Morphologie mathématique et indexation d'images couleur : application à la microscopie en biomédecine

Jesus Angulo

▶ **To cite this version:**

Jesus Angulo. Morphologie mathématique et indexation d'images couleur : application à la microscopie en biomédecine. Interface homme-machine [cs.HC]. École Nationale Supérieure des Mines de Paris, 2003. Français. NNT : . tel-00007524

HAL Id: tel-00007524
https://pastel.hal.science/tel-00007524

Submitted on 1 Dec 2004

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

ECOLE DES MINES
DE PARIS

Morphologie mathématique et indexation d'images couleur. Application à la microscopie en biomédecine

---

THÈSE

pour obtenir le grade de

Docteur de l'École des Mines de Paris

Spécialité Morphologie Mathématique

présentée et soutenue publiquement
par

Jesús ANGULO LÓPEZ

le 8 Décembre 2003

Directeur de thèse : Jean SERRA

Jury

Georges FLANDRIN	Président
Antonio ALBIOL	Rapporteur
Alain TREMEAU	Rapporteur
Jacques KLOSSA	Examinateur
Jean SERRA	Examinateur
François VALLET	Examinateur

To Linda, my wife, my love

A mis hijas Carmen y Bianca

Le but de la physique mathématique n'est pas seulement de faciliter au physicien la calcul numérique de certaines constantes ou l'intégration de certaines équations différentielles. Il est encore, il est surtout de lui faire connaître l'harmonie cachée des choses en les lui faisant voir d'un nouveau biais. De toutes les parties de l'analyse, ce sont les plus élevées, ce sont les plus pures, pour ainsi dire, qui seront les plus fécondes entre les mains de ceux qui savent s'en servir.

Henri Poincaré, La Valeur de la Science (1906)

Il y a deux choses à considérer dans la science expérimentale : la méthode et l'idée. La méthode a pour objet de diriger l'idée qui s'élance en avant dans l'interprétation des phénomènes naturels et dans la recherche de la vérité. L'idée doit toujours rester indépendante, et il ne faut point l'enchaîner, pas plus par des croyances scientifiques que par des croyances philosophiques ou religieuses ; il faut être hardi et libre dans la manifestation de ses idées, suivre sont sentiment et ne point trop s'arrêter à ses craintes puériles de la contradiction des théories. Si l'on est bien imbu des principes de la méthode expérimentale, on n'a rien à craindre ; car, tant que l'idée est juste, on continue à la développer ; quand elle est erronée, l'expérience est là pour la rectifier. On rend plus de service à la science, a-t-on dit, par l'erreur que par la confusion, ce qui signifie qu'il faut sans crainte pousser les idées dans tout leur développement, pourvu qu'on les règle et qu'on ait toujours soin de les juger par l'expérience.

Claude Bernard, Introduction à l'étude de la médecine expérimentale (1865)

Remerciements

La thèse de doctorat est un travail d'initiation qui constitue une période importante de la vie professionnelle, mais aussi affective et relationnelle, d'un chercheur. Je suis heureux d'avoir décidé de l'entreprendre, car je suis satisfait du travail accompli. J'aimerais ici remercier toutes les personnes qui ont pris part à ce travail aussi bien au niveau scientifique qu'au plan humain, ils ont contribué pour une grande part à l'aboutissement de cette thèse. Ainsi, je tiens vivement à remercier à

Jean Serra, qui m'avait accueilli au Centre de Morphologie Mathématique (CMM), et qui a été pour moi beaucoup plus qu'un directeur de thèse. Il m'a accordé sa confiance et m'a laissé une grande autonomie dans mon travail. Et dont les conseils, les critiques et les encouragements m'ont permit de mener à bien ce travail de recherche.

Fernand Meyer, directeur du CMM, qui a toujours été disponible pour m'écouter et me conseiller. Sa gentillesse et sa confiance m'ont beaucoup aidé.

Antonio Albiol de l'université Polytechnique de Valencia (Espagne) qui, après m'avoir initié au traitement d'image en 1999 et m'avoir proposé de venir poursuivre mon doctorat au CMM, a accepté d'être membre de mon jury. Ma profonde gratitude.

Georges Flandrin, Professeur d'hématologie, pour ses idées et sa collaboration étroite qui ont inspiré l'application de mon travail et qui ont été fondamentales à son développement. Merci d'avoir accepté de présider le jury de cette thèse. J'en suis très honoré.

Jacques Klossa de la société TRIBVN, qui m'a apporté son point de vue sur l'importance des applications pratiques du traitement d'image dans la industrie.

Alain Trémeau de l'université de Saint-Etienne et François Vallet de la société GENEWAVE, pour avoir gentiment accepté de juger mon travail en participant à mon jury.

Cristina Gomila, qui a guidé mon arrivée à Fontainebleau et qui a toujours été disponible pour m'aider et me soutenir.

Catherine Moysan, pour sa joie, pour sa sympathie et pour sa générosité vers moi et ma famille, qui nous a tellement simplifié la vie.

Michel et Nicole Bilodeau, pour leur aide et leur disponibilité dans des moments impor-

tants.

Beatriz Marcotegui et Etienne Decencière, pour leur sympathie et leur hospitalité.

Beatriz, Catherine, Nicole et Michel, qui ont passé de longues heures à relire les versions préliminaires de ce document.

Mes autres collègues du CMM : Laura Andriamasinoro, Sergio Donizete Faria, Costin Caciu, Raffi Enficiaud, Gabriel Fricout, Allan Hanbury, Dominique Jeulin, Jean-Claude Klein, Souhaïl Outal, Valery Risson, Thomas Walter, Marc Waroquier, Xisca Zanoguera, ... qui ont contribué à créer une bonne atmosphère de travail. Et mes autres amis de Fontainebleau : Sarah Goria et Heiko Agnoli, Robert Nothnagel, Marta Benito et Eric de Oliveira, Samira Amararene, Vania de Stefani, ... qui m'ont rendu ces quatre années si agréables.

J'aimerais également remercier tous les gens que j'ai rencontré au cours de quelques collaborations et échanges scientifiques et avec qui j'ai passé de très bons moments : Sabine Matou, Thao Nguyen-Khoa, Fernando Torres et Javier Ortiz, Ana Dopazo, ...

Patrick Martineau, pour sa profonde amitié.

Finalement, je veux très spécialement remercier à Linda pour son amour, sa patience et son soutien, et bien sûr à nos filles Carmen et Bianca. Elles sont ma motivation première (et même, mes modèles pour certaines images couleur qui illustrent cette thèse). Qu'elles me pardonnent si je les ai un peu délaissé durant la dernière période.

Fontainebleau, le 9 décembre 2003.

Résumé

Dans le domaine de l'image numérique en microscopie biomédicale, la couleur constitue une source importante d'information laquelle, combinée avec la géométrie et la morphologie des structures, permet le développement de techniques quantitatives plus performantes et robustes. Et ceci est aussi le cas dans le domaine des applications multimédia, notamment pour l'indexation automatique par le contenu. Néanmoins, la représentation et le traitement des images couleur reste un problème ouvert.

Cette thèse se propose d'explorer des méthodes à caractère générique pour la segmentation, le filtrage et l'extraction de caractéristiques des images couleur, en se fondant sur des opérateurs de la morphologie mathématique. D'un point de vue plus pratique, les deux applications spécifiques considérées sont la cytologie quantitative hématologique et la lecture de puces à ADN.

Dans un premier temps, nous traitons le problème des espaces couleur. Des résultats mathématiques justifient l'usage des systèmes de coordonnées de type teinte/luminance/saturation. Nous montrons par ailleurs les avantages pratiques de telles représentations lorsqu'on bâtit des histogrammes bidimensionnels teinte/saturation et luminance/saturation pour segmenter les images couleur et pour extraire des reflets, des zones d'ombre et des dégradés sur les images couleur.

Ainsi, nous pouvons aborder l'extension de certains opérateurs morphologiques pour le filtrage et la segmentation d'images couleur ou multispectrales, le but principal étant de développer des opérateurs couleur, extension des opérateurs scalaires, qui soient adaptés aux caractéristiques avantageuses des espaces couleur type teinte/luminance/saturation. Notamment le fait d'avoir à notre disposition l'information chromatique et l'information achromatique d'une manière indépendante, ainsi qu'une information comme la saturation qui joue le rôle de poids de contrôle entre les deux, nous permet de proposer quelques façons différentes de filtrer/segmenter conjointement les structures chromatiques et achromatiques d'une image couleur. Un grand nombre d'exemples ont montré l'intérêt de cette approche.

Nous montrons ensuite les résultats de différentes études concrètes sur la caractérisation et la classification de la forme, la texture et la couleur des objets d'une image grâce aux opérateurs tels que les granulométries et les histogrammes couleur.

Dans la dernière partie, nous abordons deux applications en microscopie biomédicale quantitative. La première application correspond à une plate-forme technologique intégrée pour la segmentation, l'extraction de caractéristiques et la classification de cellules dans des frottis de sang périphérique, dans le cadre d'applications en réseau (téléhématologie). Dans la deuxième

application, nous utilisons les opérateurs morphologiques les plus avancés dans une approche automatique très performante pour l'extraction des données des spots de l'image d'une puce à ADN.

Mots clés :
analyse d'images couleur, morphologie mathématique, espaces teinte/luminance/saturation, filtrage couleur, segmentation couleur, extraction de caractéristiques, microscopie biomédicale quantitative, biopuces, hématologie cellulaire, télépathologie

Abstract

In the field of image processing and analysis for biomedical microscopy color represents an important information source, which combined with the geometry and the morphology of structures allows the development of more robust and more powerful quantitative techniques. This is also the case for multimedia applications, in particular for content-based image retrieval. Nevertheless, the representation and the processing of color image processing remains an open problem.

This thesis intends to explore generic methods for image filtering, segmentation and feature extraction of color images based on mathematical morphology operators. From a more practical point of view, two specific applications are considered ; the analysis of cells in quantitative hematology and the automatic reading of DNA microarrays.

We initially deal with the problem of color spaces. Mathematical results justify the use of the 3D-polar coordinate color spaces, type hue/luminance/saturation, for image processing. In addition, we show the practical advantages of such representations when one builds two-dimensional histograms hue/saturation and luminance/saturation in order to segment color image and to extract reflections, trends and shadows from color images.

We can therefore approach the extension of certain morphological operators for the filtering and the segmentation of color or multispectral images. The main aim being the development of color operators, extension of the scalar ones, which are adapted to the advantageous characteristics of color spaces hue/luminance/saturation. The fact of having at our disposal chromatic and achromatic information in an independent way, as well as an additional variable as the saturation (which plays the role of weight of control between the chromatic/achromatic ones), enables us to propose some different ways for filtering and segmenting jointly the chromatic and achromatic structures of a color image. Many examples show the interest of this approach.

We then describe the results of various concrete studies on the characterisation and the classification of shape, texture and color of the objects of an image by means of operators such as the granulometries and the color histograms.

Finally, we tackle two applications in biomedical quantitative microscopy. The first application being an integrated technological platform for segmentation, feature extraction and classification of cells in peripheral blood smears, within the framework of networking applications (telehematology). In the second application we use the most advanced morphological operators in a very powerful automatic approach for the extraction of the spot data of a DNA microarray image.

Key words :
color image analysis, mathematical morphology, hue/luminance/saturation color spaces, color filtering, color segmentation, feature extraction, biomedical quantitative microscopy, microarrays, hematological cytology, telepathology

Resumen

En el dominio de la imagen digital aplicada a la microscopía biomédica, el color constituye una fuente importante de información la cual, combinada con la geometría y la morfología de las estructuras, permite el desarrollo de técnicas cuantitativas con mejor rendimiento y robustez. Y esto es también válido para el dominio de las aplicaciones multimedia, especialmente para la indexación automática por el contenido. Sin embargo, la representación y el tratamiento de las imágenes en color constituye todavía un problema abierto.

Esta tesis se propone la exploración de métodos con carácter genérico para la segmentación, el filtrado y la extracción de características en imágenes en color, basándose en operadores de la morfología matemática. Desde un punto de vista más práctico, las dos aplicaciones específicas consideradas son la citología cuantitativa en hematología y la lectura de *microarrays* de ADN.

En la primera parte, tratamos el problema de los espacios de representación del color. Una serie de resultados matemáticos justifican el uso de sistemas en coordenadas polares de tipo matiz/luminacia/saturación. Mostramos además las ventajas prácticas de tales representaciones cuando se construyen histogramas bidimensionales matiz/saturación y luminancia/saturación para segmentar imágenes color y para extraer reflejos, zonas de sombra y degradados sobre imágenes color.

De esta manera, podemos abordar la extensión de ciertos operadores morfológicos para el filtrado y la segmentación de imágenes color o multiespectrales, siendo el objetivo principal el desarrollo de operadores color, extensión de los operadores escalares, que sean adaptados a la características ventajosas de los espacios de tipo matiz/luminacia/saturación. En particular, el hecho de disponer de la información cromática y de la información acromática de manera independiente, así como de una información como la saturación que desempeña la función de ponderación entre las dos, permite proponer algunas maneras diferentes de filtrar/segmentar conjuntamente las estructuras cromáticas y acromáticas de una imagen en color. Un gran número de ejemplos muestran el interés de esta metodología.

Mostramos después los resultados de diferentes estudios concretos sobre la caracterización y la clasificación de la forma, la textura y el color de los objetos de una imagen gracias a operadores como las granulometrías y los histogramas color.

En la última parte, abordamos dos aplicaciones con vocación industrial en microscopía biomédica cuantitativa. La primera aplicación corresponde a una plataforma tecnológica integrada para la segmentación, la extracción de características y la clasificación de células en frotis de sangre periférica, dentro de un marco de trabajo de aplicaciones en red (telehema-

tología). En la segunda aplicación, los operadores morfológicos más avanzados son utilizados en el desarrollo de un algoritmo muy eficiente para la extracción de los datos de la imagen de un *microarray* de ADN.

Palabras clave :
análisis de imágenes color, morfología matemática, espacios matiz/luminancia/saturación, filtrado color, segmentación color, extracción de características, microscopía biomédica cuantitativa, *microarrays* de ADN, hematología celular, telepatología

Table des matières

1 Introduction et Motivation **1**

1.1 Avant-propos 1

1.2 Notions de base 2

1.2.1 Schéma classique de traitement d'une image 3

1.2.2 Reconnaissance de formes 3

1.2.3 Indexation d'images par le contenu 4

1.2.4 Image numérique en applications de télémédecine 6

1.3 Cadre du travail 7

1.4 Plan et contenu de la thèse 7

2 La couleur **9**

2.1 Introduction 9

2.2 Perception humaine de la couleur 10

2.2.1 Le modèle de tri-stimulus ou modèle de trichromacité 10

2.2.2 Le modèle des processus opposés 11

2.2.3 Théorie des zones 12

2.2.4 Théorie de la constance chromatique 12

2.3 De l'espace RVB à l'espace L*a*b* 13

2.3.1 Vocabulaire CIE : La lumière, l'objet et l'observateur 13

2.3.2 L'espace RVB 14

2.3.3 L'espace XYZ 14

2.3.4 L'espace L*a*b* 18

2.3.5 L'avenir selon la CIE 22

2.4 Conclusions 22

3 Représentations couleur luminance, saturation et teinte **23**

3.1 Introduction 23

3.2 Espaces en coordonnées polaires 24

3.2.1 Les espaces HSV et HLS et leurs incohérences 25

3.2.2 Les trois prérequis 28

3.2.3 L'espace géométrique de travail 29

3.2.4 Cadre de la norme L_2 29

3.2.5 Cadre de la norme L_1 30

3.2.6 La norme max – min et l'amélioration de l'espace HLS 32
3.2.7 Conclusions sur les représentations polaires alternatives 32
3.3 Histogrammes bi-variables L/S et H/S 35
3.3.1 Segmentation couleur par "clustering" des histogrammes 2D 36
3.3.2 Extraction de reflets, dégradés et ombres 45
3.4 Couleur en microscopie biomédicale 59
3.5 Conclusions du chapitre 61

4 Filtrage morphologique d'images couleur 63
4.1 Introduction 63
4.1.1 Notations 64
4.2 Morphologie sur le cercle unité 64
4.2.1 Le cercle unité 64
4.2.2 Morphologie avec le choix d'une origine 65
4.2.3 Morphologie circulaire centrée 67
4.3 Gradients et chapeaux haut de forme couleur 69
4.3.1 Gradients couleur 69
4.3.2 Chapeaux haut de forme couleur 72
4.4 Eléments théoriques pour le filtrage vectoriel 78
4.4.1 Ordres vectoriels 78
4.4.2 Pourquoi préserver les vecteurs ? 80
4.5 Filtrage morphologique couleur et ordres lexicographiques 80
4.5.1 Assouplissement d'un ordre lexicographique 81
4.5.2 Notation et cadre algorithmique pour le développement d'opérateurs morphologiques couleur 82
4.5.3 Ordres lexicographiques dans l'espace RVB 83
4.5.4 Couleur dominante et couleur anti-dominante 87
4.5.5 Ordres lexicographiques dans l'espace HLS 88
4.5.6 Etude comparative des ordres lexicographiques pour les nivellements couleur 96
4.6 Conclusions du chapitre 102

5 Segmentation morphologique d'images couleur 103
5.1 Introduction 103
5.2 Théorie générale de la segmentation 104
5.2.1 Critères et segmentation 104
5.2.2 Critères connectifs et théorème de la segmentation 105
5.2.3 Demi-treillis des criteres connectifs 106
5.3 Segmentation hiérarchique à niveaux de gris 107
5.3.1 Ligne de partage des eaux hiérarchique : algorithme des cascades . . . 108
5.3.2 Connexions par sauts 110
5.3.3 Zones plates et quasi-plates 110
5.3.4 Fusion de régions dans un treillis de partitions 112

5.4 Segmentation morphologique d'images couleur 113
5.4.1 Etat de l'art en segmentation morphologique couleur 114
5.4.2 Cascades de LPE's pour les images couleur 115
5.4.3 Connexions et segmentation d'images couleur par fusion ordonnée de partitions 123
5.4.4 Comparaison des algorithmes de segmentation selon la représentation couleur polaire 130
5.5 Simplification morphologique d'images couleur 134
5.5.1 Algorithme pour une approche vectorielle 135
5.5.2 Algorithme pour une approche scalaire 135
5.5.3 Exemples et conclusion 136
5.6 Conclusions du chapitre 136

6 Extraction de caractéristiques **139**
6.1 Introduction 139
6.1.1 Propriétés requises pour un descripteur quantitatif 140
6.1.2 ISO MPEG-7 Standard et descripteurs de caractéristiques 141
6.1.3 Organisation du chapitre 141
6.2 Notions de base sur la reconnaissance statistique de formes 142
6.2.1 Attributs d'une image 142
6.2.2 Décision de Bayes 142
6.2.3 Appariement de modèles ou "template matching" 143
6.2.4 Distances métriques pour les histogrammes 145
6.2.5 Validation et performance d'un classificateur 146
6.3 Granulométrie et analyse spectrale morphologique 146
6.3.1 Définitions de base 146
6.3.2 Courbes d'ouvertures et de fermetures 147
6.3.3 Courbes d'érosion et de dilatation 151
6.3.4 Moments 152
6.3.5 Sommes partielles 152
6.4 Etude de la forme du cytoplasme 153
6.4.1 La forme du cytoplasme 153
6.4.2 Etude granulométrique 153
6.5 Etude de la texture du noyau 157
6.5.1 La texture de la chromatine nucléaire 157
6.5.2 Etude granulométrique 157
6.6 Etude de l'agrégation cellulaire 163
6.6.1 Fermetures, partitions et agrégation 163
6.6.2 Courbes d'agrégation 164
6.6.3 Exemples et conclusion 166
6.7 Granulométries et images des puces à ADN 167
6.7.1 Introduction 167
6.7.2 Histogramme des valeurs d'extinction : le spectre d'extinction 168

6.7.3 La loi de distribution de taille des spots . . . 170
6.8 Histogrammes et description de la couleur . . . 173
6.9 Etude des leucocytes . . . 174
6.9.1 Classification de leucocytes . . . 174
6.9.2 Etude de la combinaison de la couleur et de la texture granulométrique 175
6.10 Front d'onde et description des structures arborescentes . . . 184
6.10.1 Front d'onde morphologique . . . 184
6.10.2 Description des arborescences par front d'onde . . . 186
6.10.3 L'algorithme . . . 188
6.10.4 Quantification des branches et des extrémités . . . 188
6.10.5 Conclusion . . . 192
6.11 Conclusions du chapitre . . . 194

7 Hématologie cellulaire **195**
7.0.1 Cytomorphologie des cellules sanguines . . . 196
7.0.2 La coloration May-Grünwald Giemsa . . . 198
7.1 Le projet MATCHCELL . . . 198
7.2 Analyse morphologique de frottis sanguins . . . 199
7.3 Acquisition des images microscopiques . . . 202
7.4 Détection de la zone de bonne lecture d'un frottis . . . 203
7.4.1 Algorithme . . . 204
7.4.2 Résultats expérimentaux et discussion . . . 207
7.5 Segmentation des images des frottis . . . 213
7.5.1 Segmentation des érythrocytes et extraction des leucocytes . . . 214
7.5.2 Segmentation des lymphocytes . . . 216
7.5.3 Discussion et conclusions . . . 217
7.6 Classification des leucocytes . . . 218
7.7 Description, classification et indexation des lymphocytes . . . 219
7.7.1 Descripteur morphologique d'un lymphocyte . . . 221
7.7.2 Typologie d'un lymphocyte . . . 235
7.7.3 Extension à une population de lymphocytes . . . 237
7.7.4 Indexation des données morphologiques . . . 237
7.8 Validation par téléconsensus de la méthodologie . . . 238
7.8.1 Description de l'expérience . . . 240
7.8.2 Discussion . . . 240
7.9 Conclusions et perspectives . . . 243

8 Lecture automatique des puces à ADN **247**
8.1 Avant-propos . . . 247
8.2 Introduction . . . 247
8.3 Caractéristiques des images des puces à ADN . . . 248
8.3.1 Orthogonalité et projections de l'image . . . 249
8.3.2 Visualisation, segmentation et quantification . . . 249

8.4 L'algorithme de lecture des biopuces 250
8.4.1 Grille orthogonale de la matrice 250
8.4.2 Loi de distribution de taille des spots 254
8.4.3 Filtrage morphologique par aire 254
8.4.4 Grille orthogonale des spots 257
8.4.5 Segmentation morphologique des spots par LPE 258
8.4.6 Quantification des spots et extraction de bruit de fond 259
8.5 Résultats d'une étude comparative 261
8.6 Conclusions et perspectives 266

9 Conclusion **269**
9.1 Apports de cette thèse 269
9.2 Perspectives 270

A Introduction à la morphologie mathématique **273**
A.1 Introduction 273
A.2 Notions élémentaires 274
A.2.1 Treillis et morphologie mathématique 274
A.2.2 Considérations pratiques 275
A.2.3 Propriétés de base des transformations morphologiques 277
A.2.4 Résidu 277
A.2.5 Seuillage 278
A.3 Erosion et dilatation 278
A.3.1 Des résidus : les gradients morphologiques 281
A.3.2 Le squelette morphologique 281
A.3.3 Fonction distance 284
A.4 Ouverture et fermeture 285
A.4.1 Ouvertures et fermetures algébriques 288
A.4.2 Des résidus : les chapeaux haut de forme 289
A.5 Filtres morphologiques 289
A.5.1 Filtres alternés séquentiels 290
A.5.2 Centre et contraste morphologiques 291
A.6 Notion de connexion 293
A.7 Géodésie et transformations par reconstruction 295
A.7.1 Ouverture et fermeture par reconstruction 297
A.8 Nivellements 298
A.8.1 Formulation en terme de voisinage 298
A.8.2 Nivellements ensemblistes et extension aux fonctions 300
A.9 Autres transformations géodésiques 303
A.10 Maxima et minima régionaux 304
A.11 Dynamique et ouverture de contraste 306
A.12 Surface et ouverture surfacique 308
A.13 Valeurs d'extinction 309

A.13.1 Fonction d'extinction par dynamique 310
A.13.2 Fonction d'extinction surfacique 311
A.13.3 Arasement volumique et fonction d'extinction volumique 311
A.14 Ouverture par attributs 312
A.15 Seuillage morphologique 314
A.16 La Ligne de Partage des Eaux 316
A.16.1 Définition de la LPE 316
A.16.2 Simplification de l'image par nivellement 317
A.16.3 Extraction de marqueurs à l'aide des fonctions d'extinction 318
A.17 Applications de la fonction distance avec la LPE 318
A.17.1 Séparation de grains superposés 319
A.17.2 Interpolation d'un réseau tubulaire 320
A.18 Conclusions 321

Bibliographie **323**

Chapitre 1

Introduction et Motivation

1.1 Avant-propos

Lorsqu'on regarde une scène couleur, notre cerveau combine trois sources d'information [95] : (1) les frontières entre les objets de couleurs différentes (cette information vise à les segmenter en zones disjointes), (2) la couleur même de chaque zone (laquelle permet d'identifier la nature de l'objet) et (3) la localisation ou la géométrie des objets dans la scène (cette information est complètement achromatique). Il serait par conséquent logique d'aborder le traitement de l'image couleur selon une approche inspirée du fonctionnement du cerveau humain.

Tout d'abord, on constate une séparation entre l'information chromatique de nature spectrale et l'information achromatique (i.e. la géométrie définie par l'intensité). Evidemment, les données visuelles d'intensité sont d'une importance fondamentale. En effet, jusqu'à il y a très peu d'années, les systèmes de traitement numérique de l'image ne travaillaient qu'avec des images mono-chromes. La morphologie mathématique, sujet de cette thèse, est justement une technique non-linéaire de traitement de l'image à niveaux de gris, qui fournit des opérateurs pour étudier les structures de l'image. L'étude de la couleur était exclusivement l'objet de la colorimétrie (mesure de la densité spectrale d'énergie reflétée par l'objet).

Cependant, beaucoup d'efforts récents de recherche visent à développer des méthodes de traitement de l'image intégrant l'information achromatique et chromatique. Pour pouvoir le faire, il faut travailler avec une représentation des images couleur que fournisse : (1) la séparation entre la composante achromatique et la composante chromatique, (2) en même temps, la manière de combiner les deux informations pour les traiter comme une seule fonction, (3) la manière de combiner les résultats dans le cas où ils ont été traitées séparément, tel que le fait notre cerveau. Ce paradigme a justifié notre choix d'utiliser principalement un espace couleur de type teinte, luminance et saturation. Dans ce triplet, la saturation constitue le signal bascule pour savoir si une certaine région est aperçue comme chromatique ou achromatique. Nous développons dans cette thèse une série d'algorithmes de filtrage, de segmentation et d'extraction de caractéristiques qui vont tirer partie précisément du rôle de la

saturation ; ceux-ci sont très utiles pour le domaine des applications multimédia, notamment pour le codage et l'indexation automatique par le contenu.

Dans le domaine de l'image numérique en microscopie biomédicale, la couleur constitue une source importante d'information. Depuis plus d'un siècle, les préparations biologiques (sections de tissus, échantillons de sang ou de mucose) sont fixées et colorées avec des protocoles standards, avant d'être étudiées sous le microscope. Le but de la coloration est notamment de marquer et segmenter les entités morphologiques d'intérêt en se basant sur la perception humaine de la couleur. En conséquence, la couleur combinée avec la géométrie et la morphologie des structures permet le développement de techniques quantitatives plus performantes et plus robustes. Nous verrons toutefois que les images colorées de la microscopie constitue un cas particulier avec ses avantages (e.g. contenu relativement connu à priori) et des inconvénients (e.g. variabilité dans le résultat de la coloration).

D'autre part, aujourd'hui le développement d'applications d'indexation de l'image biomédicale ne peut plus être envisageable que dans le cadre d'un scénario coopératif entre différents laboratoires qui fournissent et échangent les images et les données extraites, c'est-à-dire dans un scénario de télémédecine.

En résumé, nous nous proposons d'explorer des méthodes à caractère générique pour la segmentation, le filtrage et l'extraction de caractéristiques des images couleur, en se fondant sur des opérateurs de la morphologie mathématique. D'un point de vue plus pratique, les deux applications spécifiques considérées en détail sont la lecture de puces à ADN et la cytologie quantitative hématologique.

1.2 Notions de base

L'objectif de cette section est de présenter de façon intuitive le schéma logique qui nous amène d'une image numérique, vue comme une fonction mathématique, au contenu sémantique associé à celle-ci.

Le but final de notre approche de traitement d'image est l'extraction des caractéristiques morphologiques. Les caractéristiques extraites peuvent ensuite être utilisées comme sources d'information pour la reconnaissance automatique des objets présents dans l'image et pour leur indexation dans une base de données.

Un certain nombre d'applications qui ont servi de base à cette thèse concernent la microscopie en biomédecine. Une première prise de contact avec ce domaine et spécialement, ce qu'on entend par télémedécine, sera aussi l'objet de cette section.

Une fois le cadre de travail posé, nous procéderons dans les chapitres qui suivent à l'étude détaillée des opérateurs, transformations et algorithmes morphologiques qui vont permettre le filtrage, la segmentation et l'extraction de caractéristiques d'images couleur, et plus particulièrement, d'images tirées de la microscopie biomédicale.

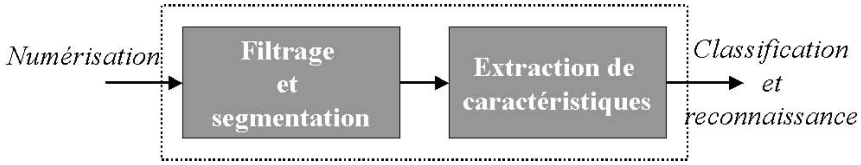


FIG. 1.1 – Schéma classique de traitement d'une image.

1.2.1 Schéma classique de traitement d'une image

La figure 1.1 illustre le schéma classique d'analyse et de traitement d'une image. On y trouve principalement trois étapes :

Filtrage : Le but est d'extraire le bruit (acquisition, transmission, compression, etc.), d'enlever les détails non-significatifs, de rehausser les structures et les objets d'intérêt en simplifiant le reste.

Segmentation : Cette étape vise à trouver une partition de l'image pour définir les zones associées à chaque objet significatif. Evidemment, le filtrage et la segmentation sont très liés.

Extraction de caractéristiques : Cette phase concerne la mesure et la quantification (c'est-à-dire l'obtention des paramètres quantitatifs ou qualitatifs) des caractéristiques (forme, texture, couleur, etc.) des objets de l'image segmentée. Si l'image est très simple, l'extraction de caractéristiques peut se faire directement sans filtrage ni segmentation.

1.2.2 Traitement d'image + Classification = Reconnaissance de formes

Le résultat du traitement d'une image est un ensemble de descripteurs bruts, qui ont besoin d'un traitement statistique supplémentaire pour une interprétation plus simple et utile, soit par un utilisateur humain soit par un système informatique.

Typiquement, ces données constituent l'entrée à l'étape de classification automatique fondée sur des techniques statistiques. Le tout intégrant le traitement de l'image et la classification automatique est connu comme reconnaissance de formes, voir le diagramme (a) de la figure 1.2, tiré de l'ouvrage classique de Duda et Hart [80]. D'autres références importantes en reconnaissance de formes sont [91] [236] [142] [219] [133].

En reconnaissance statistique de formes, la forme est représentée par l'ensemble d de caractéristiques ou attributs, et peut être vu comme un vecteur de caractéristiques de dimension d. Des concepts bien connus de la théorie statistique de décision sont utilisés pour établir les frontières de décision entre les différentes classes ou catégories. Le système de reconnaissance opère sous deux modes : l'apprentissage (ou phase d'entraînement) et la classification (ou phase de test). Le rôle du module de pré-traitement est justement de filtrer et segmenter, ainsi que de mener à bien toute autre opération qui contribuera à une représentation compacte de la forme. Dans le *mode d'apprentissage*, le module d'extraction/sélection de caractéristiques doit trouver les descripteurs les plus appropriés pour représenter les formes

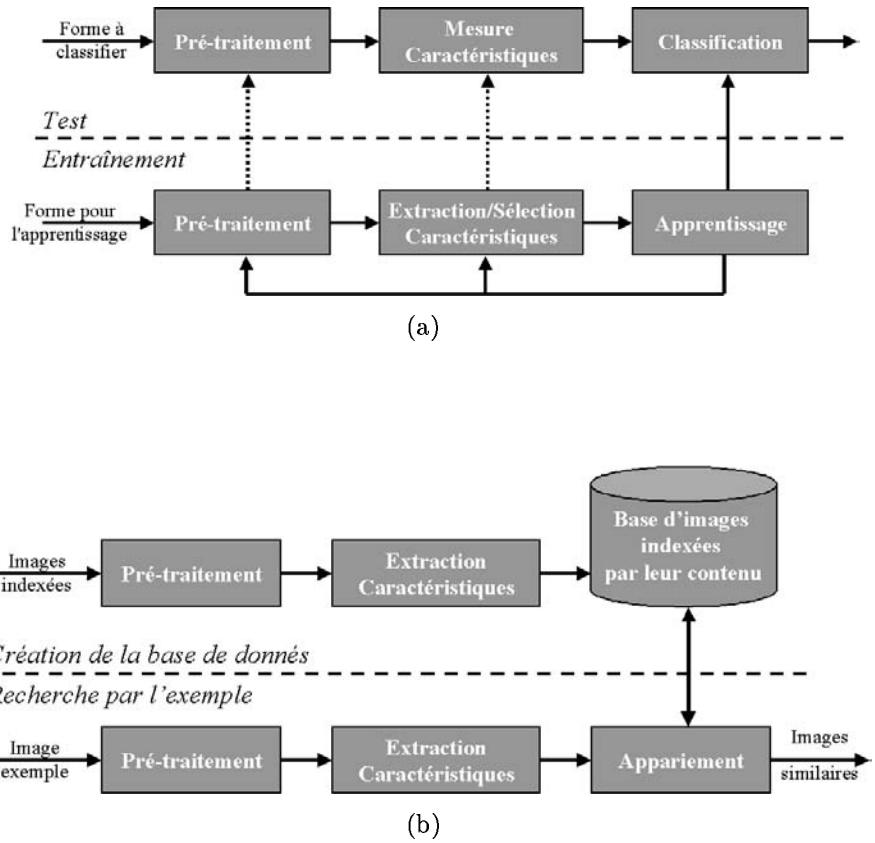


FIG. 1.2 – (a) Modèle de système pour la reconnaissance automatique de formes. (b) Modèle de système pour l'indexation et recherche d'images par le contenu.

d'entrée et le classificateur est entraîné pour diviser l'espace de caractéristiques. Le chemin de feed-back permet l'optimisation des stratégies de pré-traitement et d'extraction/sélection de caractéristiques. Dans le *mode de classification*, le classificateur entraîné assigne la forme d'entrée à une des classes de formes considérées.

Dans cette thèse nous allons nous centrer sur des techniques de classification de type supervisé, relativement simples et directes, pour permettre la reconnaissance des objets selon leur forme, texture, couleur, etc. à partir de descripteurs morphologiques puissants. Noter que la réussite d'un système de reconnaissance est lié à la capacité de discrimination des descripteurs, dans le cas contraire il faut envisager des techniques de classification plus complexes et plus sophistiquées.

1.2.3 Indexation d'images par le contenu

Les techniques de traitement d'image et de reconnaissance automatique de formes sont apparues dans les années 60 et se sont développées depuis lors en parallèle avec les ordinateurs. Aujourd'hui les images occupent une place prépondérante dans les documents multimédia, en ajoutant à ceci les récentes avances en télécommunications qui permettent les échanges d'images, la création de bases de donnés d'images, etc.

De nos jours, les bases d'images peuvent contenir des milliers, voire des millions, d'images. Il est donc indispensable de développer des outils permettant de sélectionner les images les plus pertinentes par leur contenu, comme c'est le cas pour les systèmes de recherche d'information. Historiquement, une des méthodes les plus couramment utilisées consiste à associer des mots clés à chaque image stockée et à ne faire les recherches que sur ces mots. Ce type d'approche est parfois efficace mais s'avère limité. Il nécessite l'intervention manuelle d'un opérateur dont la sémantique est souvent subjective, approximative, voir erronée.

Le besoin de réaliser *l'indexation et la recherche* de ces images *par leur contenu visuel* et non plus seulement sur une information externe à ces images est de plus en plus évident. Le paradigme d'indexation et de recherche d'image par le contenu propose une alternative semi-automatique au problème de la reconnaissance d'objets en se fondant uniquement sur la similarité d'images et en évitant toute interprétation de la scène, tâche très complexe dans le cas général [195].

Une manière efficace de faire intervenir l'utilisateur dans le processus de la recherche par le contenu est de donner une image exemple et de demander au système la recherche des images qui se rapprochent de *l'image-requête*. Le diagramme (b) de la figure 1.2 illustre la structure typique. Le système doit donc indexer les images par des techniques automatiques d'analyse d'images puis, les comparer dans l'opération d'appariement par similarité. C'est-à-dire qu'il s'agit de retrouver parmi les images de la base celles dont les résultats d'analyse s'apparentent à ceux de l'image-requête. L'interprétation automatique d'une image s'appuie sur des attributs et caractéristiques tels que la couleur, la texture, la forme, etc. Quelques systèmes plus ou moins performants sont en développement depuis des années : QBIC [87], Photobook [204], CANDID [137], PicToSeek [96], etc.

Plus précisément, un système de recherche par similarité d'images nécessite trois éléments [195] :

1. *Extraction de caractéristiques* perceptuellement significatives de chaque image de la base et de l'image-requête (et représentation efficace de ces attributs). A chaque image ou classe d'images correspond donc un ensemble de descripteurs appelé index ou signature de l'image.
2. Définition d'une ou de plusieurs *métriques de similarité* perceptuellement significatives et rapidement calculables entre deux signatures d'images. C'est grâce à ces métriques que le système doit retrouver les images les plus similaires.
3. Elaboration d'une *interface* homme-machine pour les requêtes, la visualisation et la navigation dans la base d'images.

Evidemment, le modèle de système pour l'indexation et la recherche d'images par le contenu ressemble fortement à celui plus classique de reconnaissance automatique de formes. En effet, souvent les mêmes métriques et méthodes statistiques peuvent être utilisées pour la classification et la recherche par contenu. Lorsqu'on a réussi à structurer la base en classes d'images ayant des propriétés communes, la recherche ne s'effectue que sur les classes significatives pour la requête (plus efficace et robuste). Notons que l'indexation de la base d'images s'effectue préalablement et ce n'est que la comparaison des index qui s'effectue en temps-réel.

Les bases d'images peuvent généralement être classifiées en deux grandes catégories. Le premier groupe concerne les *bases d'images homogènes*, c'est-à-dire des bases contenant des images de la même classe d'objets (visages, empreintes digitales, images biomédicales, etc.). La deuxième catégorie correspond aux *bases d'images hétérogènes* (banque de photographies, l'Internet, etc.). Les systèmes référencés ci-dessus sont seulement adaptés aux bases d'images hétérogènes.

Dans cette thèse, nous avons travaillé avec une base d'images fortement homogène : une banque d'images couleur de l'hématologie cellulaire. Pour pouvoir indexer et rechercher des images dans ce type de base, où toutes les images sont similaires, il est impératif de définir des descripteurs très précis pour faciliter l'appariement et la classification des objets très analogues. D'autre part, une approche qui fournit des caractéristiques et attributs morphologiques qu'on peut associer à des mots clés permet une meilleure interprétation, acceptation et interaction avec l'utilisateur qui consulte la base d'images. Nous approfondirons cette partie ultérieurement.

1.2.4 Image numérique en applications de télémédecine

La télémédecine englobe toutes les applications de diagnostic médical à distance grâce à des techniques de télécommunication. Il s'agit naturellement d'un domaine très large qui va de la surveillance des signaux vitaux à la transmission vidéo d'une opération de chirurgie. Nous nous intéressons surtout aux applications réseaux en pathologie (ou télépathologie) qui utilisent l'image microscopique biomédicale comme moyen d'échange de l'information.

Plusieurs alternatives de télépathologie sont à considérer : soit le microscope et donc l'acquisition des images est pilotée à distance (télémicroscopie), soit les images sont acquises puis transmises. Dans ce deuxième cas, le volume de données images peut être très important car elles doivent représenter le contenu de la lame microscopique et suivre des règles strictes de contrôle de qualité, numérisation, stockage, etc.

L'hématologie, l'anatomie et la cytologie pathologiques sont des disciplines morphologiques qui s'appuient sur l'image, à présent l'image numérique, et qui, de ce fait, ont cherché à se bénéficier des progrès des techniques de l'informatique, de la communication et du traitement numérique de l'image. Il y a beaucoup d'applications envisageables de la télémedecine en anatomopathologie : l'établissement d'un dossier patient avec des images, la mise en œuvre de bases de données, la consultation par l'image de dossiers similaires, les demandes d'avis extérieurs auprès du réseau d'experts, le contrôle de qualité des préparations biologiques, l'enseignement et la formation à distance, etc.

Pour pouvoir mener à bien ces applications, les images doivent être analysées afin de caractériser les entités morphologiques qui y sont représentées. Ce besoin d'automatisation dans la description des images motive nos travaux d'application de la morphologie mathématique à la microscopie biomédicale, comme nous allons l'illustrer par la suite.

1.3 Cadre du travail

Ce mémoire est l'aboutissement d'une série de travaux de recherche dans le cadre d'une thèse de doctorat au Centre de Morphologie Mathématique de l'Ecole des Mines de Paris (CMM-EMP). Nous pouvons séparer son contenu en trois parties relativement indépendantes et en même temps complémentaires : (1) cytologie hématologique, (2) puces à ADN et (3) traitement d'images couleur.

Par ordre chronologique, l'application première de cette thèse a été l'analyse morphologique de lymphocytes à partir d'images couleur de sang. Il s'agit d'une collaboration entre le CMM-EMP, le Pr. Flandrin (Hématologie, Hôpital Necker, Paris) et la société TRIBVN (Paris), visant à développer des assistants numériques pour le télédiagnostic en hématologie cellulaire.

Ensuite, un deuxième grand volet de nos recherches a été consacré au développement d'un algorithme pour un problème actuellement très important de la biotechnologie : la lecture automatique des images des puces à ADN. Cette fois-ci, les images ont été fournies par le Commissariat à l'Energie Atomique (CEA à Evry) et par le Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas (Madrid).

Enfin, la dernière partie des travaux concerne la représentation des images couleur et les méthodes de généralisation de la morphologie mathématique à ces images multivaluées. Ceci fait suite à la thèse d'Allan Hanbury [109].

Entre temps, nous avons aussi travaillé avec deux unités INSERM (U428 à l'Université Paris V et U507 à l'Hôpital Necker - Paris) pour le développement d'algorithmes d'analyse morphologique des cellules endothéliales cultivées in vitro et de quantification de lésions sur des sections de l'aorte.

Par souci de cohérence et clarté, nous avons réorganisé l'ensemble de ces études en plusieurs chapitres qui suivent un autre ordre et qui vont permettre au lecteur de pouvoir placer ce mémoire dans un cadre plus général, exploitable dans d'autres domaines et applications.

1.4 Plan et contenu de la thèse

Le diagramme présenté dans la figure 1.3 illustre le plan de lecture et permet de mieux comprendre l'organisation et les relations des chapitres de cette thèse.

En plus de ce chapitre 1 d'introduction, cette thèse est composée de sept grands chapitres, auxquels s'ajoutent le chapitre 9 de conclusions où nous résumons les principaux résultats décrits dans ce mémoire ainsi que leur extension et les suites possibles de ce travail ; et l'annexe A où nous revenons sur le cadre algorithmique classique de la morphologie mathématique.

Dans un premier temps, nous rappelons dans le chapitre 2 les notions de base sur les espaces de représentation des images couleur. Nous traitons en détail dans le chapitre 3 les systèmes de coordonnées teinte/luminance/saturation. Des résultats mathématiques justifient leur usage. Nous montrons par ailleurs les avantages pratiques de telles représentations lorsqu'on bâtit des histogrammes bidimensionnels teinte/saturation et luminance/saturation pour segmenter les images couleur et pour extraire des reflets, des zones d'ombre et des dégradés sur les images couleur.

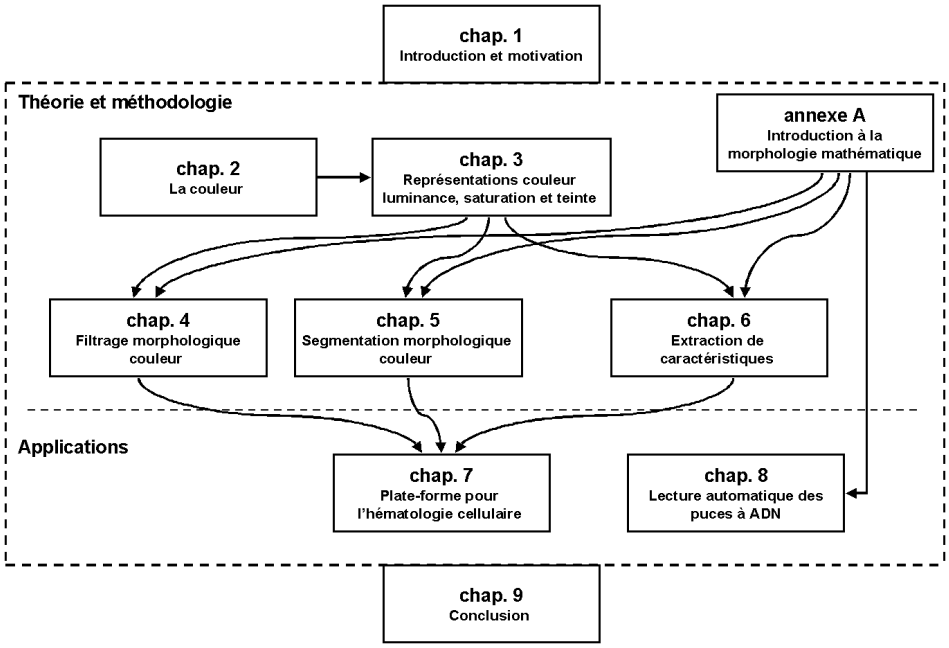


FIG. 1.3 – Organisation et plan de lecture de la thèse.

Ainsi, dans les chapitres 4 et 5 nous pouvons aborder l'extension de certains opérateurs morphologiques pour le filtrage et la segmentation d'images couleur, respectivement. Le but principal est de développer des opérateurs couleur, extensions des opérateurs scalaires, qui soient adaptés aux caractéristiques avantageuses des espaces couleur teinte, luminance et saturation. Notamment le fait d'avoir à notre disposition l'information chromatique et l'information achromatique d'une manière indépendante, ainsi qu'une information comme la saturation qui joue le rôle de poids de contrôle entre les deux, nous permet de proposer quelques façons différentes de filtrer/segmenter conjointement les structures chromatiques et achromatiques d'une image couleur. Un grand nombre d'exemples illustrent l'intérêt de cette approche.

Nous montrons ensuite dans le chapitre 6 les résultats de différentes études concrètes sur la caractérisation et la classification de la forme, la texture et la couleur des objets d'une image grâce aux opérateurs tels que les granulométries et les histogrammes couleur.

En ce qui concerne les applications industrielles, le chapitre 7 est consacré à la description de la plate-forme technologique intégrée pour la segmentation, l'extraction de caractéristiques et la classification de cellules dans des frottis de sang périphérique, dans le cadre d'applications en réseau (téléhématologie) que nous avons développées. Enfin, nous utilisons dans le chapitre 8 les opérateurs morphologiques les plus avancés dans une approche automatique très performante pour l'extraction des données des spots de l'image d'une puce à ADN.

Chapitre 2

La couleur

2.1 Introduction

Il y a différentes manières d'étudier la notion de couleur. Tout d'abord, l'approche la plus physique qui consiste à considérer la lumière visible et par conséquent la couleur, comme la partie du spectre de rayonnement électromagnétique ayant une longueur d'onde comprise entre 400 et $700nm$ (le spectre visible n'occupe qu'une petite partie du spectre électromagnétique). Historiquement, il y a deux contributions fondamentales pour la compréhension de ce phénomène. D'une part la découverte d'I. Newton, au XVIIe siècle, qui a montré que les couleurs spectrales dans le spectre visible étaient les composantes basiques de la lumière blanche. Il vérifie qu'un rayon de lumière blanche (lumière du soleil) peut être séparé par un prisme en une série continue de couleurs composantes. Réciproquement, la lumière blanche peut être formée à partir du spectre en traversant un deuxième prisme. Au début du XIXe siècle, T. Young déduisait de l'étude de disques colorés en rotation que la lumière excite dans l'œil des stimulations correspondant à trois couleurs primaires rouge, vert et violet (les teintes "fondamentales"). Des mesures plus précises ont conduit J.-C. Maxwell, à la fin du XIXe siècle, à proposer le rouge, le verte et le bleue, et à réaliser la première photographie en trichromie, par projections à travers trois plaques noir et blanc. Dans [192], on peut trouver une étude historique très détaillée sur l'évolution dans l'interprétation scientifique de la lumière.

Puis, on pourrait se placer du point de vue d'une approche psychologique - physiologique : la couleur est une sensation visuelle résultat d'un processus complexe d'acquisition des signaux visuels suivi d'une interprétation de ces influx nerveux par le cerveau humain.

Le lecteur intéressé à approfondir ce thème sur la couleur pourra se reporter aux ouvrages de référence [300] [83] [234].

Ce chapitre est un rappel concernant quelques aspects de la perception humaine de la couleur et de la démarche adoptée pour la quantification de la couleur en colorimétrie. Le chapitre est donc divisé en deux parties. Nous allons tout d'abord analyser les modèles de la vision humaine pour bien comprendre le fondement des représentations mathématiques utilisées en pratique. Ensuite, à partir de l'un des modèles de la perception de la couleur, celui

du tri-stimilus, nous allons suivre le chemin proposé par la CIE (Commission Internationale de l'Eclairage) pour passer de l'espace RVB à l'espace L*a*b*, ce dernier basé sur un autre modèle de la perception, celui des couleurs opposées, en passant par l'espace XYZ. Celle-ci est l'approche la plus classique en colorimétrie. On verra les problèmes pratiques posés par ces représentations.

2.2 Perception humaine de la couleur

La perception humaine de la couleur se déroule en trois étapes, dont chacune a une localisation différente dans l'appareil visuel y compris le cerveau. La première étape du chemin visuel est la rétine. La lumière est focalisée par la cornée et le cristallin sur la rétine, une couche de tissu au fond de l'œil. Ainsi, la rétine est composée de différentes couches. Des cellules spécialisées dans une des couches, appelées photorécepteurs, absorbent la lumière et la convertissent en un influx nerveux. Il y a deux types de photorécepteurs : les cônes et les bâtonnets. Le nombre de bâtonnets oscille entre 110 et 125 millions tandis que le nombre de cônes est beaucoup plus réduit, à peine 7 millions. De plus, ils ont une répartition très différente au sein de la rétine. Les bâtonnets ne sont sensibles que dans de faibles éclairements et ne contribuent pas à la perception de la couleur (vision scotopique). Les cônes ne répondent pas dans l'obscurité, ils gèrent la vision durant le jour (vision photopique). La perception de la couleur est basée sur l'activité des cônes. Il y a trois sortes de cônes : L (ou large), M (ou moyenne) et S (ou petite) qui correspondent respectivement aux longues, moyennes et courtes longueurs d'onde. Puis, les influx nerveux sont collectés et traités par des cellules dans d'autres couches de la rétine, avant d'être transmis au cerveau via le nerf optique. Les cellules de la couche interne de la rétine se divisent en deux classes : M (ou magnocellulaires) et P (ou Parvocellulaires). Seules les cellules P transmettent un signal couleur. Dans une deuxième étape, le nerf optique passe de l'œil vers une structure appelée le corps genouillé latéral (CGL). Du CGL le signal visuel passe à la zone visuelle du cortex, dans la partie postérieure du cerveau. Cette zone est une espèce de carte de la rétine, chaque point dans la zone traite un signal émanant d'un point correspondant de la rétine. Un sous-groupe des cellules est sensible à la couleur.

A partir de cette connaissance du système humain, nous allons étudier maintenant les modèles de la vision humaine proposés dans la littérature [50] [126].

2.2.1 Le modèle de tri-stimulus ou modèle de trichromacité

Au XIXe siècle, le médecin T. Young établit la théorie trichromatique de la lumière, améliorée et complétée ensuite par H. V. Helmotz. La rétine humaine possède donc trois types de cônes photorécepteurs couleur qui répondent à la lumière incidente avec trois courbes de réponse, avec un pic d'absorption à une longueur d'onde bien déterminée. Ces réponses sont réparties suivant trois canaux qui sont le rouge, le jaune-vert et le bleu : les cônes L culminent à 570 nm, les cônes M à 545 nm et les cônes S à 440 nm. L'absorption est absente en dehors de l'intervalle $400 - 700$ nm (ce qui définit le spectre visible). Les courbes d'absorption des cônes donne la proportion de lumière absorbée à chaque longueur d'onde. L'énergie totale absorbée

par ces cônes, quand ils sont éclairés par une lumière ayant une distribution spectrale d'énergie $E(\lambda)$, est :

$$l = \int L(\lambda)E(\lambda)d\lambda;\ \ m = \int M(\lambda)E(\lambda)d\lambda;\ \ s = \int S(\lambda)E(\lambda)d\lambda;$$

où $L(\lambda)$, $M(\lambda)$ et $S(\lambda)$ sont leurs courbes d'absorption. Les valeurs l, m et s représentent l'énergie totale absorbée par chaque type de cône. Il est possible d'avoir deux distributions spectrales d'énergie $E_1(\lambda)$ et $E_2(\lambda)$ qui donnent les mêmes valeurs d'absorption. Les densités spectrales d'énergie différentes qui sont aperçues comme ayant les mêmes couleurs sont appelées métamères. Les métamères sont à la base de l'appariement de la couleur dans l'imagerie, la vidéo et l'imprimerie : le but est de reproduire des métamères des couleurs naturelles, en combinant un ensemble de couleurs primaires. Considérons un ensemble de trois lumières primaires ayant les distributions d'énergie $A(\lambda)$, $B(\lambda)$, et $C(\lambda)$. L'énergie totale est respectivement a, b et c. La distribution de l'énergie de la lumière mélangée est donc : $E(\lambda) = aA(\lambda) + bB(\lambda) + cC(\lambda)$. Les taux d'absorption du cône L de la lumière mélangée sont alors :

$$l = \int L(\lambda)E(\lambda)d\lambda = a\int L(\lambda)A(\lambda)d\lambda + b\int L(\lambda)B(\lambda)d\lambda + c\int L(\lambda)C(\lambda)d\lambda,$$

de même pour les cônes M et S. Une fois les primaires choisies, toutes les intégrales sont constantes et seules les énergies a, b et c varient. Ces équations peuvent être utilisées dans un sens ou dans l'autre, soit on spécifie les valeurs a, b et c et on calcule les absorptions résultantes, soit on spécifie les absorptions et on détermine les énergies a, b et c générant les absorptions voulues. C'est ce dernier sens qui est le plus intéressant et qui permet de créer n'importe quelle couleur à partir de trois autres couleurs. Il y a cependant des limites pratiques à la trichromacité, seules les couleurs ayant des énergies primaires positives peuvent être reproduites (puisqu'il est impossible d'avoir une énergie négative). L'ensemble de toutes les couleurs reproductibles est appelé *le gamut des primaires*. Les primaires sont choisies de manière à avoir un gamut le plus large possible, mais aucun ensemble de primaires réelles ne permet de couvrir toutes les couleurs possibles [57].

