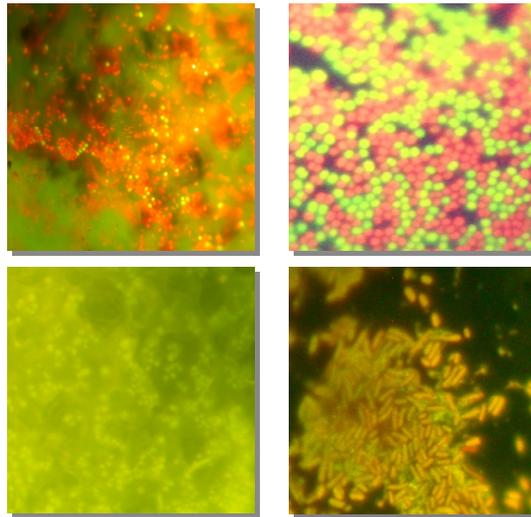
Le problème est que les surfaces des équipements utilisés dans l'industrie agro-alimentaire (IAA) sont souvent contaminées par de nombreuses souillures (salissures) susceptibles d'altérer la qualité des aliments. Plus grave, 5 à 10 % de la recrudescence des intoxications alimentaires pourraient être dues à des micro-organismes restés sur des équipements mal nettoyés. Les bactéries qui sont capables de résister aux différents traitements sont des bactéries qui ont développées un biofilm. Le biofilm est un groupement de bactéries fixées sur une paroi et contenue dans une matrice extracellulaire résistante. Bien que le développement de biofilm soit relativement courant, puisqu'on en retrouve dans la

nature, dans les services médicaux, dans les services de distribution des eaux, les risques qu'ils procurent, en relation avec le type de bactéries présentes dans le biofilm, peuvent aller de la simple difficulté de nettoyage au risque clinique. Donc une problématique importante reste la détection et l'identification de type de bactéries présentes dans le biofilm ce qui nous a amené à effectuer un travail qui consistera à développer un système de vision **matériel et logiciel** adapté à l'analyse des images microscopiques couleur de biofilms.

## 1. Système matériel

Le développement du système de vision matériel consiste à :

- ☞ Préparer un matériel d'acquisition d'images de bonne qualité pour avoir des images de bonne qualité afin de donner le meilleur résultat de détection.
- ☞ Faire l'acquisition d'une base d'images de biofilm qui va aider par la suite à :
  - \* identifier les caractéristiques des bactéries présentes dans le biofilm à traiter.
  - \* Constituer une bibliothèque de référence.
  - \* tester le système logiciel au fur et à mesure.



*Figure 1 : Exemple d'une base d'images de biofilm*

## 2. Système logiciel

Le développement du système de vision logiciel consiste à :

- ☞ Développer une méthode de segmentation basée sur la forme et la couleur et qui permettra de mettre en évidence les caractéristiques des divers constituants des biofilms (bactéries, la matrice alimentaire).

☞ Réaliser, suite au résultat donné par la méthode de segmentation, une étude quantitative qui permettra de compter le nombre de bactéries, d'estimer le nombre de bactéries mortes et vivantes dans le biofilm en se basant sur les caractéristiques couleur, aussi la concentration spatiale sera également mise en évidence. L'évolution temporelle de la colonisation bactérienne sera alors possible en analysant les images successives acquises chaque jour de l'apparition à la stabilisation.

☞ Intégrer tous ces parties dans une interface graphique pour donner l'aspect interactif au système de vision logiciel développé, et offrir à l'utilisateur un outil convivial et facile à exploiter.

### 3. Synopsis du système

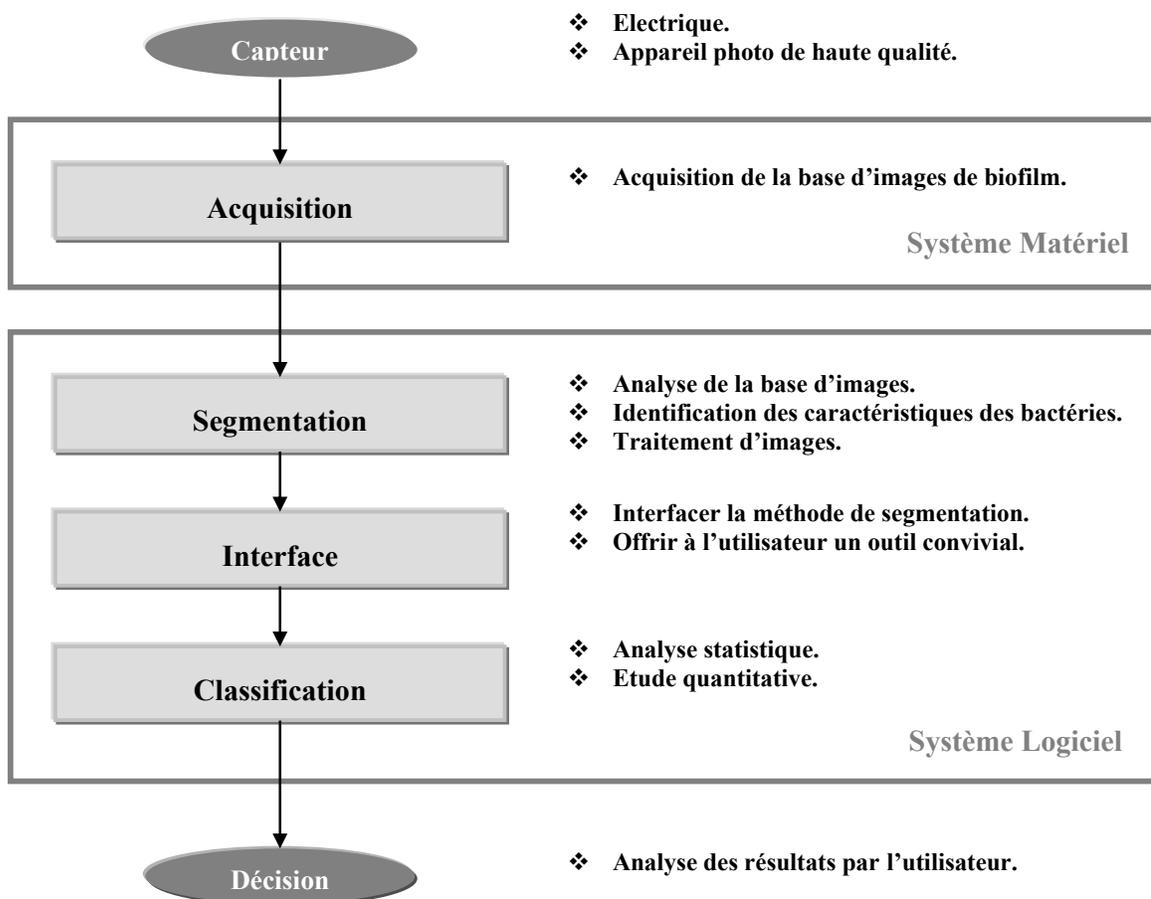


Figure 2 : Synopsis du système

Donc comme précisé auparavant, notre travail s'inscrit dans la segmentation d'images couleur, traitement bas-niveau qui consiste à créer une partition de l'image en sous-ensembles appelés régions.

Afin de situer notre approche, nous effectuons dans le **premier chapitre** une synthèse bibliographique traitant deux parties, la première définit les images couleurs et leurs caractéristiques et la deuxième décrit l'état de l'art de la segmentation d'images couleur et ses méthodes.

Quant au **second chapitre**, nous proposons notre approche de segmentation utilisée dans le but d'identifier les bactéries présentes dans les biofilm en précisant tous les problèmes confrontés et leurs solutions : une approche qui s'inscrit dans le cadre de la segmentation d'images couleur par les régions.

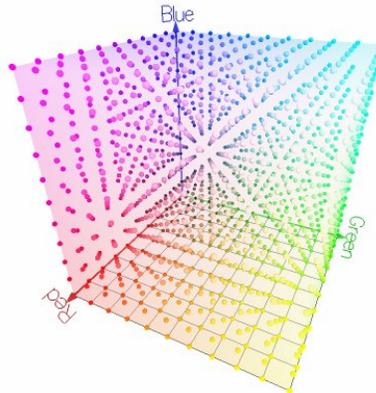
## 1. Images couleur

### 1.1. Introduction

A l'instar de la photographie, le traitement informatique des images numériques a d'abord commencé en niveaux de gris ou en pseudo-couleurs. L'analyse de ce type d'images repose sur des principes et méthodes à ce jour relativement bien établis. D'autres domaines en revanche ne peuvent se satisfaire d'une information en niveaux de gris et nécessitent l'analyse d'images en couleurs ou multispectrales. C'est par exemple le cas en microscopie optique, où la mise en évidence de structures biologiques est fréquemment obtenue par des marqueurs colorés, ou en imagerie satellitaire.

La prise en compte de l'information couleur en analyse et synthèse d'image conduite à reconsidérer la colorimétrie d'un point de vue numérique. Cela concerne la mesure des différences de couleur tant dans les espaces uniformes que dans les images pour définir des méthodes de segmentation d'objets ou de quantification des couleurs.

Dans ce contexte, la couleur est perçue par les humains comme combinaison du triplet R, V et B qui s'appellent habituellement les trois couleurs primaires **Réf. [TA1]**.



**Figure 3 : Espace couleur RGB**

De la représentation RGB, nous pouvons dériver d'autres genres de représentation de couleurs « *les espaces* » en employant des transformations linéaires ou non linéaires.

## 1.2. Les espaces couleur

Plusieurs espaces couleur, sont définies dans le domaine de vision couleur dont on peut citer Réf. [S1, S2] :

### 1.2.1. Espace couleur YCbCr

L'œil humain est plus sensible à la luminance (ou luminosité) qu'à la chrominance d'une image. Or la luminance est présente dans les trois couleurs rouge, vert, bleu. Ainsi on transforme les composantes RGB de l'image en une composante de luminance notée  $Y$  et en deux composantes de chrominance notées  $C_b$  et  $C_r$ . Pour cela on utilise des formules de passage (pour un pixel) :

$$\begin{cases} Y &= 0.2989 \times R + 0.5866 \times G + 0.1145 \times B \\ C_b &= -0.1688 \times R - 0.3312 \times G + 0.5000 \times B \\ C_r &= 0.5000 \times R - 0.4184 \times G - 0.0816 \times B \end{cases}$$

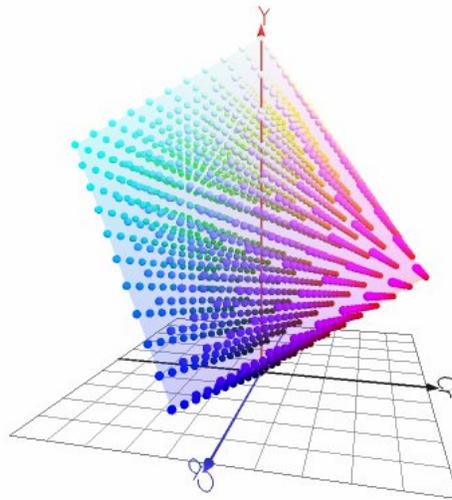


Figure 4 : Espace couleur  $YCbCr$ ,

Cette transformation des composantes RGB en composantes  $YCbCr$  est linéaire et bijective. Ainsi il n'y a pas de pertes de données pendant cette étape.

### 1.2.2. Espace couleur I1I2I3

Plusieurs expériences systématiques de segmentation de région ont été exécutées pour dériver un ensemble de composantes couleur efficaces Réf. [TA2].

À chaque étape de division, de nouvelles composantes couleur sont calculées par la transformation *karhunen-loeve* des composantes R, G et B. Ceci est appliqué sur huit types

d'images couleur et analysé avec plus de 100 composantes couleur, ce qui a offert un ensemble de composante de couleurs comme suit :

$$\begin{cases} I_1 = \frac{1}{3}(R + G + B) \\ I_2 = \frac{1}{2}(R - B) \\ I_3 = \frac{1}{4}(2G - R - B) \end{cases}$$

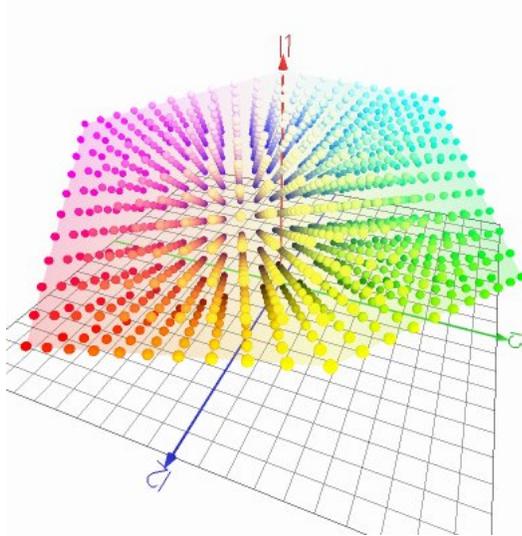


Figure 5 : Espace couleur  $I_1I_2I_3$

En comparaison avec d'autres espaces couleur  $I_1I_2I_3$  étant le plus efficace en termes de qualité de segmentation.

### 1.2.3. Espace couleur HSI

Pour les applications qui requièrent des manipulations de couleur comme le traitement d'images, le modèle **HSI** (teinte saturation intensité) est couramment utilisé.

La luminosité, la teinte et la saturation sont des caractéristiques qui sont généralement utilisées pour distinguer une couleur d'une autre. La luminosité embarque la notion chromatique d'intensité (l'amplitude de la puissance de la lumière). L'ensemble teinte saturation est appelé chrominance **Réf. [S3]**.

L'espace couleur **HSI** a été développé pour positionner les couleurs en terme qui sont plus faciles à quantifier pour les humains.

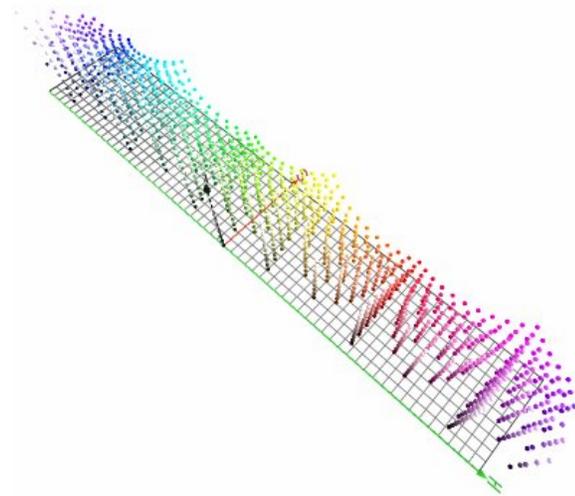
Deux facteurs principaux font du modèle **HSI** l'un des modèles idéals pour développer des applications de vision :

- ☞ Le découplage de la composante intensité de l'information couleur.

☞ La relation étroite entre la chrominance et la manière dont les humains perçoit la couleur.

$$\begin{cases} H &= \arctan\left(\frac{\beta}{\alpha}\right) \\ S &= \sqrt{\alpha^2 + \beta^2} \\ I &= (R + G + B)/3 \end{cases}$$

$$\text{Avec} \quad \begin{cases} \alpha &= R - \frac{1}{2}(G + B) \\ \beta &= \frac{\sqrt{3}}{2}(G - B) \end{cases}$$



*Figure 6 : Espace couleur HSI*

### 1.3. Conclusion

Nous avons maintenant une petite idée des espaces couleur. Reste que l'étude de la mesure des différences de couleur et le choix de l'espace couleur le plus adéquat sera en fonction du contexte environnant.

Si nous étudions maintenant cette caractéristique couleurs pour le cas de la segmentation d'images couleurs nous allons bien voir que :

☞ Plusieurs espaces couleur sont utilisés dans la segmentation d'images couleur, mais aucun d'eux ne peut dominer les autres pour toutes sortes d'images couleur, par conséquent le choix du meilleur espace couleur reste toujours une des difficultés dans la segmentation d'images de couleur.

☞ L'emploi de la couleur est relativement récent et la caractérisation de la couleur et sa manipulation sous forme numérique font aujourd'hui l'objet de nombreux travaux de recherche encore en développement suite au fait que les images couleur ne permettent pas d'utiliser directement les méthodes de traitement employées en niveaux de gris et nécessitent la mise en œuvre de stratégies et d'algorithmes conçus spécifiquement malgré toutes les efforts de nombreux chercheurs qui ont essayé d'adapter les algorithmes conçus pour des images en niveaux de gris à des images couleur : ce que l'on appelle *l'approche marginale* qui consiste à appliquer les traitements indépendamment sur chaque composante, puis à fusionner les trois images obtenues de façon à former l'image couleur : ce qui produit le plus souvent des résultats incorrects.

En conséquence, nous pouvons affirmer que l'utilisation de la couleur dans la segmentation d'images est un thème vaste et complexe et l'objet de différents travaux de développement.

## 2. Segmentation d'images couleur

### 2.1. Introduction

L'analyse d'images a pour but l'extraction de l'information caractéristique contenue dans une image. Le résultat d'une telle analyse s'appelle très souvent la *description structurelle*. Celle-ci peut prendre la forme d'une image ou de toute structure de données permettant une description des entités contenues dans l'image. Par opposition avec la phase d'interprétation, l'analyse tente, dans la mesure du possible, de ne pas prendre en compte le contexte (i.e. l'application). Essentiellement, l'analyse de l'image fait appel à la segmentation défini comme étant l'une des étapes critiques de l'analyse d'images qui conditionne la qualité des mesures effectuées ultérieurement du fait qu'elle va tenter de séparer dans l'image les régions d'intérêt du fond et d'isoler les objets sur lesquels doit porter l'analyse **Réf. [S2]**.

La segmentation d'images ainsi définie est un domaine vaste où l'on retrouve de très nombreuses approches mais la nature vectorielle des images couleur ou multispectrales implique la mise en œuvre de stratégies de segmentation spécifiques basées sur ces approches la du fait qu'il n'existe pas de méthode de segmentation universelle et valable pour tous les types d'images.

En conséquence, le choix d'une technique de segmentation dépend :

- \* des caractéristiques de l'image (ombres et reflets, présence de bruit ou de zones texturées, contours flous ou masqués),

- \* du type d'analyse à effectuer (reconnaissance de formes, mesures quantitatives, calculs statistiques, diagnostic, contrôle qualité),
- \* des primitives à extraire (contours, régions, formes, textures)
- \* des contraintes d'exploitation (complexité algorithmique, temps de calcul, espace mémoire).

Ainsi les techniques de segmentation d'images couleur se regroupent en 2 familles, la première cherchant à détecter des zones de l'image présentant des caractéristiques d'homogénéité « **extraction de régions** », la seconde fondée sur la recherche de discontinuités locales « **détection de contours** ». Ces 2 approches sont duales en ce sens qu'une région définit une ligne par son contour et qu'un contour fermé définit une région.