2.2.2 Le modèle des processus opposés

La théorie des processus opposés est due à E. Hering, également au XIXe siècle et est basée sur le fait observé que toutes les couleurs peuvent être décrites comme contenant du rouge ou du vert, mais pas les deux sensations en même temps : le rouge et le vert sont deux sensations exclusives. De la même manière, le bleu et le jaune sont deux couleurs exclusives : une couleur ne peut pas paraître bleue et jaune en même temps. De plus, ceci ne s'applique à aucune autre paire de couleurs, donc la classification de la couleur comme étant rouge ou verte, et bleue ou jaune est une description complète de la couleur. La théorie des processus opposés organise donc la couleur selon deux axes ou processus et une autre composante achromatique :

- Le premier axe correspond à l'axe rouge/vert.
- Le second axe, perpendiculaire au premier, correspond à l'axe bleu/jaune.
- Un troisième axe clair/sombre (ou blanc/noir) représente la luminosité.

La position sur les axes représente la saturation de la couleur. Les couleurs se trouvant aux extrémités des axes sont des couleurs pures. Ces trois composantes peuvent être formées à partir des composantes du tri-stimulus.

2.2.3 Théorie des zones

La trichromacité et la théorie des processus opposés décrivent l'analyse de la couleur à des étapes différentes du chemin visuel (un niveau d'abstraction différent) : la trichromacité est un modèle de la rétine et la théorie des processus opposés est un modèle d'un mécanisme plus central dans le cerveau. La théorie des zones décrit comment les transformations entre le tri-stimulus et les axes opposés ont lieu. La théorie des zones la plus simple présume que les processus opposés sont des combinaisons linéaires des réponses des cônes. Le processus opposé rouge/vert est une différence des réponses des cônes L et M : signal rouge/vert, $s_{RV} = \alpha(r_L - r_M)$, où r_L et r_M représentent les réponses des cônes L et M, et α est un facteur d'échelle constant. Le processus opposé bleu/jaune est une différence entre la réponse du cône S et la somme des réponses des cônes L et M : signal bleu/jaune, $s_{BJ} = \beta(r_S - (\delta_1 r_L + (1 - \delta_1) r_M))$ avec $\delta_1 \simeq 0.7$ et β est de nouveau un facteur d'échelle constant. Le troisième axe clair/sombre est modélisé comme une combinaison des réponses des cônes L et M : signal clair/sombre, $s_{CS} = \delta_2 r_L + (1 - \delta_2) r_M$, avec $\delta_2 \simeq 0.66$. La théorie des zones ne donne pas une représentation explicite du blanc. Le blanc est l'absence de couleur, donc il doit générer un signal nul dans les deux processus rouge/vert et bleu/jaune. Ce qui implique $r_L = r_M = r_S$, donc toute lumière provoquant des réponses égales des trois cônes sera incolore ou achromatique. Dans ce cas, seul le processus clair/foncé est activé [57]. Il y a un autre modèle similaire des zones pour combiner le modèle du tri-stimulus et celui des couleurs opposées, dû à Faugeras [84]. Il est composé de trois parties, chacune de ces parties correspond à un traitement du stimulus lumineux à un niveau donné du système visuel humain. Dans un premier temps la lumière incidente est transformée en trois signaux par les trois types de cônes L, M et S. Ensuite intervient un opérateur logarithmique car des études physiologiques ont montré que la réponse spectrale des trois types de cônes était proportionnelle au logarithme du stimulus. La troisième étape consiste en la transformation du tri-stimulus en trois composantes : une achromatique A et deux chromatiques C_1 et C_2.

2.2.4 Théorie de la constance chromatique

La distribution spectral de la lumière $E(\lambda)$ qui atteint l'œil est la convolution de la distribution de l'illuminant $I(\lambda)$ (lumière émise par une source) et la réflectance d'une surface $R(\lambda)$ (propriété du matériau constituant l'objet surface) :

$$E(\lambda) = I(\lambda) * R(\lambda). \tag{2.1}$$

La fonction de réflectance $R(\lambda)$ donne la fraction de lumière reflétée par un objet à la longueur d'onde λ.

On peut supposer que la couleur est invariante vis-à-vis d'un changement de l'intensité de l'illuminant et même à un changement de la couleur de l'illuminant (e.g. un objet qui passe

du soleil à l'ombre semble garder la même couleur malgré le changement de la couleur de l'illuminant, de la lumière directe du soleil à la lumière diffuse de l'ombre). Cette invariance de couleur, en dépit du changement d'illuminant, est appelée constance chromatique (ou constance de couleur). La constance chromatique implique que le système visuel essaie de décrire la réflectance indépendamment de la couleur de l'illuminant (intéressant des objets de matières différentes). En réalité, un changement perceptible de la couleur de l'illuminant aboutit généralement à un changement perceptible de la couleur des surfaces vues sous cet illuminant, cependant le changement perçu de la couleur est moindre que le changement de l'absorption des cônes. Il existe donc un processus qui essaie de compenser le changement de la couleur de l'illuminant. Plusieurs théories supposent que la constance chromatique est due à une adaptation des cônes. Le reste de l'adaptation serait dû à une analyse spatiale de la scène, à une connaissance a priori de la couleur de certaines surfaces et à une comparaison des couleurs par rapport aux couleurs mémorisées [161] [94] [52] [57].

2.3 De l'espace RVB à l'espace L*a*b*

Pour mettre un peu ordre dans le monde de la couleur et permettre une certaine normalisation, la Commission Internationale de l'Eclairage (CIE, *www.cie.co.at*) a établi une méthode standardisée pour spécifier la couleur. En 1931 la CIE a défini et adopté des illuminants et observateurs standard afin de représenter l'ensemble des couleurs [63], ce système a été complété en 1964 [64]. Comme la CIE a prouvé qu'il suffisait de trois variables indépendantes pour décrire presque toutes les couleurs existantes, les espaces couleurs sont donc des systèmes de coordonnées en trois dimensions où la couleur à analyser a été transformée en un tri-stimulus particulier. Ces systèmes standardisent les trois éléments clé de la perception couleur : la lumière, l'objet et l'observateur.

2.3.1 Vocabulaire CIE : La lumière, l'objet et l'observateur

La lumière est l'élément fondamental de toute perception couleur. Une source lumineuse peut être quantifiée en mesurant sa densité spectrale d'énergie $S(\lambda)$. Il y a différentes sortes de sources de lumière. La source la plus importante est la lumière du jour (mélange de la lumière directe du jour et celle diffusée par le ciel). Les sources artificielles de lumière ont des $S(\lambda)$ très différentes. En 1931, la CIE a recommandé l'usage de trois illuminants standard A, B et C représentant, respectivement, la lumière incandescente, la lumière du jour directe, et une lumière du jour moyenne. La CIE a recommandé aussi des sources standard correspondant à ces illuminants. La source correspondant à l'illuminant A est une lampe à filament tungstène. Plus tard, les illuminants B et C se sont avérés insatisfaisants à cause de leur faible énergie dans la zone des ultraviolets. En 1964, la CIE a recommandé une série d'illuminants D dont le D_{65} et le D_{50} qui sont les plus communément utilisés, figure 2.1(a).

La couleur d'un objet est définie par sa réflectance $R(\lambda)$. La réflectance représente la proportion de lumière réfléchie par un objet par rapport à la lumière réfléchie par un blanc de référence standard. La réflectance peut être spéculaire (directement réfléchie par la surface dans l'angle opposé) ou diffuse (les rayons non réfléchis seront en partie absorbés par la surface

et le reste diffusé). La CIE a spécifié des méthodes standard pour mesurer la réflectance avec précision.

Les fonctions colorimétriques définissent la manière avec laquelle l'œil apparie les stimuli couleur à partir d'un ensemble de références primaires rouge R, verte V et bleue B selon le principe d'un mélange additif des couleurs. Elles représentent les propriétés colorimétriques de l'observateur standard de la CIE.

2.3.2 L'espace RVB

La CIE a recommandé un ensemble de fonctions colorimétriques de référence, connues comme l'observateur standard de la CIE 1931 (ou l'observateur 2^o). Les fonctions $\bar{r}(\lambda)$, $\bar{g}(\lambda)$ et $\bar{b}(\lambda)$, sont définies avec des primaires rouge, vert et bleu de longueurs d'ondes respectives 700 nm, 546.1 nm et 435.8 nm, dont le mélange donne un blanc équi-énergétique, figure 2.1(b). Les valeurs négatives indiquent que de la lumière a été ajoutée à la couleur test au lieu d'être ajoutée au mélange des primaires. A partir de cela, l'espace RVB peut être défini.

L'espace RVB (ou RGB en anglais) est l'espace couleur le plus utilisé en imagerie : les caméras numériques couleur, les scanners et les moniteurs travaillent sur la base de cet espace. Le gamut de l'espace RVB forme un cube. Chaque couleur, décrite par ses composantes (R, V, B) est représentée par un point dans le cube. Les couleurs achromatiques (niveaux de gris) sont situées sur la diagonale du cube qui va du noir ($R = V = B = 0$) au blanc ($R = V = B = \max$). Les composantes RVB pour une image donnée sont proportionnelles à la quantité de lumière incidente sur la scène représentant l'image. Afin d'éliminer l'influence de l'intensité de l'illumination, des coordonnées de chromaticité (couleurs normalisées inchangées à moins que la distribution spectrale de l'illuminant de la scène n'ait changée) sont introduites en colorimétrie :

$$r = \frac{R}{R+V+B};\ v = \frac{V}{R+V+B};\ b = \frac{B}{R+V+B};$$

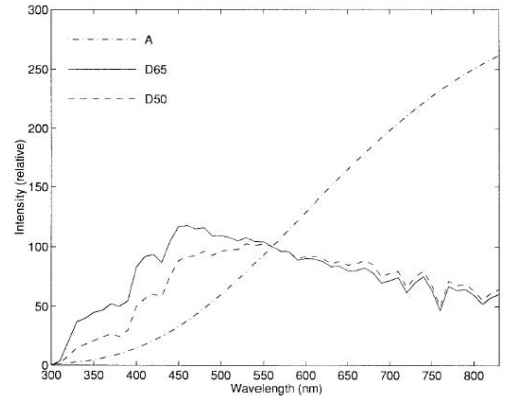
où $r + v + b = 1$. Etant donnée la dépendante linéaire, l'espace rvb peut être représenté par deux couleurs normalisées, de plus les valeurs des coordonnées rvb sont plus stables vis-à-vis d'un changement de l'intensité d'illumination que les coordonnées RVB [57].

Même s'il est très utilisé en pratique dans les dispositifs numériques couleur, l'espace RVB présente pourtant quelques inconvénients [57] :

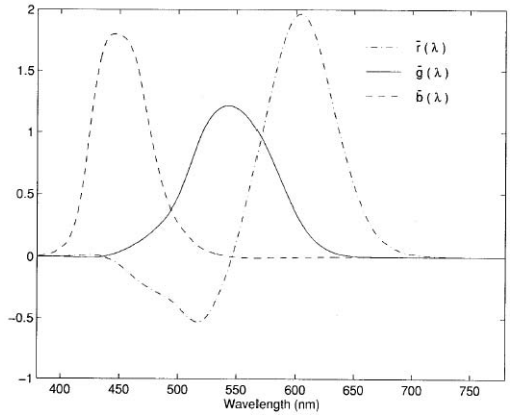
- Très haute corrélation entre ses composantes (de l'ordre de 0.78 pour les composantes B et R, 0.98 pour R et V, et 0.94 pour V et B) dans des applications impliquant des images naturelles.
- Manque d'intuitivité : il est difficile de se représenter une couleur avec ses composantes (R, V, B)
- Non uniformité : il est impossible d'évaluer les différences perçues entre les couleurs en se basant sur les distances dans l'espace RVB.

2.3.3 L'espace XYZ

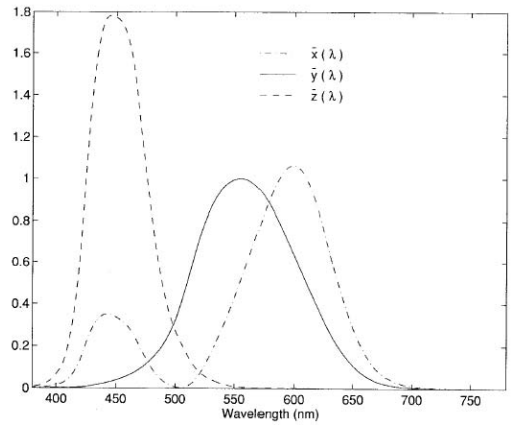
Une transformation linéaire des fonctions $\bar{r}(\lambda)$, $\bar{g}(\lambda)$ et $\bar{b}(\lambda)$ permet d'éviter les coefficients négatifs. Les nouvelles fonctions résultantes sont notées $\bar{x}(\lambda)$, $\bar{y}(\lambda)$ et $\bar{z}(\lambda)$, figure 2.1(c). L'ob-



(a)



(b)



(c)

FIG. 2.1 – Diagrammes standard CIE [253] : (a) $S(\lambda)$ des illuminants A, D_{65} et D_{50}. (b) Fonctions $\bar{r}(\lambda)$, $\bar{g}(\lambda)$ et $\bar{b}(\lambda)$. (c) Fonctions $\bar{x}(\lambda)$, $\bar{y}(\lambda)$ et $\bar{z}(\lambda)$.

servateur de la CIE défini par les fonctions $\bar{x}(\lambda)$, $\bar{y}(\lambda)$ et $\bar{z}(\lambda)$ standardise la perception humaine. Comme nous l'avons vu, plusieurs illuminants sont aussi standardisés en donnant leur $S(\lambda)$. De plus, la CIE a standardisé les conditions d'observation pour mesurer la réflectance $R(\lambda)$ caractérisant une surface. Donc, la couleur peut être complètement spécifiée par le triplet (X, Y, Z) appelé tri-stimulus (ou composantes trichromatiques). Le tri-stimulus est calculé en intégrant les produits des fonctions des trois composantes sur le spectre visible :

$$X = k \int S(\lambda)R(\lambda)\bar{x}(\lambda)d\lambda; \;\; Y = k \int S(\lambda)R(\lambda)\bar{y}(\lambda)d\lambda; \;\; Z = k \int S(\lambda)R(\lambda)\bar{z}(\lambda)d\lambda;$$

la constante k est choisie pour avoir $Y = 100$ pour le réflecteur parfait (ou pour le blanc de référence).

Diagramme de chromaticité

La couleur exprimée dans le système de la CIE est habituellement représentée sur un diagramme de chromaticité, figure 2.2(a), où les coordonnées de chromaticité sont données par :

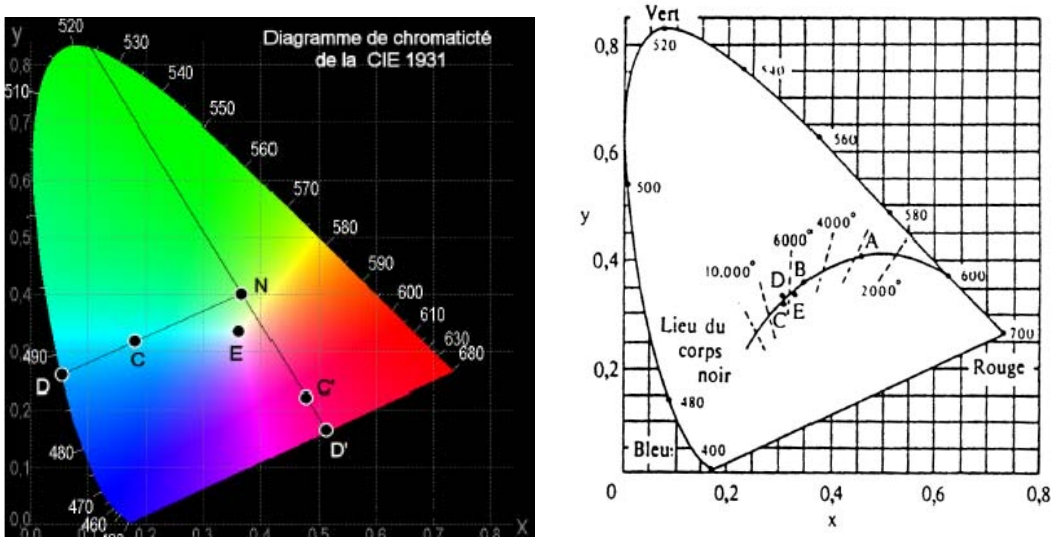
$$x = \frac{X}{X+Y+Z}; \;\; y = \frac{Y}{X+Y+Z}; \;\; z = \frac{Z}{X+Y+Z} = 1 - x - y; \tag{2.2}$$

La région de toutes les couleurs perceptibles est limitée par le locus (en forme de fer à cheval) des couleurs spectrales monochromatiques pures (le locus du spectre est appelé également lieu spectral), avec une droite reliant les coordonnées de chromaticité des extrémités rouge et bleue, appelée la ligne des pourpres ou violets. Les blancs se trouvent près du centre de la figure et vers la périphérie, les couleurs sont plus saturées. Une couleur est souvent représentée par x, y et Y. La valeur Y est une approximation de la luminance, c'est-à-dire que plus une couleur est claire plus son Y est élevé. La CIE recommande la longueur d'onde dominante et la pureté d'excitation pour avoir une correspondance avec les attributs teinte et saturation. Considérons la figure 2.2(a), une surface de couleur C est visualisée sous un illuminant N, la droite qui part de N et passe par C coupe le locus spectral au point D, définissant la longueur d'onde dominante. La pureté d'excitation est calculée en divisant NC par ND, une valeur proche de 1 indique une couleur très saturée. Pour les couleurs proches de la ligne des violets comme la couleur C', la ligne NC' ne coupe pas le locus spectral. Dans ce cas, il faut prolonger la droite dans la direction opposée afin qu'elle coupe le locus à la longueur d'onde complémentaire. La pureté d'excitation est calculée en divisant NC' par ND' [57].

Transformation entre les systèmes RVB et XYZ

Les valeurs tri-stimulus XYZ sont reliées aux tri-stimulus RVB (CIERVB pour être plus précis) par une transformation linéaire :

$$\begin{bmatrix} X \\ Y \\ Z \end{bmatrix} = A \begin{bmatrix} R \\ V \\ B \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_R & X_V & X_B \\ Y_R & Y_V & Y_B \\ Z_R & Z_V & Z_B \end{bmatrix} \begin{bmatrix} R \\ V \\ B \end{bmatrix}. \tag{2.3}$$



(a) (b)

FIG. 2.2 – Diagramme de chromaticité de la CIE : (a) Représentation couleur du diagramme xy avec quelques points pour illustrer le calcul de la longueur d'onde dominante et la pureté d'excitation [57]. (b) Représentation du diagramme xy avec les illuminants CIE [273].

Une transformation inverse permettra le passage de XYZ à RVB :

$$\begin{bmatrix} R \\ V \\ B \end{bmatrix} = A^{-1} \begin{bmatrix} X \\ Y \\ Z \end{bmatrix}. \tag{2.4}$$

Pour pouvoir spécifier complètement la transformation A, les coordonnées des stimili primaires et le blanc de référence (couleur obtenue quand les valeurs de R, V et B sont maximales) doivent être connus. Dans la figure 2.2(b) sont représentés les illuminants standard de la CIE sur le diagramme chromatique. Les coordonnées des points blancs les plus utilisées sont données dans le tableau 2.1(a). En imagerie la valeur recommandée par l'ITU (ITU-R 709 [130]) pour un point blanc D_{65} est très utilisée. Ce standard pour la télévision à haute définition (HDTV) est très proche des valeurs des écrans d'ordinateurs. Les coordonnées de chromaticité des tri-stimuli pour CIERVB et ITU-R 709 sont données dans le tableau 2.1(b).

A partir des valeurs des recommandations CIE et ITU, il est possible d'obtenir les matrices de transformation (voir dans [109] le développement mathématique à suivre pour obtenir ces matrices). Nous nous limiterons ici à fournir les matrices de conversion de RVB à XYZ pour les illuminants CIE-A et ITU-R709-D_{65} :

$$A_{CIE-A} = \begin{bmatrix} 0.761 & 0.295 & 0.042 \\ 0.392 & 0.591 & 0.017 \\ 0.036 & 0.098 & 0.222 \end{bmatrix}; \quad A_{ITU-R709} = \begin{bmatrix} 0.412 & 0.357 & 0.180 \\ 0.213 & 0.715 & 0.072 \\ 0.019 & 0.119 & 0.950 \end{bmatrix}. \tag{2.5}$$

Les transformations de XYZ vers RVB sont :

	x	y	z
CIE-A	0.447	0.407	0.145
CIE-B	0.348	0.352	0.293
CIE-C	0.310	0.316	0.373
ITU-R709-D_{65}	0.313	0.329	0.358

(a)

	x	y	z
R (CIE)	0.735	0.265	0.000
V (CIE)	0.274	0.717	0.009
B (CIE)	0.166	0.0.009	0.824
R (R709)	0.640	0.330	0.030
V (R709)	0.300	0.600	0.100
B (R709)	0.150	0.060	0.790

(b)

TAB. 2.1 – Transformation entre les systèmes RVB et XYZ : (a) Coordonnées de chromaticité de quelques illuminants CIE (CIE-A est une lampe à filament de tungstène, CIE-B est la lumière de soleil directe et CIE-C est la lumière de jour) et la référence de blanc ITU-R709-D_{65}. (b) Coordonnées de chromaticité des primaires RVB de la CIE et de l'ITU-R709-D_{65}.

$$A^{-1}_{CIE-A} = \begin{bmatrix} 1.755 & -0.832 & -0.268 \\ -1.171 & 2.268 & 0.048 \\ 0.232 & -0.867 & 4.527 \end{bmatrix}; \quad A^{-1}_{ITU-R709} = \begin{bmatrix} 3.240 & -1.537 & -0.498 \\ -0.969 & 1.876 & 0.041 \\ 0.056 & -0.204 & 1.057 \end{bmatrix}.$$

Le plus souvent l'espace XYZ est utilisé comme un espace intermédiaire pour le passage vers un espace couleur perceptuellement uniforme comme CIELAB.

2.3.4 L'espace L*a*b*

Le problème avec l'espace XYZ est son manque d'uniformité dans la perception à savoir que deux couleurs à la même distance d'une autre ne sont pas nécessairement perceptuellement équidistantes. Les espaces perceptuellement uniformes sont des espaces dans lesquels des différences de couleur reconnues comme égales pour l'œil correspondent à des distances Euclidiennes égales. Deux espaces sont recommandés par la CIE : CIELAB, noté également L*a*b* (pour la lumière réfléchie) et CIELUV, noté également L*u*v* (pour la lumière émise). Nous allons étudier brièvement ici l'espace L*a*b* [202].

L'espace L*a*b* est basé sur le modèle des couleurs opposées. La variable L* mesure la luminance (l'opposition noir-blanc) par une valeur entre 0 (noir) et 100 (blanc). La variable a* mesure l'opposition rouge-vert par une valeur entre -100 et +100, a* est donc positif si la couleur contient du rouge, négatif si la couleur contient du vert et nulle si elle ne contient aucun des deux. La variable b* mesure l'opposition jaune-bleu par une valeur entre -100 et +100, b* est positif si la couleur contient du jaune, négatif si la couleur contient du bleu et nulle si elle ne contient aucun des deux.

Transformation entre les systèmes XYZ et L*a*b*

Le système L*a*b* obtient les valeurs des composantes (L^*, a^*, b^*) à partir des valeurs XYZ de la couleur et d'un blanc de référence. Les équations de changement d'espace de XYZ

vers L*a*b* sont :

$$\begin{aligned} L^* &= \begin{cases} 116\left(\frac{Y}{Y_n}\right)^{1/3} - 16 & \text{si } \frac{Y}{Y_n} > 0.008856 \\ 903.3\left(\frac{Y}{Y_n}\right) & \text{si } \frac{Y}{Y_n} \leq 0.008856 \end{cases} \\ a^* &= 500\left[f\left(\frac{X}{X_n}\right) - f\left(\frac{Y}{Y_n}\right)\right] \\ b^* &= 200\left[f\left(\frac{Y}{Y_n}\right) - f\left(\frac{Z}{Z_n}\right)\right] \end{aligned} \tag{2.6}$$

où

$$f\left(\frac{\alpha}{\alpha_n}\right) = \begin{cases} \left(\frac{\alpha}{\alpha_n}\right)^{1/3} & \text{si } \frac{\alpha}{\alpha_n} > 0.008856 \\ 7.787\left(\frac{\alpha}{\alpha_n}\right) + \frac{16}{116} & \text{si } \frac{\alpha}{\alpha_n} \leq 0.008856 \end{cases}$$

Le symbole α représente X, Y où Z, étant les valeurs tri-stimuli de l'échantillon et X_n, Y_n et Z_n celles d'un blanc de référence spécifique qui peuvent être obtenues en mettant le point $(R, V, B) = (1, 1, 1)$ dans les matrices (2.5). Les valeurs obtenues pour le cas ITU-R 709-D_{65} sont :

$$X_n = 0.950; \;\; Y_n = 1.000; \;\; Z_n = 1.089.$$

Les équations pour le changement de L*a*b* vers XYZ sont :

$$\begin{aligned} Y &= \begin{cases} Y_n\left[\frac{L^*+16}{116}\right]^3 & \text{si } L^* > 7.9996 \\ Y_n\left[\frac{L^*}{903.3}\right] & \text{si } L^* \leq 7.9996 \end{cases} \\ X &= X_n\left[\left(\frac{Y}{Y_n}\right)^{1/3} + \frac{a^*}{500}\right]^3 \\ Z &= Z_n\left[\left(\frac{X}{X_n}\right)^{1/3} - \frac{b^*}{200}\right]^3 \end{aligned} \tag{2.7}$$

Une teinte et une chroma (notion similaire à la saturation) sont aussi définies en convertissant les axes a^* et b^* en coordonnées polaires (représentation cylindrique) qui constituent avec la luminance L^* des attributs perceptuels de la couleur. La chroma C^* et la teinte h^* (valeur angulaire avec une périodicité de 360°) sont données par les équations :

$$\begin{aligned} C^* &= \sqrt{(a^*)^2 + (b^*)^2}, \\ h^* &= \arctan\left(\frac{b^*}{a^*}\right). \end{aligned} \tag{2.8}$$

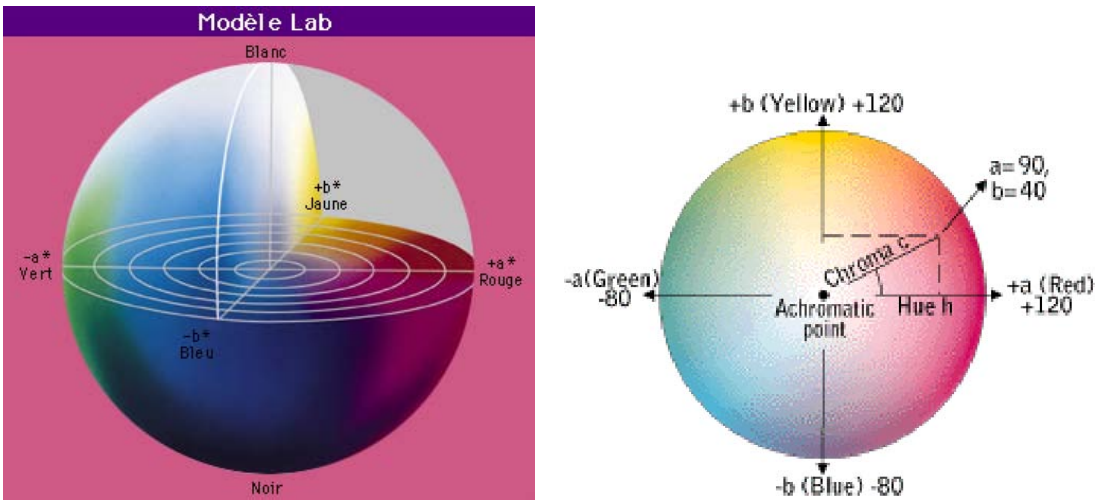
La différence perceptuelle entre deux couleurs $\mathbf{c}_1$ et $\mathbf{c}_2$, dont chacune est représentée par ses coordonnées $\mathbf{c} = (L^*, a^*, b^*)$, est donnée par leur distance Euclidienne, i.e.

$$\Delta E^*_{Lab} = \sqrt{(L^*_1 - L^*_2)^2 + (a^*_1 - a^*_2)^2 + (b^*_1 - b^*_2)^2}. \tag{2.9}$$

La différence de couleur pour la représentation cylindrique peut être calculée en utilisant l'équation suivante :

$$\Delta E^*_{Lab} = \sqrt{(L^*_1 - L^*_2)^2 + C^*_1 + C^*_2 - 2C^*_1 C^*_2 \cos(h^*_1 - h^*_2)}. \tag{2.10}$$

Les propriétés perceptuelles de l'espace L*a*b* ont été largement étudiées [159, 160]. En effet, l'uniformité perceptuelle implique que si pour deux couleurs la distance ΔE^*_{Lab} est



(a) (b)

FIG. 2.3 – (a) Représentation spatiale du modèle L*a*b* (source : *www.erag.fr/MAC/Base.htm*). (b) Représentation spatiale des coordonées polaires de la chrominance du modèle L*a*b* (source : *www.linocolor.com/colorman/sp_ciela_2.htm*).

petite, les couleurs sont visuellement similaires. Une valeur $\Delta E^*_{Lab} \simeq 2.3$ correspond à une différence de couleur à peine perceptible.

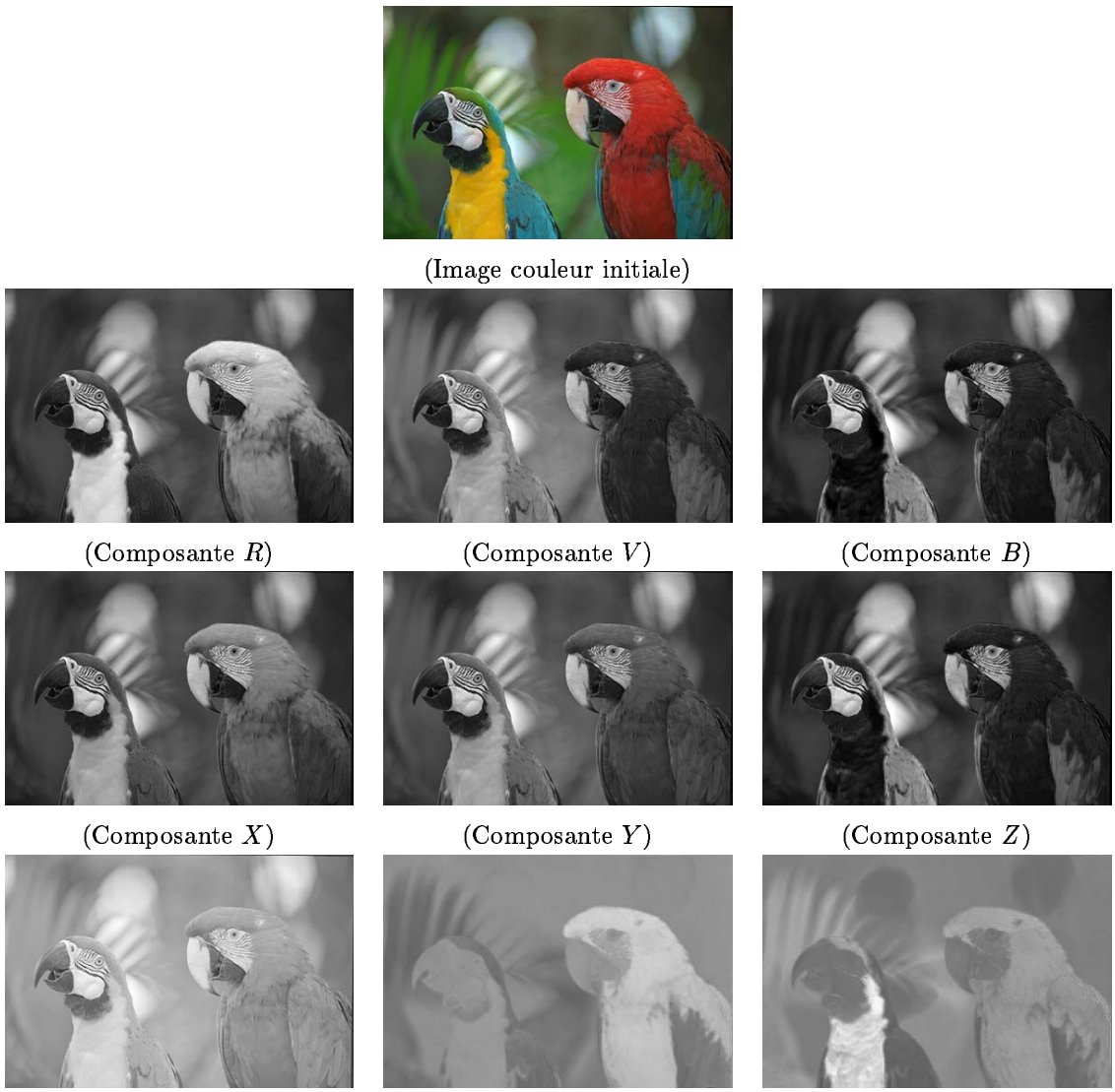
Sa représentation spatiale 3D est donnée par une sphère, figure 2.3. Le point achromatique est au centre du repère. Les valeurs 0 et 100 du L* représentent le noir et le blanc de référence respectivement. Les valeurs a* et b* représentent donc les attributs rouge-vert et jaune-bleu respectivement.

Des études ont été faites pour examiner les distributions des composantes et la forme de la gamme des couleurs dans l'espace L*a*b* [209] [109].

L'espace L*a*b* en traitement d'image

La figure 2.4 montre un exemple d'image couleur avec les composantes (R, G, B) et après l'usage des transformations présentées, les composantes (X, Y, Z) et (L^*, a^*, b^*). Etant donné qu'après acquisition de l'image, on n'a ni l'information sur les couleurs primaires qui caractérisent l'appareil d'acquisition ni la référence de blanc qui caractérise l'éclairage de la scène, il a été nécessaire de choisir une transformation selon des critères non-calibrés. De la même manière que [109], pour toutes les transformations utilisées dans cette thèse, nous avons appliqué la référence de blanc et les couleurs primaires ITU-R 709-D_{65}. Il est possible d'utiliser des techniques plus ou moins précises pour estimer la référence de blanc à partir de l'image acquise [218], néanmoins ceci est le principal inconvénient dans l'utilisation de l'espace L*a*b* en traitement d'image.

Malgré cette imprécision, les espaces couleur perceptuellement uniformes dotés donc d'une distance Euclidienne sont particulièrement utiles en segmentation d'images couleur de scènes naturelles, en les utilisant pour des techniques de clustering [271] [55] ou pour définir un gra-



(Image couleur initiale)

(Composante R) (Composante V) (Composante B)

(Composante X) (Composante Y) (Composante Z)

(Composante L^*) (Composante a^*) (Composante b^*)

FIG. 2.4 – Exemple d'image couleur ("perroquets") avec les composantes correspondantes dans les espaces RGB, XYZ et L*a*b*.

dient à combiner avec la méthode morphologique de la LPE [218]. Des applications d'indexation et appariement des couleurs d'objets dans l'espace L*a*b* ont été aussi développées [105]. En ce qui concerne le traitement, il faut citer notamment la proposition d'une morphologie mathématique couleur dans cet espace [113].

2.3.5 L'avenir selon la CIE

La CIE envisage de proposer une spécification colorimétrique LMS fondée sur les signaux initialisés dans les trois familles de cônes. D'autre part, il y a aussi en cours la proposition d'un espace S-CIELAB pour donner une mesure des différences de couleur pour des images structurées : plus la structure spatiale devient fine plus les différences de couleur deviennent difficiles à percevoir [211]. Enfin, citons le CIECAM97s [65], un modèle d'apparence colorée empirique, qui relie la spécification colorimétrique d'un échantillon à la sensation colorée procurée à l'observateur dans différents contextes (dans un esprit tonalité, clarté ou luminosité et chroma ou niveau de coloration). Voir le cours [284].

2.4 Conclusions

Le choix des espaces de représentation de la couleur et tout particulièrement des espaces adaptés au traitement des images reste très ouvert et surtout très délicat.

L'objectif que nous nous sommes donné dans ce chapitre était de présenter quelques notions de base pour introduire le lecteur dans la problématique de la représentation des images numériques couleur. Le cadre de travail étant posé, nous procédons dans le chapitre suivant à l'étude d'une représentation couleur en coordonnées polaires type luminance, saturation et teinte.

Chapitre 3

Représentations couleur luminance, saturation et teinte

3.1 Introduction

Avant de pouvoir aborder l'extension de certains opérateurs morphologiques pour le filtrage et la segmentation d'images couleur, nous devons affronter le problème non-trivial de la représentation des images couleur.

Notre but est de trouver une représentation, donc un modèle, de la couleur valable pour travailler avec les images numériques. Un nombre considérable de représentations électroniques et informatiques de la couleur ont en effet été définis depuis quelques dizaines d'années, sans qu'aucune ne puisse être considéré comme le meilleur espace. Des états de l'art classiques peuvent aider à comprendre cette multiplicité [213] [144] [254] [212]. Historiquement, ces représentations ont été le plus souvent développées selon deux perspectives différentes. D'une part, il y a les espaces imposés par les contraintes de telle ou telle technologie : dispositif d'acquisition, précision de calcul, moyen de transmission du signal, etc. Dans l'étude [247], Serra constate par exemple que le système RVB des ordinateurs et tubes de télévision, qui n'est pas bien adapté à la transmission hertzienne, se voit remplacé par le triplet YUV pour les standards de télévision européen (ou YIQ si l'on habite aux Etats-Unis). Mais comme la perception humaine est moins sensible aux modes cartésiens comme RVB ou YUV qu'aux représentations en cordonnées polaires type luminance, teinte et saturation, ces derniers sont utilisés pour le réglage des postes de télévision ou des moniteurs des ordinateurs. Au total, on utilise trois représentations différentes dans la chaîne de traitement. Ce type de contraintes technologiques n'a plus raison d'être lorsque le but est le traitement d'images couleur, de plus ces espaces conçus pour des applications graphiques ne conviennent pas aux traitements quantitatifs. Ainsi, beaucoup d'autres espaces ont été proposés pour le traitement des images en général ou dans le cadre d'une application particulière.

Bien sûr, il est à présent couramment admis qu'il n'existe pas un seul espace adapté à tous les domaines ou à toutes les applications. Nous allons cependant montrer que le choix

d'une bonne représentation n'est pas seulement un exercice académique mais une condition d'importance fondamentale pour permettre de solutionner certains problèmes complexes.

Dans le chapitre précédent, nous avons abordé la couleur du point de vue de la colorimétrie. Nous nous proposons maintenant de suivre une démarche complètement différente : le triplet luminance, saturation et teinte est très proche de la vision cérébrale, donc plus intuitif. Nous allons donc travailler dans un cadre géométrique pour, à partir du cube RVB, trouver des représentations en coordonnées polaires qui soient adaptées au traitement d'image.

Nous allons ensuite illustrer l'intérêt pratique de cette dernière approche en utilisant les histogrammes bi-dimensionnels luminance/saturation et teinte/saturation pour segmenter les images couleur et pour extraire des reflets, zones d'ombre et dégradés sur les images couleur.

Enfin, quelques exemples de la couleur dans l'imagerie en microscopie biomédicale vont nous aider à tirer des considérations pratiques sur ce domaine particulier.

Procédons à présent à l'exposé de ces idées.

3.2 Espaces en coordonnées polaires

Bien que les modèles proposés par la CIE soient communément utilisés, il est plus facile et intuitif d'utiliser les termes de teinte, de saturation et de luminance pour décrire une couleur et donc travailler dans un système 3D en coordonnées polaires. Plus précisément,

- La teinte (ou Hue en anglais), H, est la sensation selon laquelle une zone apparaît similaire à une des couleurs perçues. C'est un paramètre angulaire et normalement l'origine 0^o est assignée au rouge : $H \in [0^o, 360^o] \equiv [0, 2\pi]$.
- La saturation, S, est la proportion de couleur par rapport à la luminance, ou mathématiquement, une mesure de la distance de la couleur à l'axe achromatique. Les couleurs pures sont les plus saturées. Normalement, elle est évaluée entre 0 et 1 : $S \in [0, 1]$.
- Enfin la luminance ou clarté ou brillance, L, est la sensation selon laquelle une zone émet plus ou moins de lumière. On peut donner plusieurs définitions mathématiques à partir de l'idée que la luminance est l'intensité lumineuse (en tenant compte de l'intensité radiante et de la sensibilité spectrale de l'œil humain) par surface unitaire. On peut aussi partir d'un modèle géométrique pour définir la luminance comme la norme d'un certain vecteur dans l'espace. Comme pour la saturation, ses valeurs sont normalisées entre 0 et 1 : $L \in [0, 1]$.

En ce qui concerne ce type d'espaces couleur, il faut citer ici notamment la contribution pionnière de Munsell [194] et les variations et améliorations successives [99] [152] [53].

Nous allons partir maintenant de la donne de RVB considérée comme première, c'est-à-dire que nous ne nous interrogeons pas sur sa pertinence à représenter l'espace physique, avec ses illuminants, ses objets, leurs réflectances et leurs absorptions. Nous consacrons cette section à synthétiser une série de travaux de Hanbury [114] et Serra [246] qui ont abouti à une étude assez concluante [115]. Les autres sections du chapitre présentent notre contribution à cette thematique.

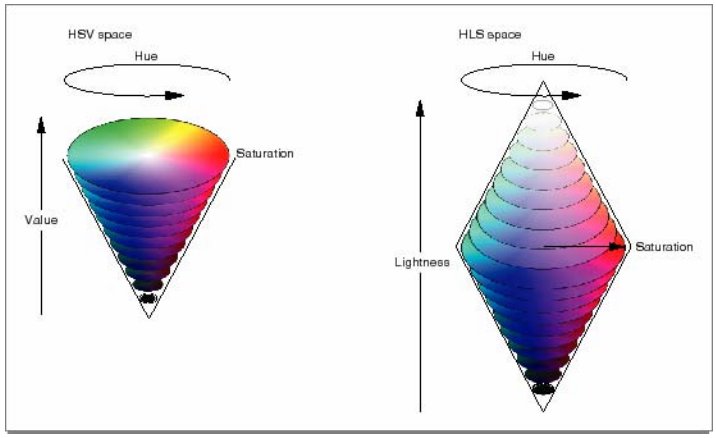


FIG. 3.1 – Représentation spatiale des modèles HSV (cône) et HLS (double cône) (source : *escience.anu.edu.au/lecture/cg/Color/printCG.en.html*).

3.2.1 Les espaces HSV et HLS et leurs incohérences

Dans tout ce qui suit, nous allons utiliser une notation différente pour les axes, en majuscules (RVB, HLS, etc.), et pour les coordonnées des points, en minuscules : $r, g, b, h, l, s, \cdots$. Les deux espaces "teinte, luminance, saturation" les plus classiques se nomment HSV et HLS et leurs équations en fonction de RVB (des expression inversibles) s'apparentent à un changement de coordonnées cartésien-polaire [254].

Le système HSV est défini par les équations suivantes :

$$h_{HSV} = \begin{cases} \frac{g-b}{(\max(r,g,b)-\min(r,g,b))} & \text{si } r = \max(r,g,b) \\ \frac{b-r}{(\max(r,g,b)-\min(r,g,b))} + 2 & \text{si } g = \max(r,g,b) \\ \frac{r-g}{(\max(r,g,b)-\min(r,g,b))} + 4 & \text{si } b = \max(r,g,b) \end{cases}$$

$$s_{HSV} = \frac{\max(r,g,b)-\min(r,g,b)}{\max(r,g,b)} \tag{3.1}$$

$$v_{HSV} = \max(r,g,b)$$

Dans ce système, r, g et b varient de 0 à 1 et il en va de même pour v_{HSV} et s_{HSV}, alors que h_{HSV} varie entre -1 et 5. Mais h_{HSV}, approximation d'un angle, est une coordonnée curviligne du cercle unité définie à 2π près. Il faut la décaler et la multiplier comme il se doit pour la placer dans son domaine de variation, typiquement en traitement d'image $[0, 255]$. Le zéro de h_{HSV} correspond à la teinte du vecteur purement rouge. On retrouve quelques indéterminations : quand v_{HSV} vaut zéro, alors s_{HSV} est indéterminé, et quand s_{HSV} vaut zéro, alors h_{HSV} est à son tour indéterminé.

Le système HLS, dérivé du précédent, se définit par les équations suivantes :

$$
\begin{aligned}
h_{HLS} &= \begin{cases} \frac{g-b}{(\max(r,g,b)-\min(r,g,b))} & \text{si } r = \max(r,g,b) \\ \frac{b-r}{(\max(r,g,b)-\min(r,g,b))} + 2 & \text{si } g = \max(r,g,b) \\ \frac{r-g}{(\max(r,g,b)-\min(r,g,b))} + 4 & \text{si } b = \max(r,g,b) \end{cases} \\
l_{HLS} &= \frac{\max(r,g,b)+\min(r,g,b)}{2} \\
s_{HLS} &= \begin{cases} \frac{\max(r,g,b)-\min(r,g,b)}{\max(r,g,b)+\min(r,g,b)} & \text{si } l_{HLS} \leq 0.5 \\ \frac{\max(r,g,b)-\min(r,g,b)}{2-\max(r,g,b)-\min(r,g,b)} & \text{si } l_{HLS} > 0.5 \end{cases}
\end{aligned}
\tag{3.2}
$$

L'interprétation géométrique classique des systèmes HSV et HLS sont connues comme hexa-cône et double-hexa-cône respectivement. En effet, si l'on prend pour axe vertical la diagonale du cube unité RVB, celui-ci ressemble, grosso modo, à deux pyramides hexagonales accolées par la base. C'est cette forme qui simulent les deux schémas de la figure 3.1. Or, avec ces pyramides beaucoup de coordonnées cessent d'être. Quant la luminance tend vers zéro sur l'axe V, on ne peut pas trouver une grande saturation, de même sur l'axe L pour les valeurs proches du zéro ou proche du un. Pour éviter de sortir du domaine de définition des variables, on doit vérifier la validité de toutes les opérations que l'on effectue. C'est pour éviter d'avoir à le faire en permanence que l'on a transformé le cône en cylindre, en divisant d'une certaine façon la saturation par la luminance. Cette question était importante pendant les années 70's lorsque les ordinateurs personnels sont apparus et avec, les programmes graphiques [256]. De cette manière, Hanbury [109] a pu constater que les schémas classiques de la figure 3.1 ne correspondent pas aux équations (3.1) et (3.2). Ceci a des implications importantes lorsqu'on cherche à fixer un seuil dans la saturation, i.e. dans les espaces cylindriques, le seuil constant de saturation est donné par une hyperbole [77].

Hanbury [109] a obtenu aussi les formules de passage des saturations cylindriques vers leurs versions coniques, les voici :

$$
\begin{aligned}
s_{HSV}^{con} &= s_{HSV} v_{HSV}, \\
s_{HLS}^{con} &= s_{HLS} \left[1 - 2 \left| \tfrac{1}{2} - l_{HLS} \right| \right]
\end{aligned}
\tag{3.3}
$$

Au plan de la signification pratique, l'usage de la saturation cylindrique des équations (3.1) et (3.2) revient à introduire des erreurs qui empêcheraient une bonne séparation des régions chromatiques et achromatiques. La figure 3.2 montre l'image couleur "carmen" avec ses composantes dans les espaces HSV et HLS. Si l'on regarde les saturations, dans les deux apparaissent comme saturés des pixels qui valent presque $(R, V, B) = (1, 1, 1)$ ou $(0, 0, 0)$ (pixels complètement achromatiques). Ces petites variations sont grandement amplifiées dans les saturations s_{HSV} et s_{HLS} du fait que dans ces expressions le dénominateur tend alors vers 0. D'autre part, on constate une instabilité totale de la saturation dans des régions quasi-homogènes. Toutes ces taches parasites disparaissent dans les saturations coniques.

FIG. 3.2 – Exemple de représentation d'une image couleur ("carmen") dans les espaces HSV et HLS, les deux saturations coniques et la différence entre ces deux saturations corrigées.

3.2.2 Les trois prérequis

Etant donné que nous allons considérer l'espace RVB modélisé par l'espace euclidien $\mathbf{R}^3$, avec ses projections, son orthogonalité, etc. il faut d'abord distinguer clairement ce que la notion d'espace vectoriel, celle de norme et celle d'indépendance apportent à la représentation des images en couleur.

La notion d'espace vectoriel identifie le point courant $\mathbf{c} = (r, g, b)$ au vecteur $\overrightarrow{oc}$. Elle définit la somme de plusieurs vecteurs comme étant le vecteur de composantes sommes des composantes élémentaires ; et le produit d'un vecteur par un scalaire en multipliant toutes les composantes de ce vecteur par le scalaire. A noter que ces deux opérations transforment des vecteurs en vecteurs et non pas des vecteurs en nombres. On montre de plus que tout vecteur admet une décomposition unique selon chaque système d'axes.

Quand on part du cube rouge, vert et bleu $[0,1] \times [0,1] \times [0,1]$, la version polaire de cet espace est formée de la diagonale principale du cube, qui va de l'origine au point $(1,1,1)$, et qu'on appelle "axe des gris" ou "axe achromatique", et du plan qui lui est perpendiculaire à l'origine ou "plan chromatique". Un point de l'image couleur est un vecteur $\mathbf{c}$ de projections $\mathbf{c}_d$ sur l'axe achromatique et $\mathbf{c}_p$ dans le plan chromatique :

$$\mathbf{c} = \mathbf{c}_d + \mathbf{c}_p \tag{3.4}$$

L'angle de $\mathbf{c}_p$ par rapport à la projection du vecteur rouge définit la *teinte* h du point $\mathbf{c}$.

Une norme associe à tout vecteur un paramètre, disons α, positif ou nul qui augmente quand le point $\mathbf{c}$ s'écarte de l'origine, i.e. $\alpha(\lambda\mathbf{c}) = \lambda\alpha(\mathbf{c}), \lambda \geq 0$. De plus la norme relie l'addition au sens des vecteurs à celle au sens des nombres par l'inégalité triangulaire : $\alpha(\mathbf{c} + \mathbf{c}') \leq \alpha(\mathbf{c}) + \alpha(\mathbf{c}')$, qui dit que la norme du vecteur moyen entre $\mathbf{c}$ et $\mathbf{c}'$ ne saurait être plus grande que la moyenne des normes de $\mathbf{c}$ et $\mathbf{c}'$. Enfin, il est équivalent de dire que le vecteur $\mathbf{c}$ est nul ou que sa norme l'est. Quand cette dernière condition n'est pas remplie, on parle de semi-norme seulement. Deux projections chromatiques grandes mais opposées représentent deux couleurs très saturées, alors que la somme vectorielle de ces deux couleurs est achromatique. Il est donc sage que le paramètre de luminance associé à cette somme ne soit pas supérieur à celui des couleurs de départ.

En résumé, pour les besoins de la quantification, il est impératif que :

1. les paramètres d'intensité associés aux vecteurs $\mathbf{c}$ et $\mathbf{c}_p$ soient des *normes* ;
2. si deux points distincts $\mathbf{c}$ et $\mathbf{c}'$ se projettent au même point $\mathbf{c}_p$ du plan chromatique, ils aient même norme chromatique (i.e. même saturation).

Lorsqu'on n'impose pas le premier impératif, on aboutit vite à des surbrillances et à des saturations parasites totalement incongrues, tel qu'on a montré dans l'exemple des espaces HLS et HSV, et qui retirent toute signification aux moyennes, médianes, etc. Quant au second, si on ne l'applique pas, on ne peut plus traiter luminance et saturation comme deux variables indépendantes : tout se mélange, et par exemple, tel qu'on va le montrer, les histogrammes luminance/saturation deviennent trop confus pour qu'on puisse extraire quelque information que ce soit.

Il est facile de voir que ni HLS ni HSV ne vérifient les deux impératifs de quantification que nous nous sommes donnés. Dans HLS, ni la luminance ni la saturation ne sont des normes, et en plus il n'y pas d'indépendance entre l'axe achromatique et le plan chromatique (voir les contre-exemples donnés dans [115]).

Il faut trouver autre chose, et les trois premières pistes qui viennent à l'esprit sont les normes L_2, L_1 et la semi-norme $\delta = \max - \min$. La norme L_2 est celle de l'espace euclidien, avec les longueurs usuelles et le théorème de Pythagore pour relier la norme de $\mathbf{c}$ à celles de ses projections $\mathbf{c}_p$ et $\mathbf{c}_d$, relation (3.4). Mais elle oblige à manipuler sans arrêt des racines carrées et des arrondis (affectant la précision car les paramètres finaux doivent être des entiers non négatifs de 8 bits), ce qui pousse souvent à la remplacer par la norme L_1, celle de la valeur absolue. La quantité $\max - \min$ associée à la saturation permet une amélioration de l'espace HLS.

En plus des deux préréquis que nous avons dégagés, il convient d'introduire une troisième contrainte, moins fondamentale et suggérée par la pratique : tout système de représentation des images en couleur doit être réversible par rapport au standard RVB.

3.2.3 L'espace géométrique de travail

Nous partons ici de l'hypothèse que pour définir la teinte, les trois couleurs de la base RVB ont autant d'importance, et que par conséquent, la grande diagonale du cube unité est l'*axe achromatique*. L'information chromatique est alors entièrement portée par le *plan chromatique* perpendiculaire à cet axe à l'origine. Pour une meilleure lisibilité, tous les vecteurs projetés sur le plan chromatique sont affectés de l'indice p. Un point $\mathbf{c}$ projeté sur le plan chromatique a les coordonnées suivantes :

$$\mathbf{c}_p = \left[\frac{(2r-g-b)}{3}, \frac{(2g-b-r)}{3}, \frac{(2b-r-g)}{3}\right].$$

Ainsi, $\mathbf{r}_p$ représente la projection du vecteur rouge pur $(\sqrt{2}, 0, 0)$ et $\mathbf{g}_p$ celle du vert pur $(0, \sqrt{2}, 0)$. Les coordonnées de ces vecteurs, exprimées dans la base (r, g, b) sont :

$$\mathbf{r}_p = (2/3, -1/3, -1/3) \ \textit{et} \ \mathbf{g}_p = (-1/3, 2/3, -1/3).$$

Equipons le plan chromatique de coordonnées polaires, en prenant le vecteur $\mathbf{r}_p$ pour origine des angles θ. Tout point (i.e. tout vecteur) $\mathbf{c}$ du cube unité s'exprime de manière équivalente par ses coordonnées cartésiennes (r, g, b) ou spatio-polaires $(\|\mathbf{c}_d\|, \|\mathbf{c}_p\|, \theta)$.

Toutefois, cette équivalence ne conduit pas aux mêmes équations selon qu'on utilise la norme L_2 (i.e. $\|\mathbf{c}\|^2 = \|r\|^2 + \|g\|^2 + \|b\|^2$) ou la norme L_1 (i.e. $|\mathbf{c}|^2 = |r|^2 + |g|^2 + |b|^2$). Les différences sont suffisamment considérables pour étudier plus précisément les avantages et les inconvénients des deux approches.

3.2.4 Cadre de la norme L_2

En norme L_2, les formules de passage à partir de l'espace RGB s'établissent facilement. Appelons m_2 et s_2 les normes réduites à $[0, 1]$ de la projection sur l'axe achromatique et sur

le plan chromatique, et h_2 l'angle θ, réduit lui aussi. Le calcul de θ dérive du produit scalaire des vecteurs $\mathbf{c}_p$ et $\mathbf{r}_p$. On peut obtenir les équations suivantes [115] :

$$\begin{aligned} m_2 &= \tfrac{1}{\sqrt{3}}\left[r^2+g^2+b^2\right]^{1/2} \\ s_2 &= \tfrac{3}{2}\left[(2r-g-b)^2+(2g-b-r)^2+(2b-g-r)^2\right]^{1/2} \\ h_2 &= \arccos\left[\tfrac{\mathbf{c}_p\cdot\mathbf{r}_p}{\|\mathbf{c}_p\|\cdot\|\mathbf{r}_p\|}\right] = \arccos\left[\tfrac{r-g/2-b/2}{(r^2+g^2+b^2-rg-rb-gb)^{1/2}}\right] \end{aligned} \tag{3.5}$$

Les trois variables m_2, s_2 et h_2 s'expriment en fonction de r, g et b et varient entre 0 et 1. Mais malgré l'équivalence théorique des deux systèmes, le passage inverse n'est pas simple. C'est sans doute la raison pour laquelle on n'utilise pas le système m_2, s_2 et h_2 en pratique, alors qu'elles sont les plus cohérentes avec les traitements d'image qui font intervenir des distances euclidiennes (les filtres médians vectoriels par exemple). Toutefois, les traitements morphologiques, avec leurs sup et leurs inf semblent *a priori* mieux adaptés au cadre L_1, qui s'exprime lui aussi à l'aide d'opérateurs de min et de max.

3.2.5 Cadre de la norme L_1

La projection $\mathbf{c}_d$ du vecteur $\mathbf{c}$ sur l'axe achromatique a pour coordonnées sur les trois axes la même valeur $(r+g+b)/\sqrt{3}$. S'agissant de nombres r, g et $b \geq 0$, la norme L_1 du vecteur $\mathbf{c}_d$ n'est autre que la somme des trois composantes r, g et b. Comme de plus nous désirons conserver le domaine de variation $[0,1]$, nous prenons donc comme variable d'intensité lumineuse la moyenne arithmétique des trois couleurs de $\mathbf{c}$:

$$m_1 = \frac{1}{3}(r+b+g).$$

La saturation s_1 se définit comme étant proportionnelle à la norme L_1 du vecteur $\mathbf{c}_p$ à une constante multiplicative près, qui assure l'intervalle $[0,1]$:

$$s_1 = \frac{1}{4}\left[|2r-g-b|+|2g-b-r|+|2b-g-r|\right].$$

La saturation s_1 varie de 0 à 1 et vaut zéro seulement si $r=g=b$, c'est à dire si le point $\mathbf{c}$ est sur l'axe achromatique. Pour faire disparaître les valeurs absolues de la relation précédente, qui sont liées au choix de la norme L_1, il faut mettre en évidence le maximum, la médiane et le minimum de (r,g,b), qu'on notera max, min et *med*. Si on considère $1 \geq r \geq g \geq b \geq 0$, et après quelques développements [246], on trouve l'expression suivante :

$$s_1 = \begin{cases} \frac{1}{2}\left[(r-g)+(r-b)\right] = \frac{3}{2}(r-m_1) & \text{si } b+r \geq 2g \\ \frac{1}{2}\left[(r-b)+(g-b)\right] = \frac{3}{2}(m_1-b) & \text{si } b+r \leq 2g \end{cases}$$

La teinte θ, puisqu'elle est un angle, s'exprime de manière identique en norme L_1 ou L_2. Il est possible d'obtenir une expression simplifiée de la teinte en norme L_1. D'abord, Serra [246] est arrivé à l'expression

$$\varphi = \frac{1}{2} - \frac{b+r-2g}{rs_1},$$

avec les équivalences suivantes :

$$b+r-2g \geq 2g \Leftrightarrow 0 \leq \varphi \leq \frac{1}{2} \ ; \ b+r-2g \leq 2g \Leftrightarrow \frac{1}{2} \leq \varphi \leq 1.$$

Reste à étudier le cas où le vecteur couleur se trouve sur l'axe achromatique (i.e. $r = g = b$). L'équation de φ n'a plus de sens, puisqu'on y introduit une division par zéro, et doit être remplacée par $s_1(1-2\varphi) = b+r-2g$, qui montre que φ est indéterminé. Cela ne veut pas dire qu'on n'arrive pas à trouver la couleur de $\mathbf{c}$, mais que l'intensité chromatique $s_1(1-2\varphi)$ est nulle. L'espace du cube RVB est divisé en six secteurs délimités par les six plans contenant l'axe achromatique d'une part et d'autre part l'un des trois axes R, V ou B et l'une des diagonales des carrés dans $r = 0$, $g = 0$ ou $b = 0$. On passe d'un secteur à un autre en rajoutant à φ la quantité

$$\lambda(\mathbf{c}) = \begin{cases} 0 & \text{si } r > g \geq b \\ 1 & \text{si } g \geq r > b \\ 2 & \text{si } g > b \geq r \\ 3 & \text{si } b \geq g > r \\ 4 & \text{si } b > r \geq g \\ 5 & \text{si } r \geq b > g \end{cases}$$

Par continuité, les $\geq$ ou $>$ sont équivalents. La teinte est alors approximée par la relation

$$h_1 = (\lambda + \varphi)k,$$

de même structure que dans le système HLS. Le coefficient k détermine l'unité de travail ; il vaut 60 si l'on s'exprime en degrés. En imagerie numérique, où les couleurs sont définies sur 3×8 bits, la première idée est de réserver 8 bits à la teinte. On pourrait aussi mesurer celle-ci sur 252 niveaux, ce qui revient à prendre $k = 42$ et de travailler avec des entiers [246].

En résumé, les résultats précédents conduisent aux formules de passage $(r, g, b) \rightarrow (m_1, s_1, h_1)$, en ré-exprimant en termes de max, min et med :

$$m_1 = \tfrac{1}{3}\,(\max + med + \min)$$

$$s_1 = \begin{cases} \frac{3}{2}(\max - m_1) & \text{si } \max + \min \geq 2med \\ \frac{3}{2}(m_1 - \min) & \text{si } \max + \min \leq 2med \end{cases} \tag{3.6}$$

$$h_1 = k\left[\lambda + \tfrac{1}{2} - (-1)^{\lambda}\tfrac{3}{2}\tfrac{m_1 - med}{s_1}\right]$$

valable pour r, g et b définis sur 8 bits. Pour le passage inverse, la valeur de h_1 détermine, via λ, l'ordre entre r, g et b et la valeur de $k\varphi$. Selon que cette dernière est $\leq k\varphi$ ou $\geq k\varphi$ on prendra l'un des deux systèmes

$$\begin{aligned} r &= m_1 + \tfrac{2}{3}s_1 \\ g &= m_1 - \tfrac{1}{3}s_1 + \tfrac{2}{3}s_1 k\varphi \\ b &= m_1 - \tfrac{1}{3}s_1 - \tfrac{2}{3}s_1 k\varphi \end{aligned} \ ,$$

ou

$$\begin{aligned} r = &\quad m_1 + s_1 - \tfrac{2}{3}s_1 k\varphi \\ g = &\quad m_1 - \tfrac{1}{3}s_1 + \tfrac{2}{3}s_1 k\varphi \ , \\ b = &\quad m_1 - \tfrac{2}{3}s_1 \end{aligned}$$

respectivement, remplaçant r, g et b par les variables classées dans l'ordre donné par λ.

3.2.6 La norme $\max - \min$ et l'amélioration de l'espace HLS

Nous revenons maintenant au système HLS en proposant de l'améliorer. A vrai dire, il ne faut pas beaucoup le modifier pour le rendre compatible avec les trois préréquis. Il suffit de passer de sa version cylindrique à la version conique, ce qui revient à remplacer la saturation HLS par la semi-norme $\max - \min$.

La semi-norme $\max - \min$ vérifie manifestement le préréquisite sur l'indépendance. Rajouter à x un vecteur parallèle à la première diagonale revient à rajouter une constante (algébrique) à chacune de ses composantes, ce qui ne modifie pas la valeur $\max - \min$. En revanche, cette semi-norme n'est pas invariante par projection sur l'axe achromatique. On ne peut par conséquent pas bâtir une représentation de tous les points de l'espace fondée sur $\max - \min$, qui ne fonctionne pas avec les luminances. C'est pourquoi on l'utilisera pour la saturation en l'associant m_1 ou m_2 ou une moyenne pondérée quelconque m, i.e. $m(r,g,b) = \alpha r + \beta g + \gamma b$, où $\alpha + \beta + \gamma = 1$. Celle-ci est encore une norme. Suivant la proposition de Hanbury [109], nous allons utiliser dans cette thèse la luminance recommandée par le standard de la télévision de haute définition (similaire aux écrans vidéo) :

$$l_{HDTV} = 0.213r + 0.715g + 0.072b.$$

Nous avons donc les équations d'un système HLS amélioré, IHLS [115], ou par simplicité le système HLS en norme $\max - \min$:

$$h_{HSV} = \begin{cases} \frac{g-b}{(\max(r,g,b)-\min(r,g,b))} & \text{si } r = \max(r,g,b) \\ \frac{b-r}{(\max(r,g,b)-\min(r,g,b))} + 2 & \text{si } g = \max(r,g,b) \\ \frac{r-g}{(\max(r,g,b)-\min(r,g,b))} + 4 & \text{si } b = \max(r,g,b) \end{cases} \tag{3.7}$$

$$l_{IHLS} = 0.213r + 0.715g + 0.072b$$

$$s_{IHLS} = \max(r,g,b) - \min(r,g,b)$$

3.2.7 Conclusions sur les représentations polaires alternatives

Les normes L_1, L_2 et $\max - \min$ que nous avons étudiées garantissent toutes le premier préréquis d'indépendance dans la définition de la saturation comme une norme. Les trois luminances que nous avons proposées sont aussi des normes et donc valables pour la quantification. Le seul problème qui reste difficile à résoudre est l'inversion du système en norme L_2. Ceci n'est pas un empêchement lorsqu'on travaille sur des applications qui ne requièrent pas de transformation $(m_2, s_2, h_2) \to (r,g,b)$. Pour les teintes, les résultats sont plus simples.

(Image couleur initiale)

(Composante H_2) (Composante M_2) (Composante S_2)

(Composante H_1) (Composante M_1) (Composante S_1)

(Composante H_{IHLS}) (Composante L_{IHLS}) (Composante S_{IHLS})

FIG. 3.3 – Exemple de représentation d'une image couleur ("carmen") dans les espaces 3D polaires en norme L_2, en norme L_1 et en norme max – min (IHLS).

Dans les trois systèmes proposés, il y a une unique fonction mathématique, donnée sous sa forme trigonométrique exacte et sous deux formes approchées, avec la teinte du système HLS et celle h_1. La figure 3.3 contient un exemple de représentation de l'image "carmen" dans les trois espaces 3D polaires.

La question maintenant est de savoir si parmi les trois représentations valides il y en a une qui soit la mieux adaptée à tous les domaines. Difficile d'y répondre *a priori*, nous allons cependant montrer avec deux études sur les histogrammes bi-variables de ces espaces-là que le système le plus indiqué pour une application dépendra de la nature quantitative de l'application et du but recherché.

3.3 Histogrammes bi-variables Luminance/Saturation et Teinte/Saturation

L'histogramme d'une image numérique est très utilisé en imagerie car il constitue une représentation très compacte de sa distribution de niveaux de gris : la valeur associée à chaque niveau i est le nombre de pixels de l'image au niveau i, ou après normalisation par le nombre total de pixels, la probabilité que la valeur i soit présente sur l'image.

Lorsqu'on travaille avec des images couleur et après le choix d'un espace de représentation, il y a deux alternatives classiques à suivre : soit on obtient les trois histogrammes scalaires séparément, soit on construit un histogramme 3D, dit habituellement histogramme couleur, en représentant les trois composantes couleur dans le même diagramme. Evidemment, les histogrammes 3D sont beaucoup plus riches et intéressants pour une connaissance globale du contenu spectral d'une image. Cependant, dans les espaces de type HLS on tombe très vite sur la difficulté de mettre ensemble les trois coordonnées (forme conique). Nous proposons ici un chemin intermédiaire. Nous allons construire deux histogrammes bi-variables. Le premier, en coordonnées cartésiennes, pour mettre ensemble la luminance et la saturation, h_{LS} ou L/S ; et le deuxième, en coordonnées polaires, pour la teinte et la saturation, h^{ρ}_{HS} ou H/S.

Il y a plusieurs avantages dans cette représentation. D'abord la simplicité dans la manipulation des données, puisqu'il ne s'agit que de deux tableaux bi-dimensionnels. Ceci nous permet aussi de normaliser les deux histogrammes pour les mettre dans deux images numériques, avec ses formes, ses regroupements divers, dont l'interprétation par retour inverse vers l'image couleur, dont il provient, aide à segmenter cette dernière. Une fois les histogrammes contenus dans une image, on pourra les traiter (filtrer, segmenter, etc.) comme une image quelconque.

Un autre avantage important est la séparation entre l'information achromatique (histogramme L/S) et l'information chromatique (histogramme H/S). D'ores et déjà, on peut constater la présence de la saturation associée aussi bien à la luminance qu'à la teinte. Cet usage de la saturation comme lien ou séparateur sera le *leitmotiv* dans différents algorithmes de cette thèse.

Dans cette section nous allons montrer l'usage des histogrammes L/S et H/S pour, d'une part, la segmentation des images couleur [5] ; et pour, d'autre part, l'extraction de reflets, dégradés et ombres en images couleur [6]. Grâce à ces deux études, nous pourrons tirer quelques conclusions sur les représentations polaires alternatives introduites précédemment. Les histogrammes L/S et H/S seront aussi utilisés dans le chapitre 6 comme des descripteurs couleur pour l'indexation et la classification des caractéristiques spectrales d'une image couleur.

Nous allons commencer par décrire la méthode d'obtention des images des histogrammes. Soit $\mathbf{f}$ une image couleur, ses composantes dans un espace couleur de type HLS sont les trois images numériques (f_H, f_L, f_S). Nous pouvons définir donc deux histogrammes ou diagrammes de dispersion. L'un qui va associer la composante teinte et la composante saturation : h^{ρ}_{HS}. La composante teinte est une magnitude angulaire (avec des valeurs entre 0° et 360°) et la saturation, qui est linéaire (entre 0 et 1). Par conséquent, h^{ρ}_{HS} sera défini en coordonnées polaires. Et l'autre histogramme, h_{LS}, basé sur une combinaison de l'information des com-

posantes luminance et saturation (toutes les deux avec une variation comprise entre 0 et 1). Etant donné que l'on cherche à traiter les histogrammes à l'aide des opérateurs morphologiques, ceux-ci doivent être normalisés et mis à l'échelle d'une image numérique. Pour tous les deux, nous proposons d'utiliser une image de taille 256×256 pixels et 256 niveaux de gris (8 bits). D'autre part, pour pouvoir être capable d'identifier facilement les groupements ou "clusters" associés aux régions les plus significatives (les plus grandes), il est recommandé le choix d'une échelle logarithmique. Soyons précis,

- h_{LS} : il est donné par l'image numérique $f_{LS}(\mathbf{x})$, où la luminance est la dimension horizontale et la saturation est la verticale (l'origine est le coin inférieur à gauche), i.e.

$$f_{LS}(\mathbf{x}) = \left\lfloor \frac{\log(h_{LS}(x,y))}{\max(\log(h_{LS}(x,y)))} \right\rfloor 255, \tag{3.8}$$

  où $\mathbf{x} = (x,y)$, $x = f_L \in [0,255]$, $y = f_S \in [0,255]$ et $h_{LS}(x,y)$ est le nombre d'occurrences du pair (x,y).
- h^{ρ}_{HS} : il est représenté par l'image numérique $f_{HS}(\mathbf{x})$, en plaçant l'origine dans le point $(127,127)$, avec la teinte comme la coordonnée angulaire et la saturation comme la radiale, i.e.

$$f_{HS}(\mathbf{x}) = \left\lfloor \frac{\log(h^{\rho}_{HS}(x,y))}{\max(\log(h^{\rho}_{HS}(x,y)))} \right\rfloor 255, \tag{3.9}$$

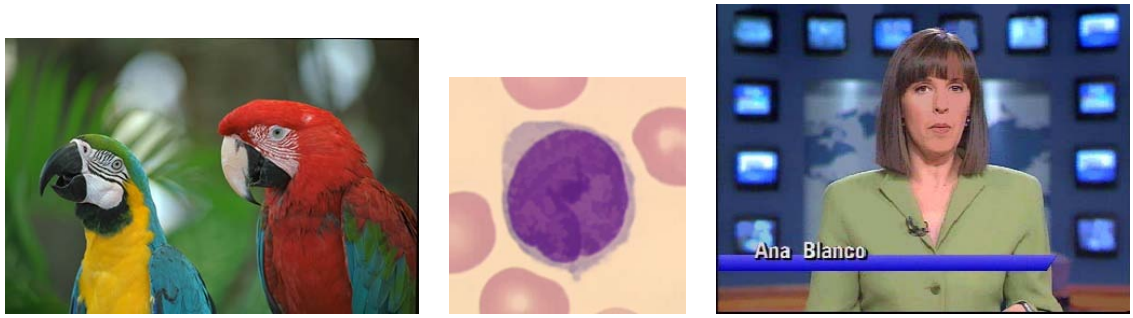
  où $\mathbf{x} = (x,y)$, $x = f_S/2\cos(f_H) \in [-127,127] \equiv [0,255]$, $y = f_S/2\sin(f_H) \in [-127,127] \equiv [0,255]$ ($f_S \in [0,255]$, $f_H \in [0^{\circ},360^{\circ}]$) et $h^{\rho}_{HS}(x,y)$ est le nombre d'occurrences de la paire (x,y).

Les histogrammes L/S et H/S étant définis, nous allons approfondir maintenant leur étude.

3.3.1 Segmentation couleur par "clustering" des histogrammes 2D

La segmentation est une notion fondamentale en traitement d'image. La segmentation d'images implique la détection, en utilisant des procédures de classification déterministes ou stochastiques, des contours ou des régions grâce aux traitements fondés sur des propriétés d'intensité ou/et propriétés spatiales des pixels. Dans le chapitre 5, nous allons consacrer une partie importante à la segmentation morphologique d'images couleur. La segmentation d'images couleur comporte initialement le choix d'un espace de représentation de la couleur [76] [2]. Or, ce que nous nous proposons, c'est tout d'abord de comparer la pertinence des quatre représentations polaires de type HLS, mathématiquement correctes mais qui n'ont peut-être pas toutes la même sensibilité pour le but précis de la segmentation par groupement des nuages de points des histogrammes L/S et H/S.

Comme nous rappelons dans le chapitre d'annexe A, la méthode la plus simple et la plus classique de segmentation engage la détermination des modes ou "clusters" de l'histogramme qui permet la classification des pixels en régions homogènes. Nous introduisons une approche morphologique de seuillage pour définir les modes importants de l'histogramme grâce à la dynamique des maxima, suivi d'un critère statistique de choix des valeurs des seuils. Cette



"perroquets" "lymphocyte" "jt"

FIG. 3.4 – Images couleur utilisées pour la segmentation par "clustering" des histogrammes 2D.

approche peut être généralisée aux images multispectrales, en travaillant sur des histogrammes couleur.

La partition des histogrammes 2D ou 3D peut être menée à bien en construisant des lignes de partage des eaux dans le plan de l'histogramme et remonter après à l'image de départ séparément pour les pixels de chaque bassin versant. Cette méthode, introduite dans [293], a été développée par Soille [260] pour la partition morphologique des images multispectrales. Puis des variations ont été proposées [207] [233], ainsi que des applications telle que la détection de visages sur des images couleur [1].

Dans le cadre où nous allons travailler, nous avons au départ deux histogrammes et en conséquence, après les avoir segmenté, nous aurons deux partitions. L'idée derrière l'approche de segmentation présentée ci-dessous est la manipulation séparément de l'information chromatique et achromatique, pour après fusionner les deux partitions et de cette manière obtenir une partition couleur finale.

La figure 3.4 montre les trois images couleur que nous allons utiliser pour illustrer la segmentation. Les images se nomment "perroquets", "lymphocyte" et "jt". Une première étape consiste donc à obtenir les histogrammes pour les quatre représentations polaires proposées : (1) HLS classique, (2) norme L_1, (3) norme L_2, (4) norme max – min ; et évaluer leur qualité pour l'objectif de la segmentation. Nous avons inclus, dans la figure 3.5 et pour chaque image couleur, les quatre histogrammes L/S. On constate que les clusters (taches homogènes) sont mieux définis et séparés dans les diagrammes de dispersion de la norme max – min pour la saturation et de luminance type télévision haute définition. Une analyse similaire nous a permis d'observer que cette meilleure séparation avec la norme max – min est aussi valable dans le cas de l'histogramme H/S. La figure 3.6 contient ces histogrammes H/S pour les trois images exemples.

Segmentation chromatique-achromatique

Dans la représentation HSL en coordonnées polaires, les composantes teinte et saturation contiennent toute l'information chromatique. Pour chacun des pixels, la teinte nous donne le domaine de la couleur tandis que la saturation est définie comme la chromaticité ou pureté

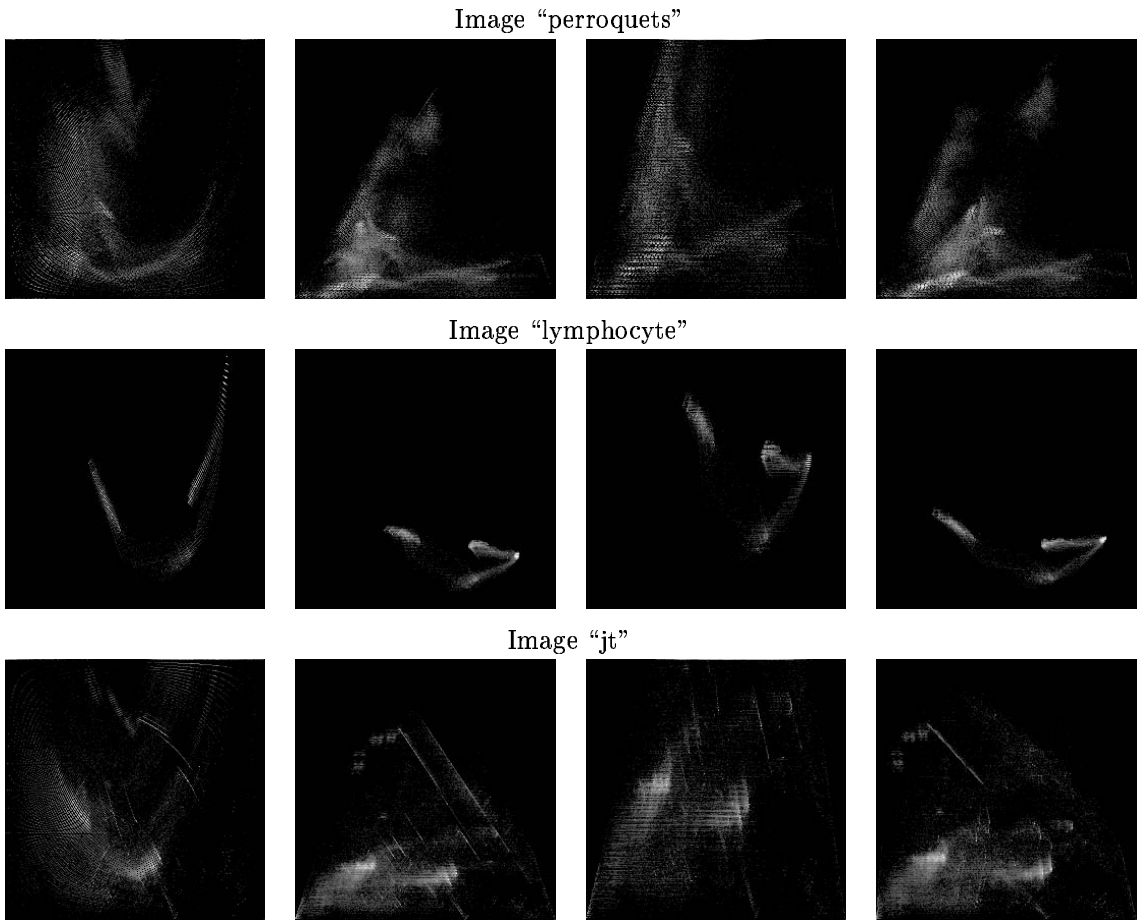


FIG. 3.5 – Histogrammes L/S des images de la figure 3.4. De gauche à droite : HLS classique, norme L_1, norme L_2, norme max – min.

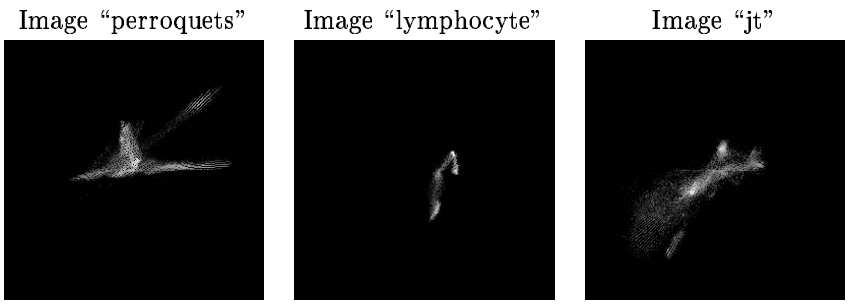
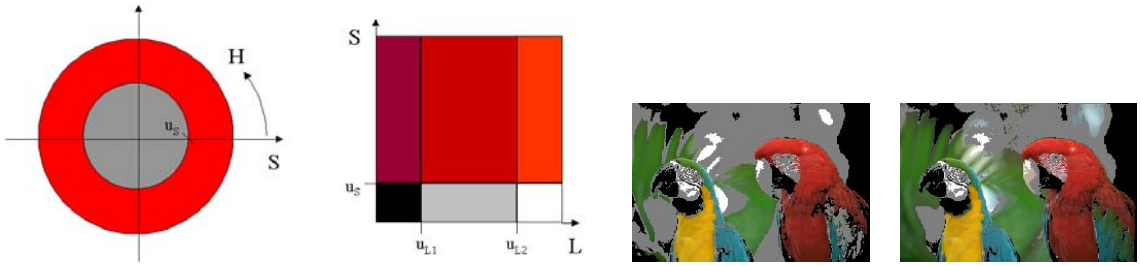


FIG. 3.6 – Histogrammes H/S des images de la figure 3.4, en norme max – min pour la saturation.



(a) (b) (c) (d)

FIG. 3.7 – (a) Division de l'espace bi-variable Teinte-Saturation en deux régions. (b) Division de l'espace bivariable Luminance-Saturation en six regions. Deux exemples où les pixels achromatiques ont été fixés à blanc $R = G = B = 255$, noire $R = G = B = 0$ ou gris-moyen et $R = G = B = 127$: (c) $u_S = 51$, $u_{L1} = 64$ et $u_{L2} = 191$, (d) $u_S = 25$, $u_{L1} = 64$ et $u_{L2} = 191$.

de la couleur, c'est-à-dire que pour une teinte constante, rouge par exemple, des valeurs différentes de la saturation produisent des pixels rouges qui vont du rouge vif au rouge foncé. Lorsque la saturation est basse, la nature du pixel est principalement achromatique (noir, blanc ou gris), selon une intensité de gris donnée par la composante luminance.

Par conséquent, une méthode simple pour différencier les couleurs chromatiques des achromatiques est fondée sur un seuillage de la saturation. Cette idée de seuil de la saturation a été proposée par Demarty [76], avec une suggestion pour obtenir la valeur du seuil optimal u_S grâce à un algorithme de "clustering" sur l'histogramme de la saturation. La méthode est appliquée à la segmentation couleur en rehaussant la saturation des pixels chromatiques (la saturation est fixée à 255 et la luminance à 128). L'interprétation de ce seuillage sur l'espace H/S est très simple 3.7(a). Dans [2], et à partir d'une série de tests expérimentaux, une méthode de segmentation couleur simple est proposée : si la saturation $\geq 20\%$ et la luminance $\geq 75\%$ (pourcentages des valeurs maximales), le pixel est considéré comme chromatique brillant, si la saturation $< 20\%$ et la luminance $\geq 75\%$ il peut être classifié comme blanc, si la luminance $< 25\%$ le pixel est noir, et le reste des pixels tombent dans une région dite chromatique. Nous pensons qu'il est plus logique de diviser l'espace L/S en six régions : achromatique-noire, achromatique-grise, achromatique-blanche, chromatique-foncée, chromatique, et chromatique-brillante. Pour cela, on a besoin en plus d'un seuil de saturation u_S, de deux seuils de luminance u_{L1} et u_{L2}. La figure 3.7(b) illustre cette division de l'espace L/S avec deux exemples sur l'image "perroquets". Evidemment, la difficulté de ces méthodes est le calcul des valeurs pour u_S, u_{L1} et u_{L2}.

Segmentation des images des histogrammes par LPE

La ligne de partage des eaux (LPE) est l'un des outils le plus puissants pour la segmentation d'images. Soit $LPE(f)$ la LPE de l'image numérique f (le même algorithme est valide pour les deux images, donc soit f n'importe laquelle des deux f_{HS} ou f_{LS}). On rappelle que la LPE associe un bassin versant à chaque minimum de la fonction [35]. La LPE fournit aussi

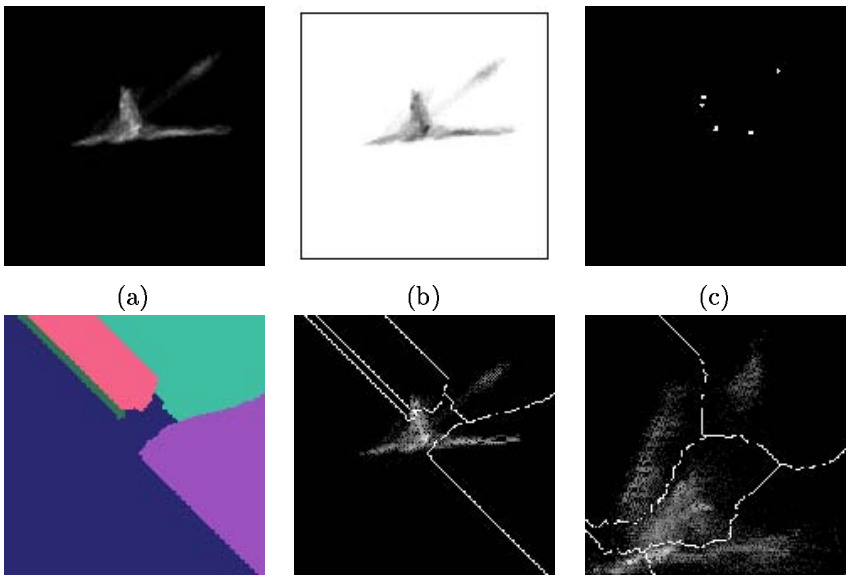


FIG. 3.8 – Procédé de segmentation de l'histogramme f_{HS} (image "perroquets") : (a) g , (b) h_c, $n = 5$, (c) image avec les 5 maxima de plus grande dynamique, (d) w, (e) LPE de w. (f) Résultat de segmentation pour f_{LS}, en prenant de nouveau 5 modes.

un "clustering" autour de chacun des minima.

Afin d'enlever le bruit de discrètisation introduit par les équations (3.8) et (3.9), nous devons commencer par lisser l'image f au moyen d'un filtre Gaussien (taille 3×3), $g = G(f)$. Malheureusement, après le filtrage, g contient beaucoup de maxima non pertinents (centres des modes ou "clusters"). Il est bien connu que l'usage de la LPE sur une fonction sans préparation mène à une sur-segmentation très forte, et donc l'image de l'histogramme serait sur-"clustered". Par conséquent, les maxima non significatifs doivent être enlevés. Il est possible de déterminer les maxima les plus significatifs en choisissant ceux qui ont le contraste le plus fort. Suivant [260], nous proposons de considérer les n maxima de plus grande dynamique [102] comme les n modes les plus significatifs. La performance d'autres critères morphologiques pour choisir les maxima (aire et volume) a été étudiée, mais les meilleurs résultats ont été obtenus en utilisant le contraste. L'image morphologiquement filtrée par l'opérateur $n-$dynamique est dénotée $h = \gamma^{rec}_{n-dyn}(g)$. Evidemment, le choix de n dépend du contenu de l'image. Puisque la LPE fonctionne à partir des minima, nous devons prendre le négatif (l'inverse de l'image histogramme) avant d'appliquer la transformation LPE, $w = LPE(h^c)$. Chaque bassin versant dans l'image w a une étiquette spécifique.

La figure 3.8 illustre le procédé de segmentation de l'histogramme pour l'exemple "perroquets". Comme nous pouvons l'observer, le "clustering" de f_{LS} est satisfaisant mais pour le cas de f_{HS}, la zone centrale (autour de l'origine du système polaire) qui est associée aux valeurs basses de la saturation est incorrectement déterminée. Ainsi que nous avons en discuté ci-dessus, il est possible de fixer un seuil de saturation, u_S, afin de classifier conjointement tous les pixels achromatiques.

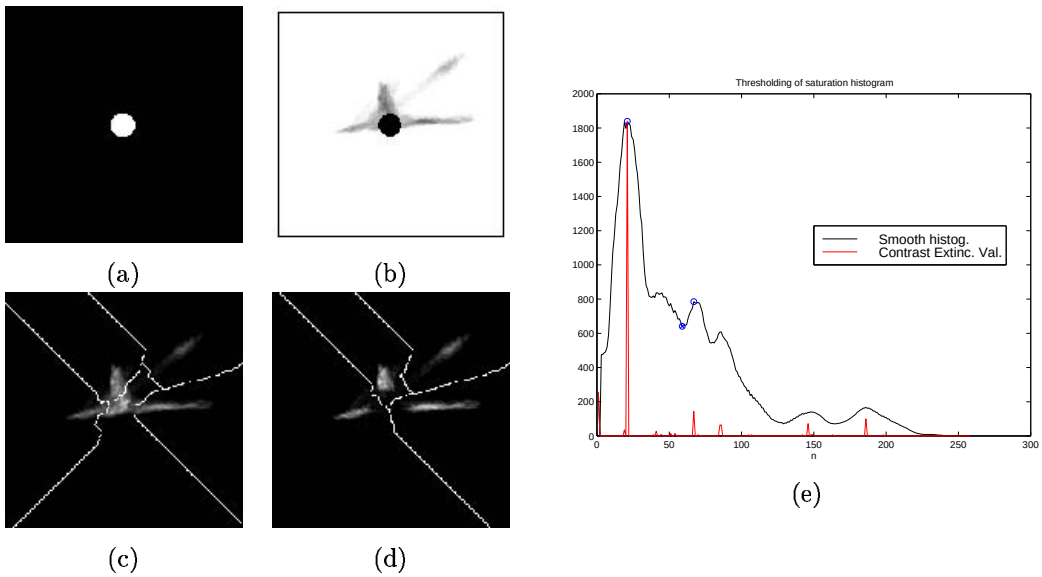
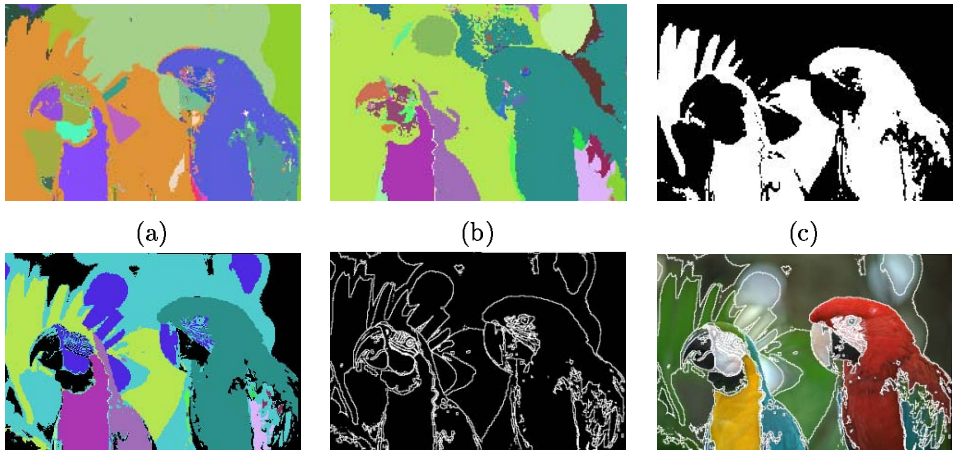


FIG. 3.9 – Amélioration de la segmentation de f_{HS} : (a) Masque achromatique de saturation m_{u_S} ($u_S = 25$), (b) imposition de m_{u_S} sur h (le nombre de maxima filtrés est $n = 4 +$ un maximum associé au disque), (c) LPE. (d) LPE obtenue en utilisant $n = 5$ sur la f_{HS} calculée seulement pour les pixels qui vérifient $f_S > u_S$ (valeur optimale $u_S = 59$). (e) Résumé du processus de seuillage optimal de la saturation en u_S.

La mise en œuvre de la technique implique la définition d'un masque achromatique de saturation, m_{u_S} : un disque donné par $f_S \leq u_S$ et $0^o \leq f_H \leq 360^o$, voir la figure 3.9(a). Le masque est alors imposé sur l'image $g = G(f_{HS})$ avant de déterminer les maxima les plus significatifs (figure 3.9(b)). Le résultat de la segmentation est donné dans la figure 3.9(c). Remarquer qu'avec cette technique seulement 4 maxima ont été filtrés. Une autre manière pour faire cela, qui donne notamment de meilleurs résultats, est basée sur le calcul de f_{HS} seulement pour les pixels qui vérifient $f_S > u_S$. On recommande cette dernière technique pour améliorer la segmentation de f_{HS}, voir figure 3.9(d).

Typiquement, l'histogramme de la saturation $h_S[n]$ est multi-modal. Il est cependant possible de trouver dans des cas simples une valeur de seuil optimale u_S, définie entre les deux modes principaux de l'histogramme. Afin d'obtenir automatiquement u_S à partir $h_S[n]$, nous proposons d'employer la technique de seuillage morphologique présentée dans le chapitre d'annexe A. Il s'agit d'une approche divisée en trois étapes : (1) lissage de l'histogramme, (2) choix des deux crêtes les plus appropriées en utilisant la dynamique des maxima (les deux valeurs d'extinction du contraste le plus élevé), et (3) obtention de la meilleure partition de l'histogramme u_S par rapport à un critère de variance, figure 3.9(e). Pour cet exemple, la valeur obtenue est $u_S = 59$.



(a) (b) (c)

(d) (e) (f)

FIG. 3.10 – Résultats de la segmentation : (a) partition achromatique P_{LS} ($n = 5$), (b) partition chromatique P_{HS} ($n = 4$, $u_S = 59$), (c) binarisation de la saturation X_S ($u_S = 59$), (d) partitions combinées P_{HLS}, (e) contours de la partition finale, (f) contours superposés à l'image initiale.

Partition des images couleur grâce aux histogrammes segmentés

Une fois que les images des histogrammes ont été segmentées, la segmentation w est employée comme un tableau de correspondance pour classifier chaque pixel p de l'image couleur initiale, $\mathbf{f}(p) = (f_H(p), f_L(p), f_S(p))$, i.e.

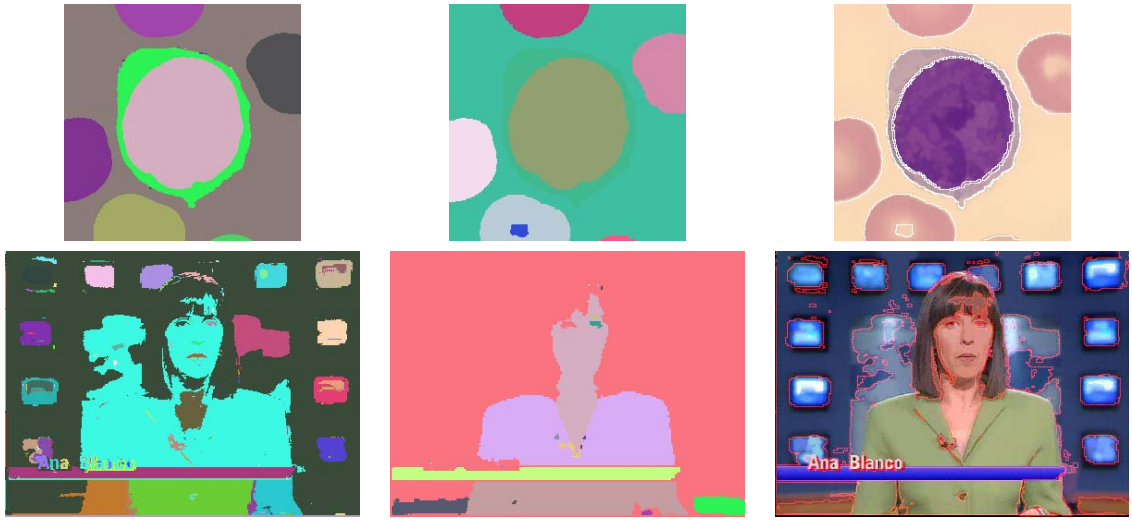
$$Classe(p) = w(q), \tag{3.10}$$

où q est défini par la teinte-saturation $[f_H(p), f_S(p)]$ (ou luminance-saturation $[f_L(p), f_S(p)]$) des valeurs du pixel p de l'image couleur. En pratique, nous suggérons de définir les composantes connexes associés aux pixels classifiés (par exemple, en obtenant les zones plates) pour maximiser la partition. En utilisant cette méthodologie pour les histogrammes f_{LS} et f_{HS}, on obtient deux partitions associées à l'image couleur $\mathbf{f}$: $P_{LS}(\mathbf{f})$ et $P_{HS}(\mathbf{f})$, respectivement. Dans la figure 3.10(a)-(b) sont montrées les partitions obtenues pour l'exemple "perroquets".

Et maintenant, la question est de savoir comment les deux partitions obtenues peuvent être combinées. Comme nous pouvons voir dans l'exemple, la partition $P_{HS}(\mathbf{f})$ est une bonne représentation des régions chromatiques, ainsi que $P_{LS}(\mathbf{f})$ est une représentation acceptable des achromatiques. Nous proposons la stratégie suivante. Prenons f_S, la composante saturation, nous pouvons la seuiller par u_S afin d'obtenir une clef binaire, X_S, qui classifie tous les pixels comme chromatiques ou achromatiques. Avec X_S, les partitions chromatiques et achromatiques sont fusionnées par la valeur de saturation, i.e.

$$P_{HLS}(\mathbf{f}) = (P_{HS}(\mathbf{f}) \wedge X_S) \vee (P_{LS}(\mathbf{f}) \wedge \overline{X}_S). \tag{3.11}$$

L'exemple de fusion des partitions de "perroquets" est donné dans la figure 3.10. D'autres essais ont été réalisés sur un échantillon représentatif d'images couleur. La figure 3.11 indique



(a) (b) (c)

FIG. 3.11 – Résultats de la segmentation pour les images "lymphocyte" et "jt" : (a) partition achromatique P_{LS} ($n = 4$ pour "lymphocyte" et $n = 6$ pour "jt"), (b) partition chromatique P_{HS} ($n = 4$, $u_S = 50$ pour "lymphocyte" et $n = 4$, $u_S = 70$ pour "jt"), (c) contours de la partition finale P_{HLS} superposés à l'image initiale.

les résultats de segmentation pour les images "lymphocyte" et "jt".

Conclusion sur la segmentation couleur par "clustering" morphologique

Nous avons présenté une méthode pour segmenter des images couleur. L'approche est basée sur une combinaison d'un seuillage automatique (chromatique-achromatique) de la saturation et d'un critère connectif pour segmenter les histogrammes L/S et H/S. L'utilisation du système amélioré IHLS a été justifiée en pratique.

L'application de la LPE fournit de bons regroupements si les taches sont suffisamment affirmées, et si d'autres structures, comme certaines droites qu'on a pu constater, ne les perturbent pas trop. Pour cette raison, la méthode a bien fonctionné pour les histogrammes des images "perroquets" et "lymphocyte" mais pas pour l'image "jt". Voir dans les figures 3.5- 3.6 la difficulté de définir correctement les clusters de l'image "jt". En conséquence, sa segmentation finale obtenue est loin d'être parfaite. L'image "perroquets" est relativement complexe, mais on voit bien que les modes des histogrammes sont bien séparés, et la méthode aboutit à une bonne segmentation. L'image "lymphocyte" est très simple et facile à segmenter. Nous pouvons conclure que l'approche est bien indiquée pour des images simples ou pour des images avec des régions chromatiquement et achromatiquement bien séparées.

Un paramètre critique de la méthode est u_S (pour la séparation achromatique-chromatique) qui est automatiquement calculé pour chaque image. Là aussi, on trouvera des difficultés pour obtenir la valeur de u_S dans des images très complexes. D'autre part, après seuillage de f_S, l'image binaire X_S pourra avoir de petites régions non significatives. En fait, pour les exemples que nous avons montrés, X_S a été filtrée (avec une ouverture par aire) avant d'être utilisée

comme une clef dans la combinaison.

L'autre paramètre fondamental de la méthode à fixer pour chaque image est le nombre de modes des histogrammes n à regrouper. Evidemment, cela implique une connaissance préalable du contenu de l'image. Cependant, dans beaucoup d'applications où les images ont un contenu semblable (par exemple en image biomédicale : dans toutes les images de lymphocytes le nombre de clusters est le même), ce paramètre peut être connu *a priori* ou obtenu après des procédures d'apprentissage.

En raison de la représentation compacte de l'information chromatique-achromatique de l'image, l'application aux systèmes d'indexation d'image couleur, en utilisant ces histogrammes comme index, peut être également considérée. En outre, ces deux espaces bi-variables peuvent être utilisés afin d'extraire les phénomènes visuels spécifiques tels que nous allons les voir.

3.3.2 Extraction de reflets, dégradés et ombres

Afin d'illustrer une deuxième étude sur les histogrammes 2D Luminance/Saturation pour l'extraction de reflets, dégradés et ombres, nous partirons maintenant d'une base de cinq images couleur, figure 3.12. Il s'agit d'un échantillon représentatif d'images couleur "grand public" avec des prises intérieures et extérieures, des reflets et des ombres, des éclairages directs ou indirects, par des lumières d'incidence directe, latérale, verticale ou à contre-jour, avec des zones homogènes ou lisses, grumeleuses ou texturées.

"bouée"

"toboggan"

"handycam"

"guitare"

"sunset"

FIG. 3.12 – Images couleur utilisées pour l'étude sur l'extraction de reflets, dégradés et ombres.

La base est suffisamment compréhensive pour nos objectifs. Nous nous proposons de comparer de nouveau les histogrammes Luminance/Saturation pour une autre application différente de la segmentation par LPE. Nous nous focaliserons sur les alignements de points dans l'histogramme de la représentation en norme L_1, qui apparaissent à l'expérience comme un des aspects originaux de cette représentation. Après les avoir extraits et avoir effectué les retours inverses pour localiser les zones d'image correspondantes, nous interpréterons les équations de la représentation en norme L_1, qui en soi est déjà un choix donc un modèle. Puis, nous passerons à un niveau plus physique et expliquerons les alignements observés comme conséquence du modèle de réflexion dichromatique d'une lumière incidente.

Le travail présenté ici fait suite à une étude préalable sur la détection des reflets [272]. Mais on ne trouvera dans [272] ni interprétation des alignements par les propriétés de la norme L_1, ni modélisation physique. Enfin, nous sommes réservés sur la véracité de la correspondance "$alignements \Longleftrightarrow reflets$".

Comparaison des histogrammes Luminance/Saturation sur les cinq images

La première étape de l'étude expérimentale a consisté de nouveau à calculer les histogrammes L/S de chaque image pour les quatre représentations polaires proposées. Nous avons inclus, dans la figure 3.13 et pour chaque image couleur, les quatre histogrammes.

On constate sur les histogrammes trois types de groupements de pixels : des taches plus ou moins affirmées, qu'on pourrait segmenter par "clustering" morphologique, des alignements et quelques bandes assez larges.

L'examen des histogrammes expérimentaux nous oriente donc vers la représentation en norme L_1 lorsqu'on cherche à étudier les alignements. L'extraction des alignements est relativement simple. Leurs droites passent par un des deux points $(0, 0)$ en bas à gauche et $(255, 0)$ en bas à droite, et leurs pentes s'estiment graphiquement très facilement. Cela suffit pour construire un segment de droite, éventuellement un peu dilaté, qui contienne tous les points de l'alignement.

Une fois qu'on a défini à partir de l'histogramme L_1/S_1 la droite qui approche un alignement (partition de l'image histogramme), on peut revenir à l'image couleur de départ pour obtenir le masque de pixels qui correspond à l'alignement (segmentation de l'image couleur). Les figures 3.14-3.18 montrent les résultats de cette démarche d'extraction d'alignements pour la segmentation de l'image couleur.

On remarquera enfin des bandes de largeur constante, dans "sunset" et dans "handycam" par exemple, plutôt longues taches qu'alignements, et dont la pente est l'indice d'un gradient constant de luminance sur une vaste région.

Description des alignements

Les résultats précédents peuvent s'interpréter à deux niveaux, selon qu'on se limite aux équations HLS en norme L_1, de manière très pragmatique, ou que l'on va au-delà en se donnant un modèle explicatif. Dans cette section, nous décrivons les phénomènes observés, et dans les deux suivantes, nous proposerons les deux niveaux d'explication.

L'observation consiste à remonter des histogrammes L_1/S_1 vers l'image couleur initiale et à vérifier, pour les alignements principaux

- où les pixels correspondants se trouvent dans l'image (voir figures 3.14-3.18)
- et comment varient la luminance et la teinte en ces pixels.

1er résultat : dans chaque masque dont les pixels forment des alignements, la teinte garde une *valeur constante*. Par exemple, pour les masques à droite de l'image "handycam", ce sont les valeurs 155 ± 2 et 130 ± 2 respectivement. Pour le masque de la table instrumentale de la guitare, la teinte est égale à 24 ± 2. Dans l'alignement sombre (à gauche) de "bouée", elle vaut 165 ± 3, etc. Cette règle de constance de la teinte est générale à *tous les alignements des cinq images* analysées.

2ème résultat : les alignements peuvent correspondre à des zones claires ("handycam" à droite) des images, mais aussi à des zones à l'ombre ("bouée" à gauche) ou à des zones de dégradé de lumière qui connaissent une très large variabilité de luminance ("guitare" à gauche).

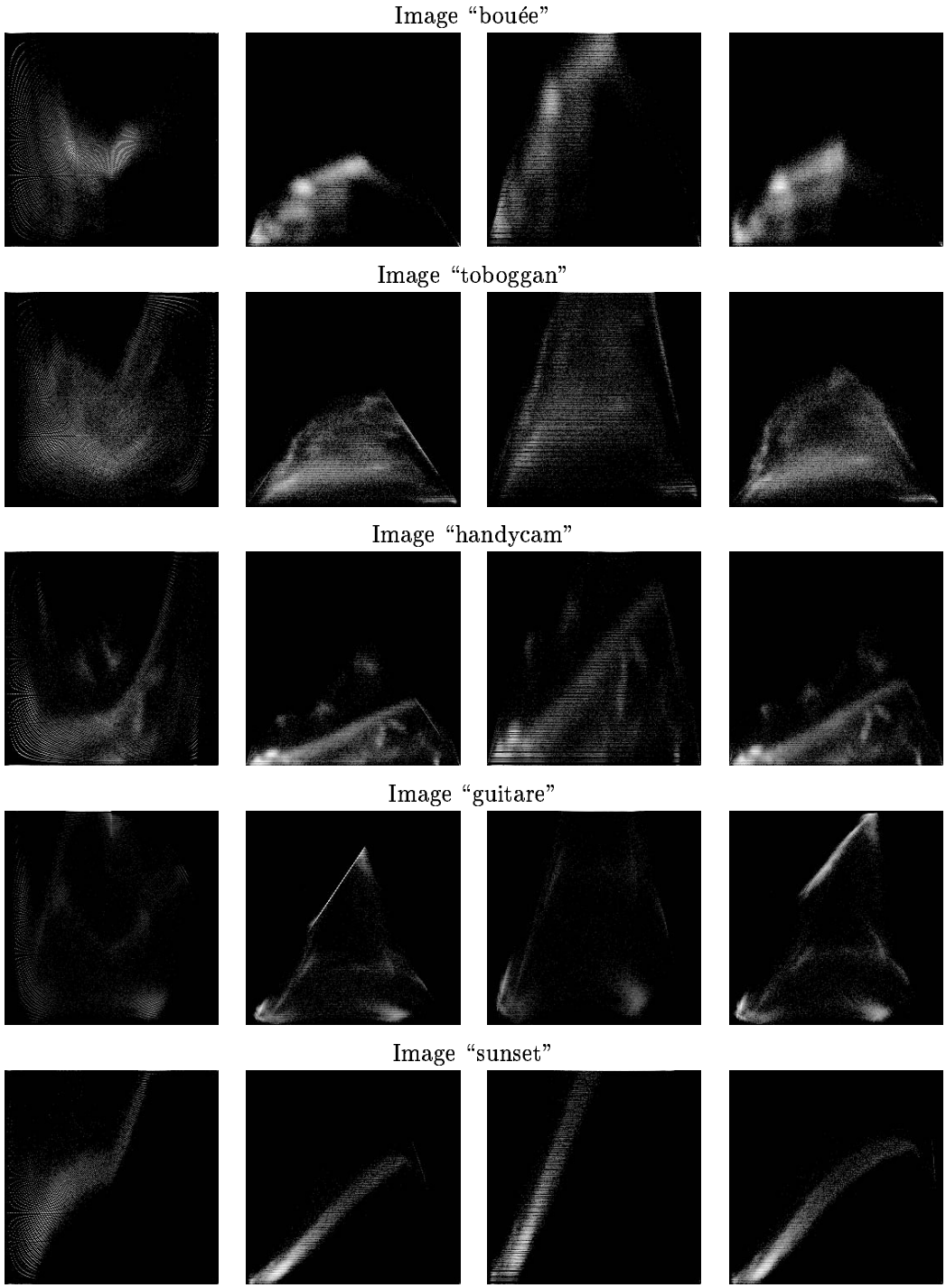
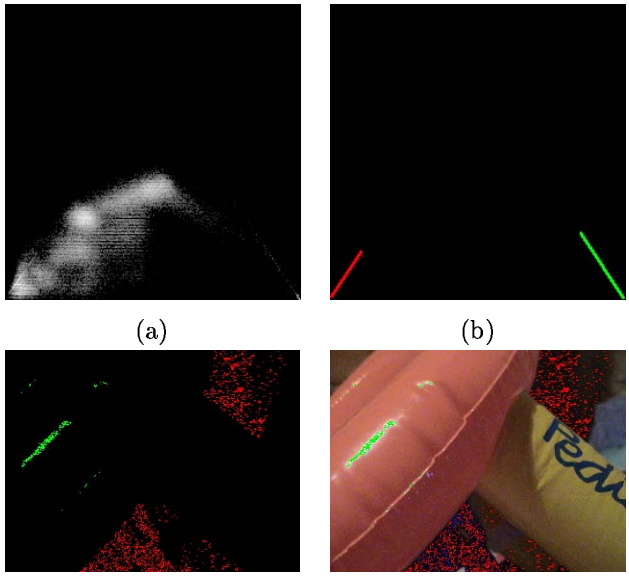


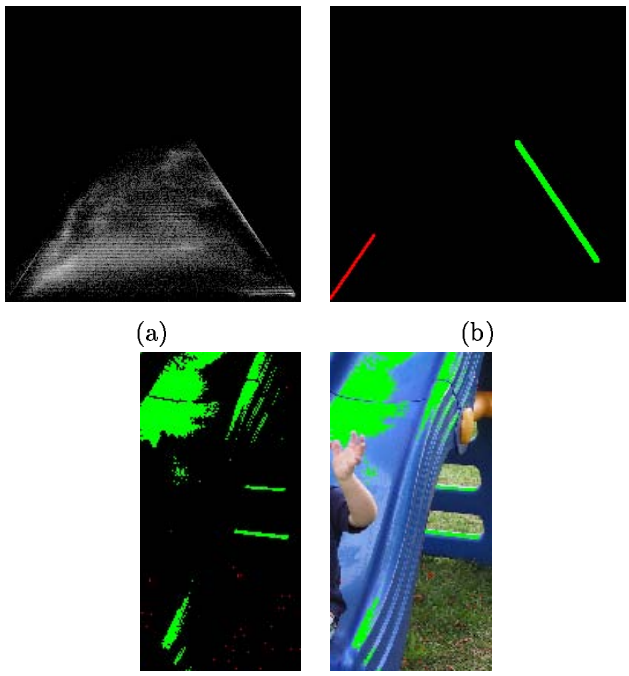
FIG. 3.13 – Histogrammes L/S des images de la figure 3.12. De gauche à droite : HLS classique, norme L_1, norme L_2, norme max – min.