De ce fait, la suite de cette synthèse bibliographique sur la segmentation des images couleurs est organisée en deux parties :

La première est consacrée aux méthodes de segmentation par les régions et ses différentes techniques.

La deuxième concerne les méthodes de segmentation par les contours.

## 2.2. Segmentation par les régions

L'objectif de la segmentation d'images en régions est de partitionner une image en zones d'intérêts correspondant à des objets de la scène d'où elle est issue. Elle peut être située dans le cadre plus général de la segmentation de données **Réf. [S4]**.

Le problème de base de la segmentation de données est le suivant :

On connaît :

- \* Un ensemble d'entités.
- \* Un ensemble d'attributs caractérisant ces entités.
- \* Des relations topologiques entre ces entités.
- \* Des attributs relationnels entre ces entités.

On cherche :

- \* Une (ou des) partition(s) de ces données ayant des propriétés intéressantes par rapport aux attributs et aux relations topologiques.

Les principaux problèmes qui se posent sont :

- \* Définir les propriétés des partitions que l'on cherche.
- \* Concevoir des algorithmes permettant l'obtention de partitions optimisant ces propriétés.

Pour le problème spécifique de la segmentation d'images :

- \* Les entités sont des points d'images par exemple bidimensionnelles ou tridimensionnelles.
- \* Les attributs sont la position dans l'espace et les luminances.
- \* Les relations topologiques sont la 4-connexité, la 8-connexité ou autres.
- \* Les attributs relationnels sont les caractéristiques des frontières entre deux ensembles d'entités.

On peut donc caractériser un problème de segmentation d'images par :

- \* Un ensemble de critères d'homogénéité déterminant les propriétés des partitions de l'image que l'on cherche : **modélisation analytique**.
- \* Un algorithme utilisant ces critères de manière à segmenter l'image : **modélisation algorithmique**.

On est donc confronté à deux problèmes de base distincts :

- \* La définition de critères de segmentation spécifiques à chaque problème particulier de segmentation.
- \* La définition d'une stratégie d'utilisation des critères de segmentation qui peut être définie de manière générale.

Dans ce contexte, **ZUCKER** définit la segmentation d'images couleur en régions comme étant un traitement bas niveau qui consiste à créer une partition d'une image en sous-ensembles  $R_i$  appelés régions **Réf. [TA3]**.

Chaque région doit respecter des critères d'homogénéité et de connexité.

L'homogénéité d'une région  $R_i$  est définie par un prédicat d'uniformité noté  $P(R_i)$ . Ce prédicat est vrai si  $R_i$  est homogène, faux dans le cas contraire.

Les régions doivent respecter les quatre conditions suivantes :

1.  $\bigcup_{i=1}^N R_i = I$
2.  $\forall i = 1, \dots, N, R_i$  est constituée de pixels connexes.
3.  $\forall i = 1, \dots, N, P(R_i) = \text{Vrai}$
4.  $\forall i \neq j, R_i$  voisin de  $R_j \Rightarrow P(R_i \cup R_j) = \text{faux}$

La première condition implique que chaque pixel de l'image doit appartenir à une région  $R_i$  et l'union de toutes les régions correspond à l'image entière.

La deuxième condition est relative à la structure des régions. Elle définit une région comme un ensemble de pixels qui doivent être connexes.

La troisième condition exprime que chaque région doit respecter un prédicat d'uniformité.

La dernière condition implique la non réalisation de ce même prédicat pour la réunion de deux régions adjacentes.

Le résultat de la segmentation en régions est une image dans laquelle une étiquette est attribuée à chaque pixel. L'étiquette d'un pixel correspond au numéro de la région à laquelle il appartient.

Traisons maintenant de près les stratégies de segmentation en régions : des stratégies qui se regroupent en deux grandes sous familles, la première offrant une séparation de l'image en régions de points, pas forcément connexes sans permettre, en elle-même, de définir des objets « **seuillage** », la deuxième rassemblant les méthodes qui considèrent une région comme un ensemble de pixels connexes dont les couleurs sont proches les unes des autres ou qui répondent à certains critères de similarité : des méthodes qui s'inscrivent dans le cadre de la « **segmentation par analyse des propriétés spatiales** » puisqu'elles procèdent par un balayage de l'image afin de construire les régions et font intervenir l'information colorimétrique pour la prise de décision .

### 2.2.1. Le seuillage

Le seuillage a pour objectif de segmenter une image en plusieurs classes en n'utilisant que l'histogramme. On suppose donc que l'information associée à l'image permet à elle seule la segmentation, i.e. qu'une classe est caractérisée par sa distribution de niveaux de gris. A chaque pic de l'histogramme est associée une classe **Réf. [S5]**.

Il existe de très nombreuses méthodes de seuillage d'un histogramme. La plupart de ces méthodes s'appliquent correctement si l'histogramme contient réellement des pics séparés. De plus, ces méthodes ont très souvent été développées pour traiter le cas particulier de la segmentation en deux classes (i.e. passage à une image binaire).



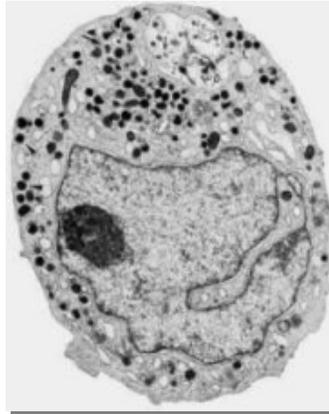
Donc, pour effectuer une segmentation par seuillage, il faut avoir déterminé le seuil (la valeur de partition) et les méthodes de seuillage se différencient par la manière de détermination de cette valeur de seuil.

En effet, il existe deux approches pour le calcul de cette valeur :

### ➤ Manuellement

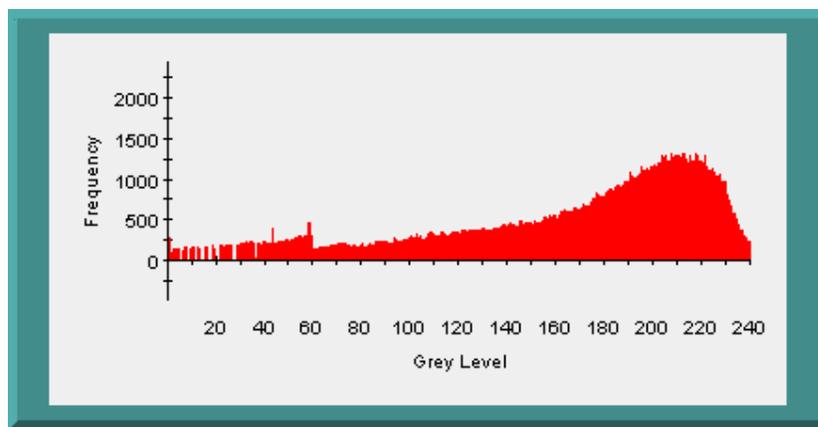
Afin de sélectionner les parties de l'image qui les intéressent, l'opérateur fixe la valeur de ce seuil manuellement en se basant sur l'histogramme : on parle dans ce cas du ***seuillage interactif***.

Prenons à titre d'exemple l'image en niveaux de gris suivante :



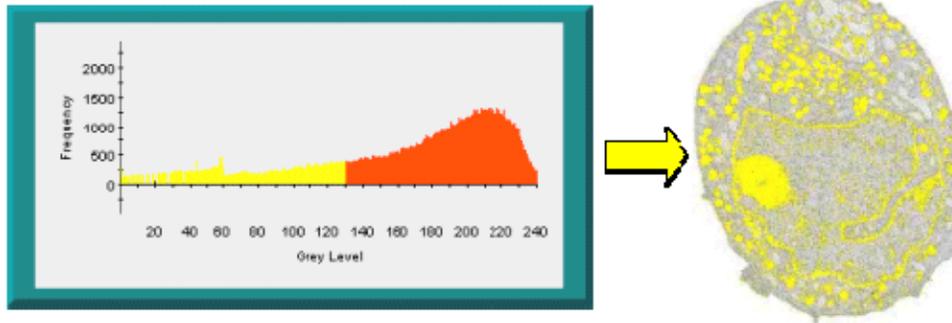
*Figure 7 : Image originale*

Son histogramme de la distribution en fréquence des niveaux de gris est le suivant :



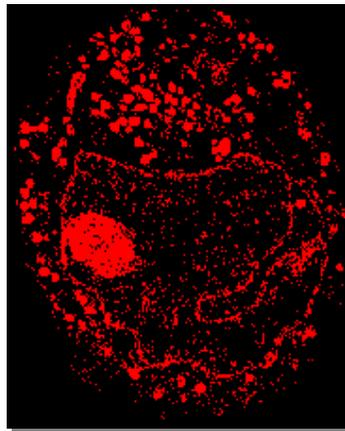
*Figure 8 : Histogramme associé à l'image de la figure 7*

En promenant le curseur de gauche à droite sur ce dernier, il est possible d'avoir une idée de la valeur du seuil à appliquer pour isoler le noyau de l'image. Elle est ici d'environ 130 :



**Figure 9 : Calcul manuel du seuil**

En réalisant un seuillage à 130, sur l'image initiale, on obtient l'image binaire suivante :



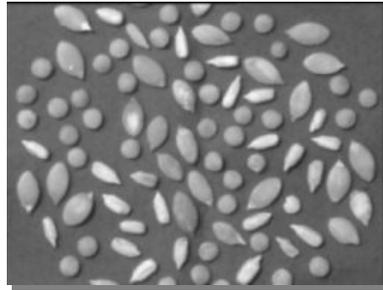
**Figure 10 : Image résultat**

A noter qu'il y a toujours un compromis à effectuer lors du choix de la valeur de seuil car il est difficile de ne sélectionner que les objets dans l'image (c'est notamment le cas lorsque les données de l'image n'ont pas été acquises avec une source de lumière homogène).

### ➤ **Automatiquement**

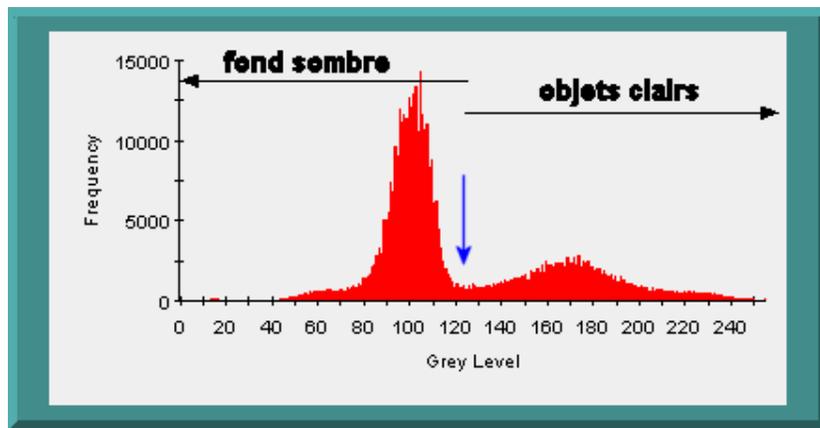
Le seuillage n'est pas nécessairement une opération qui s'effectue manuellement : la valeur de seuil peut être obtenue de manière automatique. Le seuillage automatique est basé sur l'analyse de la distribution en fréquence (cumulée ou histogramme) des niveaux de gris associée à l'image. L'objectif des méthodes de recherche de seuil automatique est de détecter 2 « populations » sur l'histogramme, et de proposer la valeur qui permet de les séparer au mieux.

Prenons l'image en niveaux de gris suivante qui représente des graines posées sur un fond sombre :



*Figure 11 : Image originale*

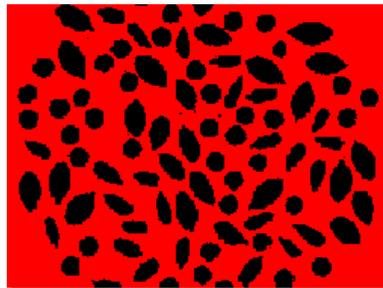
Son histogramme de niveaux de gris est le suivant :



*Figure 12 : Histogramme associé à l'image de la figure 11*

Le principe des méthodes de seuillage automatique est d'utiliser des méthodes de traitement des données (maximisation d'entropie, maximisation ou minimisation de la variance inter ou intra classes...) pour trouver automatiquement la valeur de seuil qui sépare le mieux les objets du fond (ici égale à 120) à partir de l'histogramme des niveaux de gris.

L'image binaire ainsi obtenue est la suivante :



*Figure 13 : Image résultat*

Il faut noter que quand l'histogramme correspondant à une image ne présente pas de populations distinctes, la valeur de seuil obtenue automatiquement peut ne pas être pertinente. L'automatisation de cette opération impose donc des contraintes : en particulier, il doit y avoir un contraste suffisant entre les objets à extraire et le fond. Si tel n'est pas le cas, il faut prévoir une amélioration de l'image par augmentation du contraste, ou utiliser des gradients pour extraire les contours...

### ➤ Conclusion

- \* En conséquence, la segmentation par seuillage est très simple et rapide, et marche très bien, mais dans un nombre limité de cas.
- \* En effet la généralité des méthodes de seuillage face aux cas multi-classes n'est que très rarement garantie.
- \* Par ailleurs, elle ne permet pas, en elle-même, de définir des objets, mais seulement des ensembles de points pas forcément connexes.
- \* C'est ce que permet de résoudre les méthodes de Segmentation par analyse des propriétés spatiales.

### 2.2.2. Segmentation par analyse des propriétés spatiales

Ces méthodes utilisent aussi bien les caractéristiques colorimétriques des pixels que leurs relations spatiales **Réf. [TA4, TA5, S6]**. Nous y retrouvons les méthodes de segmentation suivantes :

- \* la segmentation par division de régions,
- \* la segmentation par croissance de régions,
- \* la segmentation par fusion de régions,
- \* la segmentation par division fusion de régions.

### ➤ Segmentation par division de régions

L'approche segmentation par division de régions consiste à diviser l'image originale en régions homogènes au sens d'un critère donné.

Ce processus est récursif et considère que la région initiale correspond à l'image à analyser.

Si une région ne respecte pas un prédicat d'homogénéité, elle est divisée en quatre sous-régions de taille égale. Chaque sous-région est ensuite analysée. L'algorithme récursif s'arrête lorsque toutes les régions respectent le prédicat d'homogénéité.

A cause des divisions en quatre des régions, cette méthode est plutôt adaptée à des images carrées ayant un nombre de lignes et de colonnes égal à une puissance de deux et dans lesquelles les régions sont de forme rectangulaire. D'autre part, cette méthode a tendance à faire apparaître des effets de blocs du au faite qu'elle peut donner souvent naissance à une segmentation trop fine.

**Exemple** : Si l'on considère l'image suivante :

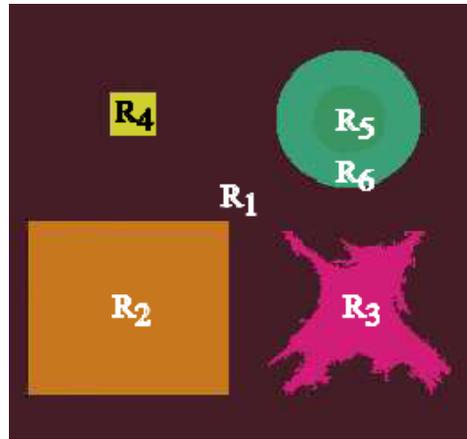


Figure 14 : Image originale

La **figure 15** suivante contient l'histogramme des composantes couleur des différentes régions. On constate bien que chacun des différents modes des histogrammes est associé à plusieurs régions. Du fait que les distributions colorimétriques de ces régions sont mélangées.

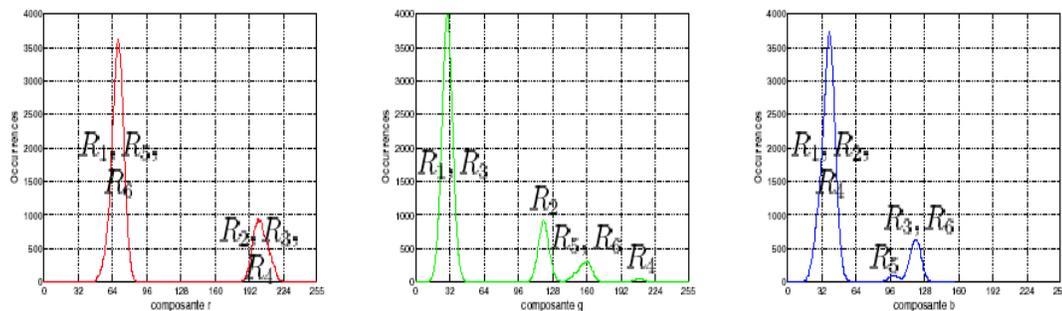
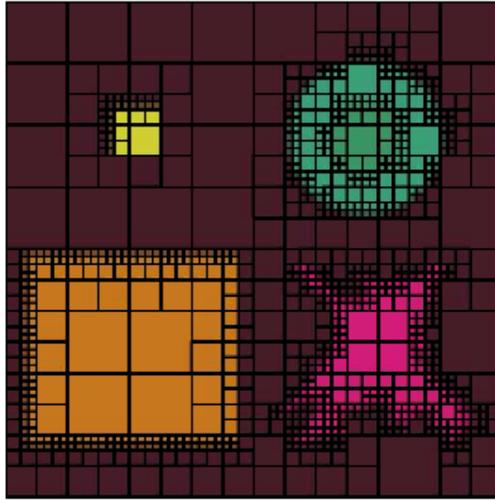


Figure 15 : Histogrammes des composantes couleur de l'image de la figure 14

Pour ce type d'image un prédicat d'homogénéité peut être le suivant : on considère qu'une région doit être divisée si la somme des variances de chaque composante couleur est supérieure à un seuil. Le résultat de la segmentation dépend essentiellement de ce seuil qui est difficilement ajustable.

A titre d'exemple, pour une valeur de ce seuil fixée à 100 la **figure 16** montre l'image de la figure 1 segmentée.



*Figure 16 : Image segmentée par la méthode classique de division de régions*

### ➔ Segmentation par croissance de régions

Ce type de segmentation consiste à faire croître des régions en y ajoutant successivement les pixels adjacents qui satisfont un critère d'homogénéité. La croissance s'arrête lorsque tous les pixels ont été traités.

L'étape initiale consiste à sélectionner les germes des régions qui correspondent généralement à un pixel. Puis, les régions sont construites en y ajoutant successivement les pixels qui leur sont connexes et qui vérifient un critère de similarité colorimétrique.