(a) (b)

(c) (d)

FIG. 3.14 – Segmentation des alignements de l'image "bouée" : (a) histogramme en norme L_1, (b) extraction des alignements, (c) masque des pixels des alignements, (d) superposition sur l'image initiale.



(a) (b)

(c) (d)

FIG. 3.15 – Segmentation des alignements de l'image "toboggan" : (a) histogramme en norme L_1, (b) extraction des alignements, (c) masque des pixels des alignements, (d) superposition sur l'image initiale.

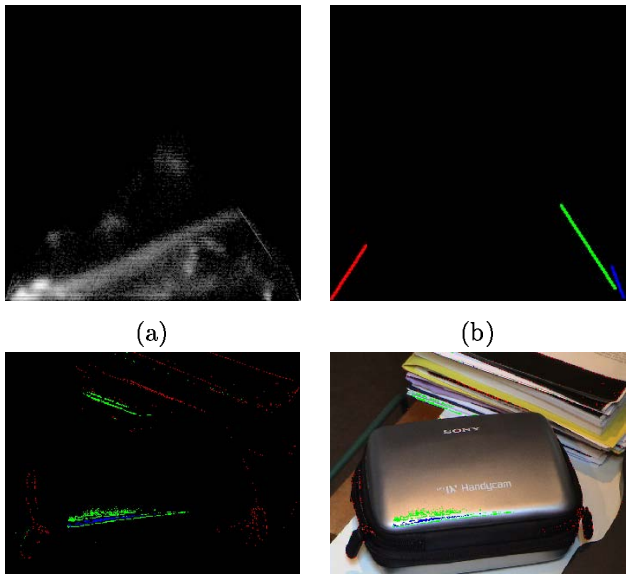


FIG. 3.16 – Segmentation des alignements de l'image "handycam" : (a) histogramme en norme L_1, (b) extraction des alignements, (c) masque des pixels des alignements, (d) superposition sur l'image initiale.

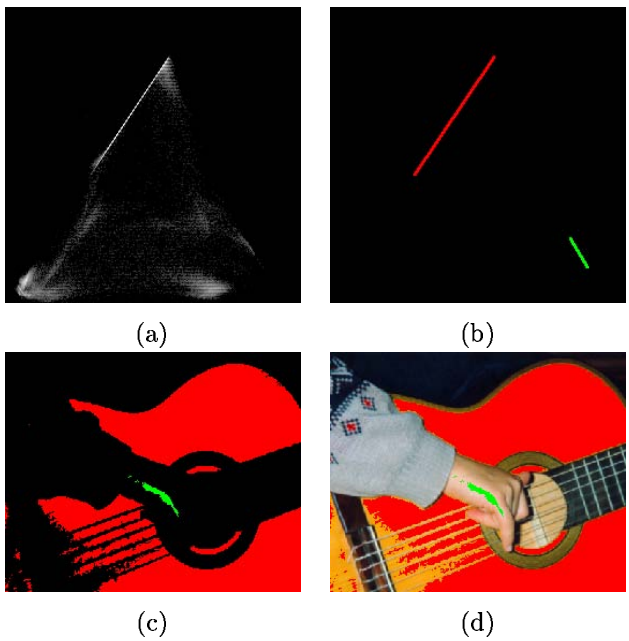


FIG. 3.17 – Segmentation des alignements de l'image "guitare" : (a) histogramme en norme L_1, (b) extraction des alignements, (c) masque des pixels des alignements, (d) superposition sur l'image initiale.

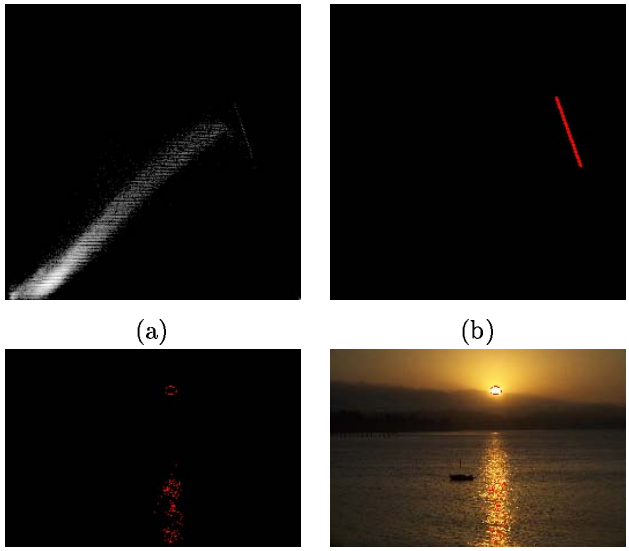


FIG. 3.18 – Segmentation des alignements de l'image "sunset" : (a) histogramme en norme L_1, (b) extraction des alignements, (c) masque des pixels des alignements, (d) superposition sur l'image initiale.

3ème résultat : les alignements sont des *segments de droites*. Si on prolonge celles-ci, elles passent toutes soit par l'origine $(0,0)$ du plan L_1/H_1, soit par le point $(255,0)$ de luminance m_1 maximale et de saturation s_1 nulle. Les premières droites ont des pentes positives, les secondes négatives, mais qui présentent dans les deux cas *des modules assez élevés*, et variables : le module de l'alignement de "sunset" est le double de celui à droite de "toboggan".

4ème résultat : il est à noter aussi que les zones d'alignement sont parfois très proches du point de luminance nulle ("toboggan" à gauche, "bouée" à gauche pour les pentes positives, "handycam" à droite, ou "bouée" pour les pentes négatives). Mais elles peuvent en être aussi bien éloignées ("guitare" pour les pentes positives, "sunset" pour les négatives).

5ème résultat : on ne peut pas associer de manière systématique les masques clairs à des reflets et les sombres à des ombres portées, mais on peut dire que ces masques sont des marqueurs *inclus* dans de telles zones.

Typiquement, dans "toboggan", l'alignement sombre correspondant à des points isolés dans la pelouse à l'ombre, et l'alignement clair à des reflets du plastique bleu du toboggan, mais le même marqueur ignore le grand reflet derrière le bras.

De plus, certains alignements, et non des moindres (celui de la table de la guitare) ne sont associés ni à des ombres, ni à des reflets.

Alignement et norme L_1

Partons du premier résultat expérimental : les pixels d'un même alignement ont la même teinte. Dans les coordonnées $H_1S_1L_1$, la teinte h_1 dérive d'une variable réduite par la relation

$$h_1 = (\lambda + \varphi)\, k$$

où le coefficient k dépend de l'unité de travail; il vaut 60 pour les degrés, 42 quand h_1 varie de 0 à 255, etc. Le paramètre λ varie de zéro à cinq selon des secteurs de 60°, et φ est la teinte réduite qui varie de $-\frac{1}{2}$ à $+\frac{1}{2}$. Avec cette variable réduite, l'expression de la teinte du système (3.6) se ré-écrit

$$\frac{1}{2} - \varphi = \frac{3}{2}\left(\frac{med - m_1}{s_1}\right)$$

En posant $\frac{1}{a} = \frac{2}{3}\left(\frac{1}{2} - \varphi\right)$, il vient

$$s_1 = a\,(m_1 - med) \tag{3.12}$$

avec $a \geq 3$ si $0 \leq \varphi \leq \frac{1}{2}$ et $a \leq -3$ si $\frac{1}{2} \leq \varphi \leq 1$.

On voit donc que le simple fait d'avoir choisi la norme $H_1S_1L_1$ entraîne trois conséquences importantes :

1. Lorsque la teinte φ est fixée, la saturation est proportionnelle à la différence entre la moyenne et la médiane, avec un coefficient de proportionnalité ≥ 3 (pentes positives) ou ≤ -3 (pentes négatives).
2. S'agissant de valeurs bornées, quand $m_1 \downarrow 0$, la médiane *med* tend aussi vers zéro, et comme s_1 est non négatif, on a $m_1 \downarrow 0$, donc une pente > 0. De même, quand $m_1 \uparrow 255$, il vient $m_1 \downarrow 0$, et l'on a une pente < 0.
3. D'après la relation (3.12), la saturation s_1 est, à teinte fixée, fonction linéaire de la moyenne m_1 si et seulement si *médiane et moyenne sont proportionnelles.*

En résumé, cette analyse purement formelle de la représentation en norme L_1 explique pourquoi les alignements s'extrapolent vers les points $(0, 0)$ ou $(255, 0)$ et pourquoi on trouve des pentes positives ou négatives, mais jamais petites. Enfin elle identifie la forme linéaire de l'alignement à une proportionnalité entre moyenne et médiane. Mais elle n'interprète pas cette proportionnalité, ni ne justifie le fait que la teinte soit constante.

Modèle dichromatique des alignements

Lorsqu'un matériau macroscopiquement homogène est éclairé par une *source directe orientée*, la réflexion de la lumière sur lui se décompose en deux vecteurs appelés respectivement réflexion de corps et réflexion de surface. La première est diffuse, et son spectre a été filtré par les pigments du matériau. La seconde est spéculaire, et de même composition spectrale que la lumière incidente. On considère de plus que si la source elle-même est diffuse, alors la réflexion ne met en jeu que la composante de corps : c'est le cas des zones à l'ombre par exemple.

Un tel partage de la lumière perçue en deux composantes est bien sûr une modélisation, ne serait-ce que parce que la plupart des objets sont éclairés par plusieurs sources, elles-mêmes directes ou diffuses. Mais il s'agit d'une approximation suffisante pour la formulation des résultats expérimentaux présentés précédemment. On posera donc

$$\mathbf{c}(x) = \mathbf{c}_s(x) + \mathbf{c}_c(x) \qquad x \in E \tag{3.13}$$

où les vecteurs $\mathbf{c}_s$ et $\mathbf{c}_c$ sont les deux composantes de surface et de corps du vecteur coloré $\mathbf{c}(x)$ au point x de l'image E. Le modèle que la relation (3.13) traduit en équations est appelé "dichromatique". Proposé par Shafer [252] puis Klinker [140], il a fait ses preuves en optique. Risson [218] l'a utilisé avec profit pour trouver les ombres d'images d'extérieur, et également pour déterminer à la seule vue d'un cliché, c'est à dire *a posteriori*, la nature de l'illuminant lors de la prise de vue photographique.

Nous dirons qu'un matériau d'étendue Z est macroscopiquement homogène (pour ce qui est de la réflexion de la lumière) quand pour tous les points $z \in Z$ la composante de corps $\mathbf{c}_c(z)$ a toujours le même spectre. Ce spectre dépend évidemment de celui de la lumière incidente ; en revanche, l'amplitude du vecteur $\mathbf{c}_c(z)$ dépend de celle de la lumière incidente, mais non de la direction de celle-ci, puisqu'il s'agit d'une réflexion diffuse.

Les points du matériau homogène Z sont par conséquent tous situés dans un plan passant par les deux vecteurs $\mathbf{c}_s(x)$ et $\mathbf{c}_c(x)$ d'un point x quelconque de Z. Par simplicité, on peut supposer blanche la lumière incidente (encore que cela ne soit pas indispensable). On a alors $\mathbf{c}_s(x) = (1,1,1)$ dans l'espace (R,V,B) et le plan $[\mathbf{c}_s(x), \mathbf{c}_c(x)]$ est orthogonal au plan chromatique. Si l'on appelle Δ l'intersection de ces deux plans, Δ est aussi le lieu des projections de tous les points de Z sur le plan chromatique, ce qui montre que tous ces points ont la même teinte, à savoir l'angle de Δ avec l'origine des teintes. En résumé, le modèle dichromatique conduit à l'implication suivante :

$$\left(\begin{array}{c} \textit{lumière incidente blanche} \\ + \\ \textit{reflexion de corps de spectre constant} \end{array} \right) \Longrightarrow \textit{lumière réfléchie de teinte constante}$$

Cette conséquence du modèle justifie à elle seule le choix de la représentation en norme L_1, où la constante des teintes s'exprime par la relation très simple (3.12). Mais il reste à interpréter la présence d'alignements.

Pour ce faire, nous supposons que les accroissements de lumière incidente d'un point à un autre de Z se répercutent proportionnellement entre les deux composantes réfléchies. Par conséquent, si en $z_0 \in Z$, les deux composantes réfléchies valent $\mathbf{c}_s(z_0)$ et $\mathbf{c}_c(z_0)$ et qu'en un point courant z, elles valent $\mathbf{c}_s(z)$ et $\mathbf{c}_c(z)$, alors

$$\mathbf{c}_s(z) = \lambda \mathbf{c}_s(z_0) \Longrightarrow \mathbf{c}_c(z) = \lambda \mathbf{c}_c(z_0) \qquad \lambda > 0 \tag{3.14}$$

L'hypothèse (3.14) entraîne immédiatement la proportionnalité des lumières réfléchies en z et z' :

$$\mathbf{c}(z) = \mathbf{c}_s(z) + \mathbf{c}_c(z) = \lambda \mathbf{c}(z_0) \tag{3.15}$$

En projetant l'égalité vectorielle (3.15) sur les trois axes RVB, on trouve

$$m_1(z) = \frac{1}{3}(r(z) + g(z) + b(z)) = \lambda m_1(z_0)$$

et pour la même raison $med(z) = \lambda med(z_0)$. En reportant ces deux résultats dans l'équation (3.12) de la teinte en norme L_1, on aboutit à l'expression théorique suivante

$$s_1(z) = a m_1(z) \left[1 - \frac{med(z_0)}{m_1(z_0)}\right], \tag{3.16}$$

selon laquelle luminance m_1 et saturation s_1 sont proportionnelles dans la zone Z. C'est exactement cette loi que corroborent les alignements de points sur des droites passant par l'origine pour les cinq images étudiées.

Pour les alignements qui passent par le point blanc d, où $r = g = b = 1$, il convient d'exprimer l'hypothèse (3.14) relativement au *complément au blanc* des vecteurs $\mathbf{c}(z)$. La proportionnalité des deux composantes dichromatiques devient alors

$$\mathbf{c}_s(z) = \lambda(d - \mathbf{c}_s(z_0)) \Longrightarrow c_c(z) = (1-\lambda)d - \lambda \mathbf{c}_c(z_0)$$

d'où l'on tire

$$\mathbf{c}(z) = \mathbf{c}_s(z) + \mathbf{c}_c(z) = d - \lambda \mathbf{c}(z_0).$$

La moyenne et la médiane de (r, g, b) s'obtiennent comme plus haut, d'où

$$m_1(z) = 1 - \lambda m_1(z_0) \quad \text{et} \quad med(z) = 1 - \lambda med(z_0)$$

puis $1 - med(z) = \left(1 - m_1(z)\frac{med(z_0)}{m_1(z_0)}\right)$, valeur qu'on reporte dans l'expression (3.12) de la teinte en norme L_1, et qui conduit finalement à

$$s_1(z) = -a[1 - m_1(z)]\left[1 - \frac{med(z_0)}{m_1(z_0)}\right]$$

Cette version complémentée de la loi (3.16) interprète sur le plan théorique les alignements de pente négative et qui passent par le point $(m_1 = 1, s_1 = 0)$ dans les histogrammes L_1/S_1.

Remarque sur l'invariance par rapport au point blanc

La propriété de trouver des alignements tels que ceux que nous venons d'étudier est indépendante de la valeur du point blanc.

La référence de blanc permet de spécifier complètement un système de coordonnées XYZ quand on connaît R, V et B (la référence de blanc correspond à la couleur obtenue quand $R = V = B = 1 \Rightarrow Luminance = 1$). Comme nous avons montré dans le chapitre 2, on a un système linéaire inversible :

$$\begin{bmatrix} X \\ Y \\ Z \end{bmatrix} = A \begin{bmatrix} R \\ V \\ B \end{bmatrix}.$$

Si la référence de blanc change (matrice A') alors on passe de (R, V, B) à (R', V', B') par le produit $(A')^{-1}A$, c'est-à-dire par une rotation et une affinité des axes.

L'hypothèse dichromatique 3.14) de proportionnalité vectorielle s'applique aussi au système r', g', b' donc quelle que soit la référence de blanc on trouve des alignements (qui auraient des pentes différentes selon qu'on travaille avec r, g, b ou r', g', b').

Possibilités et limites du modèle

Lorsqu'on a établi un modèle qui corrobore la grande majorité des situations expérimentales, il est toujours instructif de rechercher les conditions limites de son domaine de validité. Dans le cas présent, nous pouvons mettre en évidence quatre situations critiques, soit par saturation lumineuse et anisotropie de la zone examinée ("handycam"), ou par manque d'information (textures dans "sunset" et dans "toboggan"), ou encore par ombres de plusieurs couleurs ("bouée"), soit enfin par source secondaire d'illumination ("toboggan").

La première situation limite est celle des **reflets** variables. Dans "handycam" par exemple, une partie de la zone la plus lumineuse est saturée en luminance. Elle ne peut donc théoriquement pas apparaître dans l'histogramme comme une droite de forte pente. Toutefois, quand on s'écarte du noyau blanc, le reflet devient plus jaune si l'on va vers le haut et plus violet si l'on va vers la gauche. Il s'agit d'une anisotropie de la réflexion sur le matériau plastique. Dans la mesure où cette anisotropie manifeste des paliers, on retrouve des droites, et de fait deux alignements de pentes négatives se distinguent clairement ("handycam"), mais leur réunion ne suffit pas à marquer le cœur du reflet (figure 3.16). Ce n'est pas tant le modèle dichromatique qui est mis en défaut ici que la non planéité de la zone de reflets, plus le fait que les segments de droites de l'histogramme correspondent aux *pourtours des reflets* et non pas aux reflets eux-mêmes.

Une autre situation intéressante est celle de **textures**, comme la mer dans "sunset" ou la pelouse dans "toboggan". Comme seuls certains éléments de la texture vont vérifier les conditions de l'alignement, ils apparaîtront comme un semis de points plus ou moins aléatoires dans la zone texturée. Dans le premier cas, le marqueur ("sunset", pente négative) apparaît en pointillés dans le reflet clair, dans le second ("toboggan", pente positive, faibles luminances), les pointillés se distribuent dans une zone d'ombre. Si l'on veut déterminer en détail les contours de la zone texturée, ces marqueurs s'avèrent insuffisants, mais ils indiquent cependant que l'on se trouve dans une zone texturée.

Les alignements nous conduisent aussi à certaines zones d'**ombre**, comme typiquement celui de pente positive de "bouée". Le modèle dichromatique explique bien ce qui se passe, puisque selon lui, si l'on supprime la réflexion de surface (ce qui est la définition de l'ombre), il ne reste que la réflexion diffuse. L'alignement indiquera donc une zone à l'ombre et d'une teinte donnée. C'est ce qui apparaît avec "bouée" en figure 3.14 : les objets sombres mais qui ne sont pas des ombres ne sont pas marqués (e.g. les lettres), et les ombres portées de couleur autre que bleue n'appartiennent pas à l'alignement à gauche "bouée", bien spécifique aux ombres bleues.

Le cas des **reflets** de "toboggan" en figure 3.15 est enfin très instructif, car il met le modèle dichromatique en défaut. Le reflet bleu du toboggan en haut à droite est bien marqué

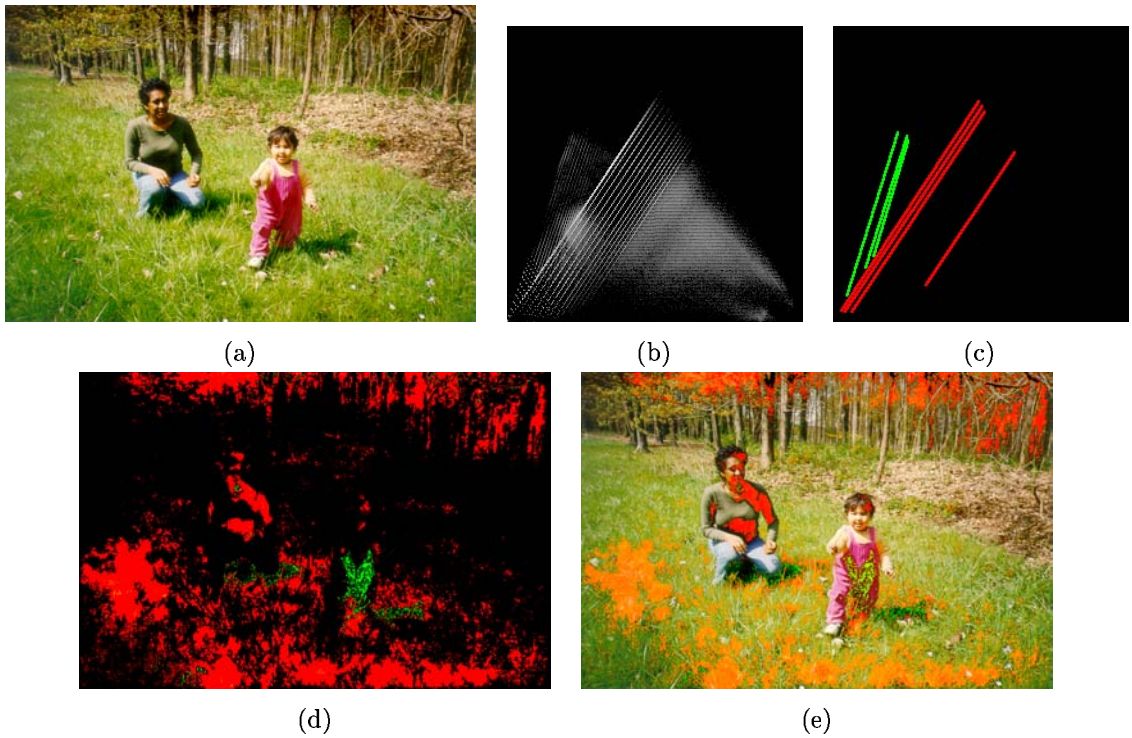
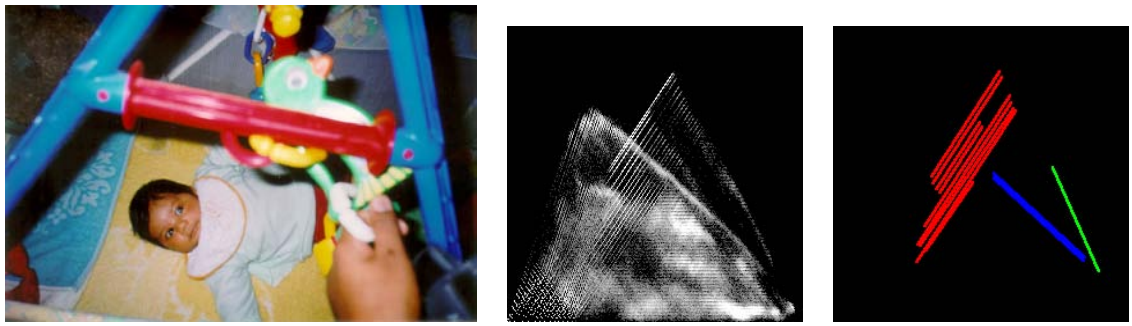


FIG. 3.19 – Segmentation des alignements de l'image "forêt" : (a) image originale, (b) histogramme en norme L_1, (c) extraction des alignements, (d) masque des pixels des alignements, (e) superposition sur l'image initiale.

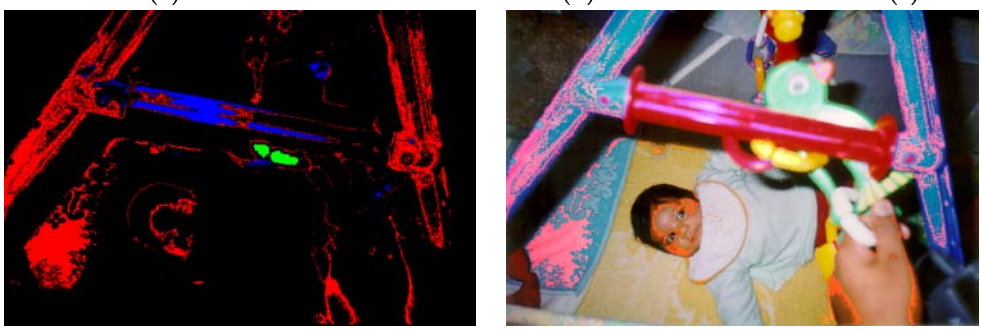
par l'alignement de "toboggan", même lorsque son intensité varie. En revanche, la zone bleue située derrière le bras n'est pas marquée. Or, il s'agit d'une région à la fois à l'ombre portée, mais aussi éclairée par les réflexions des autres reflets. L'hypothèse d'une source lumineuse unique n'étant plus vérifiée, le modèle devient inapplicable, et corrélativement, l'expérience montre que l'alignement ne marque pas cette zone.

Finissons ces remarques sur les possibilités et limites du modèle des alignement en regardant deux exemples additionnels d'images couleur un peu plus complexes, figures 3.19 et 3.20. L'image "forêt" est une prise extérieure avec des zones d'ombre sur des objets de couleurs différentes et l'image "bianca" est une prise intérieure avec des ombres et des reflets de plusieurs couleurs. Lorsqu'on observe les histogrammes Luminance/Saturation en norme L_1, on s'aperçoit de l'apparition des séries de alignement parallèles, qui se superposent même sur d'autres structures de l'histogramme. On a procédé selon la méthode exposée pour extraire les alignements et segmenter les images.

Sur l'image "forêt", les alignements parallèles de pentes positives correspondent justement à zones de teinte relativement constante sur régions différentes de l'image (point d'incidence différent) : des ombres sur le maillot vert et sur la peau (ainsi que sur la texture de la pelouse) d'une part, et des ombres sur la salopette rose et sur la pelouse, d'autre part. Evidemment, une partie des artefacts correspondent au "cluster" circulaire de l'histogramme L_1/S_1 traversé par les alignements rouges.

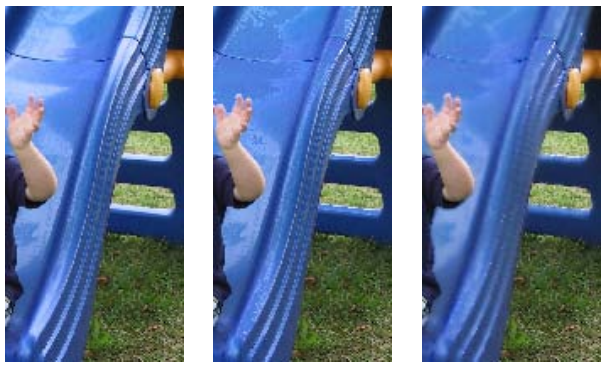


(a) (b) (c)



(c) (d)

FIG. 3.20 – Segmentation des alignements de l'image "bianca" : (a) image originale, (b) histogramme en norme L_1, (c) extraction des alignements, (d) masque des pixels des alignements, (e) superposition sur l'image initiale.



(a) (b) (c)

FIG. 3.21 – Elimination des reflets de l'image "toboggan" : (a) image initiale, (b) moyenne de la luminance et de la saturation dans le masque des reflets, (c) lissage gaussien avant l'incrustation.

Dans l'image "bianca", les alignements parallèles de pentes positives sont associés aux dégradés d'ombre sur les objets bleus et sur la peau ; et pour les deux alignements de pente négative, l'un marque certains reflets sur les objets rouges et l'autre donne des marqueurs de zone de reflet sur les objets jaunes.

On peut conclure donc que le modèle reste utilisable en pratique même pour les images les plus complexes.

Exemple d'utilisation

La présence de reflets spéculaires est une source de difficultés en vision robotisée, et la littérature propose plusieurs méthodes, parfois complexes, pour les atténuer [156] [215]. Cependant, dès lors que nous disposons d'un histogramme L_1/S_1 il devient facile d'éliminer des reflets indésirables. Illustrons ce point avec l'image de "toboggan" en sélectionnant la plus grande composante connexe Z du masque de reflets figure 3.21(a). En moyenne dans cette zone, la saturation s_1 vaut 177 et la luminance m_1 vaut 151. On modifie alors la luminance de "toboggan" en y incrustant une valeur constante et égale à 151 pour tous les points de Z, les autres points image restant inchangés, l'on procède à la même opération sur la saturation avec la valeur 177. Le résultat est présenté en figure 3.21(b). Il est à peu près satisfaisant, et peut être amélioré par un lissage gaussien suivi d'une incrustation du lissage restreinte aux points de la zone Z. On trouve alors la figure 3.21(c).

Conclusions sur l'étude des alignements

Pour explorer la structure d'une image couleur au moyen d'histogrammes Luminance/Saturation, il est fortement recommandé d'adopter la représentation en norme L_1 pour les deux paramètres luminance m_1 et saturation s_1. Voilà la première, et peut-être principale, conclusion de cette étude.

Sur les histogrammes expérimentaux, les pixels de l'image se regroupent en taches plus

ou moins affirmées et en alignements le plus souvent très nets (mais beaucoup moins si l'on remplace la saturation de norme L_1 par L_2 ou par $\max - \min$, et plus du tout en HLS).

Dans cette étude nous n'avons considéré que les alignements. L'équation (3.12) de la norme L_1 dit que lorsque la teinte est constante sur une zone Z, la saturation s_1 est proportionnelle à la différence moyenne m_1 moins médiane med du triplet (r, g, b) pour chaque point de la zone Z. Pour interpréter cette proportionnalité, nous avons eu recours au modèle dichromatique, qui décompose les réflexions en deux vecteurs, l'un de lumière spéculaire, de même spectre que celui de la lumière incidente, l'autre de lumière diffuse et de spectre dépendant du matériau réfléchissant. Nous avons supposé de plus que *dans Z, ces deux vecteurs varient en intensité dans les mêmes proportions.* Ce modèle simple montre alors que les points correspondants s'alignent dans l'histogramme L_1/S_1. Cela peut être le fait :

1. d'ombres de teinte fixe, puisque par définition de l'ombre, il n'y a plus de vecteur spéculaire réfléchi, mais uniquement la réflexion, diffuse, de la lumière ambiante (ombres portées de "bouée", points de texture à l'ombre dans "toboggan"),
2. d'un dégradé de la lumière sur un plan ("guitare", "sunset"),
3. de reflets non complètement saturés ("toboggan", "handycam"), qui se produisent souvent au pourtour des zones saturées en luminance que le reflet a induites, mais pas toujours ("toboggan").

Les premiers alignements sont de faible luminance et de pente > 0, les troisièmes sont de forte luminance et de pente < 0, et les seconds de forte saturation et de pente > 0 ou < 0.

Il est remarquable que des résultats aussi précis aient été obtenus par des considérations portant sur chaque pixel pris isolément, et donc antérieurement à toute opération mettant en jeu des voisinages. Les zones détectées pourront servir de marqueurs dans des segmentations ultérieures, ou être utilisées directement pour effacer des reflets ou pour extraire telle ou telle région d'intérêt.

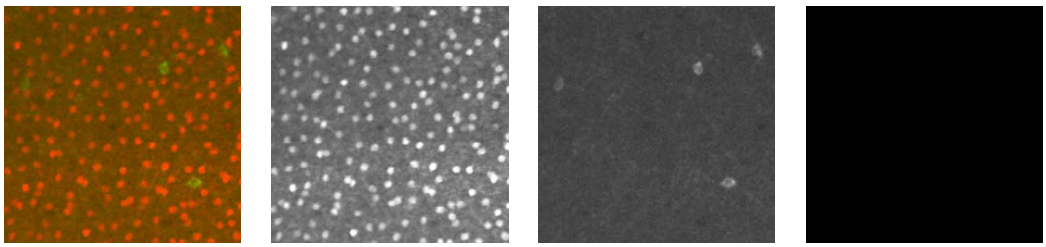
3.4 Quelques considérations sur la couleur dans l'imagerie en microscopie biomédicale

Dans cette section nous allons montrer quelques exemples de la couleur dans l'imagerie en microscopie biomédicale qui vont nous aider à en tirer des considérations pratiques sur ce domaine applicatif.

La couleur a toujours été une caractéristique fondamentale en microscopie optique biomédicale pour distinguer des objets tels que les cellules ou les tissus. Cependant, dans la plupart des applications de microscopie quantitative fondées sur des traitements morphologiques, la couleur n'est pas vraiment considérée : à partir de la composante luminance, on tente de définir l'intervalle associé aux objets recherchés et ceci pour les segmenter.

D'un autre coté, avec l'usage des fluorescences et des microscopes confocaux laser pour l'acquisition ainsi que des marqueurs immunochimiques, la couleur est devenue un atout très utile et puissant pour la détection des caractéristiques d'intérêt. Par conséquent, depuis quelques années des efforts ont été menés pour mettre en œuvre des approches de traitement de l'image microscopique qui combinent la géométrie et la couleur. Il faut citer notamment les travaux de segmentation morphologique couleur appliquée à la cytologie de séreuses [153] [154] et les principes de l'espace-échelle appliqués à la structure et la couleur en microscopie optique [95] [281].

Par rapport à la question du choix le plus judicieux de l'espace de représentation de la couleur dont nous avons discuté dans ce chapitre, les images tirées du domaine de la microscopie biomédicale constituent un cas particulier avec ses avantages et ses inconvénients.



(Image Couleur) (Composante R) (Composante V) (Composante B)

FIG. 3.22 – Image couleur de la rétine d'un singe avec deux populations de cellules qui ont été immuno-marquées avec deux fluorescences différentes.

Parfois, le problème de la couleur est relativement facile. Regardons l'exemple de la figure 3.22. Il s'agit d'une image de la rétine d'un singe avec deux populations de cellules qui ont été immuno-marquées avec deux fluorescences différentes, puis l'acquisition a été faite avec un microscope confocal [199]. Evidemment, lorsqu'on prend séparément les trois composantes R, V et B on obtient tout de suite la représentation optimale pour extraire les cellules "rouges" (composant R) et les cellules "vertes" (composant V). Un exemple similaire de fluorescence est formé des images $Cy3$ et $Cy5$ des biopuces que nous montrons dans le chapitre 8.

Prenons maintenant un deuxième exemple de l'histologie, figure 3.23. L'image couleur contient une section de tissu de l'aorte. Le but recherché est l'extraction et la quantification

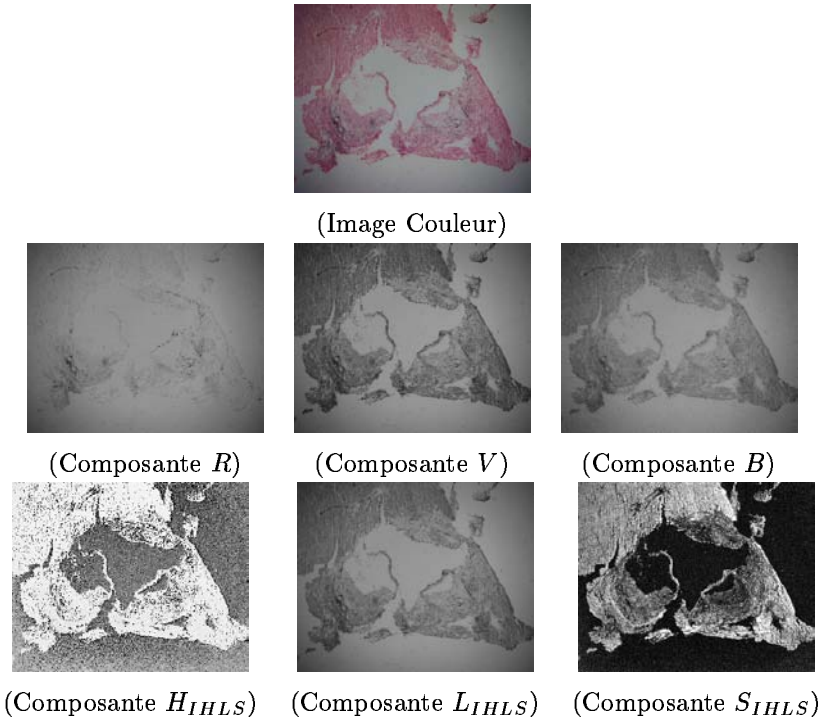


FIG. 3.23 – Image couleur d'une coupe histologique de l'aorte colorée avec von Kossa pour quantifier la calcification.

des calcifications à l'intérieur d'une zone de lésion [11]. Pour mettre en évidence les régions calcifiées (très foncées sur l'image finale), la préparation a été colorée avec une technique connue comme nitrate d'argent de von Kossa. De plus, on doit extraire la zone de l'image occupée par le tissu. Si l'on commence par ce dernier objectif, les composantes R, V, B (et donc la luminance, L) ont un effet de non-uniformité de l'illumination très fort (effet de "shading") qui rendrait difficile un seuillage du tissu; en revanche, la composante saturation, S, fournit une image propre pour cette cible. La composante R offre la source la plus simple pour l'extraction des calcifications vis-à-vis du reste du tissu. Enfin, expérimentalement nous avons pu constater que pour la définition de la lésion, il faut travailler à partir de la composante V : avec la coloration le tissu est rouge-rosé, avec une texture moins dense sur la zone de lésion. Nous pouvons affirmer comme conclusion de cet exemple que la nature des structures à segmenter conditionne le choix de la "meilleure composante" pour chaque tâche à réaliser.

La "meilleure composante" n'est pas toujours si simple à déterminer (c'est le cas quand celle-ci ne correspond pas à une des composantes des espaces habituels). Nous devons donc envisager une méthode d'apprentissage statistique *a priori* (e.g. avec les composantes principales et la transformée de Karhunen-Loève [201] [258] [153]) pour définir une représentation optimale à partir d'un échantillon représentatif de la problématique à étudier. L'inconvénient principal de cette démarche est le manque de reproductibilité de certaines préparations biologiques. Typiquement, la coloration est le résultat d'un protocole qui peut être plus ou moins stable en fonction de beaucoup de facteurs (produits chimiques utilisés, temps de traitement,

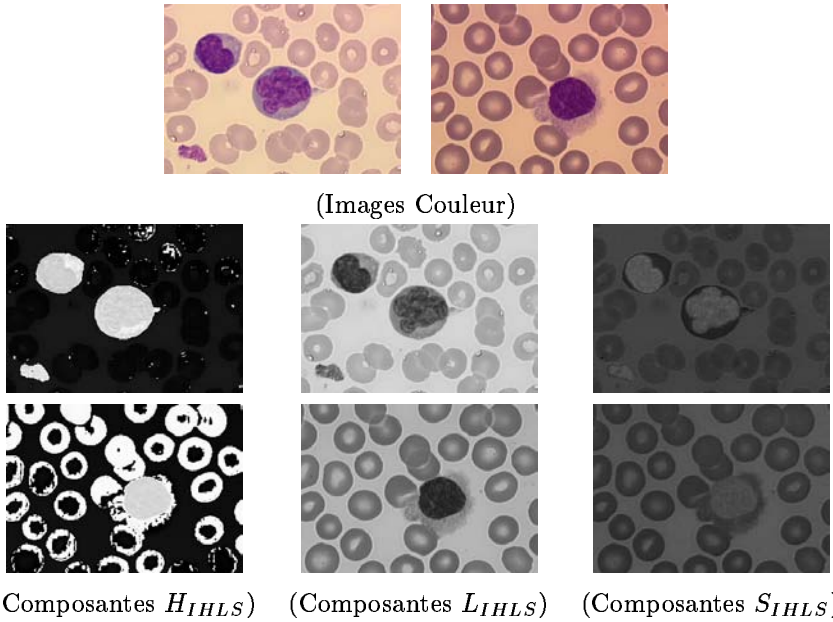


FIG. 3.24 – Deux images couleur du sang périphérique colorées avec May-Grünwuald Giemsa pour étudier les lymphocytes et les erythrocytes.

habilité du technicien, température et vieillesse de la lampe, etc.) et par conséquent, le contenu spectral des deux images du même domaine peut être très différent.

Une autre manière d'approcher les problèmes les plus complexes est d'utiliser en même temps plus d'une composante couleur et ceci correspond donc au cadre des approches vectorielles. Nous allons en parler dans les chapitres suivants. Toutefois, nous voulons montrer un dernier exemple qui porte sur l'application principale de cette thèse, l'hématologie cellulaire, pour nous permettre d'illustrer le problème du manque de reproductibilité. La figure 3.24 contient deux exemples d'image de sang périphérique colorées avec la même technique (May-Grünwuald Giemsa), mais ainsi qu'on le note sur les images, les différences spectrales sont importantes. Pour pouvoir développer des algorithmes de segmentation et de classification de cellules sanguines, nous devons utiliser des représentations robustes face à cette variabilité. Nous reviendrons largement sur le traitement des images de l'hématologie.

3.5 Conclusions du chapitre

L'application des opérateurs morphologiques aux images couleur est un problème non-trivial. Nous avons voulu dans ce chapitre dégager le chemin pour arriver à pouvoir traiter convenablement les images couleur.

Dans le chapitre précédent, nous avons inclus un rappel classique sur les modèles de la vision humaine. Après, nous avons suivi le paradigme CIE pour présenter l'espace L*a*b. L'espace L*a*b* a deux bonnes propriétés : l'uniformité perceptuelle et, avec la calibration du système, l'indépendance de l'appareil. Notons que la calibration du système implique une connaissance totale de la chaîne d'acquisition, ce qui n'arrive presque jamais en traitement

d'image dans des domaines comme le multimédia et l'imagerie médicale. Dans d'autres domaines comme le graphisme et l'imprimerie, la chaîne couleur est normalement calibrée.

Dans une deuxième démarche plus mathématique adoptée dans ce chapitre, et sur la base des travaux de Hanbury et Serra, nous nous sommes centrés sur les espaces de type polaire "teinte, luminance et saturation". Des définitions fondées sur des normes et sur l'indépendance des informations chromatique/achromatique aboutissent sur trois systèmes différents. Une critique des espaces polaires est qu'ils sont trop liés à l'espace RVB et que leurs fonctions de clarté ne correspondent pas à la perception humaine de la luminance. Effectivement, cela est vrai, mais il faudra se poser la question du besoin de l'uniformité perceptuelle dans des applications de traitement d'image telles que le filtrage et la segmentation. De plus, avec l'indépendance entre la luminance et la saturation, on peut choisir n'importe quelle fonction de clarté y compris des fonctions avec de bonnes qualités psyco-visuelles.

A partir des histogrammes bi-variables luminance/saturation et teinte/saturation, nous avons montré aussi l'intérêt des représentations polaires pour la segmentation des images et pour l'extraction de reflets, ombres et dégradés.

Enfin, nous avons illustré avec quelques exemples la particularité de l'usage de la couleur dans l'imagerie en microscopie biomédicale.

Chapitre 4

Filtrage morphologique d'images couleur

4.1 Introduction

Dans les chapitres précédents nous avons traité les espaces de représentation des images couleur. Nous sommes donc en mesure de discuter l'extension de certains opérateurs morphologiques pour le filtrage et la segmentation d'images couleur ou multispectrales. Ce premier chapitre sur la morphologie couleur concerne le filtrage couleur.

Nous avons justifié précédemment l'intérêt pratique d'une représentation en coordonnées polaires type HLS ("luminance, teinte, saturation") lorsqu'on construit par exemple des histogrammes bi-dimensionnels. Les mêmes considérations (usage de normes et indépendance de l'information chromatique/achromatique) sont valables lorsqu'on cherche à bâtir des opérateurs morphologiques couleur. C'est pour cela que nous allons utiliser les espaces HLS pour le filtrage et la segmentation, et les comparer avec l'espace RVB ou L*a*b*.

Chacune des trois composantes fournit une information spécifique, de plus, la magnitude des variables est différente. La teinte est une variable angulaire définie sur le cercle unité et il est nécessaire d'utiliser des opérateurs morphologiques adaptés. Puis, la composante saturation n'a pas la même importance ni peut être traitée de la même manière que la composante teinte ou la composante brillance. Son rôle est justement de donner pour chaque pixel la proportion de couleur par rapport à la luminance.

La structure du chapitre est la suivante. Nous commençons notre exposé avec un résumé des résultats les plus importants sur le traitement morphologique des données sur le cercle unité. Ceci va nous permettre d'aborder la composante teinte correctement.

Nous proposons alors une première extension des opérateurs gradient et chapeau haut de forme pour les images couleur, en utilisant les opérateurs numériques et angulaires correspondants pour chacune des composantes couleur.

Nous traitons ensuite la généralisation aux images couleur des opérateurs morphologiques érosion/dilatation et ses dérivés dans le cadre des treillis complets totalement ordonnés. Nous

discutons les notions théoriques ainsi que le cadre algorithmique qui permet leur mise en œuvre. Puis nous illustrons avec une série d'exemples les différentes alternatives dans le choix des ordres vectoriels.

4.1.1 Notations

Soit f une image numérique à niveaux de gris, typiquement sur un domaine discret et avec des valeurs également discrètes, i.e.

$$f : E \subset \mathbf{Z}^2 \rightarrow \mathbf{Z} : \mathbf{x} = (x, y) \rightarrow h = f(\mathbf{x}).$$

Dans ce chapitre nous allons travailler sur des images couleur. Une image couleur $\mathbf{f}$ est une image vectorielle produit de trois fonctions numériques ou angulaires discrètes :

$$\mathbf{f} : E \subset \mathbf{Z}^2 \rightarrow \mathbf{Z}^3 : \mathbf{x} = (x, y) \rightarrow \mathbf{c} = \mathbf{f}(\mathbf{x}).$$

où la couleur $\mathbf{c}$ est un triplet (vecteur) qu'on peut exprimer par exemple, dans les espaces couleur RVB, L*a*b* ou HLS. L'image couleur $\mathbf{f}$ est le produit de trois composantes selon l'espace couleur de travail et ces composantes seront dénotées de la façon suivante : $\mathbf{f} = (f_R, f_V, f_B)$, $\mathbf{f} = (f_{L*}, f_{a*}, f_{b*})$ ou $\mathbf{f} = (f_H, f_L, f_S)$. On dira par exemple que f_L est la composante luminance de l'image couleur $\mathbf{f}$. Lorsqu'on traite les composantes couleur sans les associer à une image couleur spécifique on pourra aussi utiliser la notation h, l, $l*$, etc.

4.2 Morphologie mathématique sur le cercle unité ou morphologie angulaire

Les données qui prennent des valeurs angulaires, comme par exemple la composante teinte, un champ de directions, etc., peuvent être représentées par des points sur le cercle unité, i.e. le cercle de centre o et de rayon de longueur égale à 1. L'application de la morphologie mathématique sur le cercle unité a fait l'objet des travaux très approfondis de Hanbury et Serra [112, 109]. D'autres auteurs se sont aussi intéressés au traitement des magnitudes angulaires [206] [294] [307] [282]. Nous nous limiterons ici aux résultats les plus pratiques pour le traitement de la composante teinte.

4.2.1 Le cercle unité

Les points sur ce cercle qui correspondent aux directions par rapport au centre o sont indiqués par la notation α_i, avec $i \in \mathbf{N}$. En choisissant une origine quelconque a_0 sur le cercle unité, les positions des points α_i peuvent être données par les angles a_i correspondants ; ces angles sont mesurés dans le sens inverse des aiguilles d'une montre à partir de l'origine a_0. Il faut remarquer que les points α_i se trouvent toujours à la même position, indépendamment de la position de l'origine a_0, tandis que les valeurs des angles correspondants a_i changent en fonction de la position de l'origine.

Les angles ont la propriété d'avoir des valeurs $a_i + 2k\pi$, $k \in \mathbf{Z}$ qui correspondent toujours au même point α_i, i.e. périodicité à 2π près. Pour simplifier la comparaison des angles, leurs valeurs a_i sont contraintes d'être dans l'intervalle $[0, 2\pi)$.

L'addition de deux valeurs angulaires a_i et a_j est $a_i +^\circ a_j = K(a_i + a_j)$, et la soustraction de deux valeurs angulaires est $a_i -^\circ a_j = K(a_i - a_j)$, où $K(\theta) = \theta + 2k\pi$, avec $k \in \mathbf{Z}$ choisi tel que $K(\theta) \in [0, 2\pi)$. Cette soustraction représente l'angle formé par les deux directions α_i et α_j dans le sens inverse des aiguilles d'une montre à partir de a_j.

Il existe une autre notion angulaire qui correspond à l'angle le plus petit formé par les deux directions indiquées par les points α_i et α_j et représenté par l'angle aigu entre les deux angles a_i et a_j, qu'on dénote par $a_i \div a_j$, avec

$$a_i \div a_j = \begin{cases} |a_i - a_j| & \text{si} \quad |a_i - a_j| \leq \pi \\ 2\pi - |a_i - a_j| & \text{si} \quad |a_i - a_j| \geq \pi \end{cases} \tag{4.1}$$

Dans cette section, on considère les images angulaires définies par l'application suivante

$$a : E \to C$$

où C est le cercle unité.

Pour les images numériques, les valeurs des pixels sont en général limitées par le nombre de bits par pixel. Pour une image de 8 bits de profondeur, les angles entre 0 et 2π sont représentés par des valeurs comprises entre 0 et 255.

4.2.2 Morphologie avec le choix d'une origine

Comme nous expliquons dans le chapitre d'annexe A, les opérateurs de la morphologie mathématique sont définis dans la cadre d'un treillis complet, i.e. on a besoin d'un ordre. Dans les images de type a, il n'existe pas un ordre pré-défini pour les valeurs angulaires. On est libre de prendre une origine a_0 n'importe où sur le cercle, et l'ordre des valeurs dépend du choix de cette origine.

Ayant choisi une origine sur le cercle unité, on peut facilement bâtir un ordre de 0 à 2π, avec infimum 0 et supremum 2π. Dans cette situation peu souhaitable l'infimum et le supremum correspondent au même point du cercle, l'origine. Une solution pour résoudre ceci consiste à ordonner les points en fonction de leur distance à l'origine choisie en utilisant l'angle aigu entre deux points donnés par l'équation (4.1). Un ordre basé sur ces distances ne sera pas complet, parce que deux points sur les côtés différents de l'origine peuvent avoir la même distance de l'origine. On peut néanmoins imposer un ordre complet sur les points a_i du cercle en utilisant la formule suivante :

$$a_i \succeq a_j \Leftrightarrow \begin{cases} a_i \div a_0 \geq a_j \div a_0 & \text{ou} \\ a_i \div a_0 = a_j \div a_0 & \text{et } a_i -^\circ a_0 \leq \pi \end{cases} \tag{4.2}$$

A partir de cet algorithme, il est possible de définir un opérateur érosion et son dual en choisissant comme origine a_0 la position de la teinte d'intérêt :

Définition 1 (Erosion angulaire) *L'érosion d'une fonction angulaire a par un élément structurant B au point x selon l'origine choisie a_0 est comme suit*

$$\varepsilon^{\circ}_{B,a_0} a(x) = \overset{\circ}{\sup}\{a(y), y \in B_x\},$$

dans lequel l'ordre pour établir le supremum $\sup^{\circ}$ *est donné par l'équation (4.2).*

C'est à dire que l'érosion angulaire, ou supremum d'un ensemble de points sur le cercle unité, est le point le plus éloigné de l'origine choisie a_0. Evidemment, la dilatation angulaire est donnée par le point le plus proche à l'origine :

Définition 2 (Dilatation angulaire) *La dilatation d'une fonction angulaire a par un élément structurant B au point x selon l'origine choisie a_0 est comme suit*

$$\delta^{\circ}_{B,a_0} a(x) = \overset{\circ}{\inf}\{a(y), y \in B_x\},$$

dans lequel l'ordre pour établir l'infimum $\inf^{\circ}$ *est donné par l'équation (4.2).*

Une fois qu'on a défini l'érosion et la dilatation il est possible aussi de déterminer l'***ouverture angulaire*** $\gamma^{\circ}_{B,a_0} a = \delta^{\circ}_{B,a_0}(\varepsilon^{\circ}_{B,a_0} a)$ et la ***fermeture angulaire*** $\varphi^{\circ}_{B,a_0} a = \varepsilon^{\circ}_{B,a_0}(\delta^{\circ}_{B,a_0} a)$.

Un exemple de résultat de l'usage de ces opérateurs angulaires est montré dans la figure 4.1. Il s'agit de deux images couleur très simples, avec des objets rouges, verts et bleus, l'une sur un fond jaune et l'autre sur un fond bleu. Le but est de traiter les objets rouges ; pour cela, on applique les opérateurs δ°_{B,h_0} et $\varepsilon^{\circ}_{B,h_0}$ sur la composante teinte $h(x) : E \to C$, en fixant l'origine à $h_0 = 0°$ (rouge). Le comportement de la dilatation et de l'érosion se révèle très intuitif sur les objets rouges, et indépendamment de la couleur du fond. Il est cependant plus difficile de prévoir l'effet sur les objets d'autres couleurs : selon que la couleur du fond est plus éloignée ou plus proche de l'origine que la couleur de l'objet, les grains bleus et verts sont érodés ou dilatés lorsqu'on applique l'opérateur δ°_{B,h_0}.

Beaucoup de questions se posent suite à cet exemple. Tout d'abord, quelle origine a_0 choisir ? Le choix de l'origine peut être fait en fonction des besoins de l'utilisateur ou des connaissances sur les images à traiter et sur les objets d'intérêt. Dans des images relativement simples, il est possible aussi par exemple de calculer une teinte moyenne d'une image, basée sur des statistiques circulaires [85]. Or d'une manière générale, la teinte moyenne d'une image n'a pas de sens (quelle est la couleur moyenne parmi des objets rouges, verts et bleus ?), et il faut envisager d'autres solutions. Nous allons présenter par la suite une méthode relativement simple pour définir la couleur dominante et la couleur anti-dominante d'une image, qui va nous permettre d'établir l'origine sur le cercle unité le moins critique lorsqu'on applique un opérateur qui a besoin d'une origine de teinte.

Hanbury et Serra [112, 109] ont conçu d'autres façons de traiter la teinte sans avoir besoin de choisir une origine. Dans une première approche, il faut d'abord déterminer si les données sur le cercle unité forment un ω-groupe et puis, il est possible de définir une pseudo-dilatation et une pseudo-érosion. L'autre approche consiste à considérer la teinte comme une partition connexe (partition dont les classes sont connexes) qui est ensuite indexée par l'association d'un indice (lié à chaque couleur). Les partitions indexées construites sur le cercle unité sont nommées partitions cycliques. Alors, on peut appliquer des ouvertures en parallèle. Toutefois,

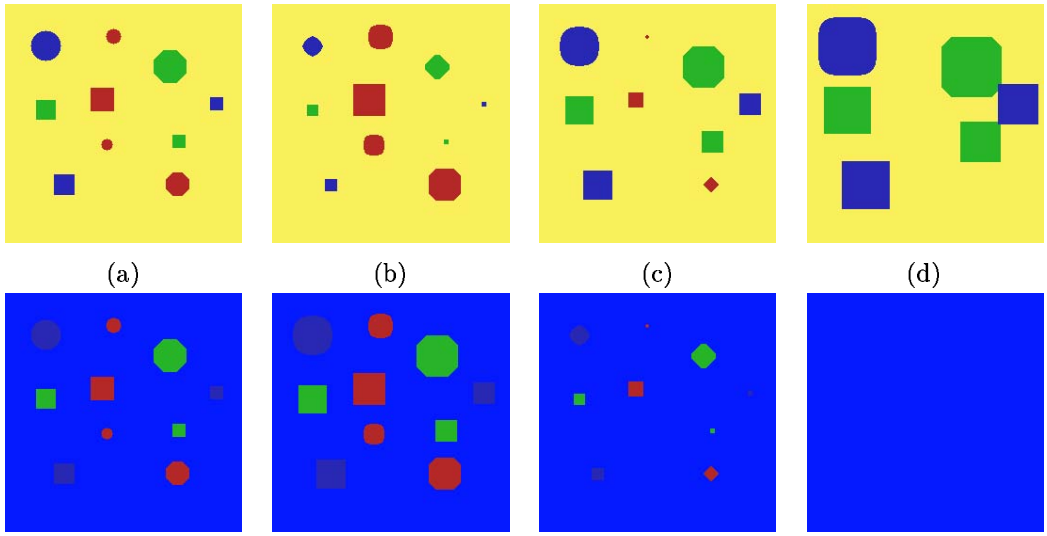


FIG. 4.1 – Dilatation et érosion angulaire sur la teinte h d'une image couleur : (a) image initiale version "jaune", (b) dilatation carrée taille 10, (c) érosion carrée taille 10, (d) érosion carrée taille 30, (e) image initiale version "bleu", (f) dilatation carrée taille 10, (g) érosion carrée taille 10, (h) érosion carrée taille 30. L'origine de la teinte est toujours dans le rouge, $h_0 = 0°$.

pour ces opérateurs invariants par rotation (indépendants du choix de l'origine) d'autres choix préalables sont inévitables. Par exemple, pour les pseudo-opérateurs, on est obligé de choisir une définition de groupement des données et pour les ouvertures labellisées, il faut une taille de secteur.

Nous reviendrons plus tard à ce type de morphologie de teinte avec choix de l'origine pour bâtir des treillis complets totalement ordonnés pour le filtrage des images couleur.

4.2.3 Morphologie circulaire centrée

Si l'ordre des pixels dépend du choix de l'origine a_0, l'ordre des différences entre les valeurs de deux pixels est indépendant de la position de a_0. Pour les opérateurs morphologiques qui agissent sur des accroissements, il est possible de les reformuler d'une façon qui ne nécessite aucun choix préalable en utilisant l'équation (4.1). Nous rappelons dans cette section l'adaptation des opérateurs de gradient morphologique et de chapeau haut de forme aux images angulaires due à Hanbury et Serra [112, 109].

Gradient circulaire centré

Soit f une fonction numérique dérivable, nous discutons dans le chapitre d'annexe A la notion de gradient morphologique associée au résidu d'une dilatation et une érosion, i.e.

$$g(f) = \delta_B(f) - \varepsilon_B(f),$$

ce qui peut être écrit comme suit

$$g(x)(f) = \vee[f(y), y \in B(x)] - \wedge[f(y), y \in B(x)]. \tag{4.3}$$

En utilisant la relation suivante

$$\{f(x) - \wedge[f(y), y \in B(x)]\} = \vee\{f(x) - f(y), y \in B(x)\},$$

et la relation obtenue par inversion des suprema et des infima, on peut écrire l'équation (4.3) dans une forme qui ne contient que des accroissements :

$$g(x)(f) = \vee[f(x) - f(y), y \in B(x)] - \wedge[f(x) - f(y), y \in B(x)]. \tag{4.4}$$

Pour passer des fonctions numériques $f(x)$ à des fonctions angulaires $a(x)$, il suffit de remplacer les accroissements $[f(x) - f(y)]$ dans l'équation (4.4) par la différence angulaire définie par l'équation (4.1). Pour le cas où l'origine n'appartient pas à l'élément structurant, le gradient circulaire centré g° devient

$$g^\circ(x)(a) = \vee[a(x) \div a(y), y \in B(x)] - \wedge[a(x) \div a(y), y \in B(x)]. \tag{4.5}$$

Pour le cas où l'origine appartient à l'élément structurant, le cas le plus courant, l'équation se réduit à la forme suivante :

$$g^\circ(x)(a) = \vee[a(x) \div a(y), y \in B(x)]. \tag{4.6}$$

Ceci est dû au fait que $[f(x) - f(y)] \in (-\infty, \infty)$, mais $[a(x) \div a(y)] \in (0, \infty)$, et par conséquent $\wedge[a(x) \div a(y), y \in B(x)]$ dans l'équation (4.4) est toujours égal à zéro si l'origine appartient à l'élément structurant.

Chapeau haut de forme circulaire centré

Nous allons aussi décrire dans le chapitre d'annexe A la notion d'un chapeau haut de forme comme le résidu entre une fonction numérique f et sa transformée par ouverture $\gamma_B(f)$. Elle ne met donc en jeu que des accroissements, et par conséquent se transpose en fonctions à valeurs sur le cercle unité. Nous explicitons ci-dessous l'algorithme auquel on aboutit dans le cas des ouvertures par adjonction (i.e. produits de composition d'une érosion par la dilatation adjointe). Si l'on note par $\{B_i, i \in I\}$ la famille des éléments structurants qui contiennent le point x, la relation qui donne la valeur $\gamma_B(x)$ de l'ouvert selon l'élément structurant B, au point x, est :

$$\gamma_B(f)(x) = \sup\{\inf[f(y), y \in B_i], i \in I\}.$$

Considérons maintenant l'expression $\rho(x)(f)$ du chapeau haut de forme, que nous pouvons écrire de façon à mettre en évidence les accroissements de f :

$$\rho(f)(x) = f(x) - \gamma_B(f)(x) = f(x) - \sup\{\inf[f(y), y \in B_i], i \in I\}$$
$$\rho(f)(x) = -\sup\{\inf[f(y) - f(x), y \in B_i], i \in I\}$$

D'une façon semblable à ce qui a été fait pour le gradient, on remplace alors $[f(x) - f(y)]$ par $[a(x) \div a(y)]$. Pourtant, il est nécessaire de prendre en compte le fait qu'on remplace l'expression $[f(x) - f(y)] \in (-\infty, \infty)$ par l'expression $[a(x) \div a(y)] \in (0, \infty)$, et en conséquence, si l'origine appartient à l'élément structurant, l'expression $\inf[a(x) \div a(y)]$ est toujours égale à zéro. Pour éviter que le résultat de cet opérateur soit toujours égal à zéro, il faut passer par la forme duale, équivalente, mais qui ne met en jeu que des suprema, soit

$$\rho^{\circ}(x)(a) = -\sup\{-\sup[a(x) \div a(y), y \in B_i], i \in I\}. \tag{4.7}$$

Des exemples sur ces genres de gradients et chapeaux haut de forme sont donnés dans la section suivante.

4.3 Gradients et chapeaux haut de forme couleur

Dans cette section, nous allons appliquer les transformations morphologiques par accroissement de type numérique et de type angulaire aux composantes des images couleur pour définir des opérateurs couleur qui visent à extraire des caractéristiques chromatiques et achromatiques intéressantes.

4.3.1 Gradients couleur

La segmentation d'une image numérique est basée dans la plupart des algorithmes sur la détection des variations d'intensité entre les régions. Les contours sont obtenus classiquement à partir des points de passage par zéro de la dérivée seconde (laplacien) du signal, ou bien en sélectionnant les maxima locaux de la norme de la dérivée première, dans la direction du gradient. La méthode morphologique de la LPE est justement fondée sur la détection des lignes de crête d'une fonction type gradient. Cette démarche peut être généralisée aux images couleur, en proposant la notion de gradient couleur pour décrire les transitions associées aux contours des régions de couleur homogène de l'image. Définissons d'abord ce qu'on entend par gradient couleur.

Définition 3 (Gradient couleur) *Soit* $\mathbf{f}$ *une image couleur. On appelle gradient couleur de l'image* $\mathbf{f}$*, noté* $\nabla\mathbf{f} : E \to \mathbf{Z}$*, une fonction numérique scalaire qui associe à chaque point* x *la valeur de la variation chromatique et/ou achromatique dans un voisinage élémentaire autour du point,* $K(x)$*.*

En d'autres termes, pour chaque pixel x, le gradient couleur est une application de $\mathbf{Z}^3 \to \mathbf{Z}$ telle que $\nabla\mathbf{f}(x)$ est lié à une mesure de distance de la couleur dans le voisinage de x.

Cette définition est suffisamment générale pour pouvoir associer $\nabla\mathbf{f}$ à différents fonctionnels. Nous allons partir de trois gradients :

- Gradient morphologique, ∇f : c'est le gradient standard que nous avons présenté à plusieurs reprises, donné par le résidu entre une dilatation et une érosion, i.e.

$$\nabla f(x) = \delta_K(f)(x) - \varepsilon_K(f)(x) = \vee[f(x) - f(y), y \in K(x)] - \wedge[f(x) - f(y), y \in K(x)] \tag{4.8}$$

  Il est très bien adapté aux fonctions numériques scalaires.

- Gradient circulaire centré, $\nabla_c a$: pour les fonctions définies dans le cercle unité, nous avons montré la version circulaire centrée du gradient morphologique, i.e.

$$\nabla_c a(x) = \vee[a(x) \div a(y), y \in K(x)] - \wedge[a(x) \div a(y), y \in K(x)] \tag{4.9}$$

- Gradient euclidien, $\nabla_E \mathbf{f}$: très utile pour les fonctions vectorielles :

$$\mathbf{f}(x) = (f_1(x), f_2(x), \cdots, f_n(x)).$$

Nous avons illustré dans la section précédente que le gradient morphologique peut être écrit en termes d'accroissements ; ceci suggère d'utiliser la distance euclidienne pour quantifier la valeur $[\mathbf{f}(x) - \mathbf{f}(y)]$, i.e.

$$d_E(\mathbf{f}(x), \mathbf{f}(y)) = \sqrt{(f_1(x) - f_1(y))^2 + (f_2(x) - f_2(y))^2 + \cdots + (f_n(x) - f_n(y))^2}.$$

Par conséquent, le gradient euclidien devient

$$\nabla_E \mathbf{f}(x) = \vee[d_E(\mathbf{f}(x), \mathbf{f}(y)), y \in K(x)] - \wedge[d_E(\mathbf{f}(x), \mathbf{f}(y)), y \in K(x)]. \tag{4.10}$$

Lorsque nous les appliquons aux images couleur dans les espaces HLS et L*a*b*, il est possible de déterminer les gradients couleur suivants :

Gradient de Luminance : gradient morphologique de la composante luminance qui tient compte des transitions achromatiques de l'image,

$$\nabla^L \mathbf{f}(x) = \nabla f_L(x). \tag{4.11}$$

Gradient de Teinte : gradient circulaire centré de la composante teinte pour détecter les changements locaux de la couleur,

$$\nabla^H \mathbf{f}(x) = \nabla_c f_H(x). \tag{4.12}$$

Gradient Couleur pondéré par Saturation : gradient synthétique en utilisant la saturation comme barycentre pour pondérer le gradient de teinte et le gradient de luminance,

$$\nabla^S \mathbf{f}(x) = f_S(x) \times \nabla_c f_H(x) + (1 - f_S(x)) \times \nabla f_L(x). \tag{4.13}$$

Les valeurs élevées de la saturation sont associées aux pixels chromatiques pour lesquels on tiendra compte du gradient de teinte, tandis que pour les pixels achromatiques, avec une faible saturation, le gradient dominant sera celui de la luminance. Il faut noter que ce gradient n'est pas une magnitude physique interprétable, néanmoins il est très intéressant puisqu'il place la saturation dans son rôle naturel de mesure de proportionnalité de la couleur par rapport à la luminance.

Gradient Couleur par supremum : c'est le sup pixel à pixel du gradient de la luminance, du gradient de la teinte et d'un gradient morphologique de la composante saturation,

$$\nabla^{\sup} \mathbf{f}(x) = \vee[\nabla_c f_H(x), \nabla f_L(x), \nabla f_S(x)]. \tag{4.14}$$

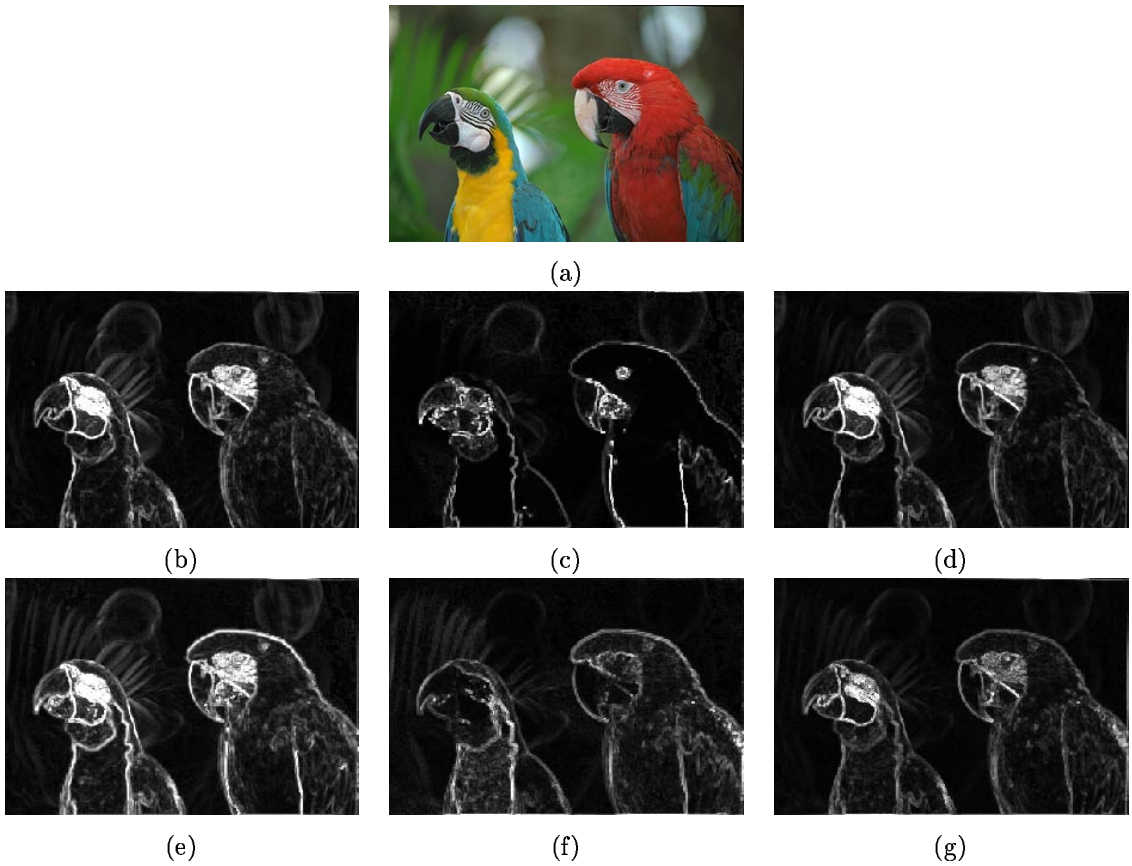


FIG. 4.2 – Gradients couleur de l'image "perroquets" : (a) image couleur initiale, $\mathbf{f}$, (b) $\nabla^L\mathbf{f}$, (c) $\nabla^H\mathbf{f}$, (d) $\nabla^S\mathbf{f}$, (e) $\nabla^{\text{sup}}\mathbf{f}$, (f) $\nabla^C\mathbf{f}$ et (g) $\nabla^P\mathbf{f}$.

Gradient Chromatique : gradient euclidien des composantes $a*$ et $b*$,

$$\nabla^C\mathbf{f}(x) = \nabla_E(f_{a*}, f_{b*})(x). \tag{4.15}$$

On rappelle que $\triangle E_{a*b*}(x,y) = \sqrt{(a*(x) - a*(y))^2 + (b*(x) - b*(y))^2}$ correspond à la différence chromatique dans l'espace L*a*b.

Gradient Perceptuel : gradient euclidien des trois composantes dans l'espace L*a*b*,

$$\nabla^P\mathbf{f}(x) = \nabla_E(f_{L*}, f_{a*}, f_{b*})(x). \tag{4.16}$$

L'uniformité perceptuelle de cet espace fait que $\triangle E_{L*a*b*}(x,y)$ a une signification physique et perceptible des transitions de couleur.

Illustrons l'action de ces opérateurs sur l'image couleur "perroquets", voir figure 4.2. Cette image a été choisie parce qu'elle a des régions très colorées (avec une région des teintes rouges autour de la discontinuité de l'origine) et des régions grisâtres (achromatiques).

Tout d'abord, parlons du gradient circulaire centré de la teinte. Il est clair qu'un gradient morphologique classique sur la teinte produirait un grand nombre de pixels de forte valeur qui

ne correspondent pas à des différences importantes de couleur dans l'image initiale. Notons de plus que les valeurs élevées représentent les changements invariants par rotation de la teinte. Les transitions chromatiques sont aussi mises en évidence par le gradient euclidien des composantes a* et b*. Parmi les gradients couleur "globaux", le plus contrasté est celui fondé sur le supremum des trois gradients dans l'espace HLS. Outre le fait d'être moins bruité, on perçoit que le gradient couleur pondéré par saturation a les transitions les plus fines.

Toutefois, la seule méthode objective pour évaluer la qualité d'un gradient est son usage pour la segmentation. Nous reviendrons donc à cette comparaison entre les différentes gradients couleur proposés.

4.3.2 Chapeaux haut de forme couleur

La même démarche que celle que nous venons de présenter peut être utilisée pour introduire des opérateurs couleur de type chapeau haut de forme. Commençons par revoir les alternatives dans la définition du résidu chapeau haut de forme.

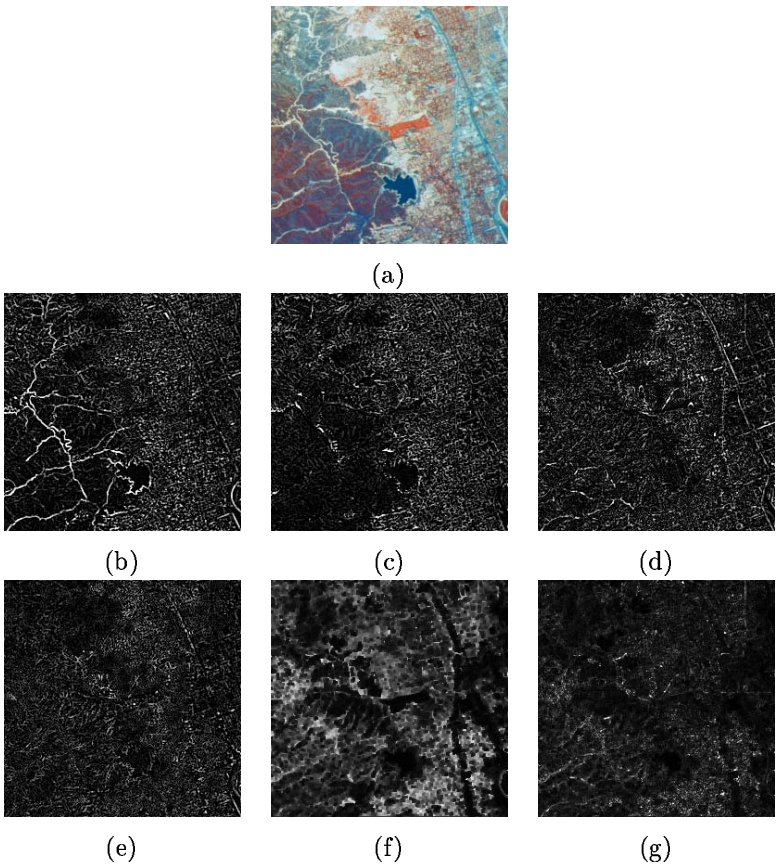
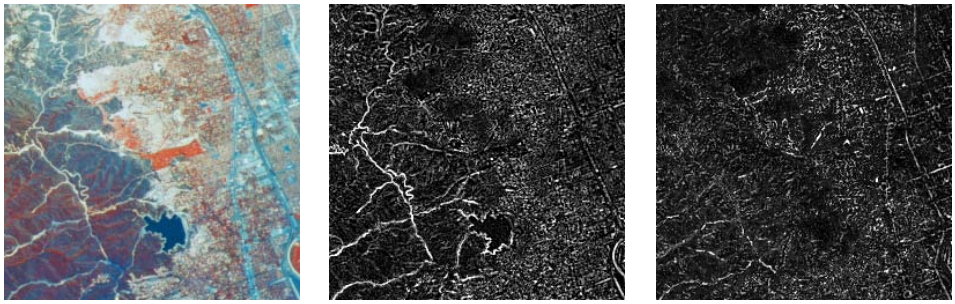


FIG. 4.3 – Chapeaux haut de forme des composantes HLS de l'image "aérien" : (a) image couleur initiale, $\mathbf{f}$, (b) $\rho_B^+(f_L)$, (c) $\rho_B^-(f_L)$, (d) $\rho_B^+(f_S)$, (e) $\rho_B^-(f_S)$, (f) $\rho_B^\circ(f_H)$ et (g) $f_S \times \rho_B^\circ(f_H)$. L'élément structurant B est toujours un carré de taille 3. Le contraste des images a été modifié en multipliant par une constante.



(a) (b) (c)

FIG. 4.4 – Chapeaux haut de forme couleur de l'image "aérien" : (a) image couleur initiale, $\mathbf{f}$, (b) chapeau haut de forme achromatique blanc, $\rho_B^{A+}(\mathbf{f})$ et (c) chapeau haut de forme chromatique, $\rho_B^C(\mathbf{f})$.

- Chapeau haut de forme blanc, $\rho_B^+(f)$: résidu entre la fonction numérique et une ouverture, i.e.

$$\rho_B^+(f)(x) = f(x) - \gamma_B(f)(x) = -\sup\{\inf[f(y) - f(x), y \in B]\}. \tag{4.17}$$

- Chapeau haut de forme noir, $\rho_B^- f$: résidu entre une fermeture et la fonction numérique, i.e.

$$\rho_B^-(f)(x) = \varphi_B(f)(x) - f(x) = \inf\{\sup[f(y) - f(x), y \in B]\}. \tag{4.18}$$

- Chapeau haut de forme circulaire centré, $\rho_B^\circ(f)$: variations rapides d'une fonction angulaire, i.e.

$$\rho_B^\circ(f)(x) = -\sup\{-\sup[a(x) \div a(y), y \in B]\}. \tag{4.19}$$

- Chapeau haut de forme vectoriel, $\rho_B(\mathbf{f})$: soit $\mathbf{f}$ une image couleur et soit $\gamma_B(\mathbf{f})$ une ouverture morphologique vectorielle. Il y a de multiples manières de mesurer la différence de couleur pixel à pixel (i.e. $[\mathbf{f}(y) - \mathbf{f}(x), y \in B]$). Dans le même esprit que pour le gradient vectoriel, on peut définir le résidu à l'aide de la fonction distance euclidienne, afin d'obtenir une fonction résidu scalaire. Ainsi, le chapeau haut de forme vectoriel blanc se transforme en

$$\rho_B^+(\mathbf{f})(x) = \mathbf{f}(x) - \gamma_B(\mathbf{f})(x) = -\sup\{\inf[d_E(\mathbf{f}(x), \mathbf{f}(y)), y \in B]\}. \tag{4.20}$$

  où $d_E(\mathbf{f}(x), \mathbf{f}(y))$ est la distance euclidienne entre les pixels x et y. Cette distance euclidienne aura une forme particulière selon le système de coordonnées de l'espace couleur de travail. Une définition similaire peut être écrite pour le chapeau haut de forme vectoriel noir.

Dans cette section nous allons nous limiter à étudier les *chapeaux haut de forme couleur séparables*, c'est-à-dire ceux qui sont obtenus à partir des composantes couleur séparément. Nous allons nous limiter aussi aux espaces type HLS. Après, une fois qu'on aura introduit le filtrage morphologique vectoriel (les ouvertures/fermetures couleur), on pourra construire des *chapeaux haut de forme couleur vectoriels* par distance entre les images couleur.

Un premier exemple avec une image aérienne, figure 4.3, va nous permettre de poursuivre la discussion. Pour cette image, et lorsqu'on travaille avec les composantes luminance, teinte et saturation, nous pouvons obtenir cinq chapeaux haut de forme : blanc et noir pour la luminance, blanc et noir pour la saturation et circulaire centré pour la teinte. Les chapeaux haut de forme blancs et noirs de la luminance extraient les structures contrastées (et plus petites que B) claires et sombres respectivement de l'image couleur. Pour l'exemple présent, les rivières qu'on cherche à extraire sont visibles dans $\rho_B^+(f_L)$, tandis que sur $\rho_B^-(f_L)$ on trouve du bruit et les régions sombres entourées par les courbes claires.

Les structures mises en évidence sur la saturation ont une autre interprétation. Le chapeau haut de forme blanc fournit les structures chromatiques plus petites que l'élément structurant placées sur un fond achromatique, c'est-à-dire de petits détails de couleur sur un fond non coloré. Pour l'image de l'exemple, ceci correspond à quelque fragments bleus de la rivière, et à d'autres petites structures colorées. En revanche, le chapeau haut de forme noir de la saturation agit sur les structures achromatiques de l'image couleur entourées d'un fond coloré ; c'est-à-dire quelques détails complémentaires à ceux qu'on peut extraire à partir de la luminance. Cependant, il n'est pas possible de savoir seulement à partir de la saturation si ces détails sont clairs ou sombres. En ce qui concerne cet exemple, cette transformation n'est pas très significative.

Et finalement, celui de la teinte donne des variations chromatique rapides. A ce propos, remarquons que lorsqu'on se situe dans des régions achromatiques, les variations de la composante teinte n'ont pas d'intérêt et dans ce cas précis, la valeur du chapeau haut de forme circulaire produirait un artefact. La manière la plus simple d'éviter de fortes valeurs fausses passe par pondérer $\rho_B^\circ(f_H)$ avec la saturation, et donc le résultat est constitué des variations chromatiques rapides sur un fond saturé, donc chromatique.

En résumé, nous pouvons définir intuitivement trois chapeaux haut de forme couleur séparables qui synthétisent tous les détails associés à un élément structurant donné,

Chapeau haut de forme achromatique blanc : supremum du chapeau haut de forme blanc de la luminance et du chapeau haut de forme noir de la saturation,

$$\rho_B^{A+}(\mathbf{f}) = \rho_B^+(f_L) \vee \rho_B^-(f_S). \tag{4.21}$$

Chapeau haut de forme achromatique noir : supremum du chapeau haut de forme noir de la luminance et le chapeau haut de forme noir de la saturation,

$$\rho_B^{A-}(\mathbf{f}) = \rho_B^-(f_L) \vee \rho_B^-(f_S). \tag{4.22}$$

Remarquons qu'on inclut la contribution de $\rho_B^-(f_S)$ dans les deux chapeaux haut de forme achromatiques. Il est vrai que cette redondance peut paraître injustifiée et même erronée (on rappelle que le chapeau haut de forme noir de la saturation peut contenir des détails clairs et sombres). En plus d'avoir des définitions symétriques, la raison principale est justement le fait de ne pas connaître *a priori* si les détails rehaussés sont clairs ou sombres ; d'un autre côté, en pratique, sur une image on ne s'intéresse qu'à l'un des deux chapeaux haut de forme achromatiques. Toutefois, nous avons pu constater

que la contribution de détails achromatiques de $\rho_B^-(f_S)$ par rapport à $\rho_B^+(f_L)$ et $\rho_B^-(f_L)$ est souvent négligeable et par conséquent qu'on peut faire abstraction de celui-ci sans soucis.

Chapeau haut de forme chromatique : supremum du chapeau haut de forme circulaire centré de la teinte pondéré par la saturation et le chapeau haut de forme blanc de la saturation,

$$\rho_B^C(\mathbf{f}) = [f_S \times \rho_B^\circ(f_H)] \vee \rho_B^+(f_S). \tag{4.23}$$

La figure 4.4 montre les chapeaux haut de forme couleur de l'image "aérien" (le chapeau haut de forme achromatique noir n'a aucun intérêt pour cet exemple). Prenons un deuxième exemple, figure 4.5 [15]. Cette fois-ci, il s'agit d'une carte couleur avec plusieurs types de structures à extraire : des caractères textuels en noir sur fond de différentes couleurs, des caractères textuels en couleur sur un fond d'une autre couleur, des contours d'objets cartographiques chromatiques et achromatiques.

Etant donné que les éléments textuels et les lignes sont sombres vis-à-vis du fond, on aura tout intérêt à travailler avec le chapeau haut de forme noir de la luminance. Lorsqu'on le combine avec le chapeau haut de forme noir de la saturation pour obtenir le chapeau haut de forme achromatique noir, on aperçoit une amélioration dans le contraste des structures extraites. Puis, le chapeau haut de forme chromatique permet de mieux lire certains caractères textuels en couleur ainsi que des structures linéaires colorées.

Les résultats des images 4.5(h)-(i) peuvent être considérés comme une étape de pré-traitement pour ensuite les analyser à l'aide d'un algorithme de classification (type OCR) qui permettrait d'identifier le texte et de le séparer des autres structures. Ces images peuvent aussi être traitées avec d'autres techniques morphologiques classiques pour déterminer les structures linéaires, etc. [262].

Pour en finir, un autre exemple de carte cartographique couleur, figure 4.6. Les mêmes considérations sont valables ici.

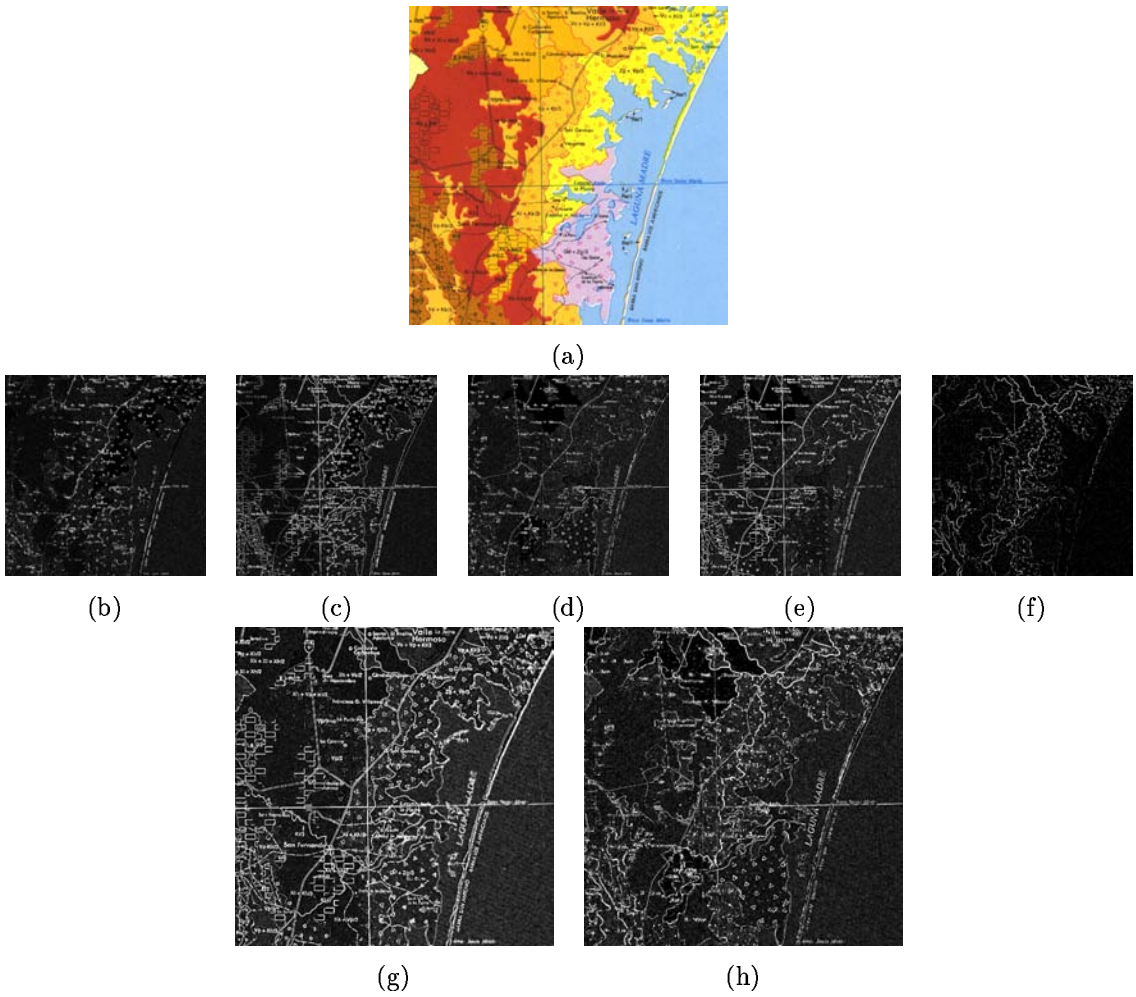


FIG. 4.5 – Chapeaux haut de forme couleur de l'image "CarteMexique1" : (a) image couleur initiale, $\mathbf{f}$, (b) $\rho_B^+(f_L)$, (c) $\rho_B^-(f_L)$, (d) $\rho_B^+(f_S)$, (e) $\rho_B^-(f_S)$, (f) $f_S \times \rho_B^\circ(f_H)$, (g) chapeau haut de forme achromatique noir, $\rho_B^{A-}(\mathbf{f})$ et (h) chapeau haut de forme chromatique, $\rho_B^C(\mathbf{f})$. L'élément structurant B est toujours un carré de taille 3. Le contraste des images a été modifié en multipliant par une constante.

(a) (b) (c)

FIG. 4.6 – Chapeaux haut de forme couleur de l'image "CarteMexique2" : (a) image couleur initiale, $\mathbf{f}$, (b) chapeau haut de forme achromatique noir, $\rho_B^{A-}(\mathbf{f})$ et (c) chapeau haut de forme chromatique, $\rho_B^C(\mathbf{f})$. L'élément structurant B est toujours un carré de taille 3. Le contraste des images a été modifié en multipliant par une constante.

4.4 Eléments théoriques pour le filtrage vectoriel

Les opérateurs morphologiques ont besoin d'une structure de treillis complet [240] [222]. Nous rappelons qu'un treillis complet repose sur la définition d'un ordre partiel et l'existence d'un infimum (plus grand minorant) et d'un supremum (plut petit majorant). Nous avons déjà étudié la manière de traiter la composante teinte des images couleur ainsi que quelques opérateurs couleur de type accroissement. Pour les variables angulaires, le traitement morphologique passe par fixer une origine sur le cercle. Etant donné que les accroissements peuvent être re-formulés sans le sup et l'inf, le problème de l'ordre partiel peut être contourné.

Le traitement séparé de la teinte n'est guère intéressant que dans certains cas. Si l'on cherche à traiter les images couleur il faut penser aussi aux coordonnées de saturation et de luminance associées à la teinte.

Dans ce qui suit, nous discutons ce dernier cas, la morphologie mathématique appliquée aux images couleur représentées dans un système de coordonnées polaires. À chaque pixel de ce type d'image numérique, on a un vecteur qui contient une valeur angulaire, la teinte, et deux mesures linéaires, la saturation et la luminance. Le développement d'opérateurs de traitement morphologique capables de travailler sur des vecteurs, avec de plus, la difficulté de prendre en compte ces deux types de données dans le même vecteur, n'est pas triviale. Ceci justifie la diversité (et souvent, l'inexactitude) des approches proposées. Nous décrivons l'état de l'art à fur et à mesure.

Pour pouvoir appliquer la morphologie mathématique aux images couleur, il est nécessaire de pouvoir ordonner les couleurs, et de vérifier l'existence des suprema et infima pour ainsi construire un treillis complet. L'application des opérateurs morphologiques à des images couleur est un cas spécial de la morphologie mathématique vectorielle.

Avant d'entrer dans le vif du sujet sur les ordres vectoriels, il faut parler de la différence entre ordre partiel et ordre total. Un ordre partiel (disons "$<$") dans un ensemble quelconque $\mathcal{L}$ est totalement ordonné si et seulement si $\forall x, y \in \mathcal{L}$, $x < y$ ou $y < x$. Cette définition implique un ordre pour lequel il n'existe pas de paire de membres de l'ensemble non ordonnés. On appelle un *ordre partiel* qui est *totalement ordonné* un *ordre total*. Cela est d'une importance capitale dans la mise en œuvre des opérateurs morphologiques.

4.4.1 Ordres vectoriels

A partir du travail classique de Barnett [24], on considère qu'il y a quatre méthodes pour ordonner les données vectorielles : l'ordre marginal, l'ordre réduit, l'ordre partiel et l'ordre conditionnel. Tous les quatre ont été utilisés en traitement d'image. Soit $\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2, \cdots, \mathbf{x}_n$ un ensemble de n vecteurs de dimension p, i.e. $\mathbf{x}_i = (x_{1(i)}, x_{2(i)}, \cdots, x_{p(i)})$, $\mathbf{x}_i \in \mathbf{R}^p$.

Ordre marginal : les vecteurs sont ordonnés selon chacune des dimensions séparément, c'est à dire composante par composante. Pour deux vecteurs $\mathbf{x}_i$ et $\mathbf{x}_j$ on a :

$$\mathbf{x}_i \preceq \mathbf{x}_j \Leftrightarrow x_{k(i)} \leq x_{k(j)}, \forall k \in \{1, 2, \cdots, p\}.$$

Ordre réduit : cet ordre utilise une fonction $d : \mathbf{R}^p \rightarrow \mathbf{R}$ pour ordonner les vecteurs. Pour

deux vecteurs $\mathbf{x}_i$ et $\mathbf{x}_j$ on a :

$$\mathbf{x}_i \preceq \mathbf{x}_j \Leftrightarrow d(x_i) \leq d(x_j).$$

Typiquement, d est une distance généralisée à un vecteur de référence $\mathbf{a}$: $d(\mathbf{x}_i, \mathbf{a}) = (\mathbf{x}_i - \mathbf{a})^T \Gamma^{-1} (\mathbf{x}_i - \mathbf{a})$, où $\mathbf{a}$ pourrait être un vecteur moyen et Γ une matrice de dispersion.

Ordre partiel : l'ordre partiel est fondé sur la structure géométrique des vecteurs. A partir du calcul de l'enveloppe convexe, l'élément le plus interne est considéré comme la référence.

Ordre conditionnel : l'ordre conditionnel ou lexicographique est basé sur une certaine priorité dans la prise en compte des composantes. Pour deux vecteurs $\mathbf{x}_i$ et $\mathbf{x}_j$, on pourrait avoir la relation d'ordre suivante :

$$\mathbf{x}_i \prec \mathbf{x}_j \Leftrightarrow \begin{cases} x_{1(i)} < x_{1(j)} & ou \\ x_{1(i)} = x_{1(j)} & et \quad x_{2(i)} < x_{2(j)} \quad ou \cdots \\ x_{1(i)} = x_{1(j)} & et \quad x_{2(i)} = x_{2(j)} \cdots \quad x_{p(i)} < x_{p(j)} \end{cases}$$

La relation précédente donne la priorité à la première composante, puis à la deuxième, etc. Evidemment, il est possible de définir d'autres ordres lexicographiques pour la même famille de vecteurs.

Quelques remarques sur les différents ordres vectoriels. L'ordre marginal est un ordre partiel et il est clair que les vecteurs sup et inf d'un sous-ensemble quelconque ne font pas forcément partie du sous-ensemble initial de vecteurs. Pour l'ordre réduit, les vecteurs sup et inf d'une comparaison sont membres de l'ensemble initial de vecteurs parce qu'on ne traite pas les composantes des vecteurs séparément. De plus, si la fonction est injective, l'ordre peut être total. Cependant, le choix de la fonction d'ordre n'est pas toujours facile. Dans l'ordre partiel, l'implémentation dans l'obtention de l'enveloppe convexe peut aboutir à des algorithmes très lents. D'un autre coté, l'ordre n'est pas très précis pour le traitement d'images vectorielles, puisque les couleurs ne sont pas toujours groupées autour d'un cluster. L'ordre lexicographique est un ordre vectoriel total, avec la propriété que le sup et l'inf sont toujours membres de l'ensemble initial de vecteurs. Nous allons nous centrer sur cet ordre pour le développement du filtrage morphologique couleur.

En plus de l'ordre marginal, qui permet une généralisation très simple du filtrage numérique scalaire en appliquant le filtrage composante par composante, voir Serra [240], quelques autres approches au filtrage couleur ont été suggérées dans la littérature.

L'ordre réduit a été appliqué pour définir des filtres médians par Astola *et al.* [17], et par Pitas et Tsakalides [208]. L'ordre réduit a été aussi utilisé pour la définition des opérateurs morphologiques par Comer et Delp [68], et par Ortiz *et al.* [197]. Weeks et Sartor [294] proposent une combinaison d'un ordre réduit avec un ordre conditionnel. Serra [240] suggère aussi un ordre intermédiaire entre l'ordre marginal et l'ordre lexicographique.

Les ordres conditionnels ont été aussi largement étudiés par Peters [206], par Talbot *et al.* [269], par Iwanowski et Serra [131], par Hanbury et Serra [111, 113], par Ortiz *et al.* [199], par Louverdis *et al.* [158] ; dans le cadre du filtrage morphologique couleur. Vardavoulia *et al.* [282] définissent aussi des filtres médians vectoriels à l'aide d'un ordre conditionnel.

L'ordre partiel est le point de départ, dans un schéma de logique floue, de la méthode proposée par Köppen *et al.* [143] pour la mise en œuvre d'une morphologie floue couleur de Pareto. Un autre ordre partiel a été introduit par Mojsilovic et Soljanin [190], en utilisant un échantillonnage basé sur la succession de Fibonacci.

Quelques ordres alternatifs ont été proposés. Goutsias *et al.* [100] utilisent la théorie de Wilson sur la morphologie des matrices [297]. Un ordre total basé sur les courbes de remplissage de l'espace est suggéré par Chanussot et Lambert [58, 59].

4.4.2 Pourquoi préserver les vecteurs ?

Nous avons déjà discuté le fait que pour certains ordres vectoriels, le supremum et l'infimum d'un ensemble de vecteurs ne font pas toujours partie de cet ensemble. Ce qui est vrai surtout pour l'ordre marginal, qu'on rappelle être la méthode la plus directe pour appliquer un opérateur morphologique sur une image couleur. Il faut se poser la question sur les conséquences de l'introduction de nouveaux vecteurs pour la tâche qui nous intéresse du filtrage couleur.

Evidemment, ce problème se manifeste par l'introduction de fausses couleurs dans l'image filtrée. Une *fausse couleur* est simplement une couleur présente dans l'image après l'application d'un opérateur mais qui n'était pas présente dans l'image de départ.

Pour les filtres de codage d'images couleur, qui visent à réduire la complexité des structures en gardant un aspect visuellement proche de l'image de départ, l'apparence de ces nouvelles couleurs dans les résultats peut être gênant. En revanche, si le but de la simplification est de préparer l'image par exemple pour la segmenter, le fait d'avoir de nouvelles couleurs n'est pas très important. Nous illustrerons cette question des fausses couleurs tout au long du chapitre.

Des résultats théoriques de Serra [110] ont montré les conditions nécessaires pour que le supremum et l'infimum de l'ensemble dans un treillis complet appartiennent à cet ensemble, c'est-à-dire qu'ils "restent dans la famille". En fait, la condition à imposer c'est que le treillis soit complètement ordonné. On trouve donc la justification pour se fonder sur les cascades des ordres lexicographiques pour les filtrages morphologiques couleur.

4.5 Filtrage morphologique couleur et ordres lexicographiques

Dans cette section, nous illustrons la pertinence de l'ordre lexicographique lorsqu'on travaille dans les espaces couleur RVB et surtout HLS, dans la mise en œuvre du filtrage morphologique couleur.

Avant de décrire les différentes formulations pour les ordres lexicographiques et montrer des exemples, nous considérons d'abord deux questions générales.

D'un coté, le fait que quand un ordre lexicographique est utilisé dans un espace couleur quelconque, on trouve que la plupart des décisions sur l'ordre des vecteurs sont prises au premier niveau de la relation d'ordre. Nous montrons une méthode simple pour assouplir l'importance de la première composante et faire jouer un rôle important dans l'ordre pour la deuxième, voir la troisième. Et d'un autre coté, nous voulons dédier quelques lignes au

cadre algorithmique développé pour tester les résultats pratiques des différents ordres lexicographiques.

Finalement, nous conclurons la section en faisant une étude comparative des performances de ces ordres lexicographiques pour la mise en œuvre de nivellements couleur.

4.5.1 Assouplissement d'un ordre lexicographique

L'utilisation de l'ordre conditionnel ou lexicographique implique forcément l'attribution d'une priorité aux composantes, parce que dans la plupart des cas, la relation d'ordre de deux vecteurs sera décidée par la première condition de la cascade lexicographique. Des études ont montré que pour une image de type général, les vecteurs sont ordonnés par la première condition en moyenne dans plus de 90% des pixels [200]. Ceci peut être intéressant pour certaines applications; cependant il serait souhaitable de pouvoir contrôler la dépendance vis-à-vis de la première composante en rendant plus flexible l'ordre lexicographique, tout en préservant le principe d'ordre total.

Une première méthode envisagée pour réduire la contribution a été d'utiliser un paramètre α de contrôle au premier niveau pour diminuer son importance [198].

Nous avons proposé une approche beaucoup plus utile qui consiste à réduire d'une manière linéaire la marge dynamique de variation de la première composante [13]. Par exemple, si on considère que $\mathbf{x}_i = (x_{1(i)}, x_{2(i)}, \cdots, x_{p(i)})$, $\mathbf{x}_i \in \mathbf{Z}^p$, avec chaque composante définie sur 255 niveaux (le cas pour la représentation classique des composantes couleur d'une image), dans la relation d'ordre avec $x_{1(i)}$ au premier niveau, si $x_{1(i)}$ est représentée par 10 niveaux au lieu de 255, la composante au deuxième niveau $x_{2(i)}$ jouera un rôle forcément plus grand. Pour arriver à la réduction des niveaux, la façon la plus simple consiste à diviser par une constante (paramètre de contrôle) et à arrondir à l'entier le plus proche. Par conséquent, nous pouvons proposer un *ordre lexicographique de module* α comme suit :

$$\mathbf{x}_i \prec_\alpha \mathbf{x}_j \Leftrightarrow \begin{cases} \lceil x_{1(i)}/\alpha \rceil < \lceil x_{1(j)}/\alpha \rceil & ou \\ \lceil x_{1(i)}/\alpha \rceil = \lceil x_{1(j)}/\alpha \rceil & et \quad x_{2(i)} < x_{2(j)} \qquad ou \cdots \\ \lceil x_{1(i)}/\alpha \rceil = \lceil x_{1(j)}/\alpha \rceil & et \quad x_{2(i)} = x_{2(j)} \cdots \quad x_{p(i)} < x_{p(j)} \end{cases} \tag{4.24}$$

La démarche est tout à fait généralisable, en fixant un module pour chaque composante, ce qui permet un contrôle de l'influence de chacune. On dira un ordre lexicographique de module $\alpha = (\alpha_1, \alpha_2, \cdots, \alpha_p)$, i.e.

$$\mathbf{x}_i \prec_\alpha \mathbf{x}_j \Leftrightarrow \begin{cases} \lceil x_{1(i)}/\alpha_1 \rceil < \lceil x_{1(j)}/\alpha_1 \rceil & ou \\ \lceil x_{1(i)}/\alpha_1 \rceil = \lceil x_{1(j)}/\alpha_1 \rceil & et \quad \lceil x_{2(i)}/\alpha_2 \rceil < \lceil x_{2(j)}/\alpha_2 \rceil \qquad ou \cdots \\ \lceil x_{1(i)}/\alpha_1 \rceil = \lceil x_{1(j)}/\alpha_1 \rceil & et \quad \lceil x_{2(i)}/\alpha_2 \rceil = \lceil x_{2(j)}/\alpha_2 \rceil \cdots \quad \lceil x_{p(i)}/\alpha_p \rceil < \lceil x_{p(j)}/\alpha_p \rceil \end{cases}$$

Dans ce qui suit, nous nous limiterons aux ordres lexicographiques assouplis de module α, qui mettent en jeu principalement la première et la deuxième composante.

Il n'est évidemment pas nécessaire de toujours se limiter à une priorité des composantes décroissantes selon leurs positions dans le vecteur. Comme nous allons le voir, il est même possible de mettre une fonction de pondération au premier niveau de l'ordre lexicographique pour ainsi créer un ordre total.

4.5.2 Notation et cadre algorithmique pour le développement d'opérateurs morphologiques couleur

Lorsqu'on définit un opérateur morphologique couleur, en plus de la nature même de l'opération morphologique, e.g. une érosion carrée de taille 5, ce qu'on doit impérativement fixer est l'ordre vectoriel des couleurs. C'est-à-dire qu'il faut choisir un espace couleur, puis l'ordre lexicographique des composantes dans cet espace précis; on aura donc un treillis couleur parfaitement défini. Par conséquent, une même opération morphologique produira des résultats différents selon qu'on ait choisi un ordre ou un autre.

Nous allons noter de façon plus compacte par $\Omega \equiv (x_1|_\alpha \rightarrow x_2 \rightarrow \cdots \rightarrow x_p)$ l'ordre lexicographique de module α donné par l'équation (4.24).

Après avoir choisi ou défini un treillis pour les vecteurs couleur selon la relation d'ordre Ω, permettant ainsi le choix d'un supremum et d'un infimum d'un ensemble de ces vecteurs, les opérateurs morphologiques de base peuvent être appliqués. L'**érosion couleur** par un élément structurant B de l'image $\mathbf{f}$ est donnée par

$$\varepsilon_{\Omega,B}(\mathbf{f})(x) = \{\mathbf{f}(y) : \mathbf{f}(y) = \inf_{\Omega}[\mathbf{f}(z)], z \in B_x\}, \tag{4.25}$$

et la **dilatation couleur** correspondante est :

$$\delta_{\Omega,B}(\mathbf{f})(x) = \{\mathbf{f}(y) : \mathbf{f}(y) = \sup_{\Omega}[\mathbf{f}(z)], z \in B_x\}, \tag{4.26}$$

où $\inf_\Omega$ et $\sup_\Omega$ sont respectivement *le supremum et l'infimum selon l'ordre* Ω.

Puis, ces opérateurs peuvent être utilisés pour bâtir les opérateurs comme l'**ouverture couleur** par l'élément structurant B selon l'ordre Ω :

$$\gamma_{\Omega,B}(\mathbf{f}) = \delta_{\Omega,B}(\varepsilon_{\Omega,B}(\mathbf{f})) \tag{4.27}$$

et la **fermeture couleur** duale :

$$\varphi_{\Omega,B}(\mathbf{f}) = \varepsilon_{\Omega,B}(\delta_{\Omega,B}(\mathbf{f})) \tag{4.28}$$

Avec des séries d'ouvertures et fermetures, nous pouvons définir les **filtres alternés séquentiels couleur**, $FAS_{\Omega,nB}(\mathbf{f})$.

En plus des quatre opérateurs de base, il est nécessaire de pouvoir définir des opérateurs par reconstruction. D'abord pour définir la **dilatation géodésique couleur** de taille n selon l'ordre Ω de l'image $\mathbf{f}$ sous le masque $\mathbf{g}$, $\delta^n_\Omega(\mathbf{g}, \mathbf{f})$, qui est obtenue par itération de la dilatation géodésique couleur unitaire, i.e.

$$\delta^1_\Omega(\mathbf{g}, \mathbf{f}) = \delta_{\Omega,B}(\mathbf{f}) \wedge_\Omega \mathbf{g}.$$

A partir de cette opération, nous pouvons définir la **reconstruction géodésique couleur** selon Ω :

$$\delta^{rec}_\Omega(\mathbf{g}, \mathbf{f}) = \delta^n_\Omega(\mathbf{g}, \mathbf{f}), \delta^n_\Omega(\mathbf{g}, \mathbf{f}) = \delta^{n+1}_\Omega(\mathbf{g}, \mathbf{f}). \tag{4.29}$$

Avec cette définition et la duale, il est possible d'obtenir des **ouvertures par reconstruction couleur** γ_Ω^{rec} et **des fermetures par reconstruction couleur** ε_Ω^{rec}.

L'algorithme que nous donnons dans le chapitre A pour la définition du nivellement d'une image référence $\mathbf{f}$ et d'une image marqueur $\mathbf{m}$, noté $\lambda_\Omega(\mathbf{f}, \mathbf{m})$ est toujours valable pour le **nivellement couleur**.

Même s'il ne s'agit pas d'un filtre morphologique, le **filtre médian couleur** s'avère très intéressant pour la simplification des images, et particulièrement dans notre cas pour l'obtention de marqueurs des nivellements couleur. On rappelle que la sortie d'un filtre médian vectoriel (FMV) [17] appliqué à l'ensemble de vecteurs $\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2, \cdots, \mathbf{x}_n$ correspond au vecteur $\mathbf{x}_k$ qui minimise la somme de distances, i.e.

$$\sum_{i=1}^{n} \|\mathbf{x}_k - \mathbf{x}_i\| \leq \sum_{i=1}^{n} \|\mathbf{x}_j - \mathbf{x}_i\|, j = 1, 2, \cdots, n.$$

Etant donné que nous allons appliquer les opérateurs morphologiques couleur précédents à toute une série d'ordres lexicographiques différents, nous avons conçu un cadre algorithmique général pour le filtrage morphologique couleur. L'approche a consisté à programmer une fonction générique de type "préservation des vecteurs" pour chaque opérateur morphologique. Par exemple, on aura une fonction pour l'érosion couleur :

```
ErosionCouleur(image *fin, image *fout, int nSize, int type)
```

où les paramètres sont l'image initiale d'entrée, l'image résultat de sortie, la taille de l'élément structurant (ou accessoirement, la forme et la taille) et le type de filtrage couleur, c'est-à-dire l'ordre vectoriel à utiliser. Dans le corps de cette fonction, la variable "type" permet de définir le supremum et l'infimum d'un couple (ou un ensemble) de vecteurs par rapport à l'ordre choisi. On n'a besoin donc que d'une fonction $\preceq$ et $\succeq$ pour chaque ordre Ω ou bien une fonction qui donne le sup et l'inf, e.g.

```
supCouleur_Ordre1(int rx, int gx, int bx, int ry, int gy, int by,
int *rsup, int *gsup, int *bsup, float *parametres[])
```

Pour en finir avec le cadre algorithmique nécessaire pour une "morphologie mathématique couleur", il faut programmer la **distance vectorielle** entre deux images couleur. Nous utilisons la distance euclidienne que nous avons présentée pour les gradients couleur. Avec la distance couleur nous pouvons obtenir des **résidus couleur**.