La plupart des algorithmes de croissance de régions sont régis par un parcours de l'image selon le balayage de gauche à droite et de haut en bas.

L'avantage de la croissance de régions est de préserver la forme de chaque région de l'image.

Cependant, une mauvaise sélection des germes ou un choix du critère de similarité mal adapté peut entraîner des phénomènes de sous-segmentation ou de sur-segmentation.

Il existe plusieurs algorithmes qui ont été développés dans ce contexte :

\* **A. Trémeau et N. Borel** proposent un algorithme de segmentation qui combine une croissance de régions suivie d'un processus de fusion de régions. Cet algorithme procède par un balayage séquentiel de l'image et considère le premier pixel comme un germe. Il tente alors de faire croître ce germe le plus longtemps possible en y agrégeant les pixels voisins.

Cette méthode repose sur plusieurs critères prenant en compte la proximité aux sens spatial et colorimétrique des régions adjacentes : Pour cela elle nécessite le réglage de nombreux seuils.

- $S_{LHC}$ : Seuil du critère d'homogénéité local. Ce seuil est utilisé pour garantir que deux pixels voisins appartenant à une même région ont des couleurs proches.
- $S_{AHC}$ : Seuil du critère d'homogénéité moyen. Ce seuil est utilisé pour s'assurer que la couleur d'un pixel ajouté à une région soit proche de la couleur moyenne de ses pixels voisins appartenant à cette région.
- $A_p$ : Nombre minimal de pixels voisins nécessaire pour qu'un pixel soit ajouté à une région. Un pixel doit avoir au moins  $A_p$  pixels voisins appartenant à une région pour qu'il puisse y être ajouté.

Ces trois conditions sont testées pour tous les pixels voisins  $p_j \in V(p_i)$ . Si le pixel courant  $p_i$  respecte ces conditions pour plusieurs fusions possibles avec des pixels voisins, il est affecté à la région en cours de constitution. Cette région est mise à jour, puis le processus de croissance est réitéré à partir du pixel suivant.

Si le pixel ne respecte pas ces trois conditions, le pixel ne peut pas être affecté à l'une des régions en cours de construction. Une nouvelle région est constituée à partir de ce pixel et le processus de croissance de régions est réitéré à partir du pixel suivant. Ce processus s'applique à l'ensemble des pixels jusqu'à parcourir toute l'image.

Il est clair que les résultats fournis par une telle approche dépendent des valeurs de seuil utilisées par les trois conditions. **Trémeau** propose de laisser le soin à l'utilisateur de fixer par ajustements successifs les valeurs de seuils qui sont les mieux adaptées aux types d'images à segmenter.

\* **A. Moghaddamzadeh et N. Bourbakis** proposent une méthode coopérative de croissance de régions et de détection de contours. En effet, les pixels contours ont des composantes colorimétriques nettement différentes de celles de leurs voisins, ce qui a pour conséquence que les processus de croissance de régions les considèrent comme des régions à part entière. **Moghaddamzadeh** propose donc de ne pas les considérer lors de la phase de segmentation.

Dans un premier temps, les pixels contour sont détectés par un seuillage du module d'un gradient couleur. Dans un deuxième temps, les régions sont construites par croissance de régions en ne considérant que les pixels non contour, qui sont supposés appartenir à des régions uniformes.

Chaque région construite est modélisée par un sous-ensemble flou de pixels et un degré

d'appartenance à chacune de ces régions est évalué pour chaque pixel contour. Ce degré d'appartenance tient compte de la distance qui sépare le pixel de la région dans l'image et de la distance entre la couleur du pixel contour et la couleur moyenne des pixels de la région. Un pixel contour est affecté à la région pour laquelle son degré d'appartenance est maximal.

En conséquence les algorithmes développés dans le contexte de la segmentation par croissance de régions assurent de toucher tous les points d'un domaine connexe qui vérifient le critère d'homogénéité et de définir par suite les objets présents dans l'image en traitement : c'est une méthode puissante et simple. Par ailleurs elle est assez lourde en ressources machine surtout en ajoutant l'aspect récursif pour son développement.

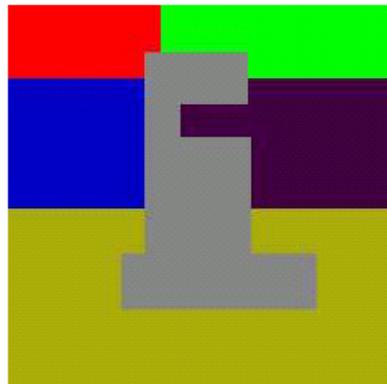
### ➤ Segmentation par fusion de régions

L'approche de fusion de régions est principalement fondée sur l'analyse d'un graphe d'adjacence de régions qui analyse une image pré segmentée, constituée d'un ensemble de régions.

C'est une structure de données constituée d'un graphe non-orienté dont chaque noeud représente une région et chaque arête représente une adjacence entre deux régions.

L'analyse du graphe d'adjacence de régions permet de fusionner des régions d'une image sur-segmentée. Le procédé consiste à fusionner deux noeuds reliés par une arête à condition qu'ils respectent un critère de fusion.

Les méthodes d'analyse des graphes d'adjacence de régions se distinguent selon l'ordre de parcours des différents noeuds du graphe et selon les critères de fusion.



*Figure 17 : Image originale*

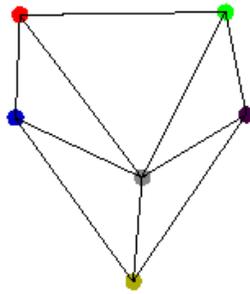


Figure 18 : Graphe d'adjacence de régions de l'image de la figure 17

\* **R. Schettini** propose d'utiliser un critère prenant en compte la similarité colorimétrique de deux régions et la proximité spatiale. Il introduit une fonction de similarité qui repose sur une distance colorimétrique pondérée par la longueur relative de la frontière commune des deux régions à fusionner.

\* **K. Saarinen** propose de pondérer chaque arête d'un graphe d'adjacence de régions par la moitié de la distance colorimétrique entre les deux régions correspondant aux noeuds de l'arête.

A chaque itération, les régions reliées par l'arête qui porte le poids minimal sont fusionnées. Les poids des arêtes sont mis à jour en fonction du nombre de pixels appartenant aux régions associées aux arêtes et de leur distance colorimétrique. Grâce à la pondération choisie, l'algorithme tend à privilégier les régions adjacentes de faible surface. L'algorithme de fusion s'arrête lorsqu'un nombre d'itérations fixé préalablement est atteint ou lorsque les poids des arêtes atteignent une valeur limite.

\* **Trémeau et P. Colantoni** propose un méthode d'analyse du graphe d'adjacence de régions par une croissance de régions qui consiste à parcourir les noeuds du graphe séquentiellement en considérant à chaque séquence d'analyse, un noeud particulier correspondant à une région « courante », et en analysant sa similarité avec chacune des régions adjacentes, appelée « région candidate », pour décider d'une éventuelle fusion.

La région courante est fusionnée avec une région adjacente si les trois critères spatio-colorimétriques suivants sont respectés :

- la distance euclidienne entre la couleur moyenne des pixels de la région courante et la couleur moyenne des pixels de la région candidate est inférieure à un seuil.
- la distance euclidienne entre la couleur moyenne des pixels de toutes les régions adjacentes à la région courante et la couleur moyenne des pixels de la région candidate est

inférieure à un seuil.

- la distance entre la couleur moyenne des pixels de toutes les régions qui ont déjà fusionné avec la région courante et la couleur moyenne des pixels de la région candidate est inférieure à un seuil.

Ces trois critères permettent de mesurer les ressemblances colorimétriques entre une région courante et les différentes régions qui lui sont adjacentes pour décider d'une éventuelle fusion, mais les trois seuils requis sont difficiles à ajuster.

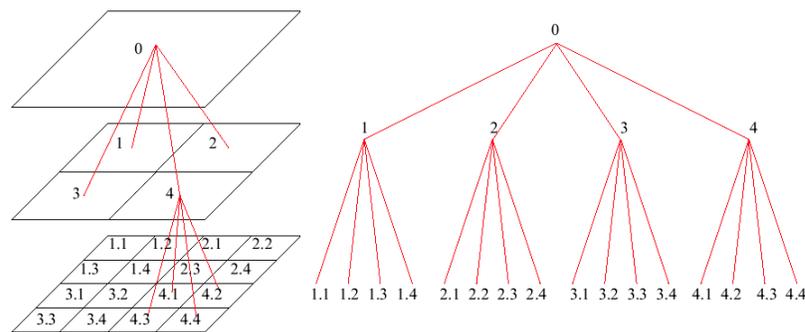
### ➤ Segmentation par division-fusion

La segmentation par division-fusion regroupe les deux types d'approches précédents. Tout d'abord, l'image est divisée en régions homogènes qui respectent des critères globaux, puis les régions adjacentes qui répondent à des critères locaux sont fusionnées.

Il existe plusieurs structures de données qui permettant d'effectuer cette approche, nous détaillons ici une de ces structures qui est le **Quadtree (Tetra-arbre)**. Les autres structures peuvent être considéré comme une amélioration de la segmentation par analyse d'un quadtree.

**V. Coutance** segmente les images couleur en régions par l'analyse d'une structure appelée quadtree, proposée par **S. L. Horowitz** et **S. Pavlidis** dans le cadre de la segmentation d'images en niveaux de gris.

Le quadtree est un tétra-arbre dont chaque noeud possède exactement quatre noeuds fils, excepté les noeuds terminaux. Chaque noeud correspond à un bloc, c'est à dire une zone de l'image de forme carrée, dont le nombre de lignes et de colonnes est une puissance de deux. La racine de l'arbre correspond à l'image entière qui doit être de forme carrée et dont le nombre de lignes et de colonnes est également une puissance de deux (**figure 19**).



**Figure 19 : Structure pyramidale du quadtree**

Chaque bloc associé à un noeud du quadtree de la partition initiale est analysé de façon récursive afin de décider s'il doit être divisé en quatre sous-blocs. L'analyse récursive s'arrête lorsque chaque sous-bloc respecte un prédicat d'homogénéité.

A ce stade de l'analyse, certains blocs adjacents dans l'image présentent des caractéristiques colorimétriques identiques. C'est pourquoi ces couples de blocs sont fusionnés. L'analyse s'arrête lorsqu'il n'existe plus de couple qui respecte le prédicat de fusion.

**V. Coutance** utilise les variances des composantes **R**, **G** et **B** des pixels d'un bloc comme critère de division. Ainsi, si la somme des variances des composantes **R**, **G** et **B** des pixels d'un bloc est supérieure à un seuil, ce bloc est divisé en quatre sous-blocs. Deux blocs adjacents sont fusionnés si la distance entre les couleurs moyennes des pixels de chacun de ces blocs est inférieure à un seuil.

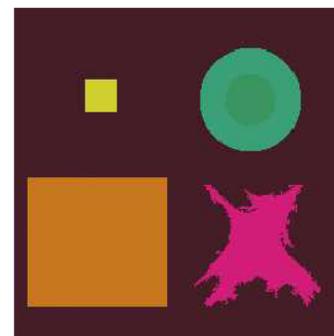
Après la phase de fusion, les blocs de petite taille sont fusionnés avec le bloc voisin le plus proche au sens colorimétrique.

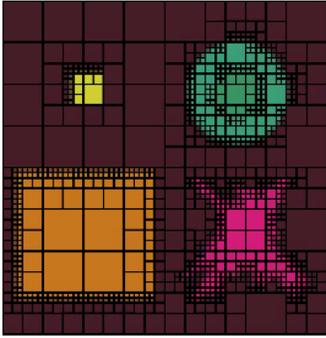
Comme pour les processus de croissance de régions, le choix des deux seuils est très délicat à régler.

Cette approche fournit une segmentation grossière de l'image, car d'une part les régions ainsi reconstruites sont de forme polyédrique qui ne respecte pas toujours la propre forme des régions présentes dans l'image et d'autre part, les critères de fusion et de séparation ne sont adaptées qu'au cas où l'image contient des régions uniformes et non texturées. Par ailleurs, la phase de regroupement des blocs est sensible à l'ordre du parcours du quadtree.

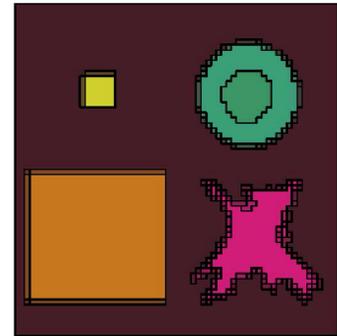
La **figure 22** illustre le problème du découpage carré avec le résultat obtenu après la phase de division-fusion de l'image originale de la **figure 20**. Un bloc est divisé si la somme des variances des composantes **R**, **G** et **B** de ses pixels est supérieure à un seuil fixé à 100. L'image de la **figure 21** représente l'image originale de la **figure 20** segmentée après la phase de division. Deux blocs adjacents dans l'image de la **figure 21** fusionnent si la distance euclidienne entre les couleurs moyennes de leurs pixels est inférieure à un seuil fixé à 15. Le résultat final de segmentation obtenu après fusion des blocs est présenté dans l'image de la **figure 22**. Les contours des régions construites sont indiqués en noir sur les images des **figures 21** et **22**.

**Figure 20 : Image originale**





*Figure 21 : Image segmentée après la phase de division*



*Figure 22 : Image segmentée après la phase de fusion*

### ➤ Conclusion

Comme ça nous avons présenté les méthodes de segmentation par analyse des propriétés spatiales qui considèrent une région comme un ensemble de pixels connexes ayant une couleur proche d'une valeur moyenne.

Nous remarquons que les résultats de la segmentation peuvent dépendre de l'initialisation, comme c'est le cas lorsque des germes sont choisis aléatoirement.

Certaines méthodes nécessitent le réglage de nombreux seuils et paramètres, tels que des critères de similarité ou des critères d'arrêt. L'ajustement de ces paramètres est délicat, de telle sorte qu'il est difficile de prévoir si on aboutira à une sous-segmentation ou à une sur-segmentation de l'image.

Par ailleurs, elles peuvent être sensibles aux changements d'échelle ou même à de simples translations des pixels.

## 2.3. Segmentation par les contours

De nombreux problèmes pratiques d'analyse d'image nécessitent une analyse préalable où il faut découper l'image en régions homogènes séparées par des contours. En général les

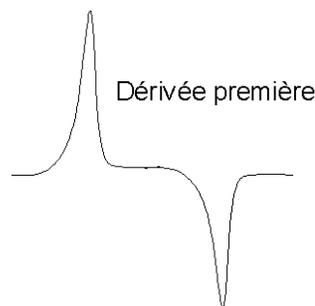
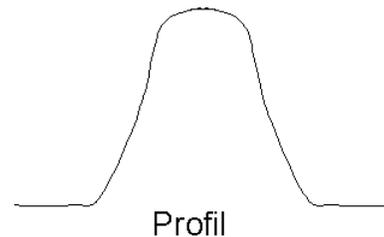
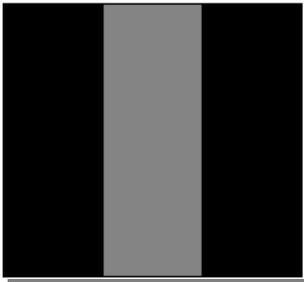
régions homogènes sont des régions où l'intensité lumineuse varie lentement en fonction des coordonnées spatiales. Les contours séparant ces régions sont des portions de l'image de faible largeur (largeur de l'ordre d'un pixel) où les variations d'intensité sont importantes. Il existe une multitude de méthodes pour détecter les contours, d'où une autre approche de segmentation des images est la recherche des contours des régions.

La recherche des contours dans une image numérique est un des problèmes les plus étudiés depuis l'origine des travaux sur l'imagerie numérique. Ceci est en grande partie dû à la nature très intuitive du contour qui apparaît très naturellement comme l'indice visuel idéal dans la plus grande partie des situations.

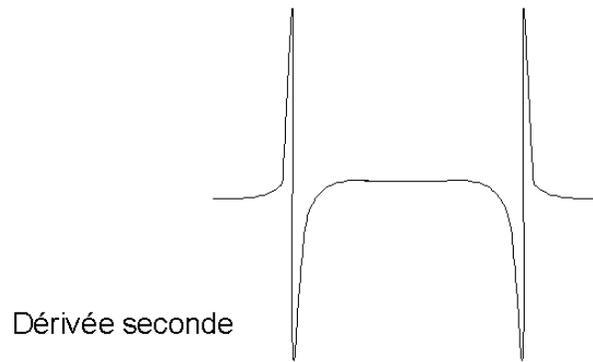
Très schématiquement, les contours sont les lieux de variations significatives de l'information niveaux de gris. En fait les contours dans une image proviennent des discontinuités de la fonction de réflectivité (texture, ombre) ou de la discontinuités de profondeur (bords de l'objet),

La notion de contour étant reliée à celle de variation, il est évident qu'une telle définition nous amène tout naturellement vers une évaluation de la variation en chaque pixel. Une variation existera **Réf. [TA5, S7, S8]** :

- si le gradient (la dérivée première) est localement maximum.



- si la dérivée seconde (à définir dans un espace bidimensionnel) présente un passage par zéro : **zero crossing**.



### 2.3.1. Détecteurs de contours : max de la dérivée 1ère

#### ➤ Calcul d'un gradient

Le gradient, en un pixel d'une image numérique, est un vecteur caractérisé par son amplitude et sa direction. L'amplitude est directement liée à la quantité de variation locale des niveaux de gris. La direction du gradient est orthogonale à la frontière qui passe au point considéré.

La méthode la plus simple pour estimer un gradient est donc de faire un calcul de variation monodimensionnelle, i.e. en ayant choisi une direction donnée. On a alors le schéma suivant :

$$Gd(x, y) = (I * Wd)(x, y)$$

Où  $Wd$  désigne l'opérateur de dérivation dans la direction  $d$  et  $*$  le produit de convolution.

$$Gd(x, y) = \sum_{-m}^m \sum_{-n}^n I(x+i, y+j) \cdot Wd(i, j) \quad \text{En général } m=n$$

Le gradient étant un vecteur, l'approche la plus classique pour estimer le gradient consiste à choisir deux directions privilégiées (naturellement celles associées au maillage, i.e. ligne et colonne) orthogonales, sur lesquelles on projette le gradient. A partir de deux calculs identiques à celui présenté ci-dessus, on peut donc obtenir une connaissance parfaite du gradient :

$$G(x, y) = (G_X(x, y), G_Y(x, y)) = ((I * W_X)(x, y), (I * W_Y)(x, y))$$

L'amplitude du gradient s'obtient alors par l'une des formules suivantes :

$$m(x, y) = (G_X(x, y)^2 + G_Y(x, y)^2)^{1/2}$$

$$m(x, y) = |G_X(x, y)| + |G_Y(x, y)|$$

$$m(x, y) = \text{Max}(|G_X(x, y)| + |G_Y(x, y)|)$$

Il existe de très nombreux opérateurs différents (Roberts, Prewitt, Sobel...) qui ont globalement les mêmes propriétés.