4.5.3 Ordres lexicographiques dans l'espace RVB

Nous commençons par un premier exemple de fermeture par reconstruction couleur sur l'image "carmen", figure 4.7. On a appliqué cet opérateur avec l'ordre marginal, puis avec un ordre lexicographique de module α en comparant les résultats selon qu'on prend comme première composante le canal rouge, vert ou bleu. Evidemment, l'application de l'approche marginale comporte l'apparition des fausses couleurs (voir le poisson rouge/bleu qui devient

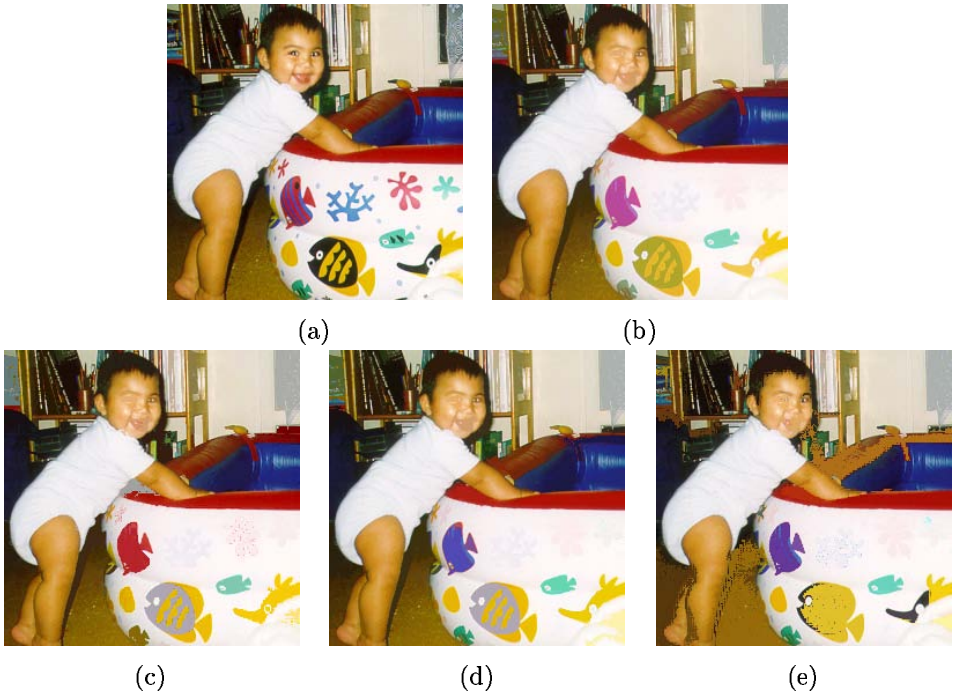


FIG. 4.7 – Fermeture morphologique par reconstruction couleur $\varphi_{\Omega}^{rec}(\mathbf{f})$ de l'image "carmen" dans l'espace RVB : (a) image initiale, $\mathbf{f}$, (b) Ω est l'ordre marginal, (c) $\Omega \equiv (R|_{\alpha=5} \rightarrow G \rightarrow B)$, (d) $\Omega \equiv (G|_{\alpha=5} \rightarrow R \rightarrow B)$, (e) $\Omega \equiv (B|_{\alpha=5} \rightarrow R \rightarrow G)$. La reconstruction duale est faite à partir d'une dilatation $\delta_{\Omega,B}(\mathbf{f})$, où B est un carré de taille 10.

rose). Puis, lorsqu'on applique un ordre total avec une priorité assignée au rouge, au vert ou au bleu, les effets sont prévisiblement différents (voir le poisson qui devient complètement rouge ou complètement bleu). D'autre part, on constate que la composante bleue est la moins stable; dès lors la reconstruction géodésique couleur est moins performante.

On peut conclure que l'application d'un ordre lexicographique à un espace couleur de type RVB entraîne forcément la promotion d'une des composantes rouge, verte ou bleue à la position dominante, ce qui donne des opérateurs qui ne sont pas homogènes dans leur traitement de l'espace. On ne peut pas écarter que ceci soit utile pour certaines applications bien spécifiques. Néanmoins, une extension des opérateurs morphologiques couleur est préférable pour simplifier les structures et les objets d'une façon plus homogène et stable. Nous proposons ici deux approches pour pré-ordonner les couleurs à partir des valeurs RVB, ensuite nous irons directement vers les espaces en coordonnées polaires.

L'ordre $\Omega \equiv (M|_{\alpha} \rightarrow m \rightarrow G \rightarrow R \rightarrow B)$

Le premier ordre lexicographique dans l'espace RVB qu'on propose est le suivant :

$$\mathbf{c}_i \prec_\alpha^{MmRVB} \mathbf{c}_j \Leftrightarrow \begin{cases} \lceil M_i/\alpha \rceil < \lceil M_j/\alpha \rceil \\ ou \\ \lceil M_i/\alpha \rceil = \lceil M_j/\alpha \rceil \quad et \quad m_i < m_j \\ ou \\ \lceil M_i/\alpha \rceil = \lceil M_j/\alpha \rceil \quad et \quad m_i = m_j \quad et \quad g_i < g_j \\ ou \\ \lceil M_i/\alpha \rceil = \lceil M_j/\alpha \rceil \quad et \quad m_i = m_j \quad et \quad g_i = g_j \quad et \quad r_i < r_j \\ ou \\ \lceil M_i/\alpha \rceil = \lceil M_j/\alpha \rceil \quad et \quad m_i = m_j \quad et \quad g_i = g_j \quad et \quad r_i = r_j \quad et \quad b_i < b_j \end{cases} \tag{4.30}$$

où $M(\mathbf{c}) = \sup(r, g, b)$ et $m(\mathbf{c}) = \inf(r, g, b)$. Le principe est alors de considérer un ordre assoupli selon la composante la plus importante, puis la moins importante. De telle sorte que la couleur dominante se propage. Pour avoir un treillis complet totalement ordonné, il est indispensable d'ajouter à la cascade lexicographique les trois valeurs r, g et b initiales, même s'il est fort peu probable de devoir regarder au-delà de la troisième ligne.

Des tests préliminaires avec cet ordre ont montré que les résultats du filtrage obtenu n'étaient pas très satisfaisants, avec l'apparition d'artefacts visuels importants.

L'ordre $\Omega \equiv (I|_{\alpha,\beta} \rightarrow R \rightarrow G \rightarrow B)$

Un autre pré-ordre en RVB que nous avons étudié est le suivant :

$$\mathbf{c}_i \prec_\alpha^{IRVB} \mathbf{c}_j \Leftrightarrow \begin{cases} \lceil I_i/\alpha \rceil < \lceil I_j/\alpha \rceil \\ ou \\ \lceil I_i/\alpha \rceil = \lceil I_j/\alpha \rceil \quad et \quad r_i < r_j \\ ou \\ \lceil I_i/\alpha \rceil = \lceil I_j/\alpha \rceil \quad et \quad r_i = r_j \quad et \quad g_i < g_j \\ ou \\ \lceil I_i/\alpha \rceil = \lceil I_j/\alpha \rceil \quad et \quad r_i = r_j \quad et \quad g_i = g_j \quad et \quad b_i < b_j \end{cases} \tag{4.31}$$

où la fonction de pré-ordre $I(\mathbf{c})$ peut être donnée d'une façon générale par :

$$I(\mathbf{c}) = \beta[\kappa_1 r + \kappa_2 b + \kappa_3 g] + (1 - \beta)[M(\mathbf{c}) - m(\mathbf{c})], 0 \leq \beta \leq 1.$$

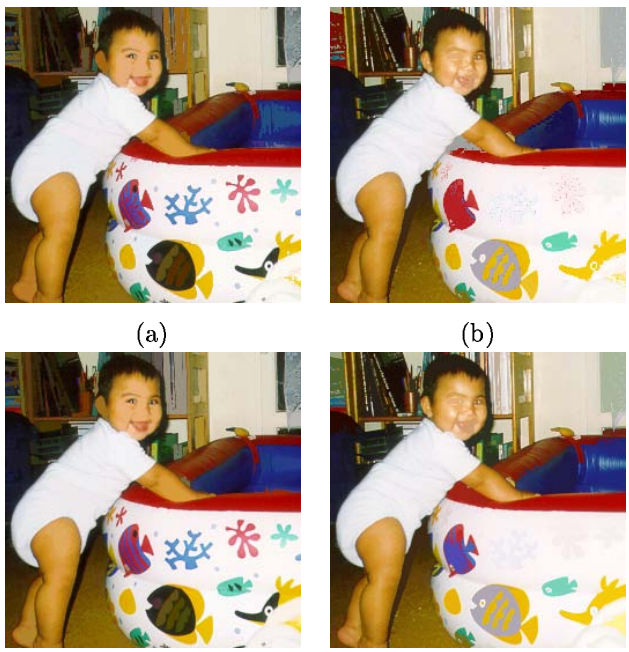
Dans cette fonction on trouve une combinaison linéaire des composantes RVB et une contribution non-linéaire de type $\max - \min$, c'est-à-dire que la contribution non-linéaire est la saturation de l'espace HLS amélioré ; avec un paramètre β pour contrôler l'apport de la composante linéaire vis-à-vis de la non-linéaire. De plus, si on prend les poids associés à la luminance, la fonction est ré-écrite :

$$I(\mathbf{c}) = \beta l(\mathbf{c}) + (1 - \beta)s(\mathbf{c}), 0 \leq \beta \leq 1.$$

Dans la figure 4.8, nous donnons l'exemple comparatif d'une ouverture et d'une fermeture par reconstruction couleur, en appliquant chacun des deux ordres RVB présentés. Les résultats avec le pré-ordre selon la fonction I sont sensiblement meilleurs.

De façon empirique, nous avons pu en tirer quelques conclusions sur les choix des paramètres. Etant donné que dans la fonction I la composante verte joue un rôle prépondérant, les meilleurs filtrages sont obtenus avec la composante rouge comme deuxième condition dans l'ordre lexicographique. Puis, la valeur pour le module α comprise entre 5 et 10 fournit des effets visuels assez intéressants.

D'autre part, la valeur de β doit être > 0.5, pour éviter de nouveau des artefacts visuels non linéaires importants. En fait, un bon contrepoids entre la luminance et la saturation, prenant par exemple $\beta = 0.8$, procure souvent une certaine amélioration. Voir la figure 4.12 avec les exemples de l'image "tableau".



(a) (b)

(c) (d)

FIG. 4.8 – Filtrage morphologique par reconstruction couleur de l'image "carmen" dans l'espace RVB : (a) ouverture par reconstruction, $\gamma_\Omega^{rec}(\mathbf{f})$, avec comme marqueur une érosion de taille 10 et où $\Omega \equiv (M|_{\alpha=5} \rightarrow m \rightarrow G \rightarrow R \rightarrow B)$; (b) fermeture par reconstruction, $\varphi_\Omega^{rec}(\mathbf{f})$, avec comme marqueur une dilatation de taille 10 et où $\Omega \equiv (M|_{\alpha=5} \rightarrow m \rightarrow G \rightarrow R \rightarrow B)$; (c) ouverture par reconstruction, $\gamma_\Omega^{rec}(\mathbf{f})$, avec comme marqueur une érosion de taille 10 et où $\Omega \equiv (I|_{\alpha=5,\beta=1} \rightarrow R \rightarrow G \rightarrow B)$; (d) fermeture par reconstruction, $\varphi_\Omega^{rec}(\mathbf{f})$, avec comme marqueur une dilatation de taille 10 et où $\Omega \equiv (I|_{\alpha=5,\beta=1} \rightarrow R \rightarrow G \rightarrow B)$.

4.5.4 Couleur dominante et couleur anti-dominante

Pour définir un ordre sur la composante teinte nous devons fixer une teinte origine ou teinte de référence, h_0. Avant de décrire les ordres lexicographiques dans l'espace type HLS, il faut expliciter la manière générale de fixer une origine de teintes. Ainsi, on détaille ce que nous mettons derrière les notions de couleur dominante et couleur anti-dominante.

Tout d'abord, ces deux concepts peuvent être considérés d'une façon vectorielle, c'est-à-dire que la couleur dominante est en fait le triplet "teinte, luminance, saturation" dominant. Nous nous limitons ici exclusivement à la valeur de la teinte h.

Une teinte dominante objective peut être déterminée, par exemple, par la moyenne ou la médiane circulaire [85]. Cependant, si on calcule la moyenne circulaire de toutes les teintes d'une image on risque de trouver une valeur qui n'est pas significative car les données sur le cercle unité pourraient être très disperses. En conséquence, la notion de couleur dominante prend naturellement son intérêt lorsqu'elle est associée à une région chromatiquement homogène. Toutefois, nous présentons ci-dessous un algorithme pour définir une sorte de teinte dominante d'une image et d'une manière duale, la teinte anti-dominante d'une image.

Par ailleurs, on peut pondérer les valeurs de teinte avec la saturation, pour ne pas donner d'importance égale aux teintes des couleurs saturées et non-saturées (les teintes associées aux petites valeurs de saturation ont ainsi moins d'influence sur le résultat). Pour faire ceci, nous allons suivre la méthode proposée par Hanbury [109].

Couleur dominante d'une région, h_R^{dom}

Soient h_i et s_i les valeurs de teinte et de saturation dans le pixel couleur i. La couleur dominante d'une région R est donnée par la moyenne de la teinte pondérée par la saturation des k pixels qui appartiennent à la région R. Il s'agit de la direction du vecteur résultant de la somme des k vecteurs de direction h_i et longueur s_i, i.e.

$$h_R^{dom} = \overline{h^*}_R = \begin{cases} \arctan\left(\frac{B_s}{A_s}\right) & si \quad B_s > 0, A_s > 0 \\ \arctan\left(\frac{B_s}{A_s}\right) + \pi & si \quad A_s < 0 \\ \arctan\left(\frac{B_s}{A_s}\right) + 2\pi & si \quad B_s < 0, A_s > 0 \\ \frac{\pi}{2} & si \quad B_s > 0, A_s = 0 \\ \frac{3\pi}{2} & si \quad B_s < 0, A_s = 0 \end{cases} \tag{4.32}$$

où

$$A_s = \sum_{i=1}^{k} s_i cos(h_i), \quad B_s = \sum_{i=1}^{k} s_i sin(h_i). \tag{4.33}$$

Couleur dominante d'une image, h^{dom}

Nous considérerons que $h_h[\theta]$ est l'histogramme circulaire normalisé de la composante teinte, i.e. proportion de pixels de l'image avec la teinte θ, $\theta \in [0^o, 1^o, \cdots, 360^o]$.

Nous fixons un seuil de **couleur significative** dans une image, α_h, qui correspond au pourcentage minimal qui doit avoir une couleur θ pour considérer qu'elle est présente dans l'image. Nous proposons l'algorithme suivant pour la couleur dominante :

1. Obtenir l'histogramme circulaire des couleurs significatives, i.e.

$$h_h^{cs}[\theta] = \begin{cases} h_h[\theta] & si \quad h_h[\theta] \geq \alpha_h \\ 0 & si \quad h_h[\theta] < \alpha_h \end{cases}$$

2. Parcourir cet histogramme circulaire discret pour trouver tous les secteurs angulaires où $h_h^{cs}[\theta] \geq 0$, c'est-à-dire, grouper les angles discrets connexes dans l'histogramme en modes significatifs. Pour chaque secteur angulaire connexe j, ϑ_j^+, calculer la longueur angulaire ω_j et l'intégrale angulaire $\sigma_j = \sum_{\theta \in \vartheta_j^+} h_h^{cs}[\theta]$.
3. Définir comme couleur dominante h^{dom} l'angle central du secteur angulaire j où σ_j est maximale.

Il est possible d'utiliser la saturation pour pondérer de nouveau la teinte dans le calcul de l'histogramme circulaire normalisé initial; de sorte que l'histogramme $h_{h^*}[\theta]$ seulement contienne les pics des couleurs les plus saturées de l'image, voir [116].

Couleur anti-dominante d'une image, $h^{anti-dom}$

D'une manière complètement symétrique, l'algorithme pour définir la couleur anti-dominante à partir de la teinte devient :

1. Obtenir l'histogramme circulaire des couleurs significatives $h_h^{cs}[\theta]$.
2. Parcourir cet histogramme circulaire discret pour trouver tous les secteurs angulaires où $h_h^{cs}[\theta] = 0$, en d'autres termes, grouper les angles discrets connexes dans l'histogramme en *zones vides*. Pour chaque secteur angulaire vide j, ϑ_j^-, calculer la longueur angulaire ω_j.
3. Définir comme couleur anti-dominante $h^{anti-dom}$ l'angle central du secteur angulaire j où ω_j est maximale.

Evidemment, le plus logique est de travailler simultanément avec les ϑ_j^+ et ϑ_j^- pour calculer h^{dom} et $h^{anti-dom}$.

4.5.5 Ordres lexicographiques dans l'espace HLS

L'utilisation d'un espace couleur en coordonnées de type HLS permet la création de deux ordres lexicographiques qui utilisent les coordonnées homogènes de luminance et de saturation au premier niveau, ou d'un ordre pour lequel n'importe quelle teinte peut être choisie pour jouer le rôle dominant. Ces ordres ont été étudiés par Hanbury [111, 109] et dans cette section, nous rappelons leurs formulations en les illustrant avec une série d'exemples.

L'ordre $\Omega \equiv (L|_\alpha \rightarrow S \rightarrow H_{h_0})$

Les coordonnées de luminance l et de saturation s forment des treillis complets totalement ordonnés, et il est ainsi facile de les utiliser dans un ordre lexicographique. La coordonnée angulaire de la teinte h, mise au troisième niveau pour minimiser son importance, est ordonnée

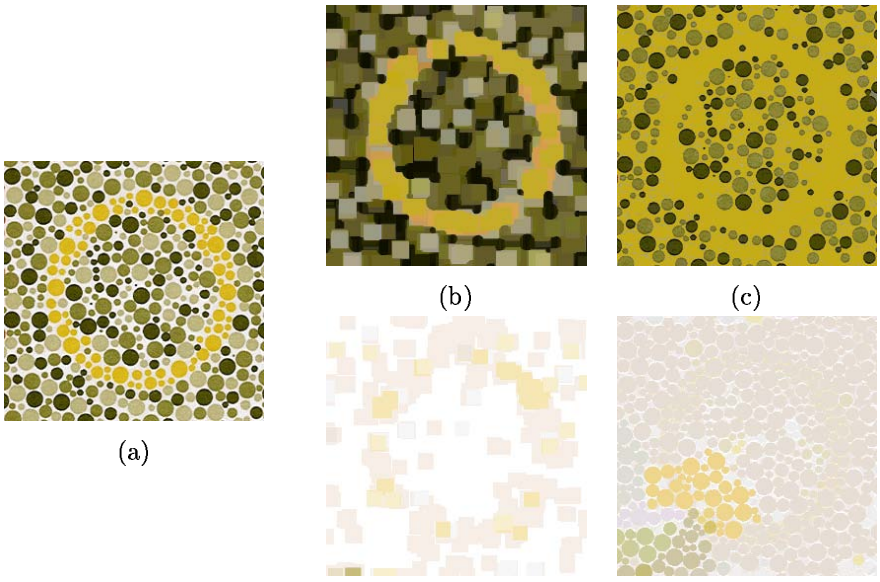


FIG. 4.9 – Filtrage morphologique par reconstruction couleur de l'image "TestIshihara1" avec l'ordre $\Omega \equiv (L|_{\alpha=10} \rightarrow S \rightarrow H_{h_0=0^o})$: (b) ouverture $\gamma_{\Omega,B}(\mathbf{f})$, (c) reconstruction $\gamma_{\Omega}^{rec}(\mathbf{f})$, (d) fermeture $\varphi_{\Omega,B}(\mathbf{f})$, (e) reconstruction duale $\varphi_{\Omega}^{rec}(\mathbf{f})$. B est un carré de taille 15.

FIG. 4.10 – Filtrage morphologique par reconstruction couleur de l'image "TestIshihara2" avec l'ordre $\Omega \equiv (S|_{\alpha=10} \rightarrow L \rightarrow H_{h_0=0^o})$: (b) dilatation $\delta_{\Omega,B}(\mathbf{f})$ où B est un carré de taille 15, (c) reconstruction duale $\varphi_{\Omega}^{rec}(\mathbf{f})$.

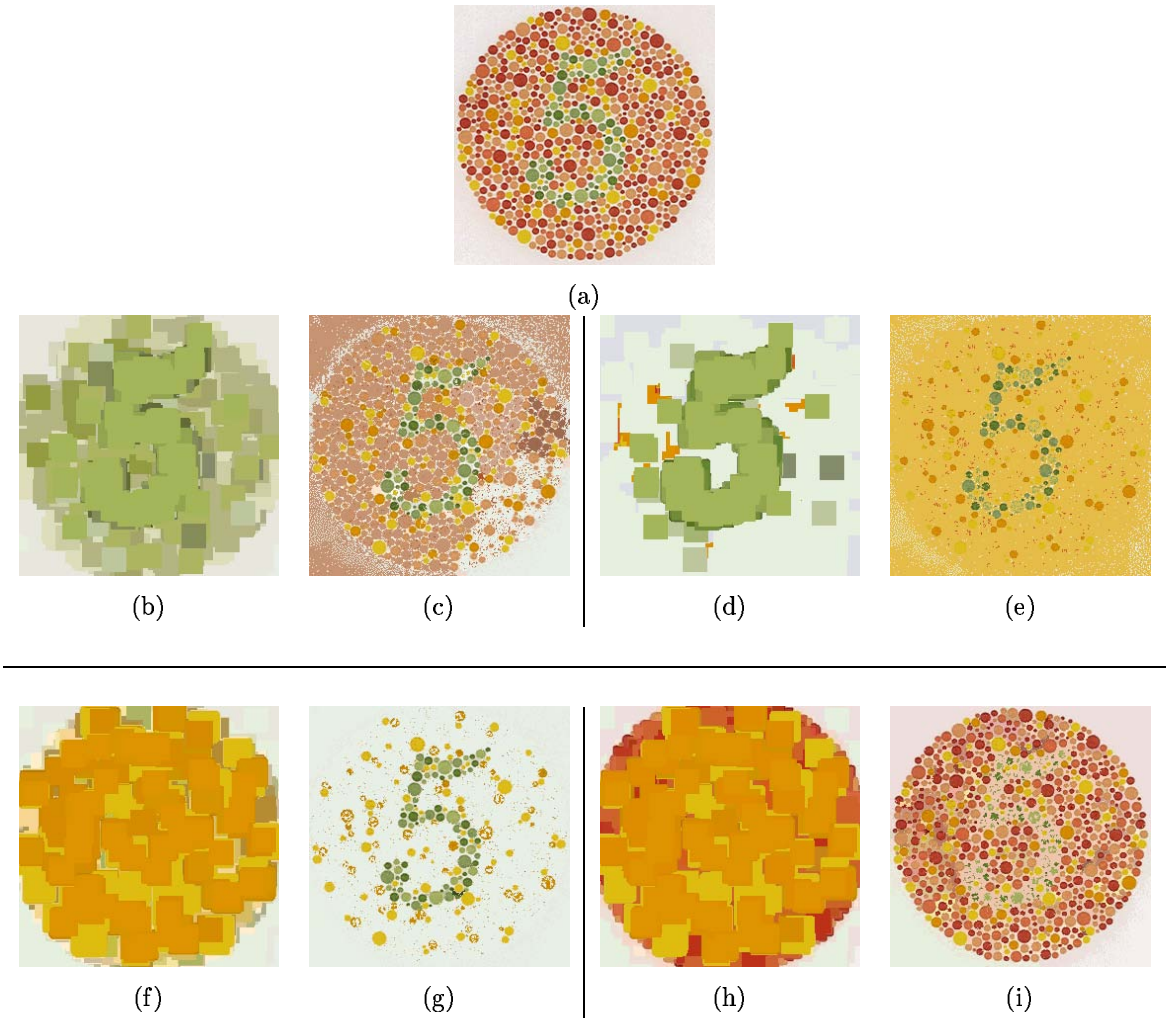


FIG. 4.11 – Filtrage morphologique par reconstruction couleur de l'image "TestIshihara3" avec l'ordre $\Omega \equiv (H^*_{h_0} \rightarrow S \rightarrow L)$: (b)-(c) dilatation et reconstruction duale $\gamma^{rec}_{\Omega}(\mathbf{f})$ où $h_0 = 70^o$ (vert) sans pondération avec la saturation, (d)-(e) dilatation et reconstruction duale $\gamma^{rec}_{\Omega}(\mathbf{f})$ où $h_0 = 70^o$ (vert) avec la teinte pondérée par la saturation, (f)-(g) dilatation et reconstruction duale $\gamma^{rec}_{\Omega}(\mathbf{f})$ où $h_0 = 55^o$ (jaune) avec la teinte pondérée par la saturation, (h)-(i) dilatation et reconstruction duale $\gamma^{rec}_{\Omega}(\mathbf{f})$ où $h_0 = 0^o$ (rouge) avec la teinte pondérée par la saturation. B est un carré de taille 25.

selon la distance à partir d'une origine h_0. Même si cette origine intervient seulement au troisième niveau de l'ordre lexicographique (pour arbitrer dans les cas où deux couleurs ont des valeurs de luminance et de saturation égales), il est indispensable de le fixer pour chaque image. Nous proposons de choisir h_0 comme la couleur anti-dominante de l'image $h^{anti-dom}$, ce qui permet d'avoir à disposition un algorithme systématique pour bâtir ces ordres lexicographiques. Par ailleurs, il est de nouveau intéressant d'utiliser un assouplissement dans la variation de la luminance pour mettre plus souvent en jeu la saturation.

L'ordre lexicographique avec la luminance au premier niveau est :

$$\mathbf{c}_i \prec_\alpha^{LSH} \mathbf{c}_j \Leftrightarrow \begin{cases} \lceil l_i/\alpha \rceil < \lceil l_j/\alpha \rceil \\ ou \\ \lceil l_i/\alpha \rceil = \lceil l_j/\alpha \rceil \quad et \quad s_i < s_j \\ ou \\ \lceil l_i/\alpha \rceil = \lceil l_j/\alpha \rceil \quad et \quad s_i = s_j \quad et \quad (h_i \div h_0) > (h_j \div h_0) \end{cases} \tag{4.34}$$

Les deux premiers niveaux de cette relation d'ordre sont invariants par rotation autour de l'axe achromatique.

L'ordre $\Omega \equiv (S|_\alpha \rightarrow L \rightarrow H_{h_0})$

L'ordre lexicographique avec la saturation au premier niveau est construit en inversant les deux premières composantes :

$$\mathbf{c}_i \prec_\alpha^{SLH} \mathbf{c}_j \Leftrightarrow \begin{cases} \lceil s_i/\alpha \rceil < \lceil s_j/\alpha \rceil \\ ou \\ \lceil s_i/\alpha \rceil = \lceil s_j/\alpha \rceil \quad et \quad l_i < l_j \\ ou \\ \lceil s_i/\alpha \rceil = \lceil s_j/\alpha \rceil \quad et \quad l_i = l_j \quad et \quad (h_i \div h_0) > (h_j \div h_0) \end{cases} \tag{4.35}$$

Les ordres lexicographiques proposés dans les équations (4.34) et (4.35) ne sont pas les seuls ordres possibles de ce type. On pourrait facilement inverser l'ordre dans la saturation (plus grande la couleur qui a une saturation plus petite, comme par exemple il a été proposé dans [158]). On peut aussi inverser les deuxième et troisième composantes (voir [200]), tout en gardant des ordres lexicographiques valides.

Par exemple, si on cherche à supprimer les boules claires (et les interstices blancs du fond) de l'image de la figure 4.9, il est clair qu'une ouverture par reconstruction avec la luminance au premier niveau fournit un résultat satisfaisant. Cependant, l'opération duale par fermeture pour éliminer les éléments sombres est beaucoup moins efficace. Si on cherche à mettre en évidence les boules oranges (sur un fond de boules d'une couleur peu saturée) de la figure 4.10, il est très utile d'appliquer une fermeture par reconstruction avec la saturation au premier niveau. Due au manque de robustesse de la saturation, cette fermeture ne préserve pas les contours des objets dans l'image aussi bien que les opérateurs avec luminance au premier niveau.

L'ordre $\Omega \equiv (H^*_{h_0} \rightarrow S \rightarrow L)$

Pour la teinte, l'approche évidente est de construire un ordre lexicographique avec, au premier niveau, l'ordre de teinte basé sur la distance à partir d'une origine choisie. Hanbury [109] a montré que l'application des opérateurs morphologiques selon cet ordre n'est pas du tout satisfaisante. Ceci est dû à la relation étroite entre les composantes de chrominance, la teinte et la saturation ; et surtout au problème de la signification de la teinte des pixels avec une saturation basse. Il propose une méthode de pondération de teinte, basée sur un changement de la position de la teinte sur le cercle unité en fonction de la saturation et d'une origine choisie (ces teintes pondérées restent sur le cercle unité, et pas à l'intérieur du cercle comme on obtiendrait en pondérant la valeur de la teinte selon la valeur de saturation).

Les principes de base de la teinte pondérée par la saturation, h^*, sont deux : les couleurs avec des valeurs de s élevées gardent leurs valeurs de h initiales ; les vecteurs avec de faibles valeurs de s reçoivent des valeurs de teintes pondérées plus proches de $h_0 + 90^o$ ou de $h_0 - 90^o$ pour réduire la probabilité qu'ils soient choisis comme le supremum ou l'infimum. Plus précisément, l'algorithme de pondération de la teinte de Hanbury est comme suit :

1. Si l'origine h_0 est mise à 0^o, calculer pour chaque couleur $\mathbf{c}_i$ une teinte pondérée par la saturation h^*_i selon l'expression suivante

$$h^*_i = \begin{cases} \sup[h_i, 90^o(1 - s_i)] & si \quad 0^o \leq h_i \leq 90^o \\ \inf[h_i, 90^o(1 + s_i)] & si \quad 90^o < h_i \leq 180^o \\ \sup[h_i, 90^o(3 - s_i)] & si \quad 180^o < h_i \leq 270^o \\ \inf[h_i, 90^o(3 + s_i)] & si \quad 270^o < h_i < 360^o \end{cases} \tag{4.36}$$

2. Pour utiliser n'importe quelle origine h_0, remplacer les h_i dans l'équation précédente par

$$h_i \rightarrow \begin{cases} h_i - h_0 & si \quad (h_i - h_0) \geq 0 \\ 360^o + (h_i - h_0) & si \quad (h_i - h_0) < 0 \end{cases} \tag{4.37}$$

L'ordre lexicographique avec la teinte pondérée par la saturation au premier niveau est :

$$\mathbf{c}_i \prec^{H^*SL}_{\alpha} \mathbf{c}_j \Leftrightarrow \begin{cases} (h^*_i \div 0^o) > (h^*_j \div 0^o) \\ ou \\ (h^*_i \div 0^o) > (h^*_j \div 0^o) \quad et \quad s_i < s_j \\ ou \\ (h^*_i \div 0^o) > (h^*_j \div 0^o) \quad et \quad s_i = s_j \quad et \quad l_i < l_j \end{cases} \tag{4.38}$$

Evidemment, en mettant la teinte au premier niveau, nous créons un opérateur morphologique qui par conception n'est pas invariant par rotation.

Venons-en à un autre exemple de daltonisme, figure 4.11, pour illustrer l'utilisation de l'ordre (4.38) dans le filtrage des objets selon leur teinte. D'abord, les résultats de la reconstruction (c) et (e) démontrent que la mise au premier niveau d'une fonction de teinte pondérée par la saturation donne de meilleurs résultats que la teinte seule. Etant donné qu'on applique des reconstructions duales, l'origine doit être choisie comme la valeur angulaire de

la teinte à traiter. On constate que si les teintes des objets sont très proches, il est clair que leur séparation chromatique devient très difficile.

Les figures 4.12 et 4.13 illustrent un exemple comparatif d'application du même opérateur avec les cinq ordres lexicographiques que nous avons présentés.

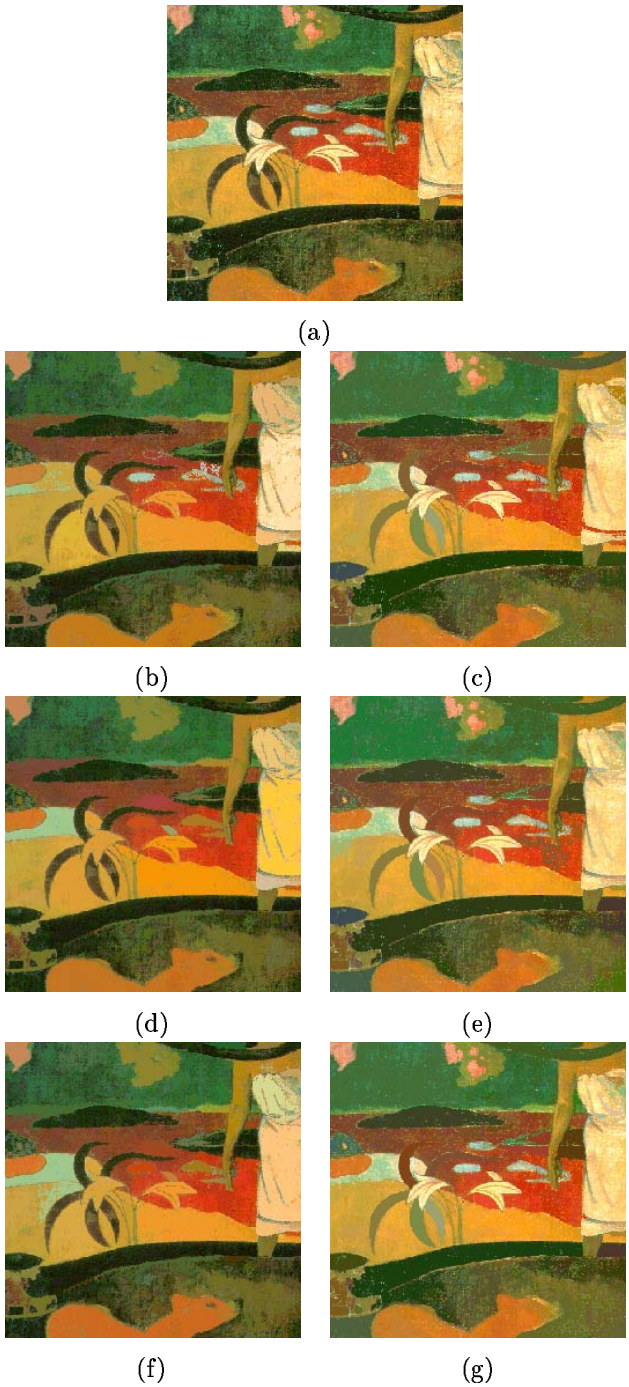


FIG. 4.12 – Filtrage morphologique par reconstruction couleur de l'image "tableau" (Détail, Gaugin © Paris, Musée d'Orsay) dans l'espace RVB. Dans la colonne gauche, des ouvertures par reconstruction et dans la colonne droite, des fermetures par reconstruction (taille 10) : (b)-(c) $\Omega \equiv (M|_{\alpha=5} \rightarrow m \rightarrow G \rightarrow R \rightarrow B)$, (d)-(e) $\Omega \equiv (I|_{\alpha=5,\beta=1} \rightarrow R \rightarrow G \rightarrow B)$, (f)-(g) $\Omega \equiv (I|_{\alpha=5,\beta=0.8} \rightarrow R \rightarrow G \rightarrow B)$.

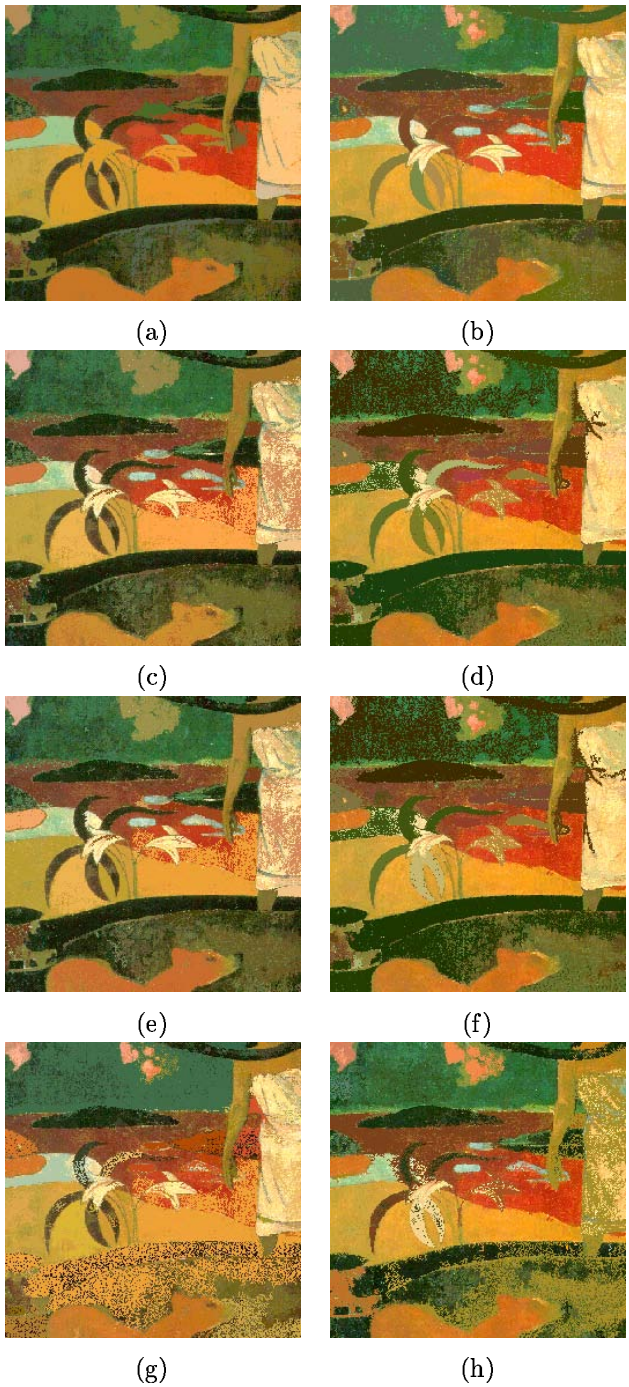


FIG. 4.13 – Filtrage morphologique par reconstruction couleur de l'image "tableau" dans l'espace HLS. Dans la colonne gauche, des ouvertures par reconstruction et dans la colonne droite, des fermetures par reconstruction (taille 10) : (a)-(b) $\Omega \equiv (L|_{\alpha=5} \rightarrow S \rightarrow H_{h_0=0^o})$, (c)-(d) $\Omega \equiv (S|_{\alpha=5} \rightarrow L \rightarrow H_{h_0=0^o})$, (e)-(f) $\Omega \equiv (H^*_{h_0=0^o} \rightarrow S \rightarrow L)$, (g)-(h) $\Omega \equiv (H^*_{h_0=60^o} \rightarrow S \rightarrow L)$.

4.5.6 Etude comparative des ordres lexicographiques pour les nivellements couleur

Comme nous allons décrire dans l'annexe A d'introduction à la morphologie mathématique, les nivellements sont une classe d'opérateurs connexes symétriques qui ont la propriété "agréable" de supprimer les détails d'une fonction, en préservant les contours des objets qui restent.

Plusieurs travaux ont été menés pour donner des versions vectorielles des nivellements. Dans [103], Gomila propose deux alternatives au problème : (1) les nivellements pseudo-scalaires, qui consistent à projeter les vecteurs sur une droite de référence et puis à appliquer les nivellements scalaires au module des vecteurs projetés, en revenant après à l'espace vectoriel ; (2) les nivellements autarciques, en utilisant les angles qui forment les vecteurs. Dans [185], Meyer établit le cadre théorique permettant d'introduire une définition vectorielle des nivellements, basé sur la notion de fonction séparatrice. Finalement, dans [306], Zanoguera présente des algorithmes pour la mise en œuvre de nivellements vectoriels non-séparables par projection et par intersection des vecteurs.

Nous présentons ci-dessous l'application des ordres lexicographiques que nous venons d'énumérer pour la mise en œuvre de nivellements couleur qui peuvent être utilisés pour la simplification et le codage morphologique d'images couleur [13].

(a) (b) (c) (d) (e)

FIG. 4.14 – Nivellements couleur de l'image "lenna" avec l'ordre $\Omega \equiv (I|_{\alpha=10} \rightarrow R \rightarrow G \rightarrow B)$: (a) image de référence, $\mathbf{f}$; (b) image marqueur (FAS de taille 5), $\mathbf{m}_1$; (c) image nivelée, $\lambda_\Omega(\mathbf{f}, \mathbf{m}_1)$; (d) image marqueur (FAS de taille 15), $\mathbf{m}_2$; (e) image nivelée, $\lambda_\Omega(\mathbf{f}, \mathbf{m}_2)$.

Résultats expérimentaux

Indépendamment des effets visuels (une évaluation subjective) des différents ordres lexicographiques discutés, nous avons effectué une évaluation objective des nivellements qu'on peut obtenir.

On a choisi cinq images couleur typiques ("lenna", "baboon", "carmen", "tableau" et "lymphocyte") et pour chaque image, nous avons calculé six nivellements en utilisant comme marqueurs : trois filtres alternés séquentiels, FAS_n, de tailles $n = 5$, 10 et 15 et trois filtres médiane vectorielle, FMV_n, de tailles 7×7, 11×11 et 11×11 itéré 2 fois. Puis, cette série de filtres a été obtenue pour un exemple de chacun des cinq ordres lexicographiques présentés. Noter que les marqueurs FMV, obtenus à partir des composantes de RVB, sont toujours identiques tandis que les FAS doivent être calculés pour chacun des ordres lexicographiques. En ce qui concerne les paramètres internes des ordres lexicographiques, nous avons fixé ceux qui ont fourni dans des tests préalables les résultats les plus robustes et intéressants, par exemple la valeur de $\alpha = 10$ pour les ordres lexicographiques de type module α.

Le degré de simplification obtenu par le nivellement dépend du choix du marqueur ainsi que de l'ordre vectoriel utilisé. La figure 4.14 montre les différents degrés de simplification obtenus en prenant comme marqueur un filtre alterné séquentiel de taille 5 et un autre de taille 15 avec le même ordre. Toutefois, il est facile d'observer que la simplification des structures sur l'image couleur n'est pas en quelconque proportion avec le degré de simplification du marqueur. Dans la figure 4.15, sont montrés six nivellements avec le même marqueur, une médiane vectorielle, et utilisant six ordres différents. Visuellement, on constate une fois de plus que les ordres qui commencent par la luminance fournissent les images les plus jolies.

Cependant, il est difficile à savoir lequel des ordres simplifie le plus fortement l'image. Il faut donc mesurer des paramètres quantitatifs du degré de simplification. C'est pourquoi, pour chaque paire d'image initiale $\mathbf{f}$/image nivelée $\mathbf{f}_e$, nous avons calculé deux paramètres de qualité :

- Le rapport signal-sur-bruit :

$$SNR(\mathbf{f}, \mathbf{f}_e) = \frac{\sum_{x=0}^{N-1} \sum_{y=0}^{M-1} \mathbf{f}_e(x,y)^2}{\sum_{x=0}^{N-1} \sum_{y=0}^{M-1} \left(\mathbf{f}(x,y) - \mathbf{f}_e(x,y)\right)^2}$$

  où $\mathbf{f}(x,y)^2 = f_R(x,y)^2 + f_V(x,y)^2 + f_B(x,y)^2$.
- On propose aussi d'obtenir le pourcentage de réduction du nombre de zones plates couleur :

$$FZR(\mathbf{f}, \mathbf{f}_e) = \frac{NombreZonePlates(\mathbf{f}_e)}{NombreZonePlates(\mathbf{f})}$$

On inclut dans le tableau 4.1 les valeurs moyennes sur les six images pour SNR et FZR. Comme nous pouvons l'observer, en utilisant les FAS le meilleur FZR correspond aux ordres lexicographiques $(S|_\alpha \rightarrow L \rightarrow H_{h_0})$ et $(H^*_{h_0} \rightarrow S \rightarrow L)$ (ce qui n'était pas évident en regardant les images), ces ordres sont cependant les plus mauvais en termes de SNR. Un bon équilibre est donné par les ordres $(I|_\alpha \rightarrow R \rightarrow G \rightarrow B)$ et $(L|_\alpha \rightarrow S \rightarrow H_{h_0})$, avec des résultats un peu meilleurs pour $(L|_\alpha \rightarrow S \rightarrow H_{h_0})$. Dans le cas de l'utilisation des FMV comme marqueurs, et du fait que les médianes vectorielles sont calculées dans l'espace RVB, les

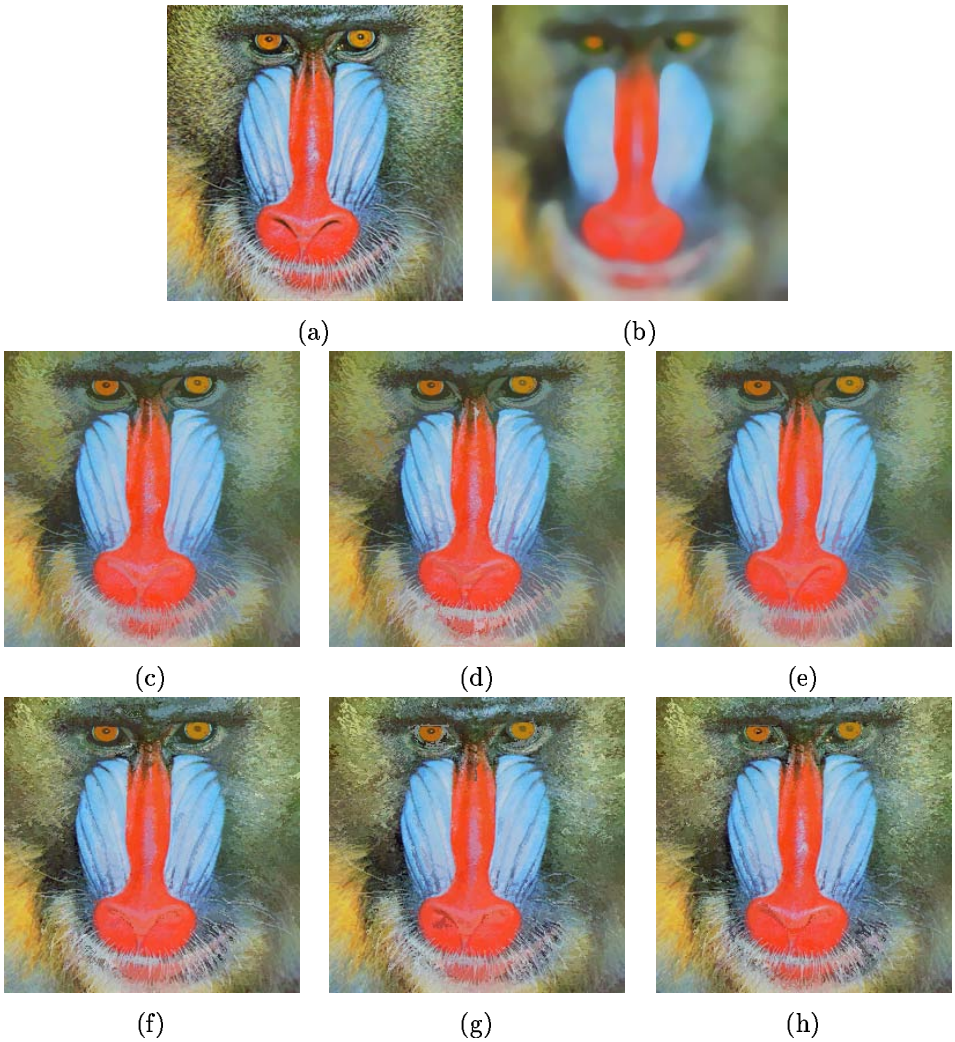


FIG. 4.15 – Nivellements couleur de l'image "baboon" avec le même marqueur et en utilisant des ordres différents : (a) image de référence, $\mathbf{f}$; (b) image marqueur (FMV de taille 11), $\mathbf{m}$; (c) $\lambda_\Omega(\mathbf{f},\mathbf{m})$ où $\Omega \equiv (I|_{\alpha=10} \rightarrow R \rightarrow G \rightarrow B)$; (d) $\lambda_\Omega(\mathbf{f},\mathbf{m})$ où $\Omega \equiv (M|_{\alpha=10} \rightarrow m \rightarrow G \rightarrow R \rightarrow B)$; (e) $\lambda_\Omega(\mathbf{f},\mathbf{m})$ où $\Omega \equiv (L|_{\alpha=10} \rightarrow S \rightarrow H_{h_0=0^o})$; (f) $\lambda_\Omega(\mathbf{f},\mathbf{m})$ où $\Omega \equiv (S|_{\alpha=10} \rightarrow L \rightarrow H_{h_0=0^o})$; (g) $\lambda_\Omega(\mathbf{f},\mathbf{m})$ où $\Omega \equiv (H^*_{h_0=0^o} \rightarrow S \rightarrow L)$; (h) $\lambda_\Omega(\mathbf{f},\mathbf{m})$ où $\Omega \equiv (H^*_{h_0=180^o} \rightarrow S \rightarrow L)$.

FAS, $n = 5$	Ω_1	Ω_2	Ω_3	Ω_4	Ω_5
SNR (dB)	21,9	22,1	22,4	17,4	17,8
FZR (%)	37,1	37,5	38,0	40,0	39,4
FAS, $n = 10$	Ω_1	Ω_2	Ω_3	Ω_4	Ω_5
SNR (dB)	18,3	18,7	19,1	15,5	14,3
FZR (%)	44,3	44,8	45,3	46,4	46,4
FAS, $n = 15$	Ω_1	Ω_2	Ω_3	Ω_4	Ω_5
SNR (dB)	16,6	16,7	17,2	13,9	14,3
FZR (%)	48,9	49,8	50,1	51,7	49,6

FMV$_{,7\times7}$	Ω_1	Ω_2	Ω_3	Ω_4	Ω_5
SNR (dB)	23,8	24,1	24,0	22,3	22,2
FZR (%)	33,6	34,1	31,0	26,9	31,1
FMV$_{,11\times11}$	Ω_1	Ω_2	Ω_3	Ω_4	Ω_5
SNR (dB)	21,9	22,7	22,3	20,0	20,6
FZR (%)	39,9	40,3	37,6	34,2	33,5
FMV$_{,11\times11(\times2)}$	Ω_1	Ω_2	Ω_3	Ω_4	Ω_5
SNR (dB)	20,8	21,4	20,9	18,9	19,4
FZR (%)	44,9	45,3	43,2	38,5	37,8

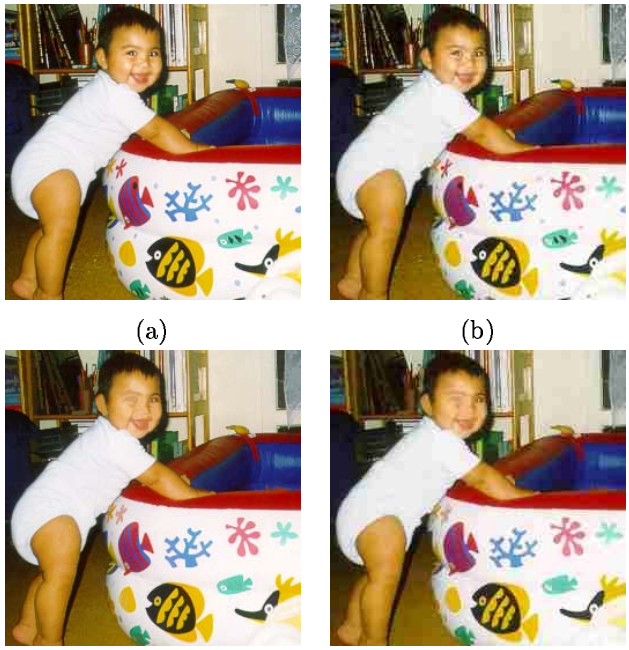
TAB. 4.1 – Valeurs moyennes sur les six images ("lenna", "baboon", "carmen", "tableau" et "lymphocyte") pour SNR et FZR où $\Omega_1 \equiv (M|_{\alpha=10} \rightarrow m \rightarrow G \rightarrow R \rightarrow B)$, $\Omega_2 \equiv (I|_{\alpha=10} \rightarrow R \rightarrow G \rightarrow B)$, $\Omega_3 \equiv (L|_{\alpha=10} \rightarrow S \rightarrow H_{h_0=0^o})$, $\Omega_4 \equiv (S|_{\alpha=10} \rightarrow L \rightarrow H_{h_0})$ et $\Omega_5 \equiv (H^*_{h_0=0^o} \rightarrow S \rightarrow L)$.

valeurs de SNR et FZR sont un peu meilleures pour $(I|_\alpha \rightarrow R \rightarrow G \rightarrow B)$ bien que les valeurs pour $(L|_\alpha \rightarrow S \rightarrow H_{h_0})$ soient clairement supérieures à celles de $(S|_\alpha \rightarrow L \rightarrow H_{h_0})$ et de $(H^*_{h_0} \rightarrow S \rightarrow L)$.

Application : amélioration de la compression type JPEG

Les algorithmes de compression d'image les plus répandus comme JPEG (ou MPEG pour les séquences de vidéo) sont basés sur la transformation de Fourier. JPEG divise une image en blocs, calcule la transformation discrète du cosinus (DCT) de chaque bloc, et puis chaque composante de la DCT est codée selon un schéma de quantization en fonction de l'importance de la composante. La compression est plus grande pour des blocs constants ou pour des blocs avec un variation lente, puisque ceux-ci peuvent être décrits avec peu de composantes de la DCT.

Les meilleurs nivellements couleur peuvent être utiles pour le pré-traitement des images qui seraient comprimées avec JPEG (en utilisant des facteurs de compression élevés). L'idée est de simplifier les structures de l'image originale autant que possible sans perdre de contenu significatif. Evidemment, la taille des structures enlevées est fonction du marqueur utilisé. La



(a) (b)

(c) (d)

FIG. 4.16 – Application des nivellements couleur pour améliorer la compression JPEG sur l'image "carmen" : (a) image initiale (taille du fichier 196662 bytes), (b) image initiale comprimée avec une qualité de 20% (6477 bytes), (c) image nivelée, (d) image nivelée comprimée avec une qualité de 20% (5742 bytes).

figure 4.16 montre un exemple de cette approche en utilisant un nivellement $\Omega \equiv (L|_{\alpha=10} \rightarrow S \rightarrow H_{h_0=0})$, où le marqueur est un $FMV_{11\times11}$. Dans l'image nivelée, les petits détails ont été supprimés (voir les pupilles noires du bébé *Carmen* et les lettres sur les livres) mais, dans l'image initiale comprimée ces détails deviennent flous et donc leur suppression peut être utile afin d'avoir une image claire. Le plus intéressant est la réduction de la taille du fichier, 13%, en appliquant la compression sur l'image nivelée. Pour une image plus riche en détails, la réduction de la taille peut être vraiment significative ; par exemple, avec les mêmes paramètres de nivellement et de compression, on obtient une réduction de 30% pour l'image "baboon" et pour le nivellement de "lenna" de la figure 4.14(e) la réduction est supérieure à 35%.

Conclusion

Nous avons discuté l'utilisation des ordres lexicographiques dans les espaces couleur RVB et HLS pour la construction de nivellements vectoriels. On peut conclure que le treillis le plus intéressant pour la simplification et le codage morphologique d'images couleur est $\Omega \equiv (L|_{\alpha=5} \rightarrow S \rightarrow H_{h_0})$ (luminance, saturation, teinte centrée) puisque, en plus de fournir des effets visuels satisfaisants, cet ordre donne la meilleure performance en ce qui concerne le rapport signal-sur-bruit et l'élargissement des zones plates. Nous avons montré aussi une

possible application des nivellements couleur pour améliorer la compression JPEG en images couleur.

Or, le fait de travailler dans un cadre vectoriel et de préserver les couleurs sur l'image filtrée n'implique pas que les couleurs qui se propagent dans les structures simplifiés soient toujours visuellement valables. Nous proposons par la suite, chapitre 5, un algorithme de simplification d'images couleur qui est fondé sur le nivellement région par région de l'image.

4.6 Conclusions du chapitre

L'exemple des figures 4.12 et 4.13 nous permet de observer que l'utilisation des ouvertures/fermetures couleur sur une image de type générale peut fournir des résultats relativement variables. Les ordres sur RVB agissent à peu près de la même manière que l'ordre avec la luminance en première position ; si bien que cette dernière est beaucoup plus stable et robuste. Evidemment, l'usage d'un ordre avec la saturation ou la teinte pondérée en première position est plutôt indiqué pour des applications bien ciblées, pour lesquelles on connaît la nature chromatique des objets à traiter. En particulier, certaines images, par construction, se situent dans des gammes de saturation fortes (cartes géographiques, publicités à la télévision, etc.) alors que d'autres images ont une saturation plus variable, ou même faible (e.g. paysage d'hiver). On pourrait dire qu'on place en premier le paramètre qui est le plus variable.

La complexité des algorithmes vectoriels vis-à-vis des algorithmes de type marginal fait que pour certaines situations, où les fausses couleurs ne sont pas très critiques ou bien lorsque la taille du filtrage est suffisamment petite pour ne pas percevoir les nouvelles couleurs, l'approche marginale est privilégiée pour la mise en œuvre de l'application finale.

Faisons une dernière remarque en ce qui concerne l'intérêt de l'ordre lexicographique avec la teinte au premier niveau dans l'imagerie en microscopie biomédicale. En immunohistochimie, la couleur joue le rôle de marqueur pour identifier certaines cibles biologiques. Ceci constitue une application dans laquelle on est intéressé à identifier d'une manière robuste des objets d'une teinte spécifique. De plus, la flexibilité de l'approche pourrait permettre l'analyse en parallèle de différents marqueurs : les **biopuces à tissu** constituent sans doute un domaine d'application à considérer. D'autre part, en ce qui concerne les limitations du traitement de la composante teinte, le choix des couleurs des réactifs dans le design des expériences biologiques peut aider à aboutir à des systèmes efficaces et discriminants.

Chapitre 5

Segmentation morphologique d'images couleur

5.1 Introduction

Ce deuxième chapitre sur la morphologie couleur concerne le volet de la segmentation. Comme nous avons vu dans la chapitre sur le filtrage, une extension valable et efficiente des opérateurs numériques aux opérateurs vectoriels n'est pas directe d'une manière générale : il y aura toujours des choix fondamentaux tels que l'espace de représentation de la couleur, les treillis et l'ordre pour le filtrage, la connexion pour la segmentation, etc.

Nous montrons cependant dans ce chapitre que le problème de la segmentation des images couleur peut être abordé d'une manière beaucoup plus élégante et concluante à l'aide des opérateurs morphologiques. Et ceci justement en se fondant sur une représentation couleur HLS et plus particulièrement sur le principe de bascule entre l'information chromatique et celle achromatique, qui sera utilisé largement pour les algorithmes de segmentation présentés.

La structure du chapitre est la suivante. Tout d'abord, nous nous plaçons dans un cadre théorique récemment introduit, pour la segmentation en termes de critère connectif et de partition, en rappelant le théorème fondamental et ses conséquences.

Nous étudions ensuite plusieurs critères connectifs appliqués à la couleur. D'abord, nous montrons l'usage des gradients couleur pour la LPE. Nous prenons après d'autres connexions morphologiques (connexion par sauts, zones quasi-plates) pour les appliquer aux composantes couleur en proposant des méthodes pour une fusion ordonnée des partitions.

Finalement, nous introduisons un schéma pour la simplification d'images couleur qui est basée sur la définition des régions de l'image par segmentation morphologique suivie d'un nivellement de chaque région.

5.2 Théorie générale de la segmentation

Dans cette section nous résumons les résultats principaux de la définition formelle de la segmentation d'image dans le cadre de la théorie des treillis, introduite récemment par Serra [245, 248].

5.2.1 Critères et segmentation

En traitement d'image, on dit qu'on a segmenté une image, ou une séquence, lorsqu'on a partitionné l'espace où elle est définie en zones homogènes au regard d'un critère que l'on s'est donné. Par exemple, si l'on représente cette image par une fonction numérique $f : E \to \overline{R}$ où E est un ensemble équipé d'une connexion, on segmente f en zones plates et connexes lorsqu'on crée la partition D de E telle que pour tout $x \in E$ la classe $D(x)$ est la plus grande composante connexe de E contenant le point x et sur laquelle la fonction f est constante et égale à $f(x)$.

Les critères portant sur f ne se prêtent pas tous à un tel découpage. Le contre-exemple donné par Serra est le suivant. Supposons par exemple qu'on veuille partitionner E en zones (connexes ou pas), où la fonction f est Lipschitz de paramètre unité. On risque fort bien de trouver trois zones disjointes A, B et C telles que le critère soit vérifié sur $A \cup B$ et sur $A \cup C$, mais pas sur $B \cup C$. Dans ce cas, il n'existe pas de plus grande composante contenant les points de A et où le critère soit réalisé. Donc pas de segmentation dans un sens strict.

En d'autres termes, les partitions auxquelles l'idée de segmentation fait référence sont maximales en ce sens que parmi tous les découpages de l'espace, par exemple en zones plates, il en est un qui conduit aux classes les plus grandes. On a d'ailleurs aussi un plus petit découpage : celui qui pulvérise l'espace E en tous ses points.

Ces remarques on conduit Serra à donner une expression plus formelle, donc plus précise, aux deux notions de critère et de segmentation :

Définition 4 (Critère) *Soient E et $\mathcal{T}$, deux espaces arbitraires, et $\mathcal{F}$ une famille de fonctions de E dans $\mathcal{T}$. On appelle critère σ sur la classe $\mathcal{F}$ toute fonction binaire de $\mathcal{F} \otimes \mathcal{P}(E)$ dans $\{0,1\}$ telle que pour chaque fonction $f \in \mathcal{F}$, et pour chaque ensemble $A \in \mathcal{P}(E)$ l'on ait*

soit $\sigma[f, A] = 1$ (on dit que le critère est vérifié sur A)

soit $\sigma[f, A] = 0$ (on dit qu'il ne l'est pas)

On pose de plus conventionnellement que pour toute fonction $f \in \mathcal{F}$, tous les critères sont vérifiés sur l'ensemble vide, i.e.

$$\sigma[f, \emptyset] = 1 \quad \forall f \in \mathcal{F}.$$

Lorsqu'on dit par exemple que pour l'ensemble A et la fonction f la fonctionnelle σ est vérifiée si A est réduit à un point ou si

$$x \in A, \ t_0 \leq f(x) \leq t_1$$

avec t_0 et t_1 fixés, et $t_0 \leq t_1$, on construit un critère, celui du seuillage.

A partir de la notion de partition et de treillis de partitions présentée dans l'annexe A

Définition 5 (Segmentation) *Etant donnés la fonction $f \in \mathcal{F}$ et un critère σ, soit $\{D_i, i \in I\}$ la famille, non vide, des partitions de E en zones homogènes de f selon σ. On dit que le critère σ segmente les fonctions lorsque pour toute fonction $f \in \mathcal{F}$,*

1- $\sigma[f, \{x\}] = 1$ pour tout $\{x\} \in \mathcal{P}(E)$;

2- la famille $\{D_i\}$ est stable pour la réunion.

La partition maximale $\curlyvee D_i$ définit alors la segmentation de f selon σ.

C'est cette partition maximale qui fait défaut dans le critère ci-dessus du découpage de l'espace en fonctions k-Lipschitz. La première condition nous garantit que quel que soit le critère, il y a toujours au moins une manière de segmenter E en zones (les points singletons) qui le vérifient.

5.2.2 Critères connectifs et théorème de la segmentation

Ensuite il faut caractériser les conditions que doit vérifier le critère σ pour devenir un outil de segmentation. L'apparition de partitions maximales, comme aussi bien l'exemple des zones plates nous orientent vers l'axiomatique des connexions par l'intermédiaire du concept de critère connectif.

Définition 6 (Critère connectif) *Un critère $\sigma : \mathcal{F} \otimes \mathcal{P}(E) \to [0, 1]$ est* connectif

1- quand il est vérifié sur la classe $\mathcal{S}$ des singletons

$$\forall f \in \mathcal{F},\ \{x\} \in \mathcal{S} \Longrightarrow \sigma[f, \{x\}] = 1$$

2- et quand pour toute fonction $f \in \mathcal{F}$ et pour toute famille $\{A_i\}$ dans $\mathcal{P}(E)$ l'on a

$$\cap A_i \neq \emptyset \text{ et } \wedge \sigma[f, A_i] = 1 \Rightarrow \sigma[f, \cup A_i] = 1$$

Autrement dit, si le critère σ est vérifié par la fonction f sur un ensemble de régions A_i de l'espace, et que ces régions ont un point en commun, alors il est aussi vérifié sur la réunion $\cap A_i$. Les critères connectifs caractérisent les processus de segmentation, comme le montre le théorème suivant :

Théorème 1 (Segmentation - J. Serra) *Considérons deux ensembles arbitraires E et $\mathcal{T}$, et une famille $\mathcal{F}$ de fonctions $f : E \to \mathcal{T}$. Soit d'autre part σ un critère sur la classe $\mathcal{F}$. Le critère σ segmente toutes les fonctions de la classe $\mathcal{F}$.*

La segmentation de la fonction f par rapport au critère connectif σ est la partition $D_\sigma(f(x))$ $(\sigma[f] \to D_\sigma(f(x)))$ dont la classe pour chaque point x est donnée par

$$D_\sigma(f(x)) = \cap\{A : A \in \mathcal{P}(E), x \in A, \sigma[f, A] = 1\}, \quad x \in E.$$

Le théorème n'aurait pas pu être énoncé dans le cadre de la seule connectivité par arcs : beaucoup de critères de segmentation ne mettent pas en jeu de chemins, comme par exemple la connexion par sauts présentée plus loin. En fait la notion de connexion possède exactement le niveau de généralité pour que son identification à la segmentation soit possible.

Très souvent en pratique, lorsque la fonction f est fixée, la fonctionnelle marginale $\sigma[f, A] : \mathcal{P}(E) \to \{0, 1\}$ est décroissante, i.e.

$$\sigma[f, A] = 1 \ et \ B \subseteq A \Rightarrow \sigma[f, B] = 1.$$

Si cette implication est vraie pour toutes les fonctions $f \in \mathcal{F}$, on dit que le critère est décroissant. Le théorème de la segmentation est donc accompagnée de la proposition suivante :

Proposition 1 *Si un critère σ sur $\mathcal{F} \otimes \mathcal{P}(E)$ est décroissant, les deux énoncés suivants sont alors équivalents :*

1. *Le critère σ est connectif;*
2. *Le critère σ segmente toutes les fonctions de la famille $\mathcal{F}$.*

Le théorème et la proposition associée appartiennent à cette catégorie de résultats qui reformulent une définition impossible à mettre en œuvre (comment savoir si une partition du plan est la plus grande possible?) en critères plus manipulables. Mais par lui-même le théorème ne fournit aucune "recette" pour découvrir tel out tel "bon" critère connectif.

5.2.3 Demi-treillis des criteres connectifs

Nous considérons maintenant que la fonction $f \in \mathcal{F}$ est fixée, et nous étudions la structure logique de plusieurs critères connectifs qu'on peut appliquer à f. Voici les deux propositions proposées par Serra et qui aident à combiner les segmentations entre elles.

Proposition 2 *Lorsque la fonction f est fixée, la famille Σ de tous les critères connectifs forme un demi-treillis où l'infimum correspond à l'intersection logique des critères, et où le plus petit élément est la partition de l'espace en ses singletons.*

Par exemple, le critère "la fonction f est constante sur A" conduit à partitionner E selon toutes les valeurs de seuil de f. Si l'on impose en plus que A doive être connexe, on obtient alors la segmentation de f en zones plates et connexes.

La bonne propriété de "ET" logique des critères connectifs n'a malheureusement pas de contrepartie pour le "OU", car le supremum de partitions ne met pas en jeu des classes sur lesquelles un seul critère au moins serait vérifié. La proposition suivante montre cependant qu'en posant le problème différemment, on peut préciser sous quelles conditions le "ou" logique de critères connectifs signifie quelque chose.

Proposition 3 *Soit $f \in \mathcal{F}$, une fonction donnée, et $\{D_i, i \in I\}$ une famille de segmentations de f de critères $\{\sigma_i, i \in I\}$. Le supremum $D' = \curlyvee D_i$ est aussi la plus grande partition de E en classes où un critère σ_{i_0} au moins est vérifié si et seulement si chaque classe $D'(x)$ de D' est simultanément une classe d'une partition D_i au moins.*

En pratique, cette proposition sert surtout lorsque la classe non ponctuelle $D_{i_0}(x)$ recouvre des classes ponctuelles pour tous les autres critères σ_i, $i \neq i_0$.

Nous présentons par la suite des méthodes de combinaisons de partitions pour les images couleur selon cette logique de critères connectifs.

Les exemples de méthodes de segmentation présentées dans cette thèse et qui sont données par des critères connectifs sont : le seuillage, les segmentations dans les histogrammes bivariables ("clustering" morphologique et alignements). D'autres vont être présentés par la suite.

5.3 Critères morphologiques pour la segmentation hiérarchique d'images à niveaux de gris

Nous venons de parler de l'application des critères connectifs pour la partition d'un espace E et donc pour la segmentation d'une image f lorsque E est son support de définition. Nous poursuivons maintenant notre discussion en rappelant les connexions morphologiques les plus pratiques pour la segmentation de fonctions numériques.

Les algorithmes retenus ici ont aussi l'avantage d'être multi-échelle, c'est-à-dire que le résultat n'est pas seulement une partition mais une hiérarchie ou une pyramide de partitions, avec des niveaux croissants de partition en segmentation.

Soit $\mathcal{D} = \{R_i\}$ une partition de l'espace E, i.e. $\mathcal{D}$ est un ensemble de composantes connexes $\{R_i\}$ disjointes, dont l'union est l'espace E. Chacune des composantes R_i est une classe de la partition qu'on nommera région.

Comme nous décrivons dans le chapitre d'annexe A, il est possible de définir une relation d'ordre entre deux partitions :

Définition 7 (Partition) *Une partition $\mathcal{A}$ est plus petite qu'une partition $\mathcal{B}$, ou on dit que la partition $\mathcal{B}$ est incluse dans la partition $\mathcal{A}$, si toute région $R_j^{\mathcal{A}}$ est complètement incluse dans une région $R_i^{\mathcal{B}}$.*

Ceci permet de définir les hiérarchies de partitions [104] :

Définition 8 (Hiérarchie de partitions) *Soit Π un ensemble de partitions $\{\mathcal{D}_i\}, i \in I$ associées à l'espace E. Nous dirons que Π forme une hiérarchie de partitions s'il est possible d'établir un ordre d'inclusion parmi toute paire d'éléments de l'ensemble $\Pi = \{\mathcal{D}_i\}$, i.e. $\forall i, j \ \mathcal{D}_i \cap \mathcal{D}_j \in \{\mathcal{D}_i, \mathcal{D}_j\}$.*

Le fait d'avoir un ordre entre les partitions implique que la hiérarchie de partitions forme un **treillis complet** [243].

La notion de hiérarchie de partitions est très intéressante lorsqu'on cherche à segmenter des images complexes sans connaître leur contenu, comme c'est bien souvent le cas pour les applications multimédia. Dans ces approches, on trouve des paramètres de contrôle pour définir le niveau de simplification et la complexité dans la hiérarchie. Ces algorithmes construisent dans un premier temps une hiérarchie de partitions pour ensuite en utilisant cette représentation de l'information, créer une partition précise de l'image (avec parfois une certaine interaction avec l'utilisateur). Le lecteur intéressé par les bases mathématiques en relation avec les hiérarchies de parties d'un ensemble et leur représentation en forme de graphes est invité à consulter la thèse de Zanoguera [305].

5.3.1 Ligne de partage des eaux hiérarchique : algorithme des cascades

La ligne de partage des eaux (LPE) est une connexion par cheminement. Le critère "tous les points de A sont inondés à partir d'un même minimum" étant connectif, la LPE segmente l'espace de définition E en bassins versants connexes par arc, plus en un ensemble de composantes connexes ponctuelles qui constituent les lignes de partage [248].

La LPE est l'opérateur morphologique par excellence pour la segmentation. Nous décrivons les fondements de cette transformation dans le chapitre d'annexe A.

Typiquement, le processus de segmentation morphologique consiste à appliquer la LPE sur l'image gradient, dérivée de l'image originale. Un tel procédé conduit en pratique à des images très sursegmentées : présence d'un grand nombre de minima dans l'image, et donc d'un grand nombre de bassins versants.

Comme nous discutons dans l'annexe A, la solution la plus utilisée consiste à choisir des marqueurs qui correspondent aux régions à segmenter, par exemple à l'aide des valeurs d'extinction. Meyer [180] a proposé des méthodes fondées sur des graphes qui ont abouti à des algorithmes de segmentation multi-échelle très rapides et efficients, voir les thèses de Marcotegui [166], Gomila [104] et Zanoguera [305].

Nous nous intéressons à un autre algorithme de LPE hiérarchique non-paramétrique : l'algorithme de cascades de LPE's, proposé par Beucher [36]. Si la LPE est construite sur l'image gradient, cette méthode repose sur l'hypothèse que les contours les plus forts correspondent aux objets à segmenter. Concrètement à chaque étape de cette segmentation hiérarchique, on cherche à supprimer les contours les plus faibles entourés de contours de valeurs plus élevées, en fusionnant les bassins versants des contours supprimés. Un tel processus peut être itéré de façon à supprimer, dans une nouvelle passe, l'ensemble des contours devenus à leur tour les plus faibles. Demarty [77] a proposé un algorithme pour cette procédure de segmentation hiérarchique fondé sur un graphe de voisinage entre régions (sans avoir besoin de de l'image mosaïque).

L'implémentation la plus simple de l'algorithme de cascades est basée sur la reconstruction de la fonction gradient de l'image mosaïque avec sa LPE. Soyons plus précis. L'image à niveaux de gris à segmenter et son gradient sont respectivement f et g, avec $f, g : E \rightarrow \mathcal{T} = \{t_{min}, t_{min}+1, \cdots, t_{max}\}$. Soit $LPE(g)$ la LPE du gradient g. L'image mosaïque m est obtenue comme la valeur moyenne de la fonction f dans chaque bassin versant de $LPE(g)$. Puis, on calcule le gradient de la mosaïque, qu'on notera g_1. L'algorithme de cascades est comme suit :

1. Calculer la LPE de la fonction g_1 : $LPE(g_1)$.
2. Définir une nouvelle fonction numérique, h :

$$h(x) = \begin{cases} g_1(x) & si \quad x \in LPE(g_1) \\ t_{max} & si \quad x \in LPE^C(g_1) \end{cases}$$

   On a que $h \geq g_1$.
3. Reconstruire g_1 à partir de h par érosion géodésique : $g_1^* = \varepsilon_{g_1}^{rec}(h)$. En fait, la reconstruction va à remplir chaque bassin versant avec un plateau de hauteur égale à la profondeur

minimale des lignes de la LPE qui entourent le bassin versant. Par conséquent, s'il y a un bassin versant adjacent avec une hauteur inférieure à celle définie, le plateau généré ne sera pas un minimum.

4. Calculer la LPE de la fonction g_1^* : les bassins versants sont associés aux minima significatifs.
5. Construire une nouvelle mosaïque à partir de cette dernière LPE, m_1, sur laquelle on calcule le gradient g_2 et ensuite on peut itérer l'algorithme pour obtenir la hiérarchie.

Nous allons noter par σ_n^W le critère connectif défini par le niveau n d'une pyramide de LPE's.

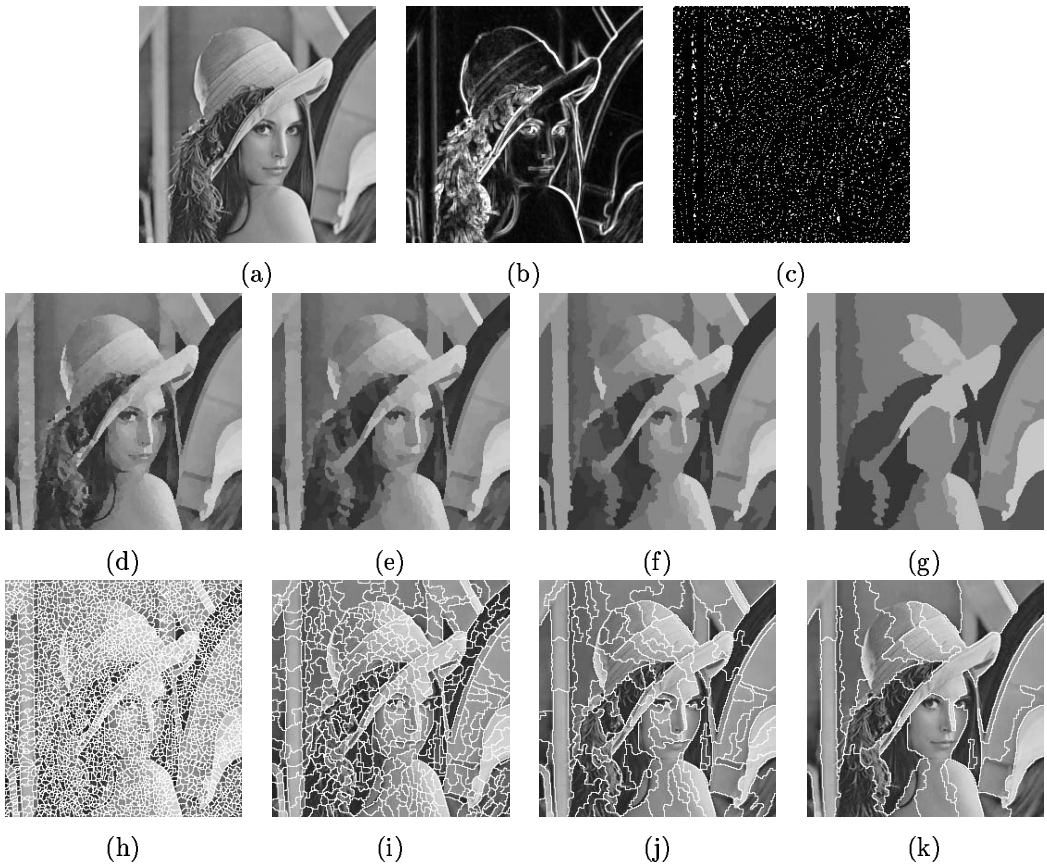


FIG. 5.1 – Pyramide de segmentation non-paramétrique de l'image "lenna" : (a) image initiale, (b) gradient morphologique, (c) ensemble des minima du gradient, (d)-(g) images mosaïques des différents niveaux de la pyramide, (h)-(k) contours des LPE's des différents niveaux de la pyramide.

La figure 5.1 illustre un exemple de hiérarchie de LPE's obtenue à partir de l'algorithme de cascades décrit. On montre le gradient initial et les minima correspondants à la première LPE utilisée pour l'obtenir la première mosaïque ainsi que trois itérations de l'algorithme.

L'itération d'une telle segmentation hiérarchique se termine trivialement par l'obtention d'une unique région correspondant à l'image toute entière. Il est possible aussi de bâtir des

critères d'arrêt du processus, répondant aux caractéristiques par exemple d'homogénéité des régions obtenues ou bien aux caractéristiques de forme, texture, etc. des objets recherchés.

5.3.2 Connexions par sauts

La LPE peut être considérée comme un algorithme de croissance de régions : à partir des minima (ou des marqueurs sélectionnés), une propagation pixel à pixel est faite pour définir les bassins versants jusqu'à ce que l'espace soit totalement partitioné. Il y a d'autres méthodes de croissance de régions qu'on peut définir en morphologie mathématique. Le principe de base est que le processus d'agrégation des germes est un critère connectif, et pour cela, dans la partition maximale finale, les points $x \in E$ doivent être associés à un seul germe (ou les régions dont les points sont agrégés à plus d'un germe sont pulvérisées en tous les singletons) [248]

La connexion par sauts est une méthode de segmentation par croissance de régions proposée par Serra [241, 243] et qui est fondée sur des variations bornées d'amplitude, en fixant les origines des variations aux minima ou aux maxima de la fonction f (intérêt des extrema pour marquer les structures notables de l'image).

Définition 9 (Connexion par sauts) *Soit m un minimum de la fonction f. Pour une variation d'amplitude k donnée, considérons la composante connexe qui contient m et dont les points z accusent un dénivelé $f(z) - m$ au dessus de m tel que $0 < f(z) - m \leq k$,*

$$A(m) = \{z : z \in E, 0 < f(z) - m \leq k\}$$

Soit $D_{k,m}$ la partition composée de $A(m)$ plus les classes ponctuelles sur $E \setminus A(m)$. On prend le supremum D_k de toutes les partitions $D_{k,m}$ associées à tous les minima de la fonction. Puis on peut itérer le processus sur l'ensemble $E \setminus \cup A(m)$, i.e. zones de dénivelé $k < f(z) - m \leq 2k$, puis $2k < f(z) - m \leq 3k$, etc.

La segmentation selon ce critère connectif, noté σ_k^{JC}, engendre la connexion par sauts. La procédure alternative à partir des maxima se construit par dualité, et l'on peut combiner les deux dans une démarche symétrique, où la remontée s'arrête quand elle rencontre une descente, et où les zones à cheval entre montée et descente sont subdivisées.

Etant donné qu'elle dépend d'un paramètre croissant k, la connexion par sauts engendre une pyramide. Par ailleurs, elle est aussi une granulométrie lorsqu'on restreint les valeurs du paramètre aux progressions géométriques [250].

En pratique la segmentation par sauts s'avère une bonne méthode de partition : peu de zones ponctuelles et de classes visuellement significatives. La figure 5.2 illustre ce point.

5.3.3 Zones plates et quasi-plates

Les zones plates d'une fonction f sont les composantes connexes avec une valeur constante, voir le chapitre d'annexe A. La notion de zones plates d'une image est due à Salembier et Serra [228, 229] (très utilisée aussi par Crespo [70]) qui constitue évidemment un critère connectif de segmentation.

Si on obtient les zones plates d'une image brute, la partition obtenue n'est guère intéressante à cause de la sur-segmentation. Il y a quelques alternatives à suivre. Par exemple, filtrer

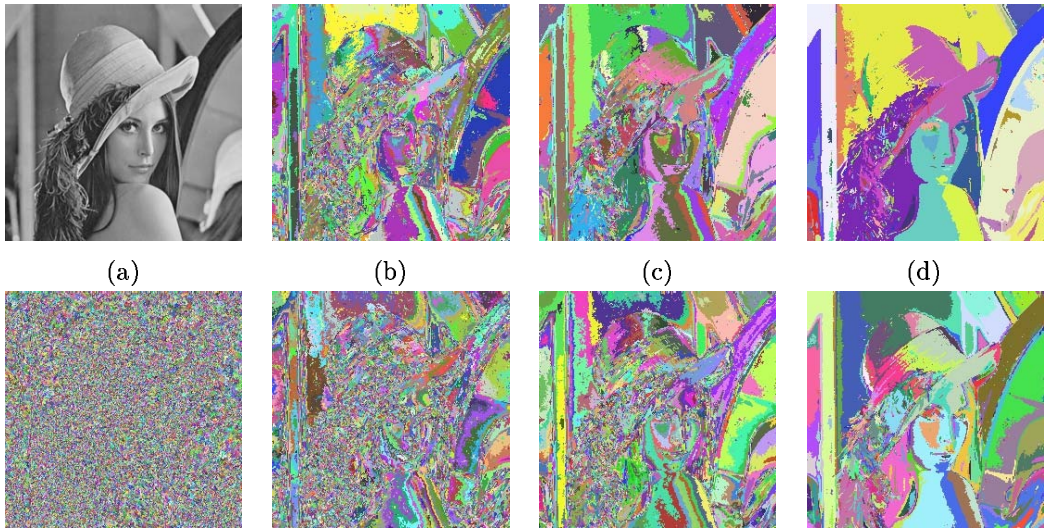


FIG. 5.2 – Pyramides de segmentation paramétriques de l'image "lenna" : (a) image initiale, (b)-(d) connexion par sauts de paramètre $k = 5$, 10 et 30 respectivement, (e) zones plates, (f)-(h) zones quasi-plates de paramètre $\lambda = 5$, 10 et 30 respectivement.

préalablement l'image f pour obtenir une simplification des détails. On doit utiliser un filtre connexe, typiquement un nivellement dont l'une des propriétés principales est l'élargissement des zones plates. Si on considère maintenant une séquence de nivellements avec des marqueurs de plus en plus forts (une pyramide de nivellements), les zones plates associées à la famille de fonctions successives constituent une hiérarchie ou pyramide.

Une autre possibilité est la fusion des zones plates selon un certain critère, on y reviendra ensuite. En outre, on peut aussi sélectionner des sous-ensembles de zones plates qui sont des marqueurs pour la LPE [72].

La notion de zones quasi-plates a été introduite par Meyer [181, 182] en élargissant la définition des zones plates, ce qui conduit à des partitions beaucoup plus significatives.

Définition 10 (Zone quasi-plates) *Deux points $x, y \in E$ appartiennent à la même zone quasi-plate d'une fonction f si et seulement s'il existe une chaîne de points $(p_1, p_2, \cdots, p_n)$ telle que $p_1 = x$ et $p_n = y$ et, pour tout i, $(p_i, p_{i+1}) \in E$ sont voisins et $f_{p_i} \approx f_{p_{i+1}}$.*

Des zones quasi-plates avec des caractéristiques différentes sont obtenues selon la définition de la relation $\approx$. Nous allons utiliser la plus directe : $f_p \approx f_q \Leftrightarrow f_q - \lambda < f_p < f_q + \lambda$: un ensemble de pixels est consideré comme appartenant à la même zone quasi-plate de paramètre λ (ou zones λ-plate) si pour toute paire de pixels il existe un chemin tel que l'écart entre deux pixels adjacents n'est pas supérieur au λ. Evidemment, $\lambda = 0$ correspond aux zones plates. Cette connexion est notée σ_λ^{QFZ}.

De nouveau, le paramètre croissant λ engendre une hiérarchie ou pyramide de partitions. La figure 5.2 illustre quatre niveaux d'une telle hiérarchie. On trouve une certaine correspondance dans les objets mis en évidence par la segmentation par sauts et les zones quasi-plates.

5.3.4 Fusion de régions dans un treillis de partitions

Lorsqu'on utilise des critères connectifs de segmentation par sauts et de segmentation par zones quasi-plates, et au fur et à mesure que k ou λ augmentent, les régions homogènes s'élargissent. Cependant, et même pour des valeurs de k ou λ assez grandes, il reste toujours une multitude de petites régions localisées à l'intérieur des zones de transition de l'image. Cette problématique a été aussi constatée par Zanoguera [305]. Dans ces travaux, Zanoguera considère que les contours des objets se trouvent quelque part dans les zones de transition et chaque objet est marqué par une grande zone plate. En établissant un seuil sur la taille des zones plates et en ne gardant que celles de plus grande surface nous obtenons une image de marqueurs indiquant la position des régions homogènes, qui peuvent être utilisés pour la LPE.

Si on ne vise pas à définir des marqueurs, mais plutôt à obtenir une partition significative de la fonction, il faut envisager d'autre méthodes pour améliorer la sur-segmentation. Nous proposons d'utiliser un algorithme de fusion de régions [48]. Le principe consiste en la fusion ordonnée des régions initiales (qui peuvent être les pixels de l'image) selon un certain critère de similitude. La principale difficulté dans la fusion de régions est de trouver un bon critère de similarité ainsi qu'une mise en œuvre efficace de l'algorithme. Par exemple, Marcotegui [165] propose une méthode de fusion de régions pour des séquences vidéo en combinant plusieurs critères : contraste, texture, mouvement, etc...

Nous allons ici nous intéresser à la démarche suggérée par Salembier *et al.* [93] [232] pour réaliser très efficacement la fusion de régions dans un treillis de partitions.

Ils proposent d'utiliser un graphe d'adjacence ou voisinage entre régions (RAG) : un ensemble de nœuds qui représentent les régions et un ensemble d'arêtes qui représentent les connexions entre nœuds voisins. Puis, pour gérer le processus de fusion, ils proposent de travailler avec une file d'attente hiérarchique qui doit se ré-organiser de manière dynamique et pour ceci, travailler avec des arbres binaires. Pour spécifier un algorithme de fusion de régions, on a besoin de définir trois notions : (1) l'ordre de fusion, (2) le critère de fusion et (3) le modèle de la région. Dans cette mise en œuvre, il y a une première étape d'initialisation (obtenir le modèle de chaque région, calculer l'ordre de fusion pour chaque paire arête-nœud, chaque arête-nœud est ensuite insérée dans la file d'attente selon l'ordre de fusion), suivie d'une deuxième phase avec le processus itératif de fusion jusqu'à ce que la file d'attente soit vide (les paires arête-nœud sont traitées selon leur priorité dans la file pour décider si la fusion entre deux régions doit se faire ; si les régions se fusionnent, il faut réactualiser les arêtes et les structures de données associées).

Il y a une série de paramètres qu'il faut établir pour avoir une définition complète de l'algorithme de fusion des régions,

1. Modèle des régions, M_R : typiquement, on peut utiliser la moyenne ou la médiane pour modéliser les niveaux de gris d'une certaine région (modèles auto-duaux). Soit M_R le modèle de la région R et soit N_R le nombre de pixels de la région. Pour pouvoir faire une implémentation rapide de la fusion, le modèle de la région $R = R_1 \cup R_2$ doit pouvoir être calculé à partir des valeurs de R_1 et R_2. Dans le cas de la moyenne, on peut utiliser une moyenne pondérée : $M_R = (N_{R_1} M_{R_1} + N_{R_2} M_{R_2})/(N_{R_1} + N_{R_2})$. Pour le cas de la médiane,

il est possible de l'obtenir d'une façon approximative : si $N_{R_1} < N_{R_2} \Rightarrow M_R = M_{R_2}$, si $N_{R_1} > N_{R_2} \Rightarrow M_R = M_{R_1}$, si $N_{R_1} = N_{R_2} \Rightarrow M_R = (M_{R_1} + M_{R_2})/2$.

2. Ordre de fusion, $O(R_1, R_2)$: ceci fait référence à la notion d'objet et peut être vu comme une mesure de la probabilité que deux régions voisines appartiennent au même objet. Un ordre de fusion intéressant est donné par l'expression suivante : $O(R_1, R_2) = N_{R_1}(M_{R_1} - M_{R_1 \cup R_2})^2 + N_{R_2}(M_{R_2} - M_{R_1 \cup R_2})^2$.

3. Critère de fusion : la fonction $C(R_1, R_2)$ donne l'ordre dans lequel les régions vont être traitées. Maintenant, le but du critère de fusion est de sélectionner, parmi tous les objets, ceux qui correspondent aux effets recherchés. Il y a deux critères de type morphologique qui sont particulièrement utiles : l'aire et le contraste.
   - Critère de fusion par aire, σ_a^{RM}. Le but de ce critère est d'éliminer les objets qui sont plus petits qu'un certain seuil de taille fixé a. Le critère spécifie simplement que deux régions doivent être unies si l'une ou l'autre est plus petite que a.
   - Critère de fusion par contraste, σ_h^{RM}. Le contraste entre deux régions voisines peut être défini comme la différence entre les deux modèles des régions : $C(R_1, R_2) = (M_{R_1} - M_{R_2})^2$. Le critère de contraste fusionne deux régions si $C(R_1, R_2)$ est plus petit qu'un seuil h déterminé.

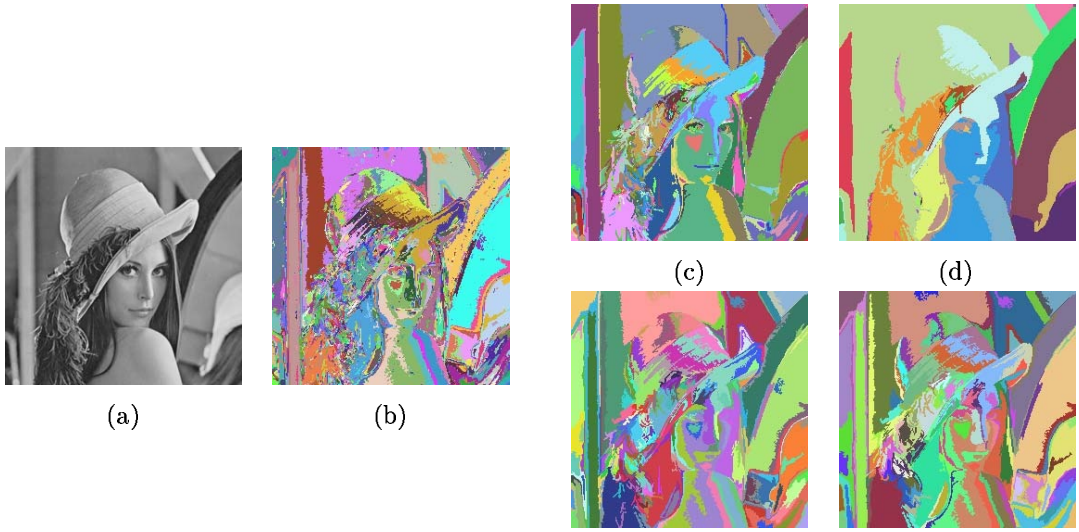
   Les opérateurs d'aire et de contraste sont tous les deux extensifs (la partition obtenue est plus grande) et auto-duaux, mais seulement celui d'aire est directement idempotent. Pourtant, l'itération de l'opérateur contraste est idempotente.

Dans le cas qui nous intéresse, la partition de départ ou partition fine est le résultat de l'application d'un critère comme la segmentation par sauts ou les zones quasi plates et notre objectif est d'améliorer les partitions en éliminant les petites zones de transition, voir l'exemple de la figure 5.3. Dans ce but précis, il est bien évident que le critère d'aire est plus adapté et fournit des partitions avec des classes de tailles raisonnables. Par ailleurs le contraste a tendance à préserver les zones de transition.

La stratégie de fusion que nous avons présentée permet d'obtenir une nouvelle hiérarchie de partitions.

5.4 Segmentation morphologique d'images couleur

Cette section s'organise en trois points principaux. Nous commençons par donner un état de l'art sur la segmentation morphologique d'images couleur. Puis, nous décrivons la façon dont la LPE et sa version hiérarchique non-paramétrique peut être appliquée aux images couleur, en comparant plusieurs gradients dans les espaces HLS et L*a*b*. Nous explicitons après différentes méthodes pour utiliser les connexions type zones quasi-plates et sauts améliorés par fusion de régions pour segmenter une image couleur en se basant sur les caractéristiques intrinsèques de l'espace HLS.



(a) (b) (c) (d) (e) (f)

FIG. 5.3 – Amélioration des partitions par fusion de régions de l'image "lenna" : (a) image initiale, (b) connexion par sauts $k = 20$, (c)-(d) critère de fusion : "contraste entre régions voisines plus petit que" $h = 20$ et 40 respectivement, (e)-(f) critère de fusion : "aire plus petite que" $a = 50$ et 100 respectivement.

5.4.1 Etat de l'art en segmentation morphologique couleur

Il existe une abondante littérature concernant la segmentation d'images à niveaux de gris. L'emploi de la couleur en segmentation reste un sujet récent très ouvert, avec l'apparition continue de nombreuses méthodes, souvent associées à une application particulière. Lorsqu'on propose une approche de segmentation d'images couleur, il faut choisir d'une part l'espace couleur de travail, et d'autre part l'algorithme de segmentation (qui peut être une généralisation d'un algorithme scalaire). Nous renvoyons le lecteur intéressé vers l'état de l'art très détaillé de Cheng *et al.* [62].

Les techniques de segmentation peuvent être classées en deux grands groupes : les techniques basées sur les régions et les techniques basées sur les contours. Parmi les premières, on trouve des méthodes de seuillage et classification en fonction d'un critère de similarité de la couleur [54] (l'algorithme de "clustering" morphologique pour les images couleur que nous avons présenté dans le chapitre 3 appartient aussi à cette famille), qui ne prennent pas en compte les relations spatiales des pixels ; et des méthodes de croissance et fusion des régions couleur [274] [237]. Le deuxième groupe d'algorithmes de segmentation couleur repose sur la détection de contours dans les images, et parmi ceux-ci les algorithmes basés sur une segmentation morphologique de type LPE, dont celui de Saarinen [226].

Notre but ici est donc de donner des références aux études menées sur la segmentation morphologique des images couleur.

En ce qui concerne l'application de la LPE aux images couleur, les approches reposent presque toujours sur le calcul d'une fonction gradient de l'image originale, avec différentes

façons de procéder. Un travail pionnier a été présenté par Meyer [179]

Selon Meyer et Beucher [177], une manière possible d'agir est le calcul de trois gradients sur chacune des composantes, suivi de trois LPE's et essayer une recombinaison de ces trois LPE pour former une LPE résultante. Comme alternative on peut envisager le calcul de trois gradients classiques sur chacune des composantes de l'image couleur, puis recombinaison de ces trois gradients en un gradient résultant suivi de la LPE . Demarty et Beucher [76] définissent un gradient dans une version modifiée de l'espace HLS. Une variante consiste à calculer directement un gradient vectoriel sur lequel on construit la LPE : Shafarenko [251] propose un gradient dans l'espace L*u*v* et Risson [218] fait de même dans l'espace L*a*b*.

D'autres critères connectifs ont été aussi appliqués aux images couleur. Serra [245] suggère par exemple une partition de l'image couleur avec la segmentation par sauts sur la luminance.

Crespo et Schafer [71] ont proposé l'extension du concept de segmentation basée sur les zones plates aux images couleur. Dans leur approche, les zones plates les plus importantes sont détectées indépendamment sur chacune des composantes couleur (les autres zones sont mises à zéro). Ensuite, les zones plates couleur sont définies comme l'intersection des trois partitions.

Zanoguera [305] propose une définition vectorielle des zones quasi-plates couleur qui est obtenue en utilisant une distance vectorielle pour mesurer les écarts λ qui sont permis. Elle a réalisé aussi une étude sur différents espaces couleur.

Les méthodes les plus récentes combinent l'usage de la détection de zones plates (ou quasi-plates) avec la LPE calculée sur un gradient couleur. Dont celle de Gomila [104], qui utilise un gradient couleur obtenu comme une somme pondérée des trois gradients dans l'espace YUV. De plus le gradient est calculé sur l'image mosaïque des zones plates. Dans le même esprit, Zanoguera [305] présente une méthode pour le calcul d'une partition fine en utilisant les zones plates couleur d'une certaine taille comme marqueurs pour un gradient vectoriel en RVB aussi seuillé (cette partition fine est le point de départ pour une hiérarchie).

Passons à présent à l'exposé des algorithmes que nous proposons pour la segmentation des images couleur [14].

5.4.2 Cascades de LPE's pour les images couleur

L'application aux images couleur de la LPE passe par l'usage d'un gradient couleur $\nabla \mathbf{f}$. Dans le chapitre 4 nous avons présenté la définition de six gradients couleur dans les espace HLS et L*a*b*, maintenant la question sera d'évaluer leurs caractéristiques pour la détection des contours chromatiques-achromatiques dans le processus de segmentation. Nous construisons notre hiérarchie à l'aide de l'algorithme de cascades et un élément important est la notion d'image mosaïque qui représente la moyenne des niveaux de gris de la fonction dans chaque bassin versant. Lorsqu'on applique l'algorithme de cascades il y a différentes manières de définir l'image mosaïque couleur, notamment l'usage de la médianne vectorielle ou l'emploi d'une moyenne composante par composante. Pour la segmentation, où les fausses couleurs ne posent pas de problèmes, il n'est pas indispensable de travailler en vectoriel (plus complexe en traitement).

Par souci de simplicité, nous proposons le calcul des valeurs moyennes toujours dans les

composantes RVB, i.e. $\mathbf{m} = (m_R, m_G, m_B)$. Ainsi, nous évitons de devoir calculer des valeurs moyennes pour les composantes angulaires (h, $a*$, $b*$), ce qui n'est pas trivial. Toutefois, les résultats obtenus avec cette approche ont été satisfaisants.

L'algorithme de cascades de LPE pour une image couleur $\mathbf{f}$ en travaillant avec le gradient $\nabla\mathbf{f}$ est donc comme suit :

1. Niveau 0 : $g_0 = \nabla\mathbf{f}$, $w_0 = LPE(g_0)$, $\mathbf{m}_0(\mathbf{f}, w_0)$.
2. Niveau 1 :
   (a) $g_1 = \nabla\mathbf{m}_0$, $w_{1*} = LPE(g_1)$
   (b)
   $$h_1(x) = \begin{cases} g_1(x) & si \quad x \in w_{1*} \\ t_{max} & si \quad x \in w_{1*}^C \end{cases}$$
   (c) $g_1^* = \varepsilon_{g_1}^{rec}(h_1)$.
   (d) $w_1 = LPE(g_1^*)$, $\mathbf{m}_1(\mathbf{f}, w_1)$.
3. Niveau $i+1$: $g_{i+1} = \nabla\mathbf{m}_i$, $w_{i+1*} = LPE(g_{i+1*})$ et mêmes étapes que pour le niveau 1.

Nous avons réalisé une étude comparative des gradients couleur : $\nabla^L\mathbf{f}$, $\nabla^H\mathbf{f}$, $\nabla^S\mathbf{f}$, $\nabla^{\sup}\mathbf{f}$, $\nabla^C\mathbf{f}$ et $\nabla^P\mathbf{f}$, sur une série d'exemples. Dans les figures 5.4-5.5 et 5.6-5.7 nous montrons les six pyramides associées pour les images "perroquets" et "baboon" respectivement.

Les résultats obtenus pour d'autres images ont été similaires. L'emploi de la luminance seule (∇^L) ou de la teinte seule (∇^H, ∇^C) produit des segmentations très pauvres. Nous avions pu observer que visuellement, le gradient le plus contrasté est $\nabla^{\sup}$, donne de bonnes segmentations, comme c'est le cas aussi pour ∇^P. Cependant, les meilleures partitions correspondent à l'usage du gradient couleur pondéré par saturation ∇^S.

Simplification préalable par nivellement

Comme nous signalons dans l'annexe A, il est souvent intéressant de simplifier l'image par nivellement avant d'appliquer la LPE. L'effet direct sur l'image nivelée est l'élargissement des zones plates en éliminant celles qui correspondent aux plus petits détails. Si l'on regarde l'exemple comparatif montré dans la figure 5.8, on constate que d'une part, la pyramide construite sur l'image nivelée converge plus rapidement sur des régions homogènes de grande taille et d'autre part, que pour chaque niveau équivalent, en plus d'avoir moins de régions, les contours des régions obtenues sont plus réguliers et mieux adaptés au contenu de l'image.

Hiérarchisation à l'aide des valeurs d'extinction

Dans l'annexe A nous traitons aussi l'emploi des valeurs d'extinction pour une hiérarchisation des extrema de l'image et donc pour la hiérarchisation dans la sélection de marqueurs pour la LPE. Etant donné que le gradient couleur est une fonction numérique, ceci permet de construire d'autres pyramides de segmentation couleur avec la LPE. Nous montrons dans la figure 5.9 un exemple comparatif des segmentations obtenues avec l'algorithme des

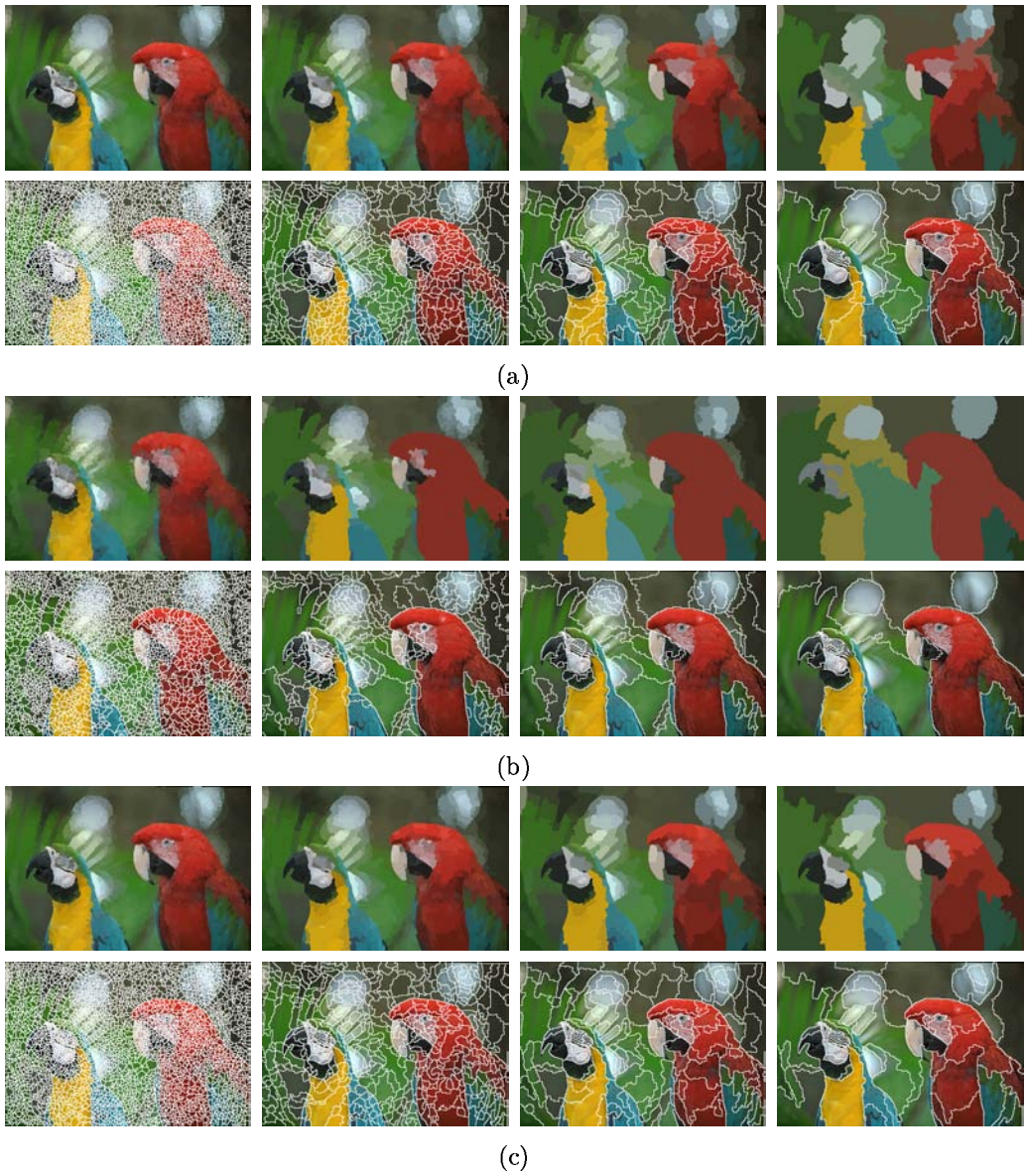
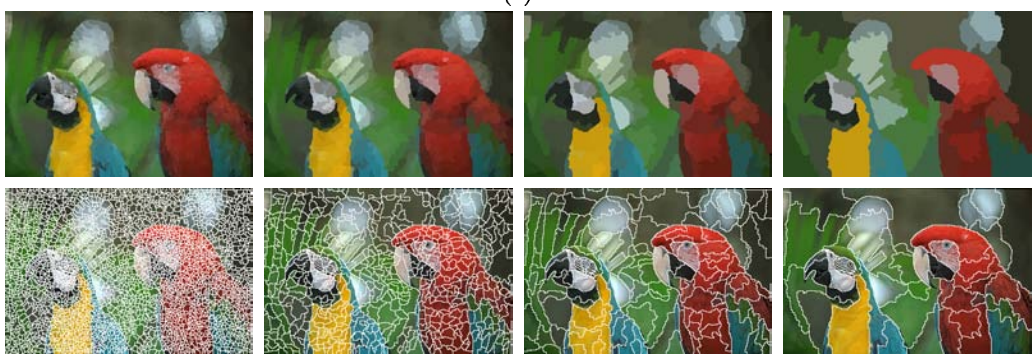


FIG. 5.4 – Comparaison de la pyramide couleur de LPE par rapport au gradient couleur avec l'image "perroquets" : (a) $\nabla^L \mathbf{f}$, (b) $\nabla^H \mathbf{f}$, (c) $\nabla^S \mathbf{f}$.

(d)

(e)



(f)

FIG. 5.5 – Comparaison de la pyramide couleur de LPE par rapport au gradient couleur avec l'image "perroquets" : (d) $\nabla^{\text{sup}}\mathbf{f}$, (e) $\nabla^{C}\mathbf{f}$ et (f) $\nabla^{P}\mathbf{f}$.