● Opérateurs de Robert :

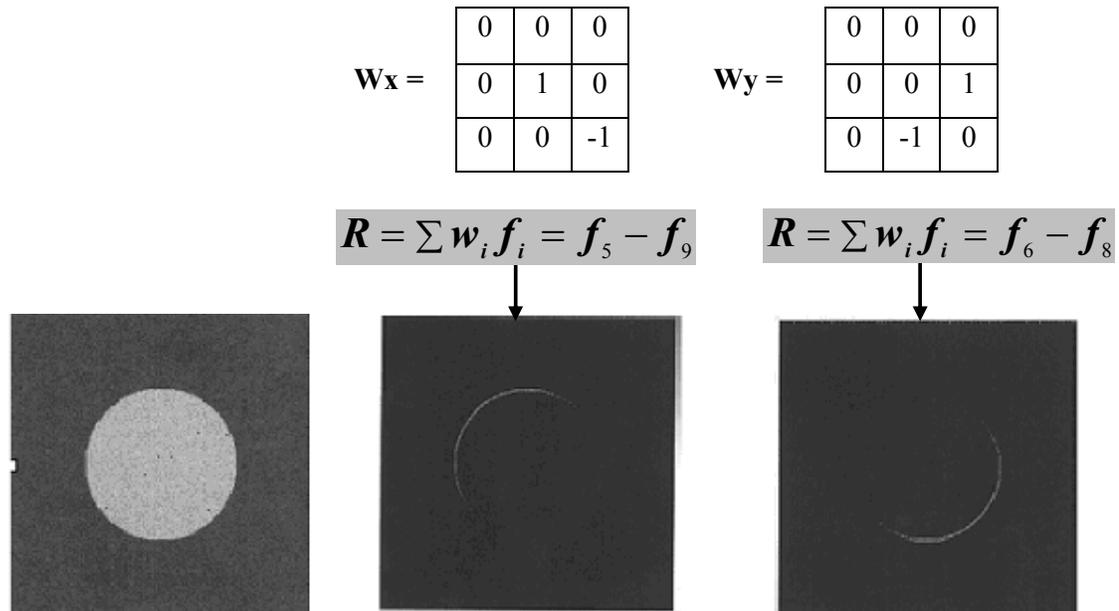


Figure 23 : Opérateurs de Robert à deux directions

$$|\vec{\nabla} f| = |f_5 - f_9| + |f_6 - f_8|$$

● Opérateurs de Perwit :

$$\mathbf{W}_x = 1/3 * \begin{bmatrix} -1 & -1 & -1 \\ 0 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 1 \end{bmatrix}$$

$$\mathbf{W}_y = 1/3 * \begin{bmatrix} -1 & 0 & 1 \\ -1 & 0 & 1 \\ -1 & 0 & 1 \end{bmatrix}$$

$$R = \sum w_i f_i = (f_7 - f_1) + (f_8 - f_2) + (f_9 - f_3)$$

$$R = \sum w_i f_i = (f_3 - f_1) + (f_6 - f_4) + (f_9 - f_7)$$

☉ **Opérateurs de Sobel :**

$$W_x = 1/4 * \begin{array}{|c|c|c|} \hline -1 & -2 & -1 \\ \hline 0 & 0 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 1 \\ \hline \end{array}$$

$$W_y = 1/4 * \begin{array}{|c|c|c|} \hline -1 & 0 & 1 \\ \hline -2 & 0 & 2 \\ \hline -1 & 0 & 1 \\ \hline \end{array}$$

$$R = \sum w_i f_i = (f_7 - f_1) + 2(f_8 - f_2) + (f_9 - f_3)$$

$$R = \sum w_i f_i = (f_3 - f_1) + 2(f_6 - f_4) + (f_9 - f_7)$$

$$\begin{pmatrix} 190 & 190 & 200 & 210 & 213 \\ 190 & 190 & 200 & 210 & 213 \\ 186 & 190 & 200 & 200 & 200 \\ 50 & 50 & 1 & 100 & 100 \\ 10 & 10 & 10 & 30 & 30 \\ 50 & 50 & 14 & 100 & 100 \\ 10 & 10 & 10 & 30 & 30 \end{pmatrix} \longrightarrow 1/4 * \begin{pmatrix} -4 & -10 & -33 \\ -619 & -628 & -492 \\ -726 & -730 & -700 \\ +13 & +26 & +13 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}$$

Image initiale

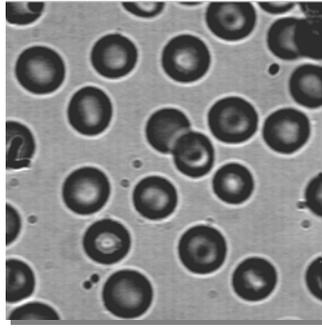
Image Gradient

Figure 24 : Exemple d'application de l'opérateur de Sobel horizontal

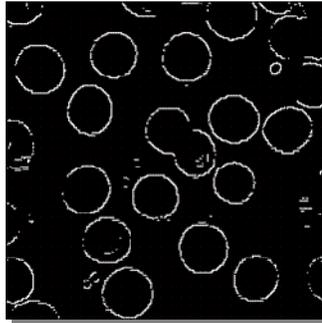
☉ **Du gradient au contour**

Le calcul du gradient permet d'obtenir, en tout pixel d'une image, une information sur la présence de contours. Cependant, il est nécessaire d'enchaîner plusieurs traitements basé sur la recherche de maxima de la dérivée première pour effectivement passer du gradient aux contours et qui consistent à :

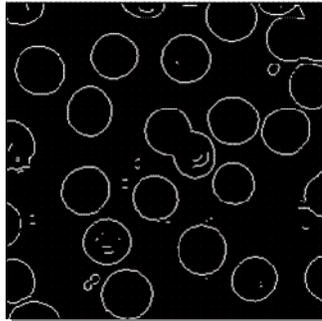
- ☉ calculer la norme du gradient en tous point de l'image.
- ☉ sélectionner les pixels à l'aide d'un seuil fixé a priori pour la norme du gradient.



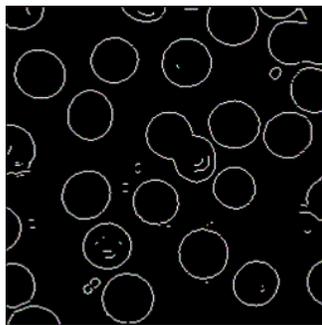
*Figure 25 : Image originale*



*Figure 26 : Image contour de l'image de la figure 25 avec l'opérateur de Roberts*



*Figure 27 : Image contour de l'image de la figure 25 avec l'opérateur de Perwit*



*Figure 28 : Image contour de l'image de la figure 25 avec l'opérateur de Sobel*

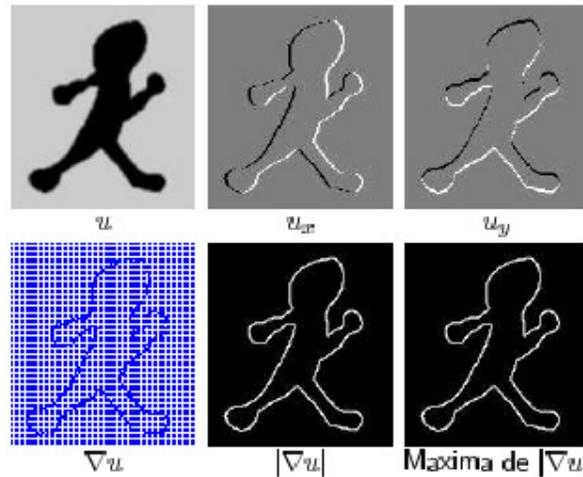


Figure 29 : Démarche de détection de contour par le maxima du gradient

### 2.3.2. Détecteurs de contours : zero crossing

#### ➔ Calcul du Laplacien

Pour le calcul de la dérivée seconde, la plus simple approximation du Laplacien d'une Gaussienne est l'opérateur de dérivation suivant :

-1	-1	-1
-1	8	-1
-1	-1	-1

Connu sous le nom de masque Laplacien et qui est utilisé en général pour la détection des points isolés.

#### ➔ Du Laplacien au contour

Les points de contour sont caractérisés par des passages par zéro du Laplacien. La détection de ces points s'effectue en deux étapes :

- ① Détection des passages par zéros. Les pixels pour lesquels le Laplacien change de signe sont sélectionnés.
- ② Seuillage des passages par zéros de fortes amplitudes (par hystérésis par exemple).

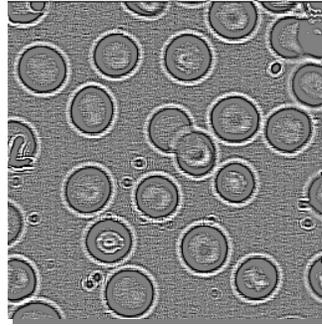


Figure 30 : Image contour de l'image de la figure 25 avec l'opérateur de Laplacien



Figure 31 : Démarche de détection de contour par le zero crossing

### 2.3.3. Conclusion

Les méthodes de détection de contours permettent d'obtenir très rapidement un ensemble de contours qui serviront de base à des algorithmes de fermeture de contours. En raison de leur caractère local, l'insertion du concept de régions devient difficile en cas où on veut faire une coopération entre ces méthodes et les méthodes de segmentation par les régions dans le but de définir les objets de la scène définie dans l'image en traitement.

## 2.4. Conclusion

Lors de cette brève présentation, nous avons tenté de regrouper les techniques de segmentation des images couleur en deux familles en fonction du résultat de segmentation fournie que ce soit des régions ou des frontières de régions.

Toutes ces approches que nous venons de présenter visent à l'extraction des indices visuels. Après de nombreuses années passées à rechercher la méthode optimale, les chercheurs ont compris que la segmentation idéale n'existait pas. On peut même montrer que le problème de la segmentation est le plus souvent un problème mal posé. Etant donnée une image, il existe toujours plusieurs segmentations possibles. Une bonne méthode de segmentation sera donc celle qui permettra d'arriver à une bonne interprétation. Elle devra

donc avoir simplifié l'image sans pour autant en avoir trop réduit le contenu. Entre autres, elle devra éviter les choix irréversibles. L'avenir de la segmentation est dans le pilotage aval par l'applicatif.

# Chapitre 2. Approche proposée

## 1. Introduction

Comme précisé auparavant, et dans le but de l'identification des bactéries présentes dans les images de biofilm, le travail à effectuer dans ce projet de fin d'étude consiste à développer une méthode de segmentation basée sur la forme et la couleur et qui permettra de mettre en évidence les caractéristiques des divers constituants du biofilm.

D'une manière générale, Les microorganismes détectés sont soit :

- \* Des coques : se sont les bactéries à forme ronde.
- \* Des bacilles : se sont les bactéries en bâtonnets : leur forme n'est pas représentative : elle peut être elliptique, circulaire, rectangulaire...

Le problème de l'extraction des bactéries (aussi bien coques que bacilles) étant complexe, l'approche utilisée doit reposer sur la prise en compte simultanée de la forme et de la couleur, ce qui nous a amené donc à diviser le problème en deux sous parties, la première traitant des coques et l'autre concernant les bacilles.

Dans ce projet de fin d'études, je me suis focalisé sur le traitement des bactéries rondes, ce sous problème pouvait en effet être traité dans la période de ce stage et était suffisamment caractéristique de la problématique.

D'autre part, le résultat fournit par la méthode de segmentation à développer va être l'objet d'une étude quantitative qui permettra de compter le nombre de bactéries, d'estimer le nombre de bactéries mortes et vivantes dans le biofilm, etc.

En se basant sur ces contraintes et à partir de l'étude bibliographique présentée au chapitre précédent, nous nous attachons à décrire dans ce chapitre notre approche de segmentation qui s'inscrit parmi les méthodes de **segmentation par analyse des propriétés spatiales** et plus précisément faisant partie des méthodes de croissance de régions qui :

- \* Considère que les régions sont définies comme des ensembles de pixels connexes qui répondent à certains critères de similarité.
- \* Assure de toucher tous les points d'un domaine connexe.
- \* Utilise aussi bien les caractéristiques colorimétriques des pixels que leurs relations spatiales pour définir les régions : elle repose sur la prise en compte simultanée des propriétés de connexité et colorimétriques des pixels.



C'est une méthode puissante et simple qui permet de définir les objets.

En effet, la croissance de régions procède par un balayage séquentiel de l'image et nécessite de fixer un germe pour chaque région à extraire afin de le faire croître le plus longtemps possible en y agrégeant les pixels voisins selon des relations topologiques bien déterminées et des critères de similarité à préciser.

De ce fait, nous sommes conduits à définir les critères de segmentation spécifiques à nos objets (i.e. les bactéries) et par suite concevoir un algorithme utilisant ces critères et permettant l'identification de ces bactéries.

## 2. La modélisation analytique

L'idée était d'appliquer la croissance de régions en procédant par un balayage de l'image du gauche à droite et du haut en bas et en considérant chaque pixel de l'image comme étant le noyau de la bactérie et le germe à partir duquel se déclenche l'approche de croissance.

Du au faite que nous sommes entrain d'étudier les bactérie rondes, nous avons choisi de fixer une allure de croissance qui consiste à traiter seulement les pixels du **Carré Englobant** ayant comme :

- **Centre** : le pixel en traitement.
- **Largeur** :  $2 * [\text{état de croissance}] + 1$ . Avec état de croissance = le rayon en pixel de la **forme ronde** de la bactérie en croissance = le nombre de pixel ajoutés de part ou d'autre du germe (Il est initialisé à 1 et s'incrémente au fur et à mesure de la croissance).

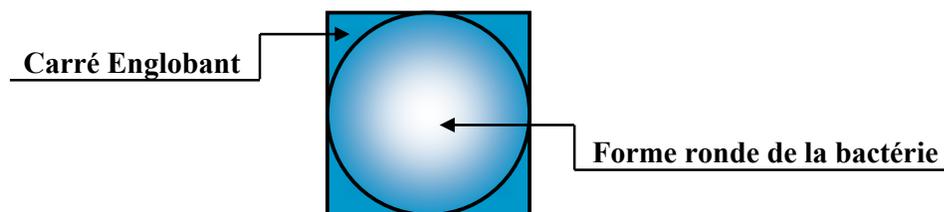
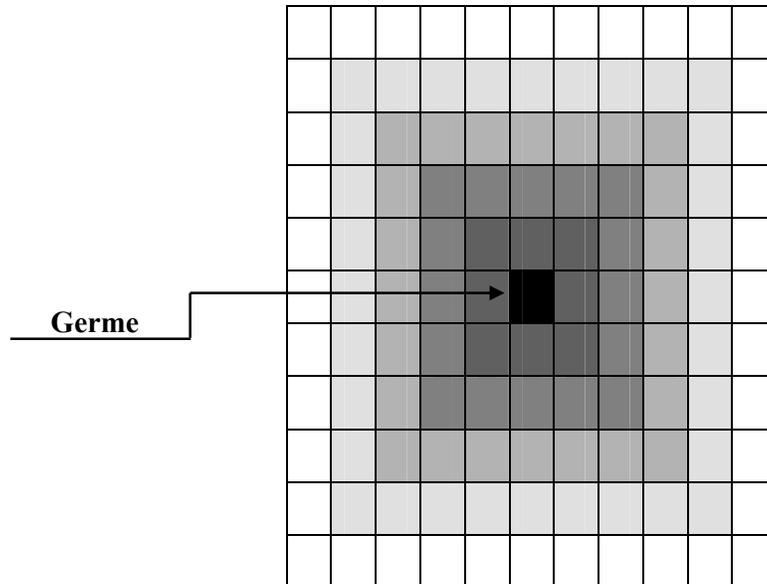


Figure 32 : Carré Englobant

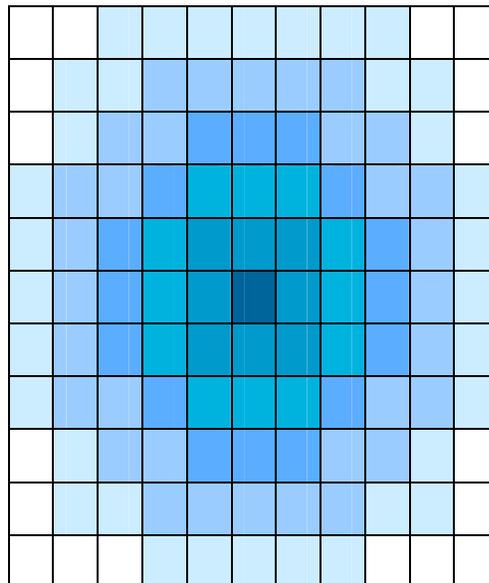
## 2.1. Contraintes géométriques de croissance

Au cours de l'approche de croissance, le carré englobant la forme ronde de la bactérie apparaît comme suit :



*Figure 33 : Allure de croissance du Carré Englobant*

Par contre, pour la forme ronde comme suit :



*Figure 34 : Allure de croissance de la forme ronde de la bactérie*

Etant donné un pixel, à la fin de la croissance, deux résultats sont possibles :

- \* soit que ce pixel germe est en réalité le centre d'une bactérie (après avoir vérifié avec tous les pixels formant la bactérie certains critères de similarité), en conséquence nous avons bien identifié cette bactérie.
- \* soit il ne l'est pas, ainsi une nouvelle approche de croissance est déclenchée pour le pixel suivant.

La problématique qui se pose maintenant c'est d'identifier les paramètres d'homogénéité que doivent vérifier les pixels pour qu'ils fassent partie d'une bactérie et les critères d'arrêt de l'approche de croissance pour un pixel donné.

## 2.2. Contraintes colorimétriques de croissance

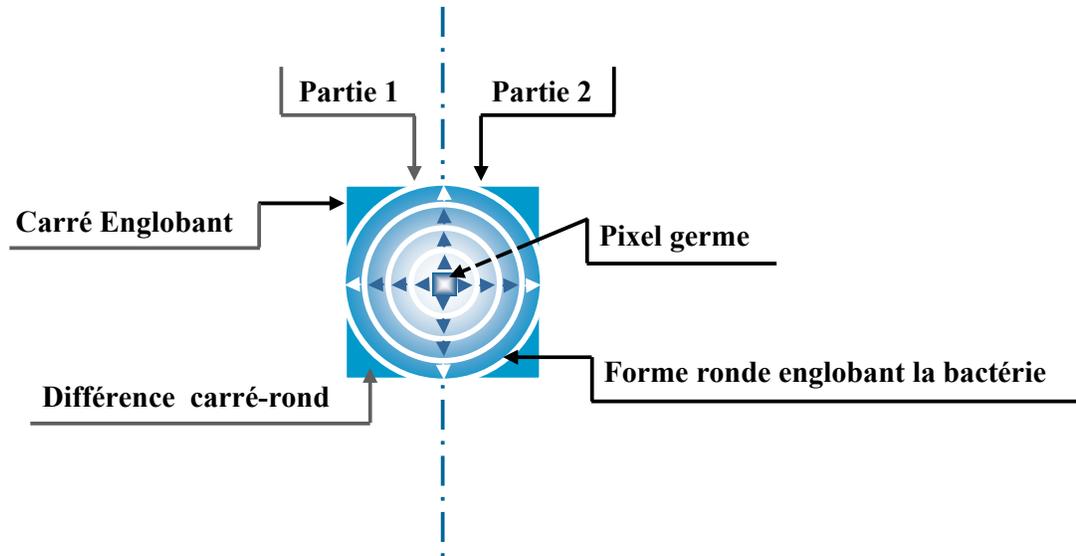
Afin d'avoir une première idée sur ces critères, l'idée initiale était l'analyse de l'image d'une bactérie en étudiant le comportement colorimétrique de ses 3 composantes couleur **R**, **G** et **B** tout en respectant les relations topologiques déjà précisées.

L'ajustement de ces paramètres est délicat, de telle sorte que par la suite, il a fallu faire un apprentissage sur une base hétérogène d'images de bactéries et de fausses bactéries pour assurer le réglage des seuils de ces paramètres afin d'aboutir au meilleur résultat de segmentation.

Dans cette analyse et à chaque étape de la croissance on s'est intéressé aux parties suivantes :

- **Carré englobant** : c'est la partie qui englobe la forme ronde de la bactérie.
- **Forme ronde de la bactérie** : elle correspond au cercle contenant la bactérie : à l'origine de chaque itération de la croissance on augmente le diamètre de ce cercle mais aussi la largeur du carré englobant.
- **Partie 1** : elle correspond à la moitié gauche du carré englobant.
- **Partie 2** : elle correspond à la moitié droite du carré englobant.
- **Différence carré-ronde** : elle correspond à l'union des parties du carré englobant non recouvertes par la forme ronde de la bactérie.

La figure suivante montre en détails ces parties d'intérêts dans notre approche de croissance de régions :



*Figure 35 : Les parties d'intérêts*

Au fur et à mesure de la croissance, on a constaté que les critères de similarité spatiochromimétriques suivants doivent être respectés par l'une des 3 composantes couleur primaires **R**, **G** ou **B** d'une région pour décider que cette région correspond éventuellement à une bactérie :

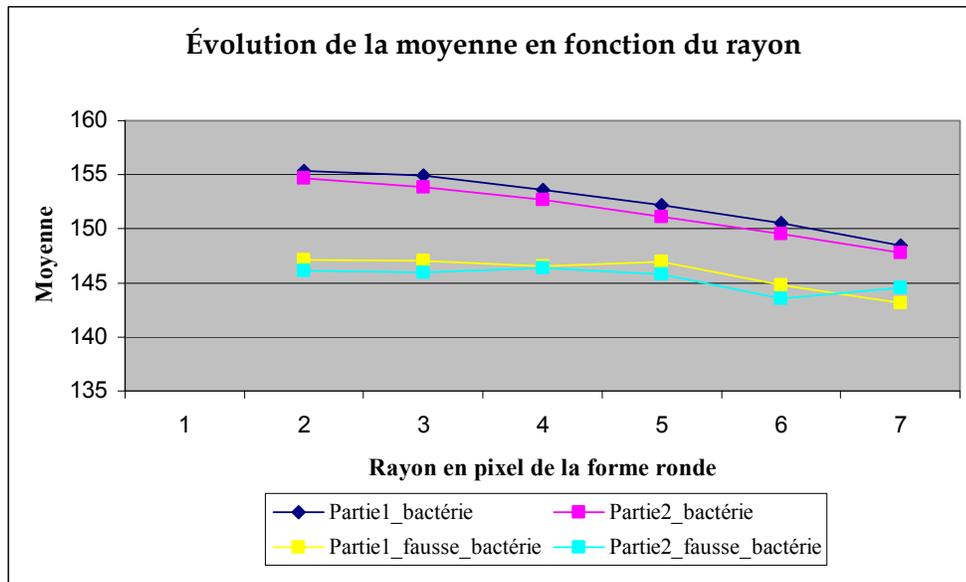
### 2.2.1. Critères de la moyenne

La moyenne du carré englobant et de la forme ronde prennent une allure gaussienne ayant comme sommet les moyennes intermédiaires correspondant à chaque étape de croissance mais n'admettant pas une propre équation : c'est seulement une allure décroissante de part et d'autre du pixel germe.

Par conséquent, une région bactérienne en cours de croissance doit vérifier que les moyennes associées aux deux zones **Partie 1** et **Partie 2** ont une allure décroissante.

Dans la figure ci-dessous, on compare l'évolution de l'ensemble de ces paramètres dans le cas d'une bactérie et d'une fausse bactérie.

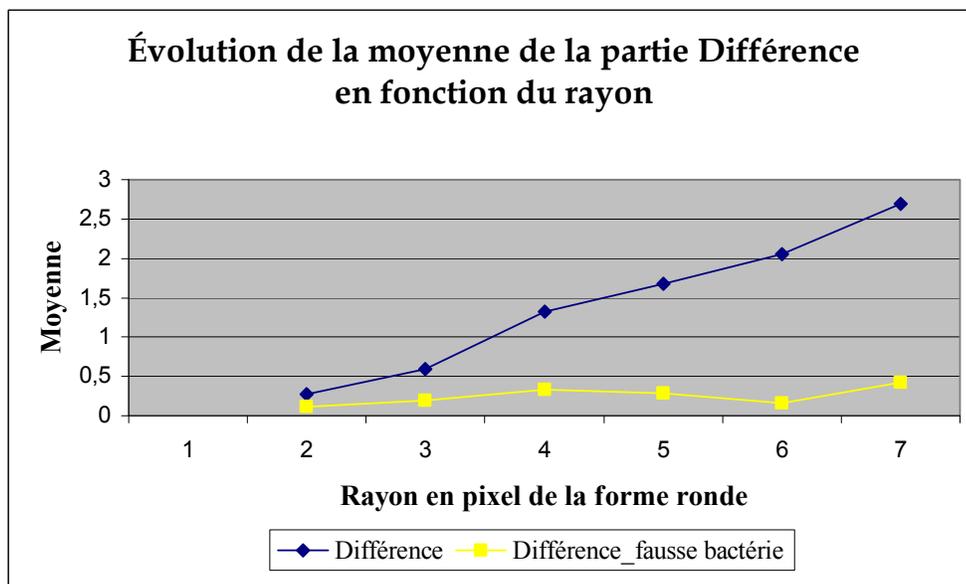
La fausse bactérie représente une région construite à partir d'un pixel situé entre les frontières de deux véritables bactéries et qui n'a pas garantie la vérification de cette allure décroissante.



**Figure 36 : Allure décroissante des moyennes de la Partie 1 et 2**

Un autre critère de similarité a été identifié et qui s'intéresse de la moyenne de la partie **Différence carré-rond** qu'on a pu montrer qu'elle prend une allure croissante du fait que la couleur de la bactérie devient, au cours de la croissance, de plus en plus différenciable de celle du fond.

Et à titre d'exemple, on compare ici l'évolution de ce critère dans le cas d'une véritable bactérie qui a vérifié cette allure croissante et le cas d'une fausse bactérie qui représente une région construite à partir d'un pixel du fond et qui ne l'a pas respecté.



**Figure 37 : Allure croissante de la moyenne de la partie Différence**

### 2.2.2. Critères de la variance

Dans le cadre de l'identification des critères de similarité colorimétriques, on a mis l'accent aussi sur l'évolution des variances de la partie ronde et du Carré englobant qu'on a pu montrer qu'elles prennent toutes les deux une allure croissante.

Dans la figure suivante on s'intéresse aussi à cette évolution dans le cas d'une bactérie et d'une fausse bactérie qui présente une région construite à partir d'un pixel du fond.

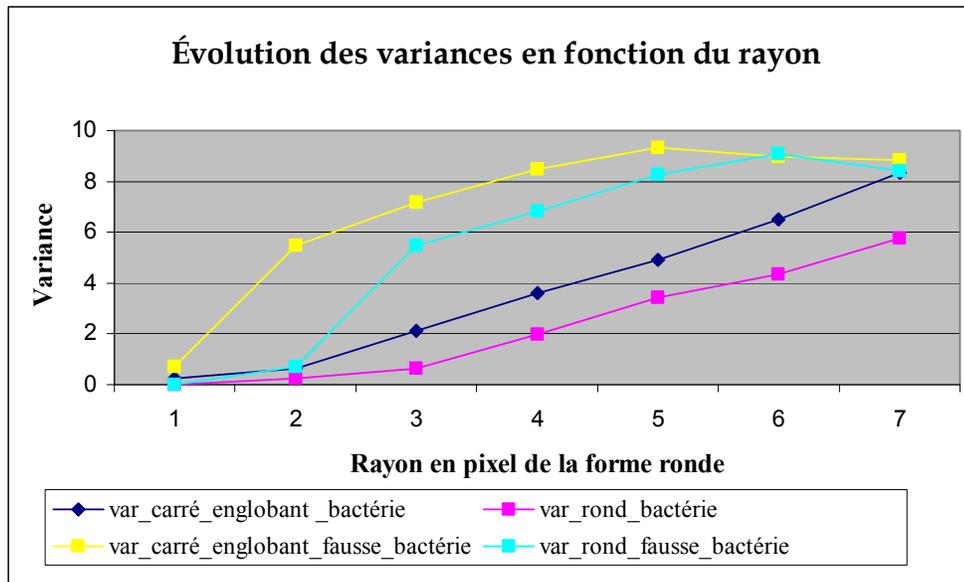


Figure 38 : Allure croissante des variances du carré englobant et de la forme ronde

### 2.2.3. Conclusion

Notre méthode tente alors de faire croître le pixel germe le plus longtemps possible en reposant sur les critères spatiocolorimétriques indiqué en haut et à condition qu'il faut au minimum arriver à répondre simultanément à ces critères jusqu'à la 6<sup>ème</sup> itération : c'est-à-dire que la partie ronde de la bactérie doit avoir comme diamètre minimal 13 pixels : cette valeur est ajustée après tout l'apprentissage qu'on a fait sur la base hétérogène de bactéries et de fausses bactéries.

## 3. Les résultats initiaux

Une fois les critères de segmentation sont définis, il ne reste que de modéliser notre approche en développant une stratégie ou un algorithme d'utilisation de ces critères et de

tester cette approche sur la base d'images de biofilm afin de la valider s'il elle ne présentent pas de problèmes ou de l'améliorer dans le cas contraire.

La modélisation algorithmique de notre approche étant accomplie, la phase de test fait apparaître quelques problèmes de segmentation pour quelques images et plus précisément pour certaines régions de ces images.

En effet, on a réussi à identifier correctement la majorité des bactéries notamment celle qui sont isolées. En revanche, il existe des parties dans les images testées qui répondent aux paramètres de similarité sur lesquelles est fondé notre méthodologie.

En faite, ces parties présentent l'effet dégradé dans la couleur, c'est pour cela qu'en traitant un pixel contenu dans une telle partie et qui se présente comme l'origine d'une dégradation, la croissance de régions basé sur ce pixel (germe) donne naissance à une bactérie bien qu'en réalité elle ne l'ai pas.

Et voilà quelques illustrations de ce cas de problèmes :

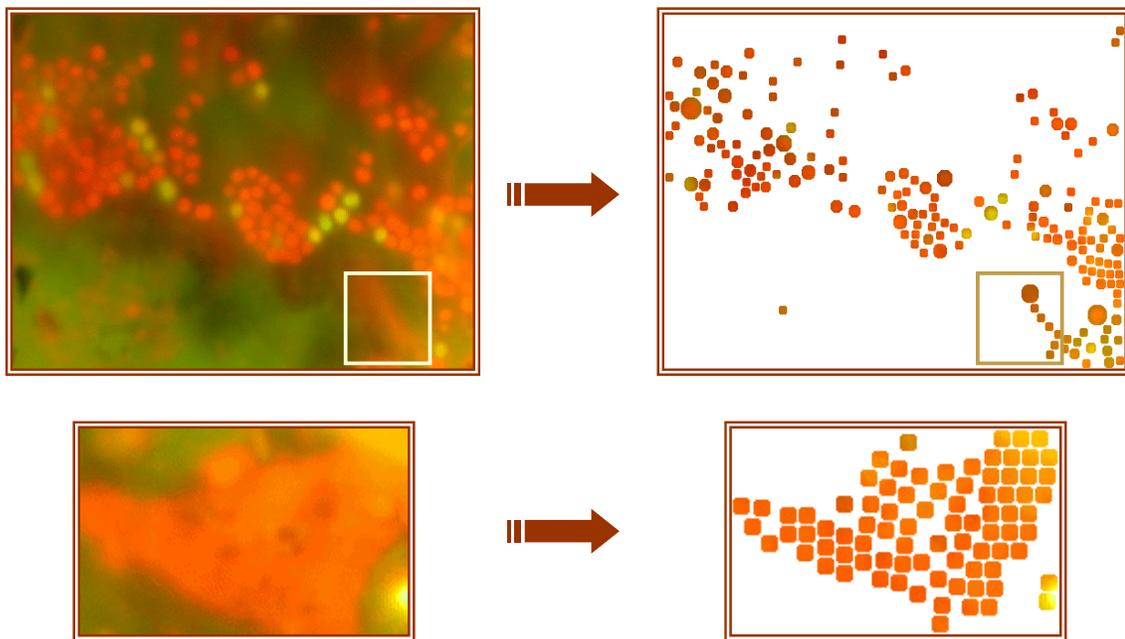


Figure 39 : Exemples de cas de problèmes

## 4. Solutions adoptées

Pour palier à ces problèmes, deux solutions ont été envisagées : La première consiste à prévoir d'autres espaces couleur à part le système **RGB** de telle sortes qu'ils soient mieux adaptés à notre base d'images. Quant à la deuxième, elle consiste à réétudier le comportement

des critères de similarité de la méthode de croissance avec les nouvelles composantes couleur et à envisager une amélioration de ces critères soit en les modifiant soit en y ajoutant d'autres.

## 4.1. Changement d'espaces couleur

Le croissance de régions sur laquelle été basé notre approche s'applique sur l'espace **RGB** et en particuliers sur chacune de ses composantes considérées individuellement : De ce faite, il nous semblait que la caractéristique couleur n'a pas été bien exploitée dans notre approche. En effet, on est ramené à l'utilisation d'une approche de segmentation au niveau de gris. En conclusion il faut faire un changement d'espace couleur. Pour choisir les meilleurs espaces couleur on s'est basé sur les contraintes suivantes :

Pour cela, et après de nombreux tests, notre choix d'espace couleur s'est fixé sur les deux espaces  $I_1I_2I_3$  et  $YCbCr$ , et en particuliers on a choisit les deux composantes  $I_1$  et  $Y$  vu que :

- $I_1=1/3 (R+G+B)$  : donne une importance simultanée aux 3 composantes couleur du système **RGB** donc le travail effectué dans le première approche va être facilement adapté avec cette composante tout en introduisant quelques améliorations. Par ailleurs, l'espace couleur  $I_1I_2I_3$  est parmi les systèmes de couleurs les plus efficace en terme de qualité de segmentation (**cf. chapitre 1**).
- $Y= 0.2989 R + 0.5866 G + 0.1145 B$  : est la composante luminance : celle-ci contient à elle seule jusqu'à 90% de l'information.

## 4.2. Amélioration des critères de similarité

Comme déjà vu, un des critères de similarité montre que la moyenne du carré englobant et du cercle contenant la forme bactérienne prend une allure gaussienne mais sans préciser d'équation associée à cette allure.

Dans ce cadre, l'amélioration des critères de similarité, concernera les critères de la moyenne, l'idée étant de renforcer les critères déjà identifiés afin de donner un meilleur résultat de segmentation tout en préservant leur ancienne allure puisqu'elle a permis d'identifier la plupart des bactéries.

Pour cela, on a pu identifier un nouveau paramètre d'homogénéité pour la moyenne basé sur les anciens critères et vérifié pour le carré englobant et pour la forme ronde de bactérie qui est le quotient des moyennes : Il est calculé comme étant le rapport de la nouvelle moyenne après incrémentation du rayon de la forme ronde sur la moyenne ancienne correspondante à la précédente étape de croissance.

Suite à un apprentissage sur toute la base de bactéries et de fausses bactéries on a pu montrer que l'évolution de ce nouveau critère en fonction du rayon en pixel de la forme ronde est décroissante.

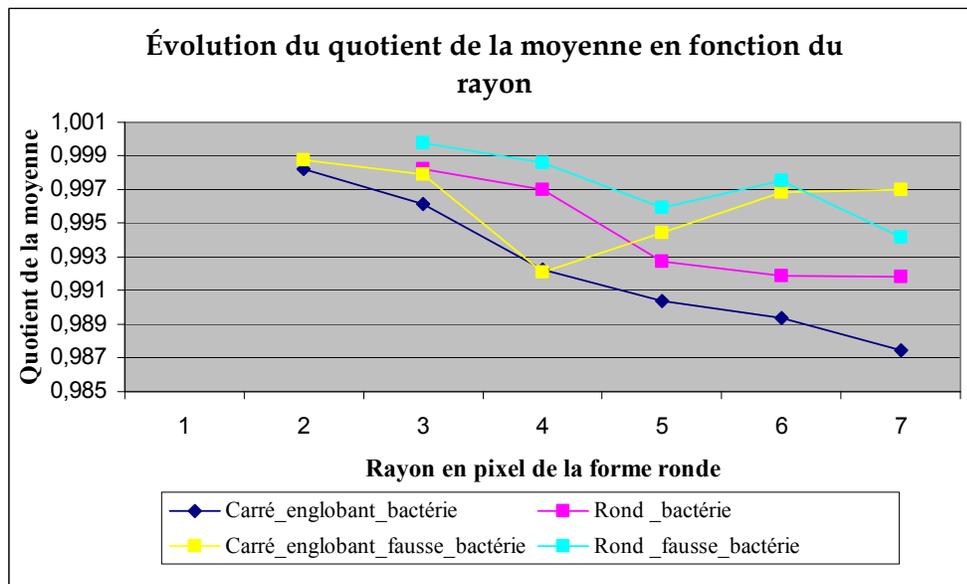
L'algorithme suivant montre l'approche suivie pour le test et le calcul de ce paramètre de similarité pour le carré englobant :

```

pour tous les pixels image[i][j] :
etat_croissance=1
moyenne_carré_ancienne=image[i][j]
vérifier=true
While (vérifier)
{
etat_croissance++
moyenne_carré=calcul de la moyenne du carré (Etat_croissance)
quotient_moyenne= moyenne_carré / moyenne_carré_ancienne
vérifier=test(quotient_moyenne)
moyenne_carré_ancienne=moyenne_carré
}
fin pour

```

La figure suivante donne une idée sur cette allure décroissante pour le quotient des moyennes :



*Figure 40 : Allure décroissante du quotient de la moyenne*

### 4.3. Nouveaux résultats

Les améliorations ajoutées à notre approche ont permis de développer une stratégie de segmentation fiable et puissante. En effet, les problèmes des régions présentant l'effet de dégradé ont disparu et les nouveaux critères ont fait la différence entre ces parties et les bactéries.

Par ailleurs, cette méthode a présenté de nouveaux problèmes pour le cas des bactéries qui ont une couleur proche du fond (altération de la caractéristique couleur) et celles qui sont en amas (altération de la caractéristique forme).

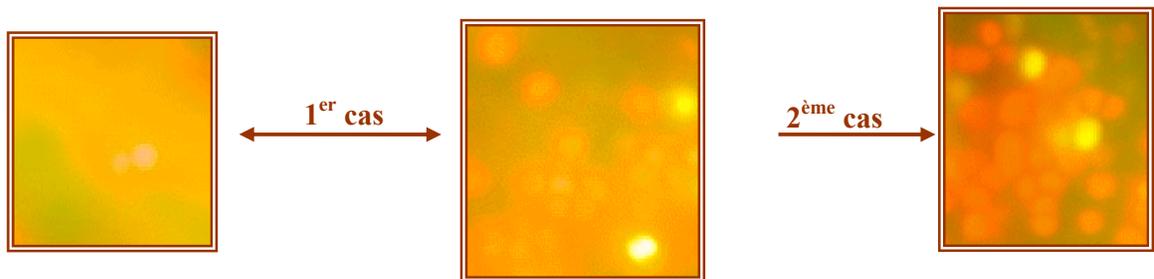


Figure 41 : Exemples de cas de problèmes

### 4.4. Amélioration

Pour remédier à ces deux problèmes, il faut développer de nouveaux traitements qu'on doit associer seulement aux régions de l'image présentant ces situations et non pas à toute l'image. Par conséquent deux questions se posent : comment isoler ces bactéries et comment identifier les parties de l'image présentant ce type de problèmes ?

#### 4.4.1. 1<sup>er</sup> cas : Les bactéries à couleur proche du fond

L'idée ici est de modifier l'image de sorte à faire apparaître une différence entre les bactéries et le fond pour qu'elles deviennent de plus en plus apparentes en terme d'intensité de couleur : De ce fait, on a pensé à l'étirement d'histogramme appliqué aux parties de l'image présentant des bactéries à couleur proche du fond. Ces parties sont déterminées en appliquant sur l'image l'approche de division-fusion :

##### ➤ La division

On a fait recours à la méthode de **Quadtree** récursive appliquée sur l'une des composantes **R**, **G** et **B** dont la couleur est la plus dominante par rapport aux deux autres.

Cette méthode de régions consiste à diviser l'image en traitement en régions homogènes au sens de ces deux critères :

- critère basé sur la variance : une région est divisée en quatre sous-régions de tailles égales si la variance de cette région est supérieure à celle de la région génitrice.
- critère basé sur la différence entre le maximum et le minimum : une région est divisée en quatre sous-régions de tailles égales si la différence entre le max et le min est inférieure à un seuil fixé et ajusté après une analyse sur tout la base d'images.

L'algorithme récursif s'arrête lorsque toutes les régions respectent les prédicats d'homogénéité ou lorsque la taille d'une région atteint une limite prédéfinie.

### ➤ La fusion

Une fois qu'on a complètement divisé, on fait une fusion : un bloc est ajouté à l'image résultante si sa moyenne et sa variance sont inférieures à des seuils donnés.

Le résultat du processus de fusion est une image qui comporte les parties présentant cette problématique en question.

### ➤ L'étirement d'histogramme

L'étirement d'histogramme est une méthode radicale de rehaussement, qui impose sur l'image une répartition la plus homogène possible des niveaux de gris. Cependant dans la plupart des situations concrètes, on recherche une image ayant un bon contraste entre les objets et le fond, et entre les différentes parties d'un objet.

Bien sûr, cette répartition idéale est rarement possible puisqu'on manipule des valeurs entières. Par exemple, on ne peut pas faire d'étirement d'histogramme sur une image binaire (noir/blanc).

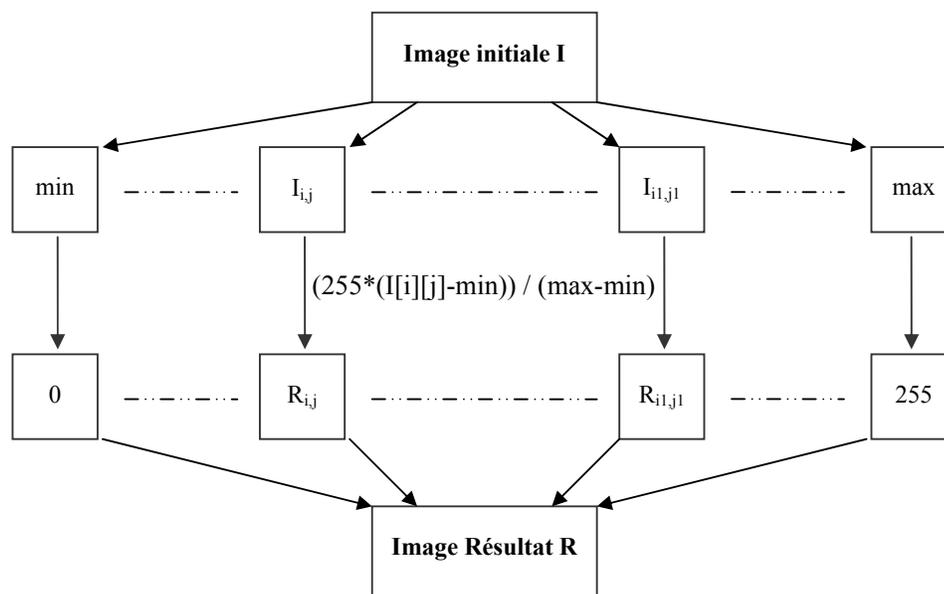


Figure 42 : Principe de l'étirement d'histogramme

Après l'identification des parties en question, on peut appliquer l'étirement d'histogramme, qu'on a choisit d'effectuer sur la composante luminance  $Y$  vu son importance de point de vue information couleur. Mais le problème auquel on été confronté est que ces parties peuvent présenter des bactéries lumineuses qui peuvent estomper le résultat de l'étirement d'histogramme : pour cela on a proposé un prétraitement de l'image qui consiste à éliminer les bactéries lumineuses de l'image puis à appliquer l'étirement d'histogramme sur ces parties privés de ce type de bactérie.

Cette approche a résolu le problème de la déformation au niveau de la couleur : A l'issue de l'étirement d'histogramme, les bactéries se distinguent facilement du fond. Sur l'image égalisée on applique un seuillage suivi d'une croissance de régions appliquée sur l'image binaire produite après ce seuillage et basée uniquement sur la forme dans le but d'isoler les bactéries du fond.

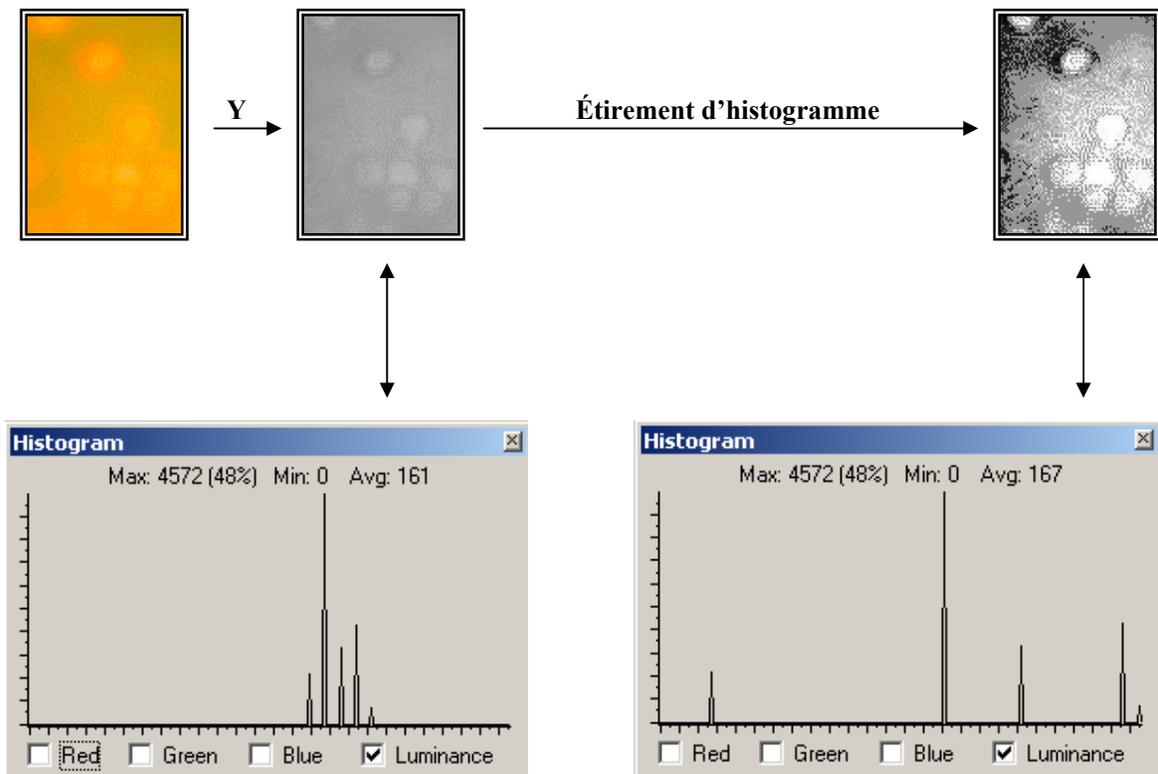


Figure 43 : Exemple d'application de l'étirement d'histogramme

#### 4.4.2. 2<sup>ème</sup> cas : Les bactéries en amas

Afin de déterminer les parties présentant ce type de problèmes, l'idée est d'introduire l'aspect interactif dans notre approche pour la sélection d'un pixel présent dans l'amas. Une fois ce pixel sélectionné, on construit automatiquement la région constituant l'amas par une croissance de régions sans contraintes géométriques et qui consiste à balayer l'image à partir de ce pixel germe et à ajouter tous les pixels dont la différence de couleur avec ce pixel est inférieure à un certain seuil (le balayage se fait à base de la composante luminance  $Y$ ).

Une fois la région de l'amas construite, nous procédons à l'identification des bactéries dans cet amas en utilisant la même méthode de croissance de régions utilisée au début pour les autres bactéries mais en l'adaptant à ce type de région par le réglage de nouveaux seuils pour les critères de similarité qui tiennent compte de la déformation de la caractéristique forme et à titre d'exemple la diminution de la taille minimale de la bactérie.

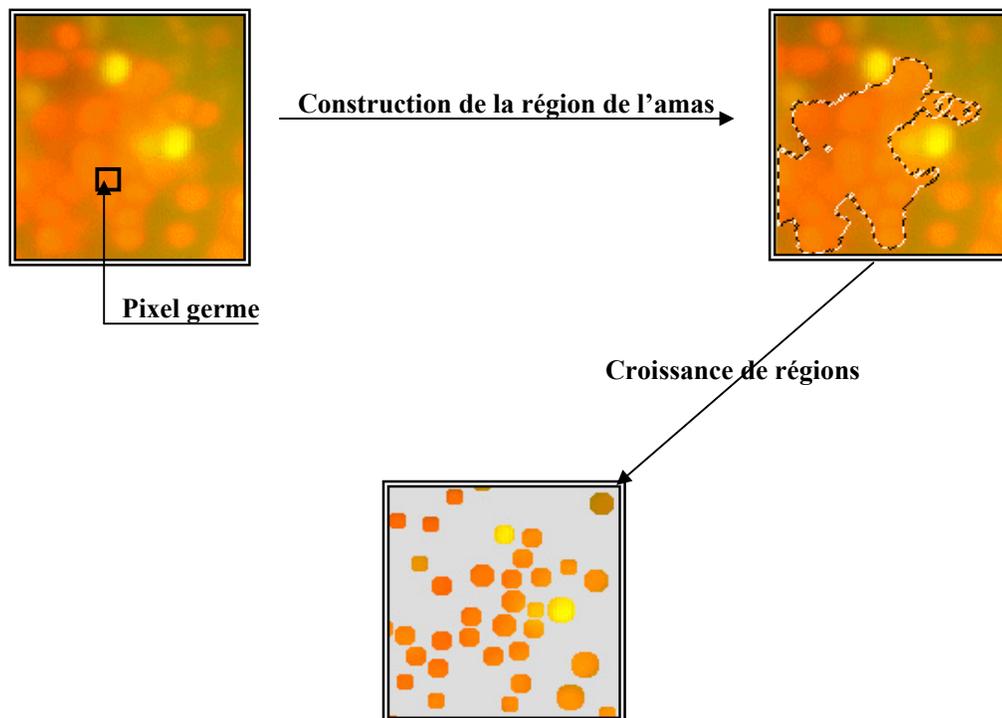


Figure 44 : Exemple de résolution du problème de l'amas

## 5. Schémas

Nous présentons dans cette partie une vue générale de l'approche adoptée et quelques diagrammes de conception dans le but préciser le contexte fonctionnel de notre système logiciel.

Le schéma suivant donne une idée brève sur la démarche suivie par le système logiciel pour offrir finalement à l'utilisateur le résultat voulu.

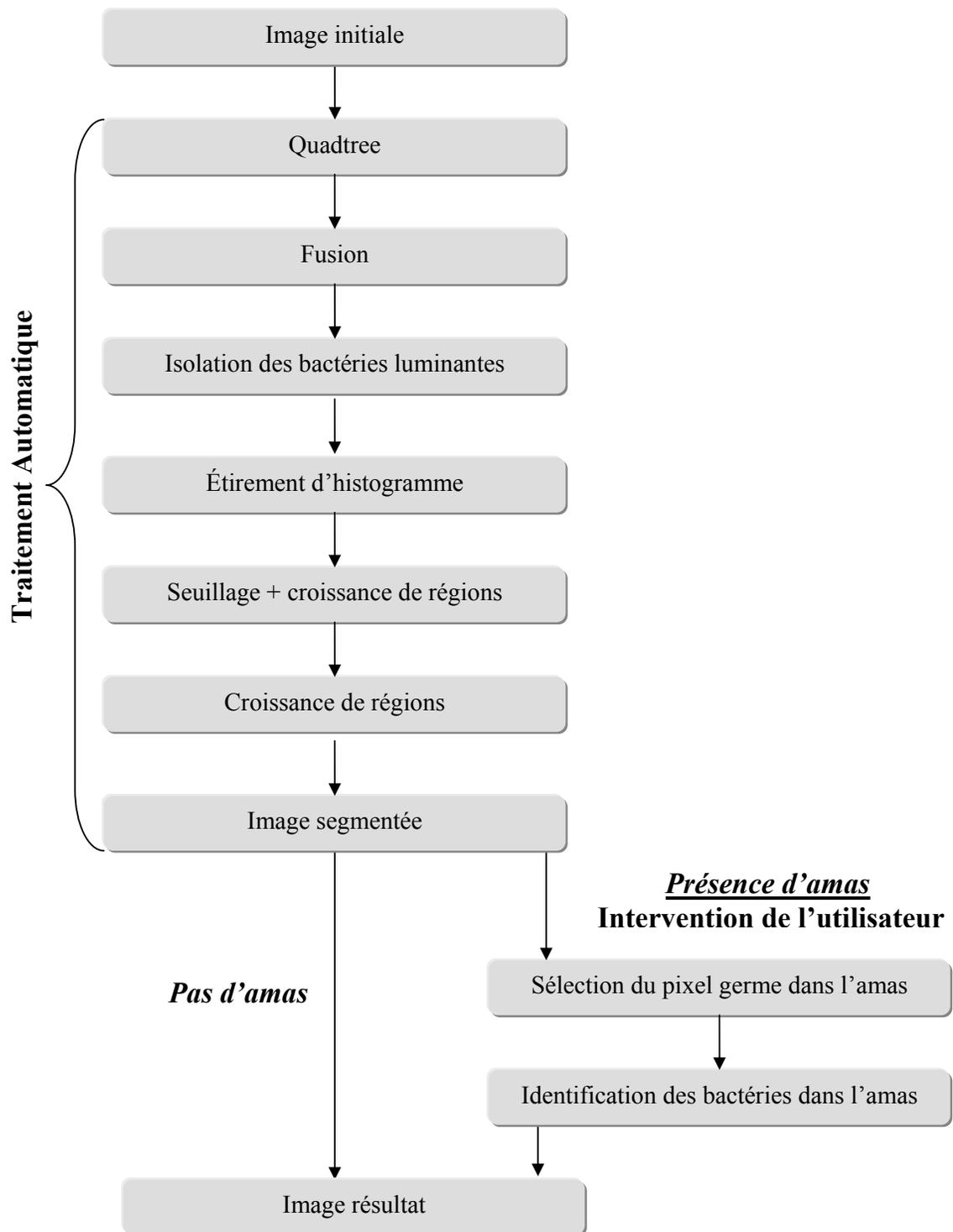


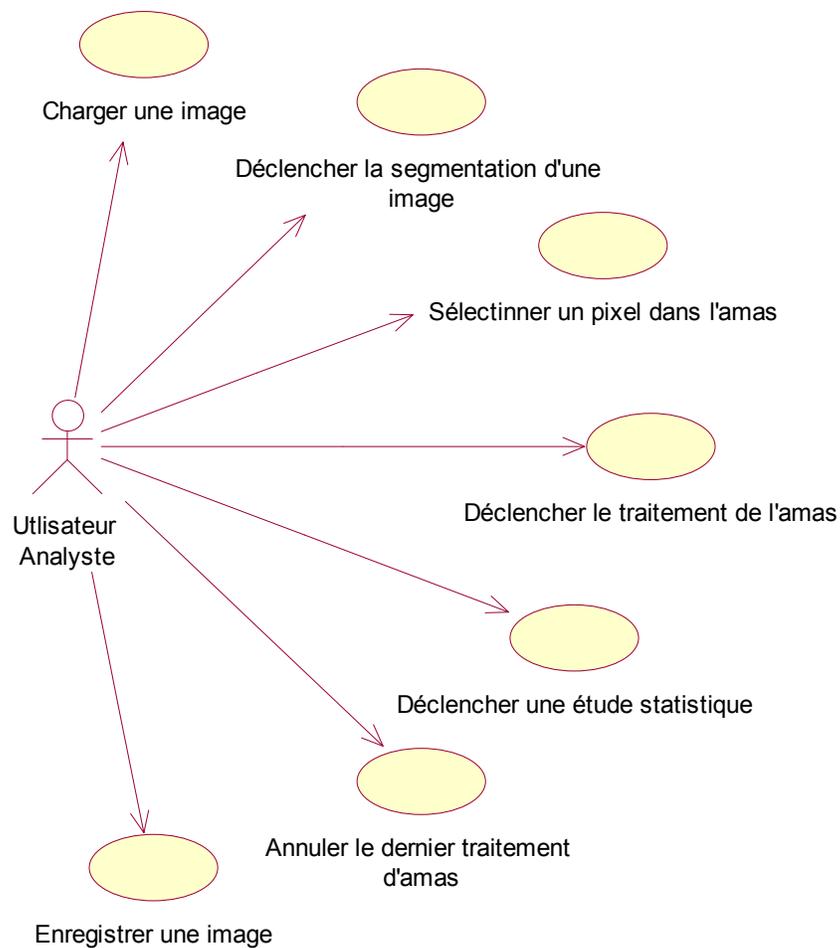
Figure 45 : Schéma général de l'approche de segmentation adoptée

## 5.1. Le diagramme de cas d'utilisation

Le diagramme de cas d'utilisation représente la structure des fonctionnalités nécessaires aux utilisateurs du système.

Dans notre système, On peut se contenter, d'un seul acteur (analyste), qui joue le rôle d'un simple utilisateur qui charge une image pour la segmentée et faire une analyse statistique.

Le schéma de la figure suivante illustre le diagramme de cas d'utilisation de notre application.



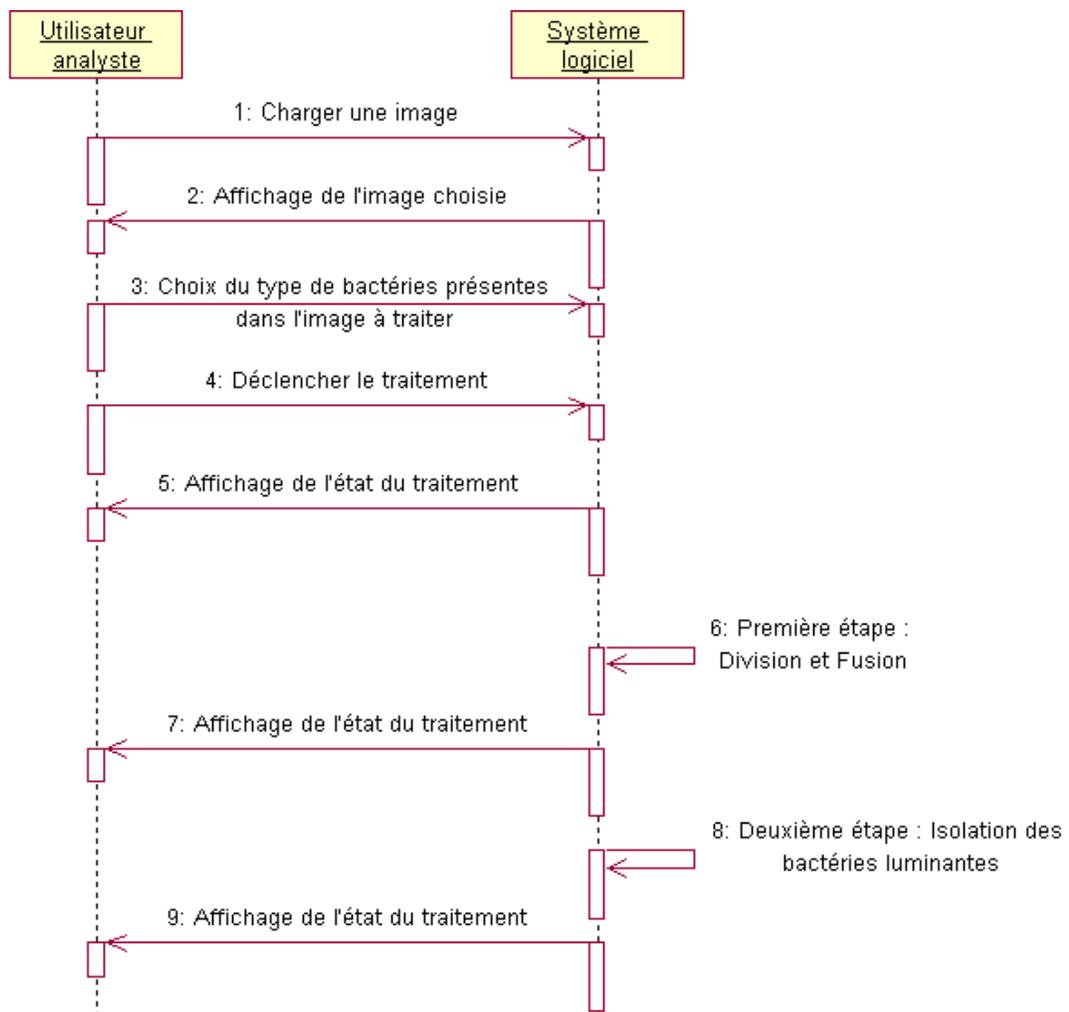
**Figure 46 : Diagramme de cas d'utilisation**

## 5.2. Le diagramme de séquence

Le diagramme de séquence permet de représenter des collaborations entre les objets selon un point de vue temporel, on y met l'accent sur la chronologie des envois de messages.

Il permet en plus d'illustrer le cas d'utilisation de système.

Le diagramme de séquence de la figure suivante illustre le scénario du lancement d'un processus de segmentation.



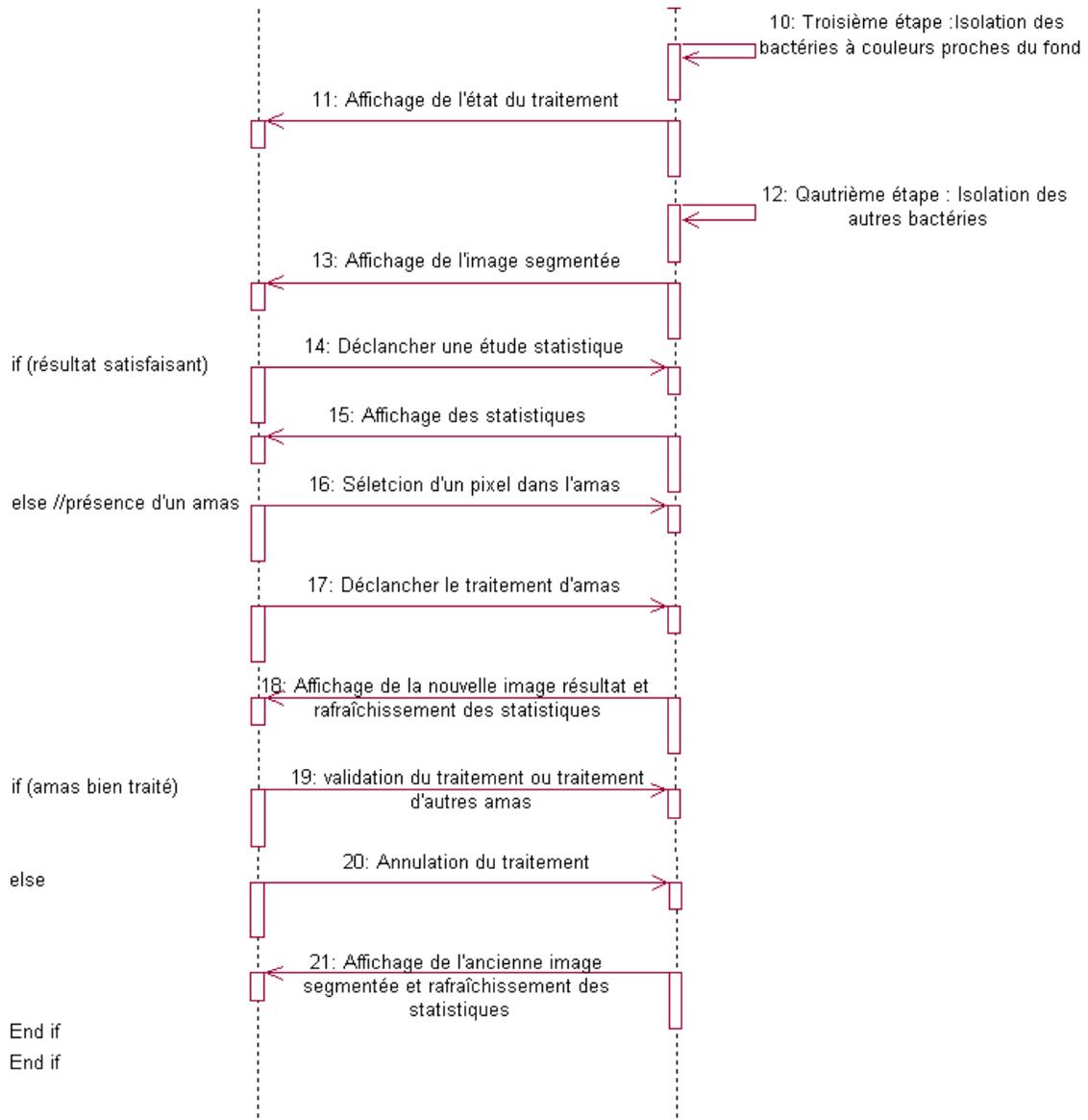


Figure 47 : Diagramme de séquence

### 5.3. Le diagramme de collaboration

Les diagrammes de collaboration montrent des interactions entre les objets de l'application.

Le schéma de la figure suivante illustre le diagramme de collaboration de notre application : les objets sont le système logiciel et le l'utilisateur analyste.

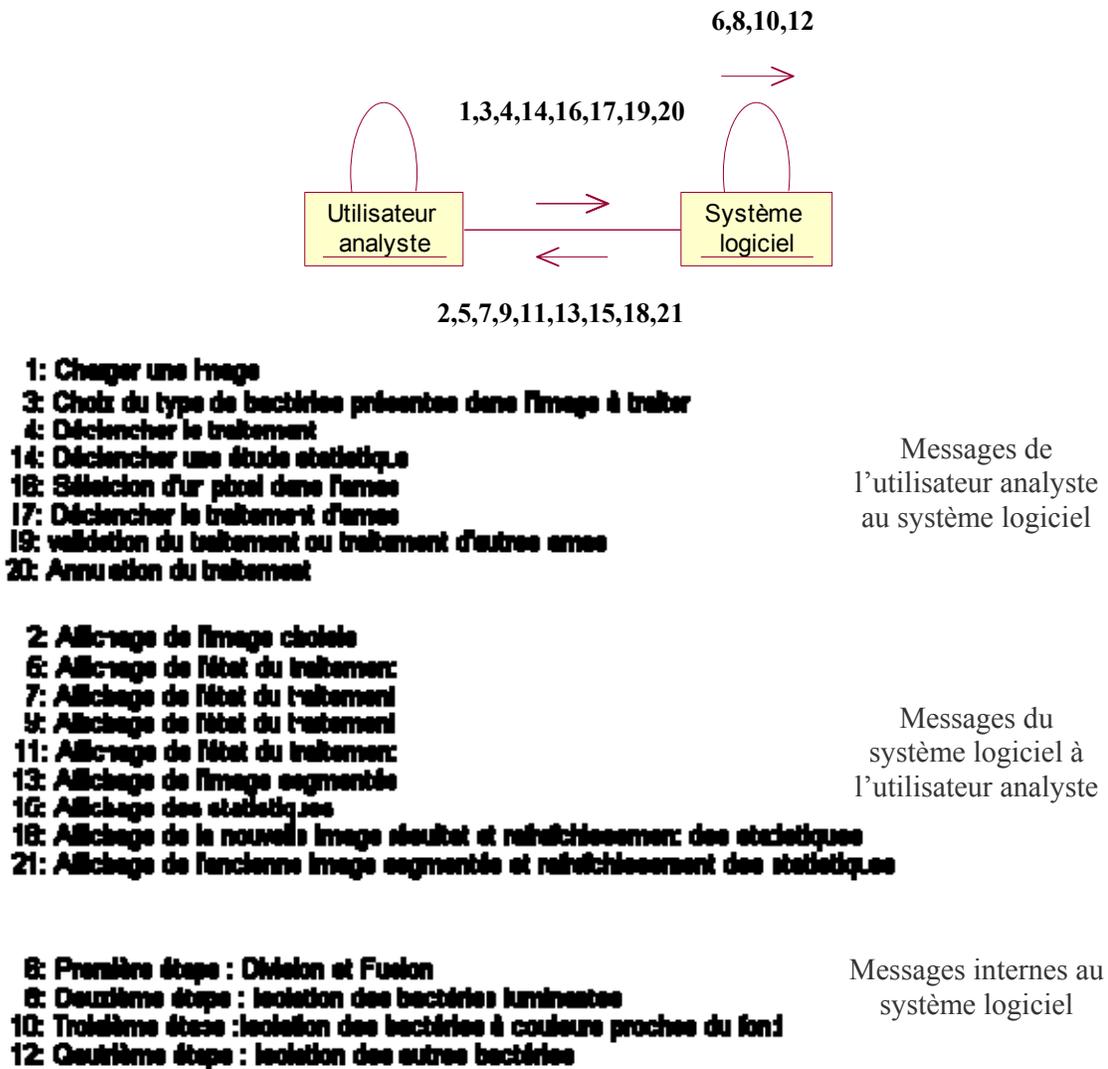
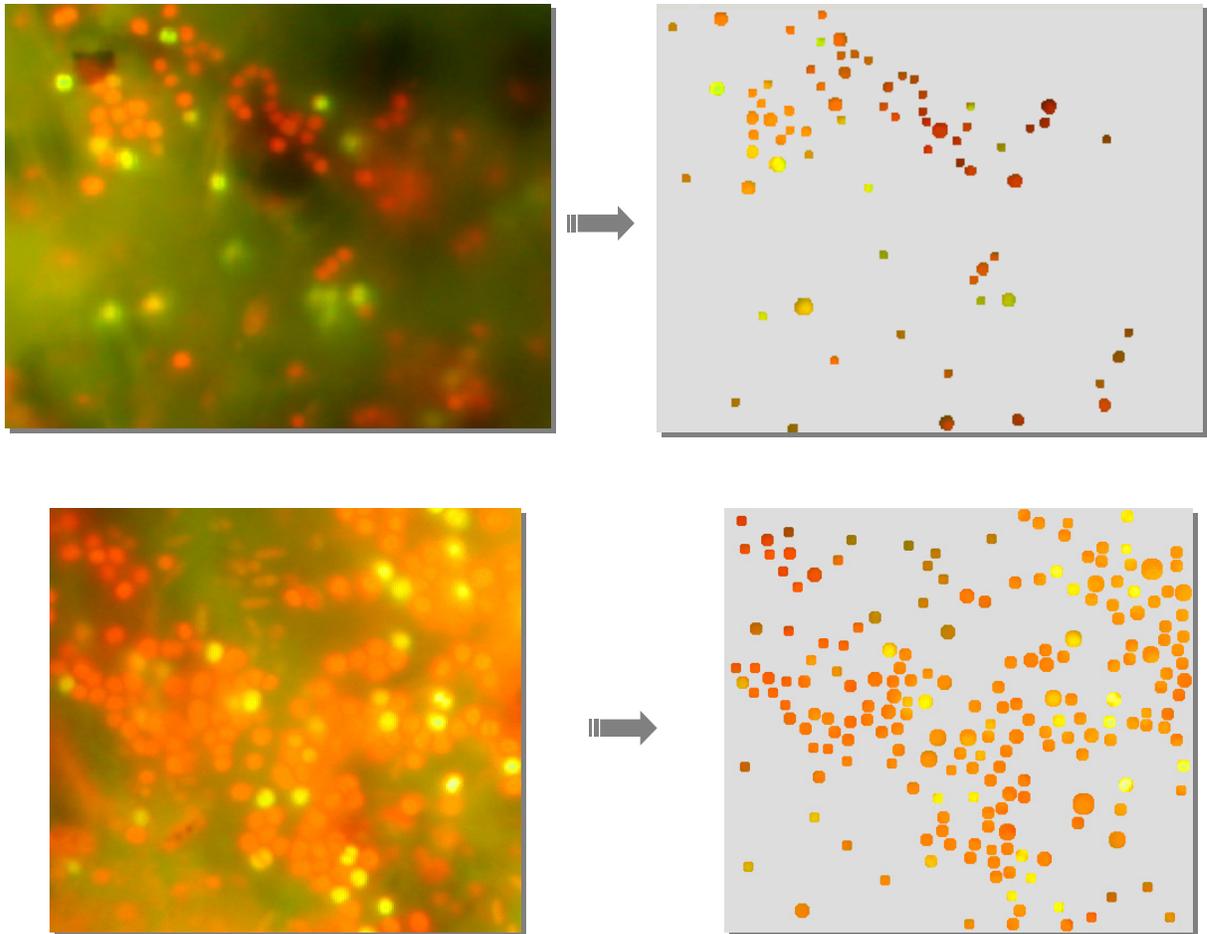


Figure 48 : Diagramme de collaboration

## Test et évaluation

Actuellement, tout ce qui concerne les bactéries coques est opérationnel que se soit pour la méthode de segmentation ou pour l'étude statistique.

Nous proposons ici, quelques réalisations avec l'outil développé dans le but de tester notre algorithme de segmentation sur les images microscopiques couleur de biofilm.



*Figure 49 : Exemples de réalisations*

Nous sommes capables de traiter maintenant plusieurs images dans ce cas de situation : divers types d'images biofilm ont été essayés.

Jusqu'ici, nous pouvons dire que le système a bien rempli son rôle : fournir à l'analyste un outil pour analyser les images de biofilm et en extraire les informations nécessaires. Par conséquence, nous avons mis à la disposition de l'analyste un outil dédié à un type d'images

particuliers et qui lui a permis d'automatiser son travail et d'avoir dans un minimum de temps le résultat d'extraction le plus fiable.

Par ailleurs, le temps de calcul que met cet outil pour segmenter une image est proportionnel à la taille de cette image, en effet plus la taille de l'image devient de plus en plus grande, plus le temps de calcul augmente.

Les phases de division-fusion, extraction des bactéries lumineuses et puis celle des bactéries à couleurs proches du fond sont beaucoup plus rapides que la phase de croissance de régions finale appliquée aux composantes  $I_1$  et  $Y$  qui nécessite plus de temps.

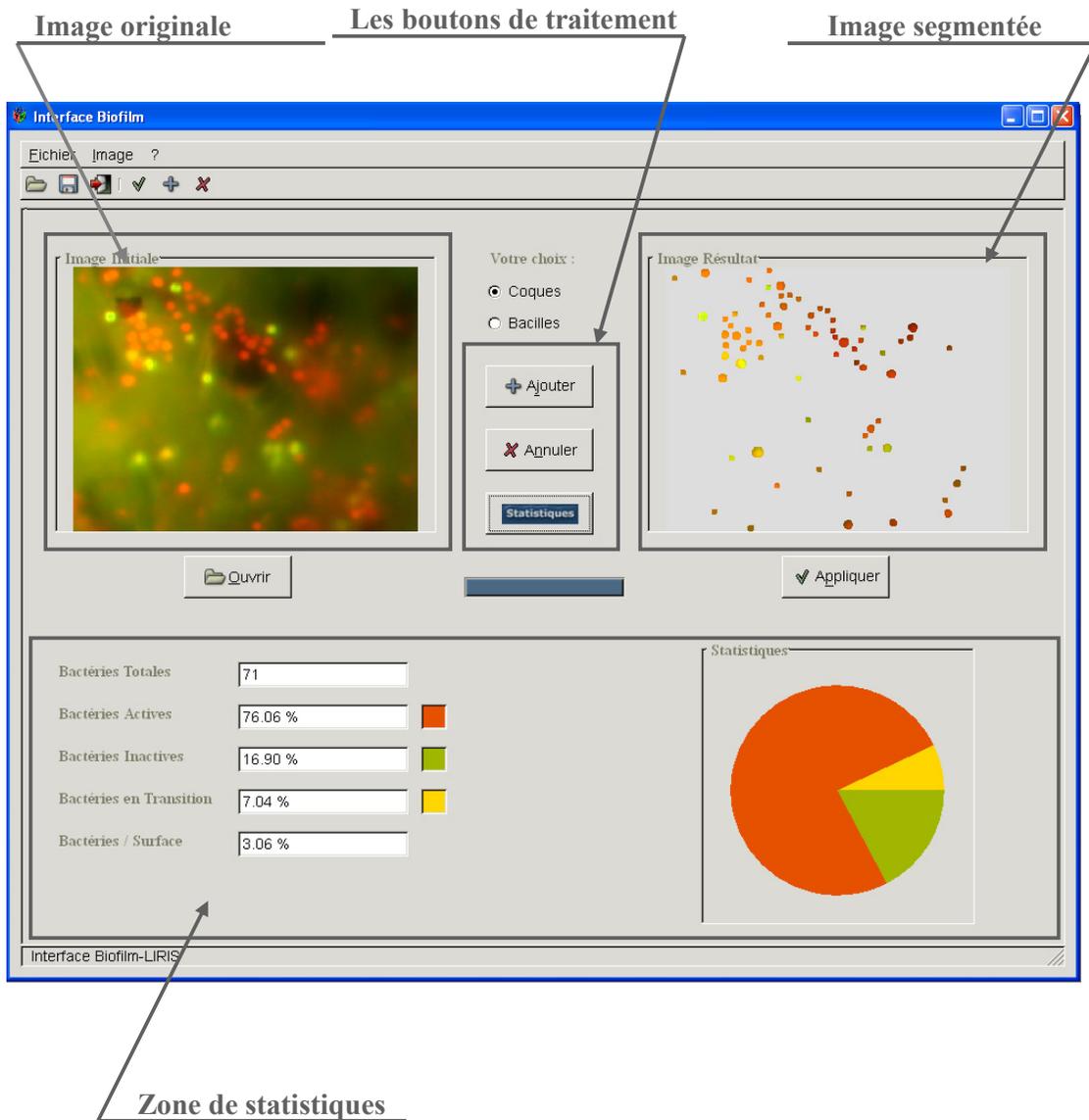


Figure 50 : Interface graphique du logiciel

Le logiciel est installé maintenant au laboratoire de recherche en génie industriel alimentaire (UCBL), pour le traitement numérique et l'analyse statistique des images de biofilm.

Une étape de validation est en cours. Elle fait appel à des experts et où on compare l'identification faite par les experts et celle faite par l'application.

Il faut noter que dans certain nombre de cas ambigus, même l'expert est incapable de se prononcer sur l'existence ou non des bactéries.

# Conclusions et perspectives

Ce document décrit en détail notre contribution à la segmentation d'images microscopiques couleur de biofilm et présente les différentes étapes qui ont été nécessaires au développement de notre méthode.

Dans le premier chapitre, nous effectuons une synthèse bibliographique de la plupart des méthodes de segmentation qui existent dans la littérature. Nous distinguons deux catégories principales :

- Les méthodes cherchant à détecter des zones de l'image présentant des caractéristiques d'homogénéité segmentation.
- Les méthodes fondées sur la recherche de discontinuités locales.

Parmi les méthodes de segmentation par les régions, nous distinguons les méthodes de segmentation *par analyse des propriétés spatiales* qui considèrent une région comme un ensemble de pixels connexes dont les couleurs sont proches les unes des autres ou qui répondent à certains critères de similarité.

Comme notre méthode de segmentation devrait considérer au même titre les propriétés de connexité et les propriétés colorimétriques des pixels, ceci nous a amené à proposer une approche fondée sur le processus de croissance de régions utilisant des critères d'homogénéité et nécessitant le réglage de nombreux seuils. Ceux-ci ont été fixés par un apprentissage sur une base d'images de biofilm dans le but d'aboutir à un résultat de segmentation le plus adéquat possible.

Le travail présenté dans ce projet de fin d'étude est centré sur l'analyse et l'identification des bactéries de type coque. Notre objectif principal était de développer une méthode de segmentation qui permet de fournir à l'analyste un produit fiable et convivial en terme de temps et de quantité.

Les résultats importants obtenus sur les images contenant ce type de bactéries ont permis de valider notre approche de segmentation, ce qui nous a amené par la suite à poursuivre cette démarche en se basant sur les mêmes idées pour analyser les images comportant l'autre type de bactéries : les bacilles. Mais cela n'était pas facile à appliquer vu qu'après l'étude d'une grande base d'images de ce type on a pu conclure que cet espèce de bactérie ne présente pas une forme propre et unique mais au contraire elle peut être elliptique, rectangulaire, circulaire ou même quelconques c'est pour cela que nous avons envisagé une méthode coopérative de croissance de régions sans contraintes géométriques et de détection de contours. En effet,

cette approche consiste à calculer l'image gradient couleur puis à appliquer l'opérateur d'érosion sur cette image afin d'avoir un contour plus fin pour résoudre au moins partiellement le cas des amas. Ensuite, l'image érodée va être l'objet d'une analyse par croissance de régions basée sur le fait que les pixels d'un contour ont des composantes colorimétriques nettement différentes de celles de leurs voisins, par conséquent nous les considérons comme des régions à part entière ce qui permet de limiter les objets contenus dans l'image. Enfin par un test sur la taille des formes obtenues après l'application de la croissance de régions nous pouvons classifier ces formes comme étant des bactéries ou des fausses bactéries.

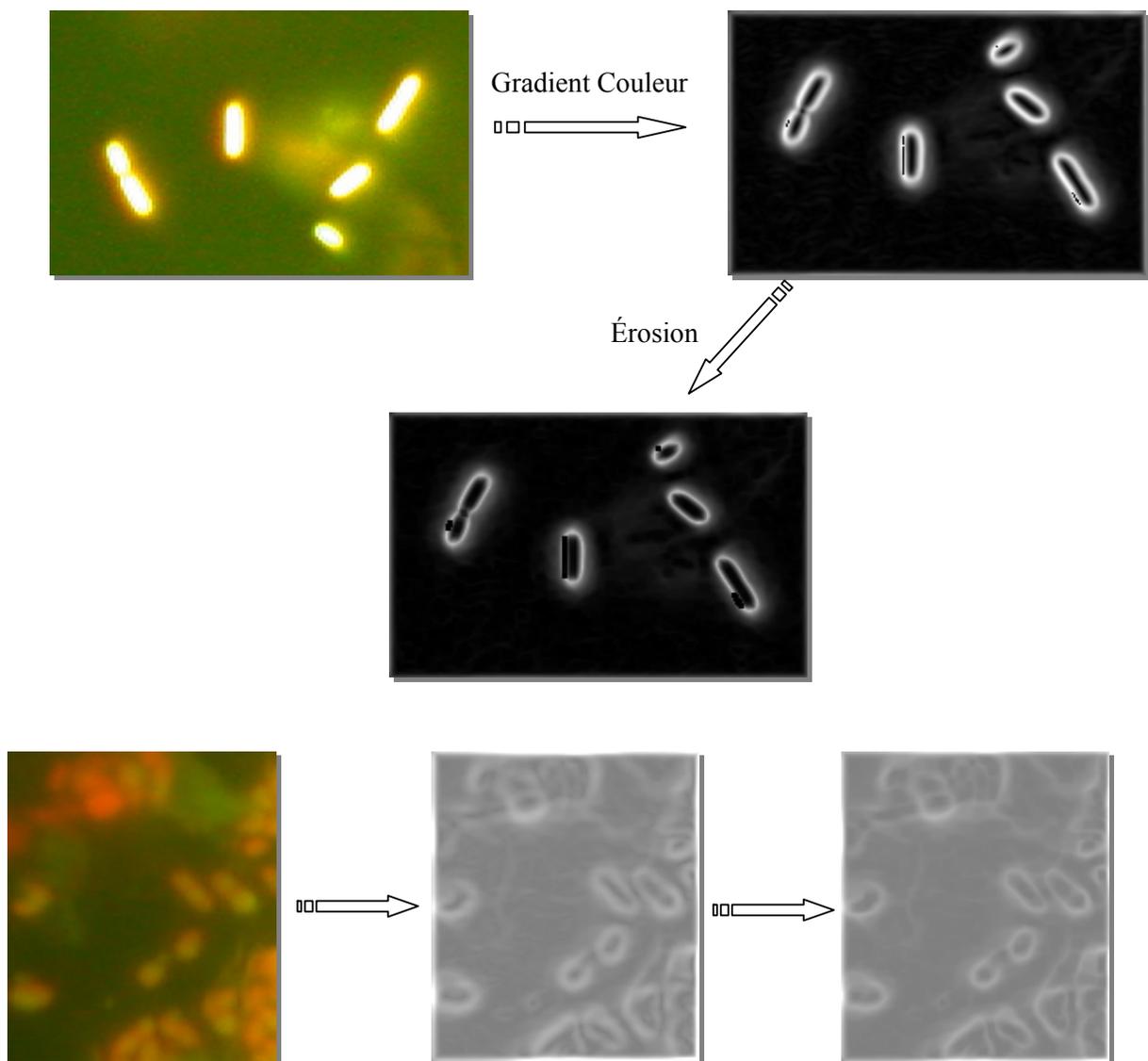


Figure 51 : Etat d'avancement de l'approche envisagée pour le cas des bacilles

Sur le plan technique, ce projet m'a permis de mettre en pratique mes connaissances en traitement d'images mais aussi d'être confronté aux difficultés des images réelles : qualité, bruit, résolution, etc.

# Références

## Thèses & Articles :

- [TA1] **H.D. Cheng, X.H. Jiang, Y. Sun, Jingli Wang.** Color image segmentation: advances and prospects. *Department of Computer science, Utah State University.*
- [TA2] **Y. Ohta, T. Kanade, T. Sakai.** Color information for region segmentation, *Comput. Graphics Image Process.* 13 (1980) 222-241.
- [TA3] **S. Zucker.** Region growing: childhood and adolescence. *Computer Graphics and Image Processing*, 5:382–399, 1976.
- [TA4] **Michaël FONTAINE.** Segmentation non supervisée d'images couleur par analyse de la connexité des pixels. *UNIVERSITÉ DES SCIENCES ET TECHNOLOGIES DE LILLE 1.* 18 décembre 2001.
- [TA5] **Dr Jean-Philippe THIRAN.** Reconnaissance des formes Cours 3 : segmentation d'images. *Signal Processing Institute Swiss Federal Institute of Technology, Lausanne.*

## Sites:

- [S1] **COULEUR.ORG** <http://www.couleur.org/index.php?page=transformations> (consulté Février 2003).
- [S2] **Traitement d'images et vision artificielle** <http://telesun.insa-lyon.fr/~telesun/> (consulté Février 2003).
- [S3] **La couleur pour une vision optimale** <http://www.jautomatise.com/articles/jn4p2529.pdf> (consulté Février 2003).
- [S4] **Chapitre 4: Segmentation en régions** <http://www.inrialpes.fr/movi/people/Horaud/livre-hermes.html> (consulté Février 2003).
- [S5] **Traitement et analyse d'images** [http://www.ccr.jussieu.fr/urfist/image\\_numerique/analyse.htm](http://www.ccr.jussieu.fr/urfist/image_numerique/analyse.htm) (consulté Février 2003).
- [S6] **Segmentation d'images couleur** [www.univ-st-etienne.fr/iupvis/color/Ecole-Ete/Macaire.doc](http://www.univ-st-etienne.fr/iupvis/color/Ecole-Ete/Macaire.doc) (consulté Février 2003).

- [S7] **Chapitre 3: Segmentation de contours** <http://www.inrialpes.fr/movi/people/Horaud/livre-hermes.html> (consulté Février 2003).
- [S8] **Détection de contours** <http://www.inrialpes.fr/movi/people/Boyer/Teaching/Maitrise/c9.pdf> (consulté Février 2003).

## Annexe

Cette annexe a pour but de présenter de façon succincte les bibliothèques que nous avons utilisé dans le développement de notre système logiciel (*i.e.* méthode de segmentation et interface graphique).

### GTK +

Les informations contenues dans cette partie d'annexe proviennent dans leur majorité de la page Web de l'équipe de GTK-FR <http://www.gtk-fr.org/>.

**GTK+** est une bibliothèque permettant de créer des interfaces graphiques (**GUI**) très facilement. **GTK+** est essentiellement une interface de programmation (**API**) orientée objet. Bien qu'il soit entièrement écrit en C, il est implanté en utilisant la notion de classes et de fonctions de rappel (pointeurs de fonctions).

A l'origine, GTK+ a été développé pour les besoins du logiciel de traitement d'images **GIMP** (GNU Image Manipulation Program). Mais aujourd'hui, le domaine d'application ne se limite plus seulement à GIMP, mais est utilisée dans d'autres projets. Ainsi, l'environnement **GNOME** (GNU Network Object Model Environment) est basé sur GTK+.

L'utilisation de GTK+ pour la création de GUI est très intéressante sur plusieurs points :

- GTK+ est sous licence **GNU LGPL**. Cela fait de GTK+ une bibliothèque libre, permettant ainsi de l'utiliser ou de la modifier sans aucune contrainte financière. Pour avoir plus de renseignement, le plus simple est de visiter [le site du projet GNU](#).
- GTK+ existe sur plusieurs plates-formes. En effet, GTK+ fonctionne sur les plates-formes UNIX-like, Windows, BeOs.
- GTK+ est utilisable avec plusieurs langages de programmation. Même si les créateurs de GTK+ ont écrit cette bibliothèque en C, sa structure orientée objets et sa licence ont permis à d'autres développeurs d'adapter GTK+ à leur langage préféré. Ainsi, il est maintenant possible de programmer des GUI GTK+ en C, C++, Ada, Perl, Python, PHP et bien d'autres.

### Libido

C'est une librairie C/C++ standardisée d'opérateurs de traitement d'images.

La version actuelle regroupe des opérateurs traitant d'images 1D, 2D et 3D, en niveaux de gris, en couleurs et multispectrales.

**Libido** s'adresse en priorité aux traiteurs d'images, dans la mesure où elle nécessite des connaissances sur les opérations de traitement d'images et sur la façon de les combiner pour résoudre un problème entier.

L'utilisation de la bibliothèque n'exige aucune compétence particulière en programmation puisque les opérateurs s'emploient comme des commandes exécutables du système d'exploitation.

Cette bibliothèque se conçoit comme une collection de programmes exécutables travaillant directement sur des fichiers image. La construction d'une application de traitement d'images se fait par l'activation successive d'opérateurs, les images de sortie des uns servant d'images d'entrée aux autres. Les images sont au format Libido, mais il existe des opérateurs de conversion des formats standards (*e.g.* ppm, bmp, gif).

L'objectif recherché au travers de la bibliothèque est triple :

- Offrir des **outils génériques** pour traiter les images qui présentent une syntaxe d'appel uniforme et qui garantissent une utilisation cohérente.
- Proposer un **environnement de développement** d'applications qui facilite et uniformise les réalisations.
- Proposer un **environnement de programmation** des opérateurs qui assure une rapidité, une uniformisation et une sécurité dans la programmation.

---

---

## **Analyse et identifications de bactéries dans les images microscopiques couleur de biofilms**

---

---

### ***Résumé :***

Le contrôle de la qualité des produits alimentaires apparaît de plus en plus comme un des nouveaux défis de notre société. C'est pourquoi, l'utilisation de l'image comme outil d'analyse et de décision en contrôle qualité dans l'industrie agro-alimentaire s'est considérablement développée ces dernières années.

Dans l'industrie agro-alimentaire, la recrudescence des intoxications alimentaires pourrait être due à des micro-organismes restés sur des équipements mal nettoyés. Les bactéries qui sont capables de résister aux différents traitements sont des bactéries qui ont développées un biofilm. Une problématique importante réside dans la détection et l'identification de ce type de bactéries. Notre travail consistera donc à développer une méthode de segmentation adaptée à l'analyse des images microscopiques couleur de biofilms et basée sur les caractéristiques forme et couleur.

### ***Mots clés :***

Analyse d'image, segmentation, image couleur, biofilms.

### ***Abstract :***

The quality control of the foodstuffs seems to appear more and more like one of the new challenges of our company. For this reason, the use of the image as tool of analysis and decision in quality control in the food industry has developed considerably these last years.

In the food industry, the recrudescence of the food poisonings could be due to the micro-organisms that remain on badly cleaned equipment. The bacteria which are able to resist to the various treatments are bacteria that developed a biofilm. Significant problems lie in the detection and the identification of this type of bacteria. Our work will thus consist in developing a method of segmentation adapted to the analysis of microscopic color images of biofilms and based on the forms and color characteristics.

### ***Key-words :***

Image Analysis, segmentation, color image, biofilms.