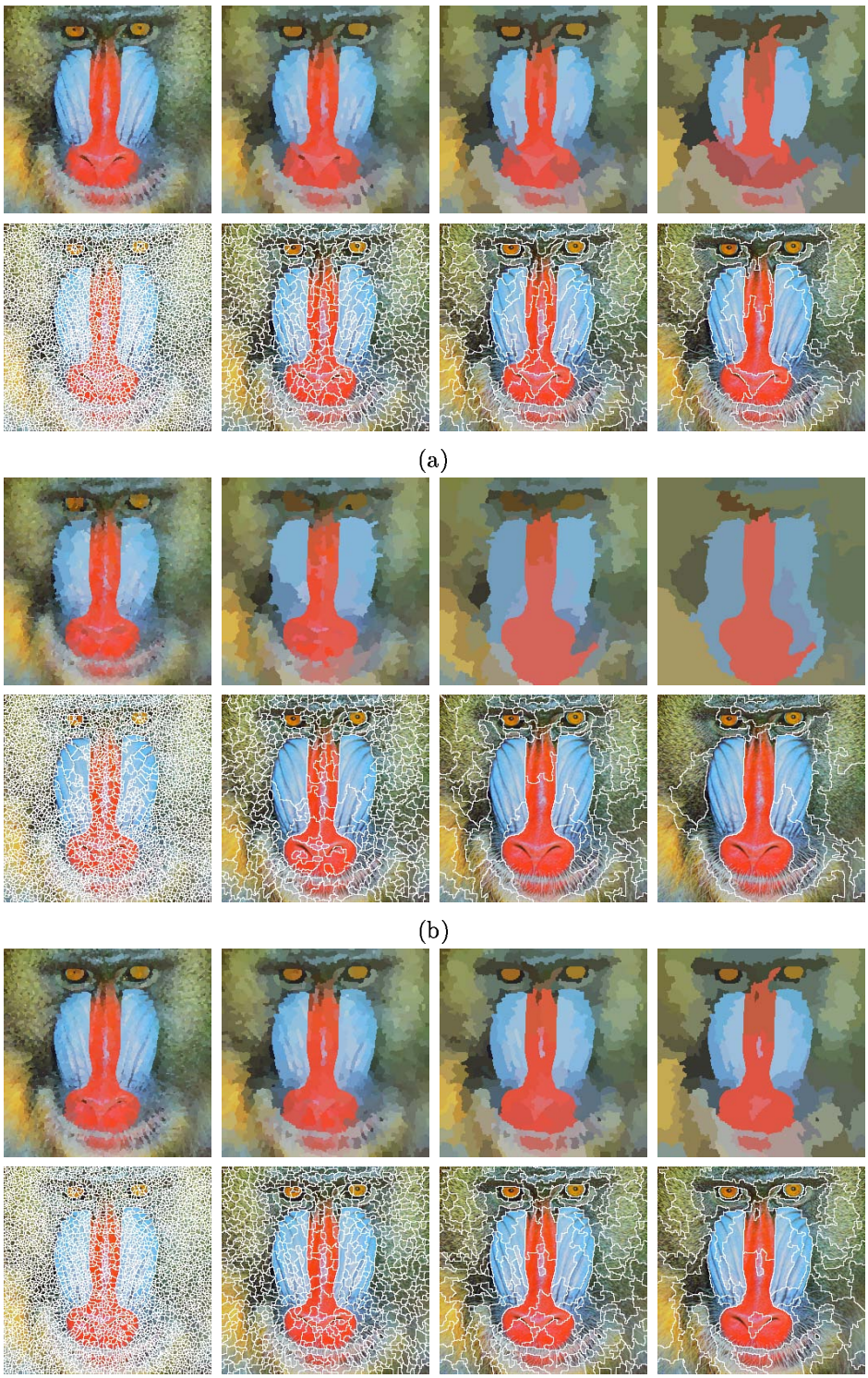
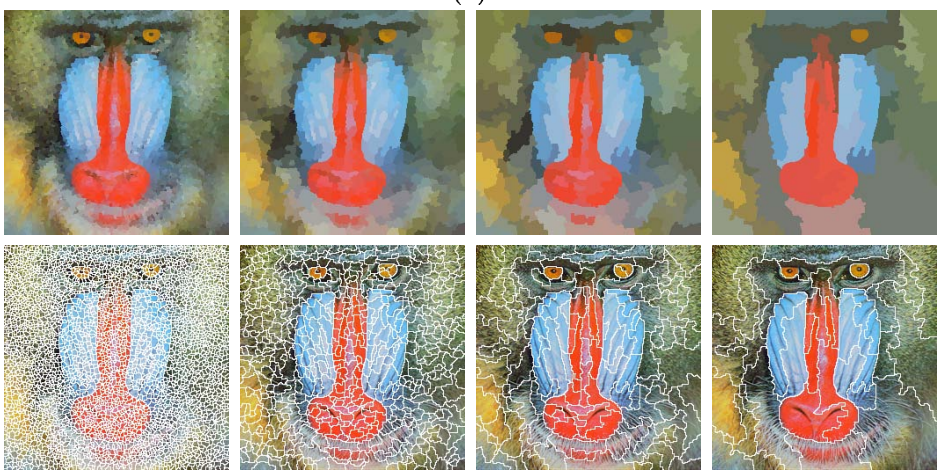
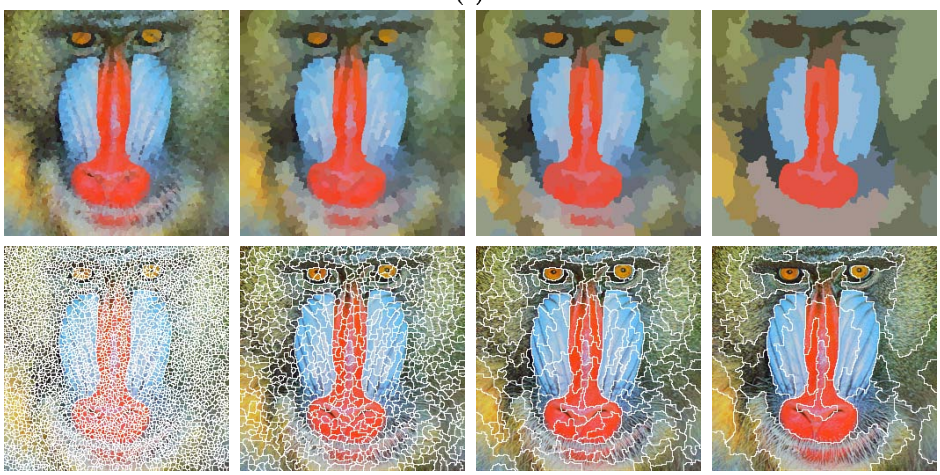


FIG. 5.6 – Comparaison de la pyramide couleur de LPE par rapport au gradient couleur avec l'image "baboon" : (a) $\nabla^L \mathbf{f}$, (b) $\nabla^H \mathbf{f}$, (c) $\nabla^S \mathbf{f}$.

(d)



(e)



(f)

FIG. 5.7 – Comparaison de la pyramide couleur de LPE par rapport au gradient couleur avec l'image "baboon" : (d) $\nabla^{\text{sup}}\mathbf{f}$, (e) $\nabla^{C}\mathbf{f}$ et (f) $\nabla^{P}\mathbf{f}$.

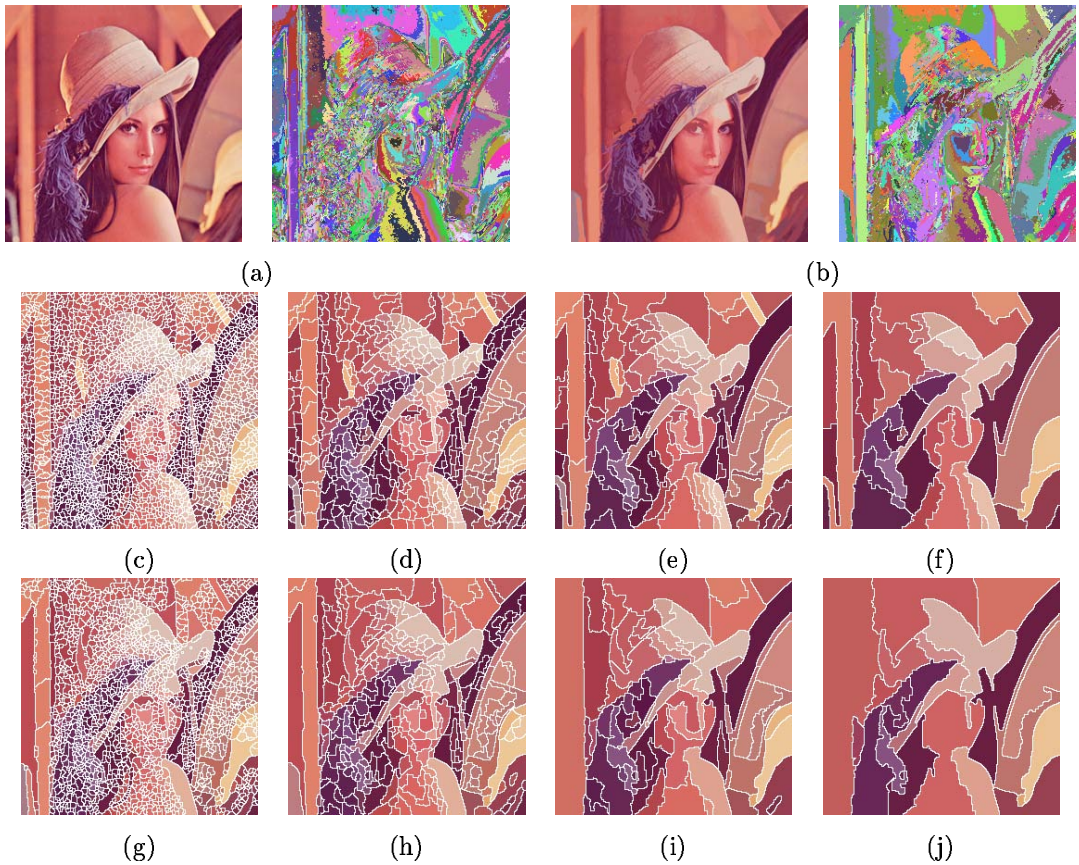


FIG. 5.8 – Comparaison de la pyramide couleur de LPE avant et après simplification par nivellement sur l'image "lenna" : (a) image initiale et zones quasi-plates correspondantes, (b) image nivelée et zones quasi-plates correspondantes, (c)-(f) hiérarchie non-paramétrique associée à l'image initiale, (g)-(j) hiérarchie non-paramétrique associée à l'image nivelée. Le gradient utilisé est $\nabla^S \mathbf{f}$.

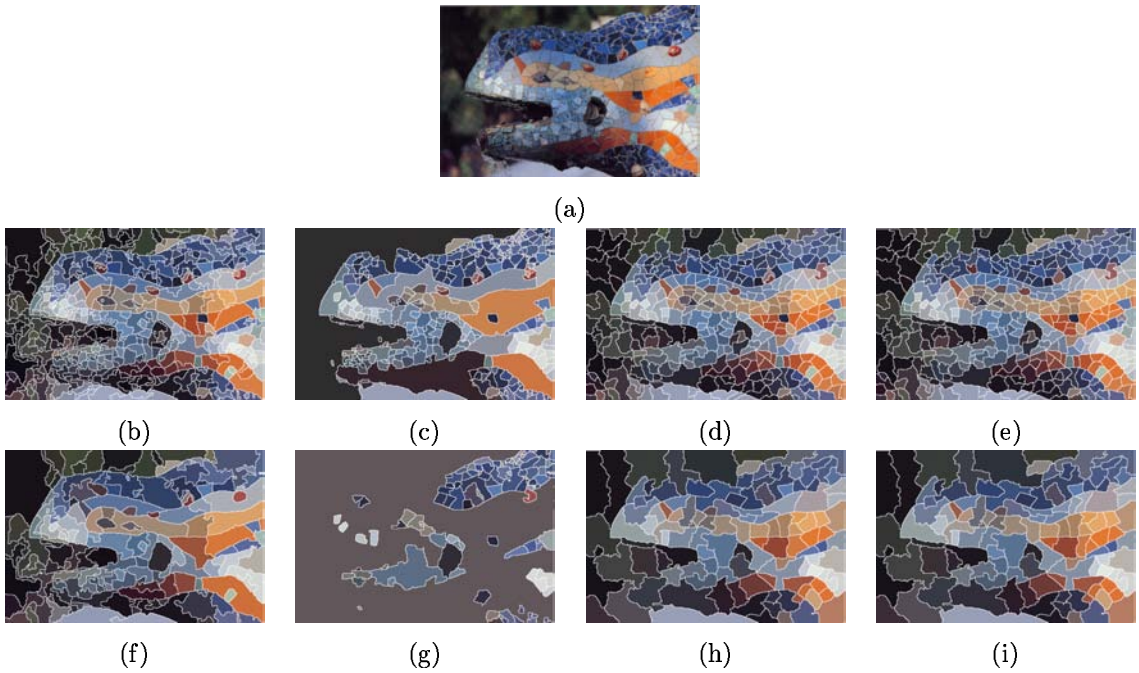


FIG. 5.9 – Comparaison de pyramides couleur de LPE non-paramétriques et paramétriques à l'aide des valeurs d'extinction sur l'image "lézard" : (a) image initiale, (b)-(f) LPE des niveaux 3 et 4 de l'algorithme de cascades (379 et 120 régions respectivement) , (c)-(g) LPE en prenant comme marqueurs les 379 et 129 minima plus contrastés, (d)-(h) LPE en prenant comme marqueurs les 379 et 129 minima avec une valeur d'extinction surfacique plus grande, (e)-(i) LPE en prenant comme marqueurs les 379 et 129 minima avec une valeur d'extinction volumique plus grande. Le gradient utilisé est $\nabla^S \mathbf{f}$.

cascades (fusion de régions selon leur homogénéité) et les segmentations équivalentes par sélection de marqueurs selon leurs valeurs d'extinction par contraste, par surface et par volume. Pour que cette comparaison soit possible, nous avons pris deux niveaux de la pyramide non-paramétrique qui donnent un certain nombre de régions, et puis pour les segmentations paramétriques correspondantes, nous avons sélectionné le même nombre de marqueurs.

Nous pouvons observer que ces opérateurs hiérarchisent les marqueurs (et donc les régions associées) très différemment. Ainsi, la sélection des bassins versants selon la profondeur ne permet de détecter que les régions suffisamment contrastées, tandis que la surface s'attaque aux structures les plus grandes, indépendamment de leur profondeur. Le volume est un compromis entre les critères précédents, en tenant compte à la fois du contraste et de la taille des bassins versants. Pour l'exemple en cours, la surface et le volume conduisent à des segmentations très similaires du fait de la nature des structures de l'image.

D'autre part, le fait de calculer des moyennes (mosaïque) dans la construction de la pyramide non-paramétrique peut avoir des effets positifs pour l'homogénéisation et le rehaussement des contours importants, et par conséquent aboutir à de meilleures partitions (comparer les partitions (f) et (h) de la figure 5.9).

5.4.3 Connexions et segmentation d'images couleur par fusion ordonnée de partitions

L'application de la connexion LPE aux images couleur est simple puisqu'on travaille sur une fonction gradient qu'on peut toujours obtenir à partir de l'image couleur. Lorsqu'on doit généraliser d'autres connexions morphologiques qui sont définies sur une fonction numérique aux fonctions vectorielles la solution est moins évidente. Il est possible de travailler avec une distance vectorielle pour mesurer les écarts dans les cheminements (par exemple les zones quasi-plates couleur proposées par Zanoguera [305]). Cette démarche est plus difficile à mener pour le cas des connexions par sauts. L'autre manière de travailler consiste à appliquer une connexion à chaque composante couleur (donc chaque fonction scalaire) et ensuite trouver la manière de combiner ou fusionner les trois partitions pour obtenir une partition finale (plutôt dans l'esprit de la méthode proposée par Crespo et Schafer [71]).

Nous proposons de travailler composante par composante et plus précisément dans un espace couleur type "teinte, luminance et saturation". Comme nous en avons discuté amplement dans cette thèse, ce choix a l'avantage d'avoir à disposition un signal comme la saturation pour combiner les autres deux. Avec les espaces RVB ou L*a*b*, on ne peut pas utiliser ce type de démarche car il est très difficile de trouver une manière de combiner les partitions (on peut toujours utiliser l'intersection directe des connexions).

Soyons un peu plus précis. Chacune des composante f_H, f_L et f_S de l'image couleur $\mathbf{f}$ sera segmentée grâce à un certain critère σ. Nous proposons d'utiliser la connexion par sauts ou la connexion par zones quasi-plates pour obtenir une partition initiale qui est ensuite améliorée avec une fusion de régions par aire. Par exemple, la partition de la luminance avec connexion par sauts suivie d'une fusion par aire sera donnée par $\mathcal{D}_{\sigma_a^{RM},\sigma_k^{JC}}(f_L) = \sigma_a^{RM}[\sigma_k^{JC}[f_L]]$.

On a un problème additionnel avec la composante teinte, définie sur le cercle unité. Pour pouvoir appliquer une connexion par cheminements ou par sauts on a besoin de fixer une origine sur le cercle h_0. Nous proposons d'utiliser comme origine la couleur anti-dominante, i.e. $h_0 = h^{anti-dom}(f_H)$.

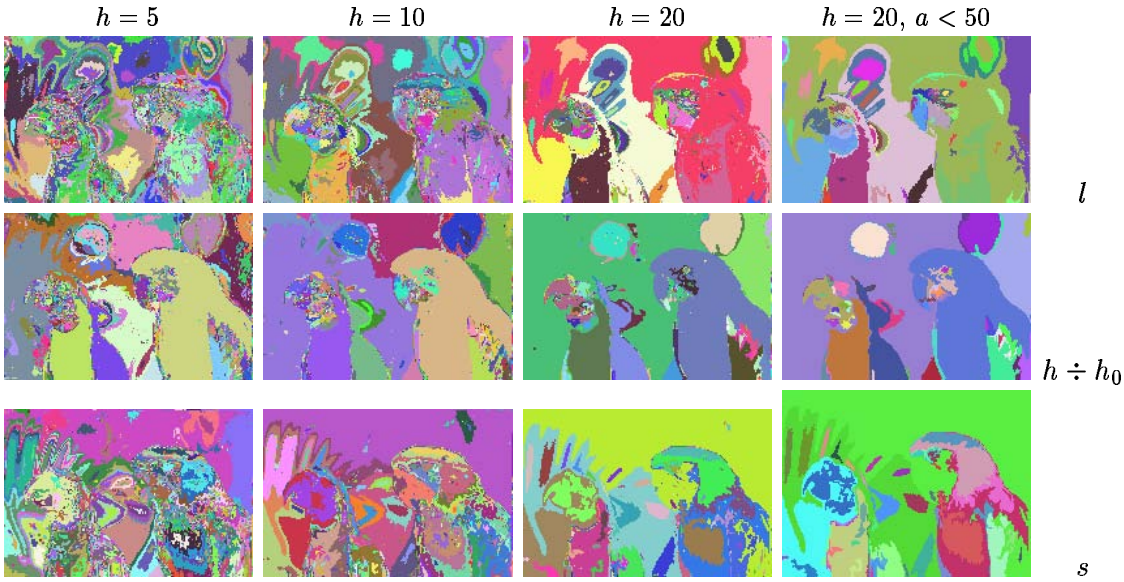
Nous allons obtenir donc trois partitions : 1) $\mathcal{D}_{\sigma_a^{RM},\sigma_k^{JC}}(f_H \div h_0)$ qui décrit bien les régions chromatiques, 2) $\mathcal{D}_{\sigma_a^{RM},\sigma_k^{JC}}(f_L)$ qui représente aussi bien les régions achromatiques, et 3) $\mathcal{D}_{\sigma_a^{RM},\sigma_k^{JC}}(f_S)$ pour la séparation entre les régions chromatiques-achromatiques. La figure 5.10 illustre une comparaison de pyramides pour différentes valeurs des paramètres.

A présent, la question est comment pouvons-nous fusionner les partitions $\mathcal{D}(f_H \div h_0)$ et $\mathcal{D}(f_L)$ avec $\mathcal{D}(f_S)$? En fait, dans une première phase, nous commençons par obtenir la mosaïque de la saturation associée à la partition $\mathcal{D}(f_S)$, i.e. m_S ; ceci constitue une bonne simplification de la saturation.

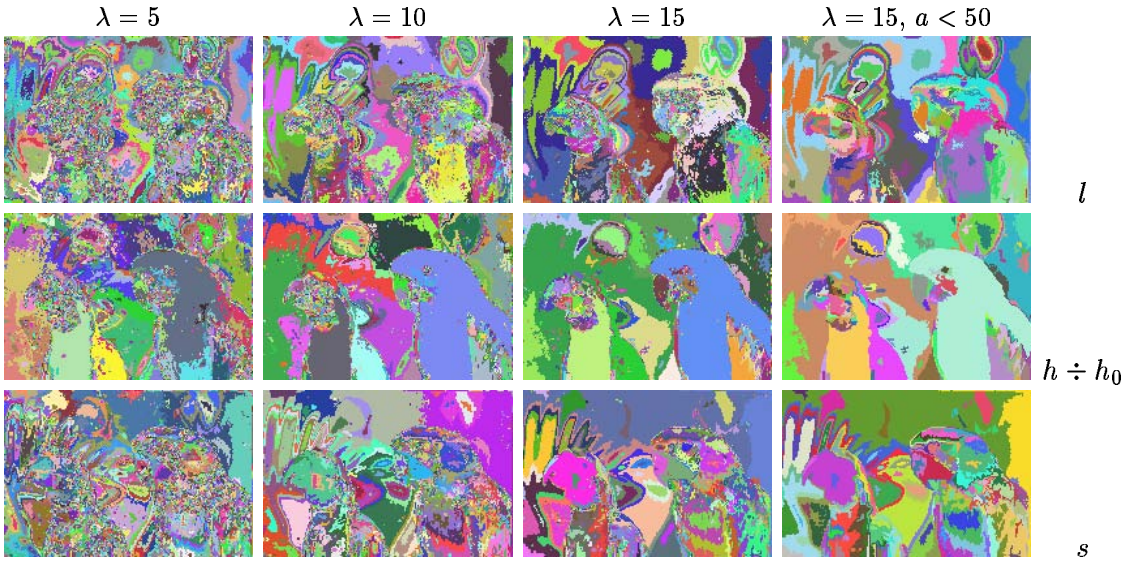
Nous proposons deux méthodes différentes pour ordonner cette fusion. Voir l'exemple sur "perroquets" montré dans la figure 5.11.

Algorithme avec combinaison de partitions par seuillage de la saturation

La première approche est fondée sur un seuillage de la saturation pour obtenir une image binaire $X_S \in \mathcal{P}(E)$ qui permet de classer les pixels comme chromatiques ou achromatiques,



(a)



(b)

FIG. 5.10 – Comparaison de pyramides couleur composante par composante dans l'espace h, l et s sur l'image "perroquets" : (a) connexion par sauts d'amplitude k et (b) zones quasi-plates de variation λ.

en sélectionnant pour chaque pixel la classe de la partition correspondante. Il s'agit du même principe que nous avons utilisé dans le chapitre 3 pour la segmentation d'images couleur par "clustering" des histogrammes 2D. Les étapes à suivre sont :

1. Calculer les partitions de la teinte, la luminance et la saturation, $\mathcal{D}_{\sigma_a^{RM},\sigma_k^{JC}}(f_H \div h_0)$, $\mathcal{D}_{\sigma_a^{RM},\sigma_k^{JC}}(f_L)$, $\mathcal{D}_{\sigma_a^{RM},\sigma_k^{JC}}(f_S)$.
2. Obtenir la mosaïque de la saturation, $m_S(f_S, \mathcal{D}(f_S))$.
3. Trouver le seuil optimal de la saturation : u_S, et l'utiliser afin d'obtenir la clef binaire, X_{m_S}.
4. Combiner avec X_{m_S} les partitions chromatiques et achromatiques,

$$\mathcal{D}_{\sigma_a^{RM},\sigma_k^{JC}}(\mathbf{f}) = (\mathcal{D}_{\sigma_a^{RM},\sigma_k^{JC}}(f_H \div h_0)) \wedge X_{m_S}) \vee (\mathcal{D}_{\sigma_a^{RM},\sigma_k^{JC}}(f_L)) \wedge \overline{X}_{m_S}).$$

L'inconvénient principal réside dans le processus de seuillage de la saturation, qui n'est pas toujours satisfaisante. Par ailleurs, la frontière force l'apparition de nouvelles classes de même qu'elle peut découper des classes existantes dans les partitions de départ.

Algorithme avec LPE sur partition pondérée par la saturation

Nous proposons une autre manière de fusionner les partitions avec la mosaïque de la saturation sans passer par le seuillage. L'idée est de pondérer les contours des partitions $\mathcal{D}(f_H \div h_0)$ et $\mathcal{D}(f_L)$ (c'est-à-dire des ensembles binaires) avec les fonctions numériques m_S et $(1 - m_S)$ (négatif de la saturation) respectivement puis de prendre la somme des deux partitions pondérées (maintenant, des fonctions numériques). Voir l'étude théorique de Serra sur le treillis des fonctions pondérées [241].

Cette procédure relève de la même intuition que le gradient couleur pondéré par saturation : utiliser la saturation comme barycentre. Le résultat est une partition pondérée $g_{\sigma_a^{RM},\sigma_k^{JC}}$ dont les contours de chaque classe ont un poids qui dépend de son importance vis-à-vis de la dualité chromatique-achromatique. En effet, la partition pondérée peut être considérée comme une sorte de gradient. Ce qu'il faut faire maintenant est d'obtenir une partition finale avec les classes les plus significatives. Une méthode simple pour résoudre ce problème consiste à appliquer la transformation LPE qui détermine les lignes de crête qui vont correspondre aux contours des classes couleur. Dans ce cas, la procédure est comme suit :

1. Calculer les partitions de la teinte, la luminance et la saturation, $\mathcal{D}_{\sigma_a^{RM},\sigma_k^{JC}}(f_H \div h_0)$, $\mathcal{D}_{\sigma_a^{RM},\sigma_k^{JC}}(f_L)$, $\mathcal{D}_{\sigma_a^{RM},\sigma_k^{JC}}(f_S)$.
2. Obtenir la mosaïque de la saturation, $m_S(f_S, \mathcal{D}(f_S))$.
3. Pondérer avec m_S les partitions chromatique et achromatique,

$$g_{\sigma_a^{RM},\sigma_k^{JC}}(\mathbf{f}) = \mathcal{D}_{\sigma_a^{RM},\sigma_k^{JC}}(f_H \div h_0)) \times m_S + \mathcal{D}_{\sigma_a^{RM},\sigma_k^{JC}}(f_L)) \times (1 - m_S).$$

4. Déterminer les classes de la partition, $\mathcal{D}_{\sigma_a^{RM},\sigma_k^{JC}}(\mathbf{f}) = LPE(g_{\sigma_a^{RM},\sigma_k^{JC}})$.

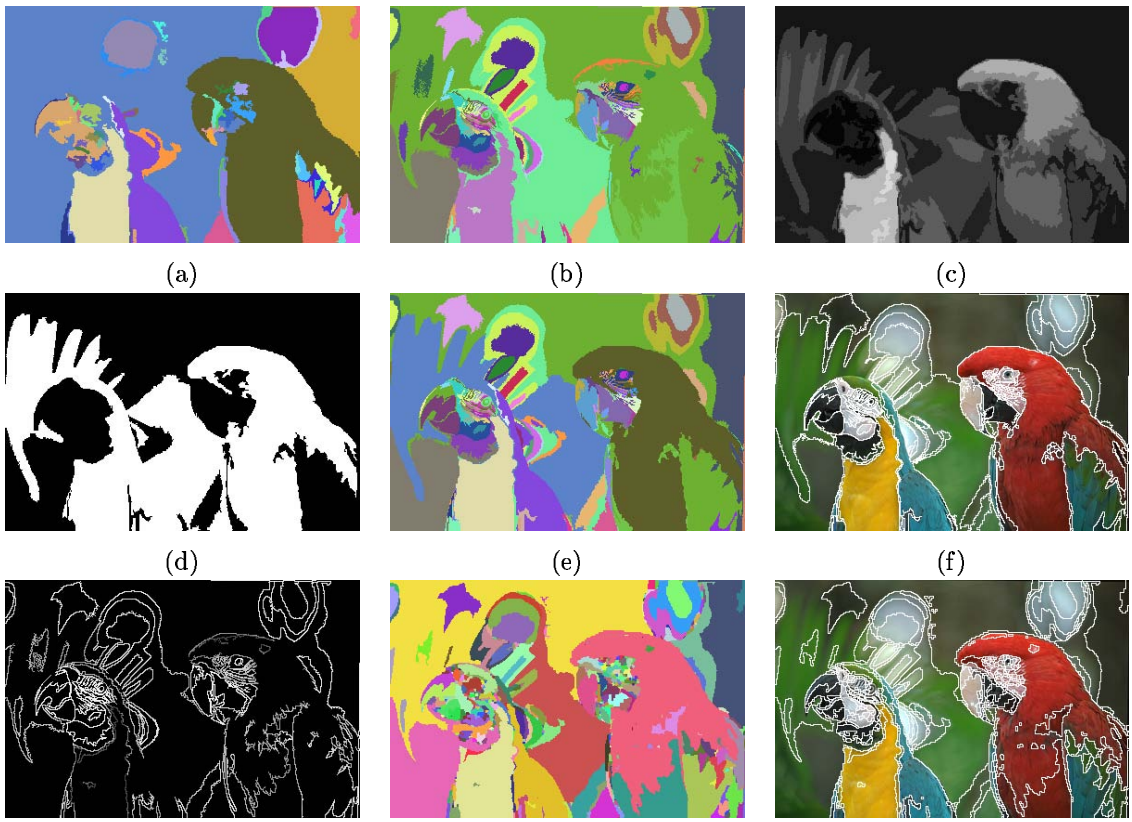


FIG. 5.11 – Résultats de la segmentation de l'image couleur "perroquets" par fusion ordonnée de partitions : (a) partition de la teinte à base d'une connexion par sauts $k = 20$ suivie de fusion de régions avec aire $a < 50$, $\mathcal{D}_{\sigma_a^{RM},\sigma_k^{JC}}(f_H \div h_0)$, (b) partition de la luminance avec les mêmes critères connectifs, $\mathcal{D}_{\sigma_a^{RM},\sigma_k^{JC}}(f_L)$, (c) mosaïque de la saturation associée à une partition avec les mêmes critères connectifs, m_s, (d) binarisation de la mosaïque de saturation, X_{m_s}, (e) partitions chromatiques et achromatiques combinées grâce à la saturation binaire, $\mathcal{D}_{\sigma_a^{RM},\sigma_k^{JC}}(\mathbf{f})$, (f) contours de la partition finale superposés à l'image initiale, (g) contours des partitions chromatiques et achromatiques pondérés par la mosaïque de saturation, $g_{\sigma_a^{RM},\sigma_k^{JC}}(\mathbf{f})$, (h) LPE de la partition pondérée, $\mathcal{D}_{\sigma_a^{RM},\sigma_k^{JC}}(\mathbf{f})$, (i) contours de LPE superposés à l'image initiale.

Si l'on regarde l'exemple en cours pour l'image "perroquets", les résultats avec la saturation comme clef binaire ou comme fonction barycentre sont différents. Dans les figures 5.12 et 5.13 nous avons inclus les résultats de la segmentation avec ces méthodes pour les images couleur "baboon" et "coquelicots". En général, on constate des partitions plus réussies avec la deuxième approche, d'ailleurs plus simple à mettre en œuvre car on ne doit pas fixer de seuil.

Evidemment, on peut substituer dans les algorithmes précédents la connexion par sauts σ_k^{JC} par la connexion par zones quasi-plates σ_λ^{QFZ}.

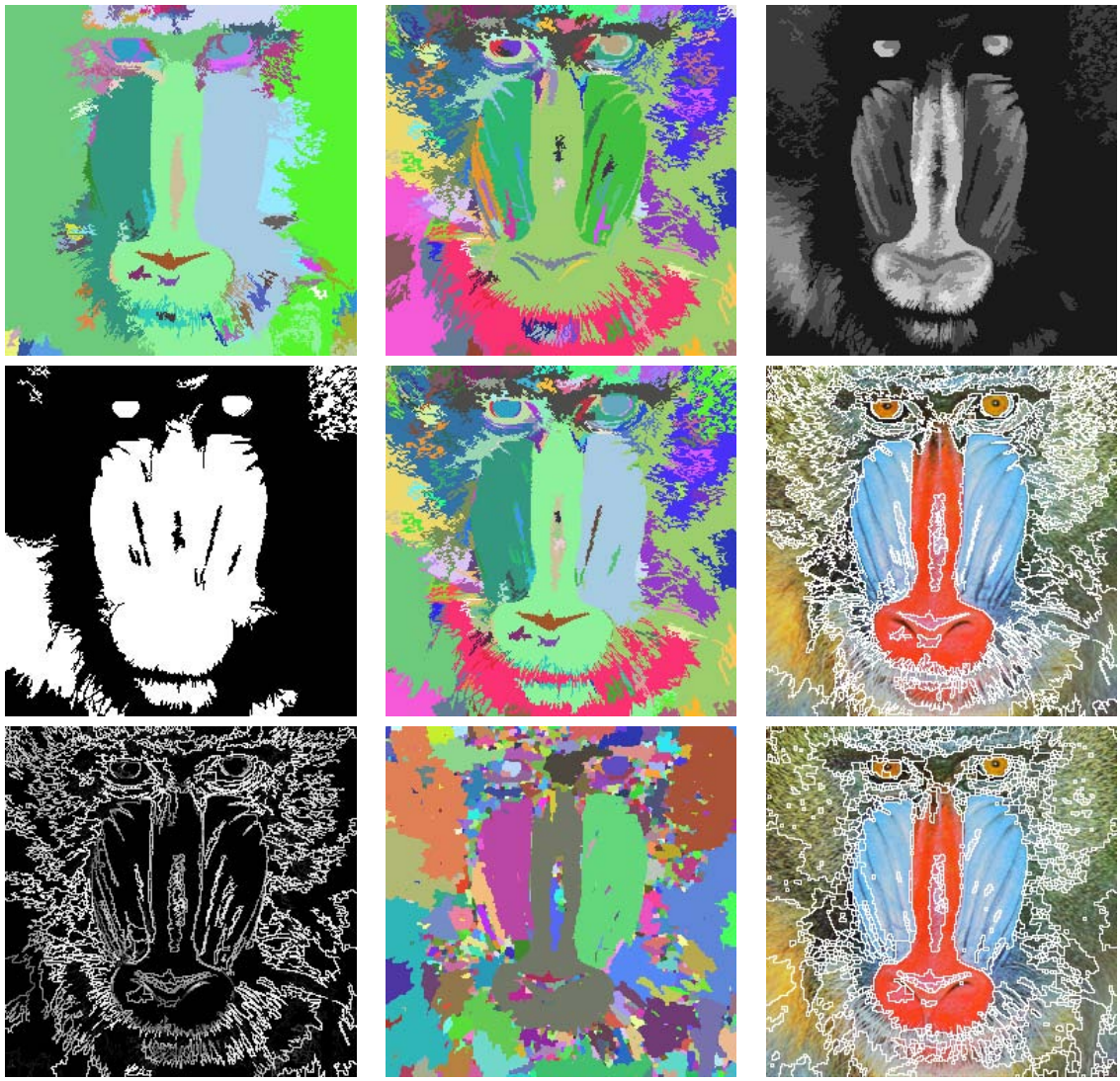


FIG. 5.12 – Résultats de la segmentation de l'image couleur "baboon" par fusion ordonnée de partitions : Idem. figure 5.11.

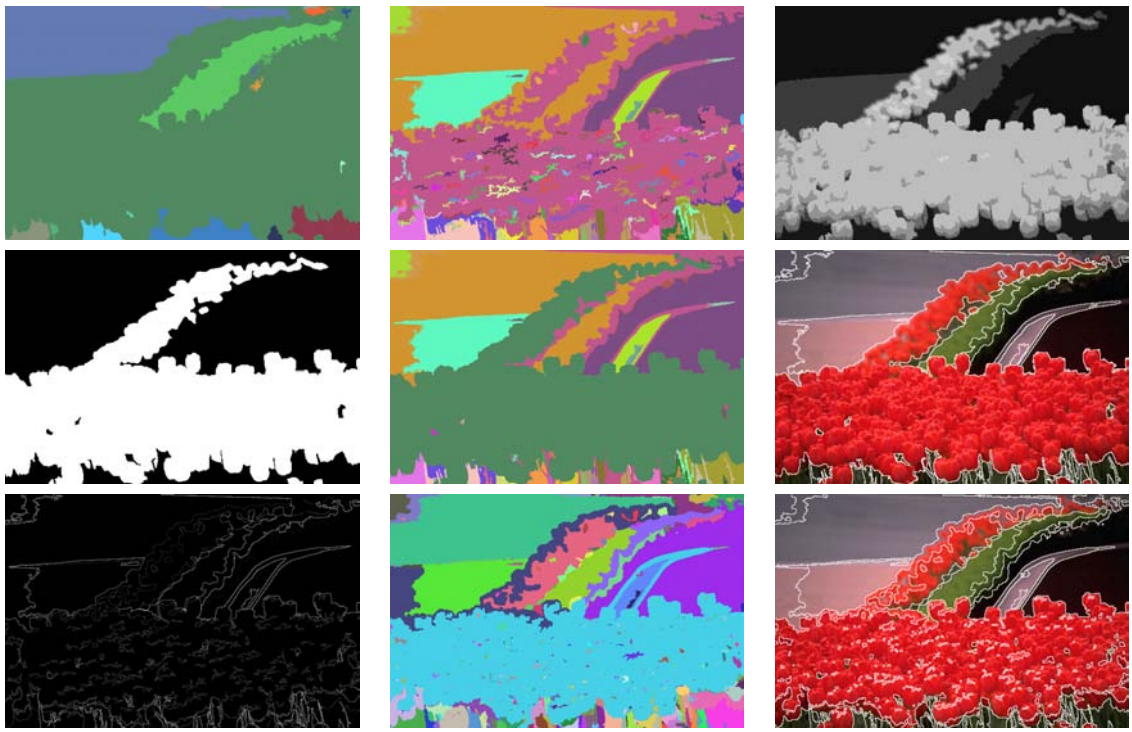


FIG. 5.13 – Résultats de la segmentation de l'image couleur "coquelicots" par fusion ordonnée de partitions : Idem. figure 5.11.

5.4.4 Comparaison des algorithmes de segmentation selon la représentation couleur polaire

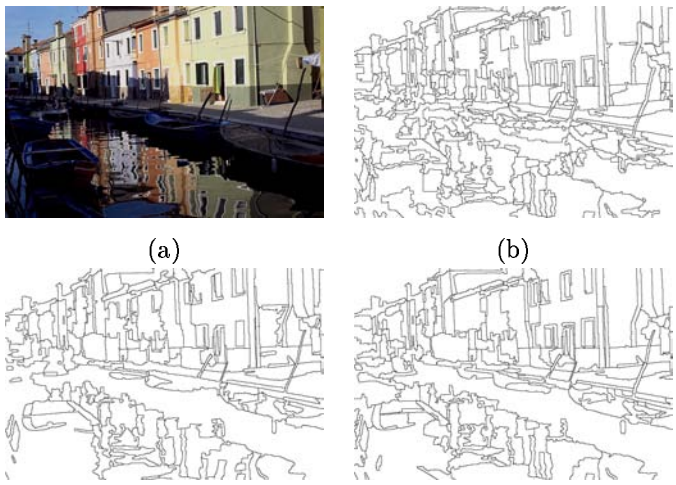
Nous avons présenté l'application de différents critères connectifs pour la segmentation morphologique d'images couleur. Notre but principal a été de proposer des algorithmes efficaces pour obtenir des hiérarchies de segmentation de bonne qualité, avec une complexité en termes de calcul relativement simple pour leur mise en œuvre dans des applications qui doivent être rapides.

Nous avons proposé un cadre algorithmique qui manipule d'une manière séparée les informations de luminance l et de teinte h, soit pour obtenir un gradient de luminance et un autre de teinte, soit pour obtenir directement une partition de luminance et une autre partition de teinte. Ensuite, la saturation permet d'une part, la définition d'un gradient couleur global qui peut être appliqué dans tous les algorithmes fondés sur la LPE pour obtenir la segmentation couleur. D'autre part, la saturation comporte la construction d'une partition globale pondérée, laquelle, grâce à l'emploi de la LPE, peut fournir de nouveau la segmentation couleur.

Dans le chapitre 3 nous avons discuté quelques représentations couleur alternatives de type teinte, luminance et saturation : système HLS classique, système HLS amélioré avec la norme $\max - min$ pour la saturation, système en norme L_2 et système en norme L_1. Nous avons montré que le choix le plus important, c'est-à-dire la définition de la saturation, conditionne un résultat plus au moins correct d'un certain algorithme de traitement.

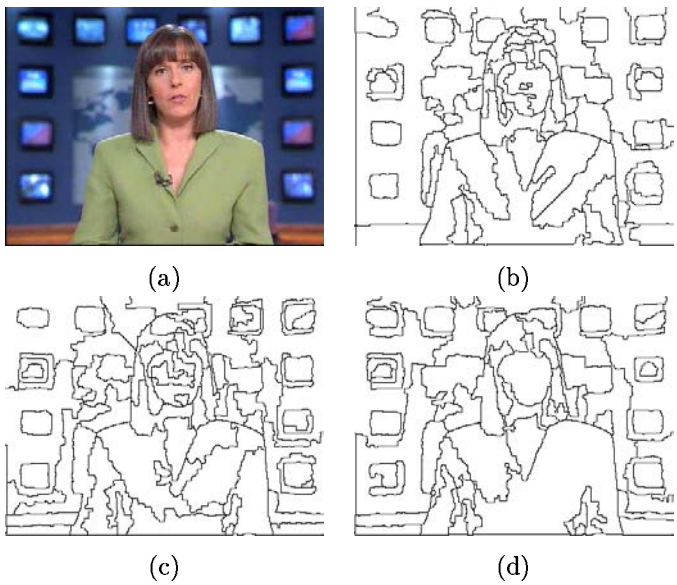
Dans cette ligne, il semble intéressent de se demander quelle est l'influence du choix de l'espace couleur (i.e. choix de la saturation) dans les deux méthodes de segmentation morphologique couleur que nous venons de présenter. Pour répondre à cette question, nous avons appliqué la même méthode de segmentation par LPE à quatre images couleur, en utilisant le même algorithme (pyramide non-paramétrique avec le gradient $\nabla^S \mathbf{f}$) et en comparant selon l'espace utilisé. Notamment, nous avons travaillé avec HLS classique, la norme $\max - \min$ et la norme L_1. Voir les résultats du niveau 4 de la pyramide dans les figures 5.14 à 5.17. On constate qu'en règle générale, la norme L_1 donne les meilleures segmentations (il faut rappeler que la définition de la saturation en norme L_1 est plus fine que la simple $\max - min$).

Lorsqu'on a réalisé ce type de comparaison des segmentations en utilisant l'algorithme de fusion ordonnée de partitions, la conclusion est similaire : la saturation en norme L_1 fournit des segmentations plus satisfaisantes, surtout en comparant avec la saturation de l'espace HLS classique, voir figures 5.18 et 5.19.



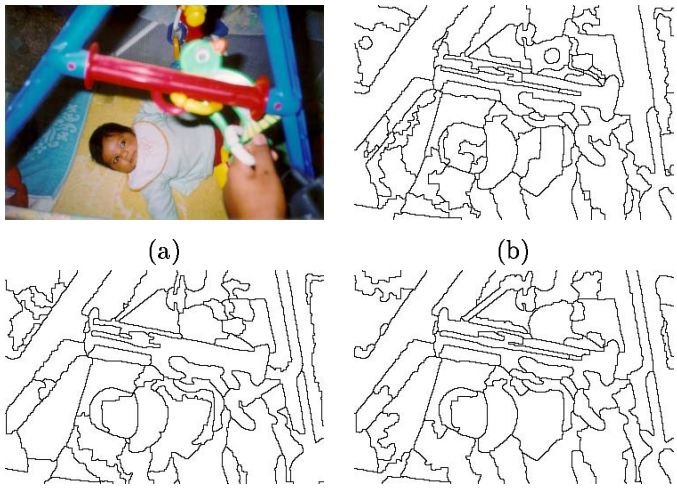
(a) (b) (c) (d)

FIG. 5.14 – Comparaison des segmentations par LPE pour l'image couleur "burano" selon l'espace couleur utilisé : (a) image initiale, (b) HLS classique, (c) norme max – min et (d) norme L_1. Le gradient utilisé est $\nabla^S \mathbf{f}$ et les contours correspondent au niveau 4 de la pyramide non-paramétrique.



(a) (b) (c) (d)

FIG. 5.15 – Comparaison des segmentations par LPE pour l'image couleur "news" selon l'espace couleur utilisé : Idem. figure 5.14.

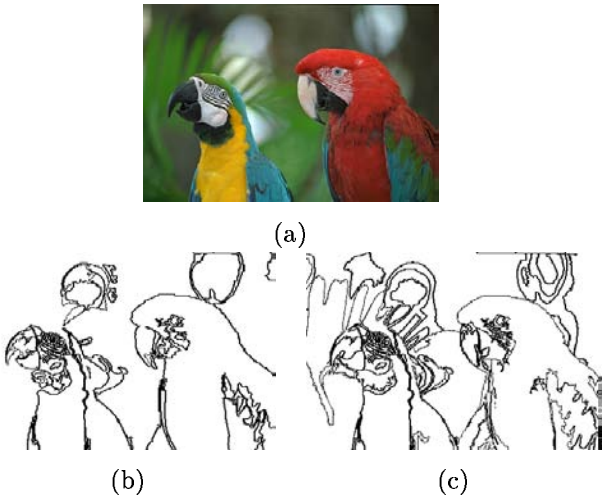


(a) (b) (c) (d)

FIG. 5.16 – Comparaison des segmentations par LPE pour l'image couleur "bianca" selon l'espace couleur utilisé : Idem. figure 5.14.

(a) (b) (c) (d)

FIG. 5.17 – Comparaison des segmentations par LPE pour l'image couleur "carmen1" selon l'espace couleur utilisé : Idem. figure 5.14.



(a)

(b) (c)

FIG. 5.18 – Comparaison des segmentations par fusion ordonnée de partitions pour l'image couleur "perroquets" selon l'espace couleur utilisé : (a) image initiale, (b) HLS classique et (c) norme L_1. Le mêmes paramètres ont été utilisés pour la connexion par sauts et la fusion de régions des composantes f_H, f_L et f_S ; la mosaïque de la saturation a été seuillée de manière optimale.

(a)

(b) (c)

FIG. 5.19 – Comparaison des segmentations par fusion ordonnée de partitions pour l'image couleur "burano" selon l'espace couleur utilisé : Idem. figure 5.18.

5.5 Simplification morphologique d'images couleur

Tout au long de notre discussion, nous avons insisté sur l'intérêt des filtres connexes pour la simplification des images, en préservant les structures majeures et leur qualité visuelle. Filtrer une image à niveaux de gris comporte donc un but clair, le lissage des structures. Or, comme nous l'avons montré lors de l'étude des nivellements couleur, le filtrage morphologique vectoriel laisse de multiples questions ouvertes car cette fois-ci, le but est moins évident. Principalement du fait que la notion de "structure couleur" n'est pas triviale. Ainsi, l'introduction de nouvelles couleurs dans l'image filtrée peut être critique pour certaines des applications, mais elle peut aussi ne pas être importante pour d'autres. Par ailleurs, il y a une multitude de choix à faire pour la définition d'un opérateur connexe couleur.

Il est évident que la mise en œuvre d'un filtre morphologique couleur doit être le reflet d'un compromis optimal entre performance et qualité visuelle, surtout lorsqu'on vise à simplifier l'image en vue du codage par exemple.

Nous sommes aussi arrivés à quelques conclusions sur les treillis couleurs les plus adaptés pour la simplification d'images couleur. Un ordre vectoriel qui commence par la luminance fournit les meilleurs résultats visuels. Un ordre vectoriel avec la teinte comme première composante produit un élargissement plus important des zones plates ; pourtant, l'inconvénient de devoir fixer une origine pour la teinte peut conduire à des effets visuels non acceptables (cette origine n'a de sens que lorsqu'elle est associée à une zone de l'image homogène en teinte). Quoiqu'il en soit, on constate que la couleur d'une certaine zone propagée sans contrôle à une autre, lorsque cette deuxième est simplifiée, n'est pas toujours valide.

Faisons le lien entre segmentation et filtrage. Dans le paradigme classique de la segmentation morphologique, on conseille d'appliquer un opérateur connexe pour filtrer l'image (la simplifier) pour ensuite, grâce à un critère connectif, la segmenter. Le résultat est donc une partition de l'image en classes dont le contenu est homogène. L'image mosaïque associée à la partition constitue une simplification ou ébauche qui pour certaines applications peut être utilisable.

La représentation des images et séquences de video basée en régions est très utilisée pour le codage (Salembier *et al.* [230]) et l'indexation (Salembier et Marqués [231]) en applications multimédia.

S'il s'agit d'une image couleur, on part de l'hypothèse que chaque classe de la partition, et selon sa saturation, devra être principalement achromatique (noire, blanche ou grisâtre) ou chromatique, et dans ce deuxième cas, il y aura une couleur dominante dans la classe.

Dans ce scénario, on peut considérer que la partition est le point de départ pour une étape de filtrage de l'image couleur région par région. En d'autres termes, on va extraire chaque région et on va la filtrer séparément. Evidemment, le filtre le plus adapté à notre but est un nivellement. On pourrait donc parler de **nivellement régional couleur**. Regardons l'exemple de la figure 5.20.

Nous introduisons deux algorithmes qui explorent cette nouvelle approche.

Le première est une technique vectorielle, c'est-à-dire qu'il n'y pas de fausses couleurs. La partition nous permet de construire une mosaïque de la saturation, avec la valeur moyenne de la saturation dans chaque région. Après avoir étudié l'histogramme de cette image mosaïque

et avoir défini un seuil de séparation chromatique/achromatique, nous pouvons définir chaque région comme chromatique ou comme achromatique. Pour les régions achromatiques, nous appliquons un nivellement couleur sur un ordre de type $\Omega_{luma} \equiv (L|_\alpha \rightarrow S \rightarrow H_{h_0})$; et pour les régions chromatiques l'ordre appliqué est $\Omega_{teinte} \equiv (H^*_{h_0} \rightarrow S \rightarrow L)$. L'origine de la teinte est obtenue comme la couleur dominante de la région. Le marqueur qu'on utilise pour les nivellements est une médiane vectorielle de la région.

Les premiers tests avec cette technique ont été très positifs mais ils nous ont fait constater deux faits. D'une part la complexité et le temps de traitement nécessaire font que pour beaucoup d'applications, l'implémentation est prohibitive. Et d'autre part, étant donné qu'on travaille à l'échelle de la région, celle-ci homogène, il est possible que l'apparition de fausses couleurs, lorsqu'on travaille dans une démarche scalaire, ne soit pas perceptible.

En effet, nous avons programmé une deuxième technique, cette fois-ci scalaire et les résultats ont été aussi très positifs. L'idée est de prendre chaque région et de faire trois nivellements dans les composantes RVB, en utilisant comme marqueur la valeur moyenne de la région.

Nous donnons les détails des algorithmes et ensuite nous tirons quelques conclusions.

5.5.1 Algorithme pour une approche vectorielle

1. Obtenir une partition de l'image couleur, $\mathcal{D}_\sigma(\mathbf{f}) = \{R_i\}_{i=1}^n$.
2. Construire la mosaïque de la saturation, $m_S(f_S, \mathcal{D}_\sigma)$.
3. Trouver le seuil optimal de la saturation, u_S pour la séparation chromatique/achromatique.
4. Traiter chacune des n régions de la partition. Pour la région $R_i(\mathbf{f})$,
   (a) Calculer la taille de la région, a_{R_i}, la valeur de saturation, s_{R_i}, la teinte dominante, $h^{dom}_{R_i}$, et la médiane vectorielle, $\mathbf{med}_{R_i}$.
   (b) Si $a_{R_i} \leq a_{min} \Rightarrow R_i(\widetilde{\mathbf{f}}) = \mathbf{med}_{R_i}$.
   (c) Sinon $\Rightarrow$
      i. Si $s_{R_i} \leq u_S \Rightarrow R_i(\widetilde{\mathbf{f}}) = \lambda_{\Omega_{luma}}(R_i(\mathbf{f}), \mathbf{med}_{R_i})$.
      ii. Sinon $\Rightarrow R_i(\widetilde{\mathbf{f}}) = \lambda_{\Omega_{teinte}}(R_i(\mathbf{f}), \mathbf{med}_{R_i})$.
5. Construire l'image couleur de sortie $\widetilde{\mathbf{f}}$ à partir de ses régions.

5.5.2 Algorithme pour une approche scalaire

1. Obtenir une partition de l'image couleur, $\mathcal{D}_\sigma(\mathbf{f}) = \{R_i\}_{i=1}^n$.
2. Traiter chacune des n régions de la partition. Pour la région $R_i(\mathbf{f}) = (R_i(f_R), R_i(f_V), R_i(f_B))$,
   (a) Calculer la taille de la région, a_{R_i}, et la moyenne des composantes R, V et B, $\mu^R_{R_i}$, $\mu^V_{R_i}$, $\mu^B_{R_i}$.
   (b) Si $a_{R_i} \leq a_{min} \Rightarrow R_i(\widetilde{\mathbf{f}}) = (\mu^R_{R_i}, \mu^V_{R_i}, \mu^B_{R_i})$.
   (c) Sinon $\Rightarrow$
      i. $R_i(\widetilde{f_R}) = \lambda(R_i(f_R), \mu^R_{R_i})$, $R_i(\widetilde{f_V}) = \lambda(R_i(f_V), \mu^V_{R_i})$, $R_i(\widetilde{f_B}) = \lambda(R_i(f_B), \mu^B_{R_i})$.

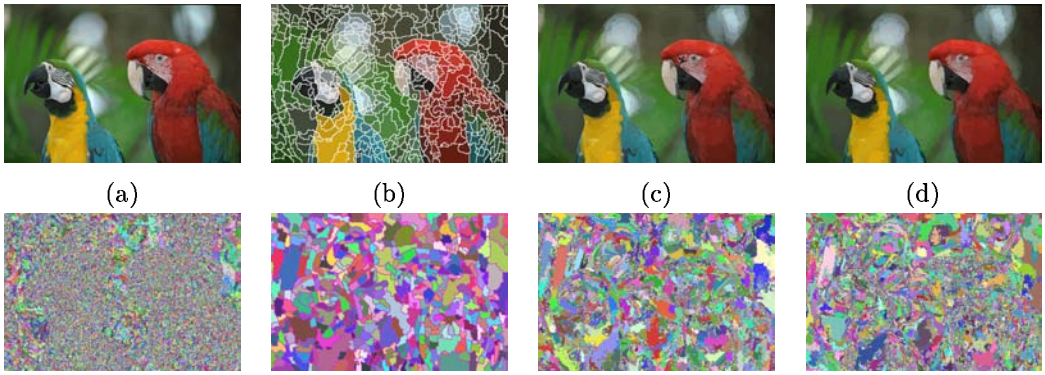


FIG. 5.20 – Comparaison de la simplification morphologique couleur dans l'image "perroquets" : (a) image initiale, (b) partition de l'image (niveau 2 d'une pyramide non-paramétrique), (c) simplification avec l'algorithme vectoriel, (d) simplification avec l'algorithme scalaire. Dans la deuxième ligne, zones plates associées à chaque image : 49826, 549, 21206 et 23386 respectivement.

ii. $R_i(\widetilde{\mathbf{f}}) = (R_i(\widetilde{f}_R), R_i(\widetilde{f}_V), R_i(\widetilde{f}_B))$.

3. Construire l'image couleur de sortie $\widetilde{\mathbf{f}}$ à partir de ses régions.

5.5.3 Exemples et conclusion

En plus de l'exemple de "perroquets", nous donnons dans la figure 5.21 une autre comparaison pour l'image "guitare" des algorithmes vectoriel et scalaire. Nous proposons d'utiliser comme critère connectif pour obtenir la partition un certain niveau de la cascades de LPE's, i.e. $\sigma = \sigma_n^W$.

On peut observer que les résultats de l'algorithme vectoriel sont plus intéressants, en obtenant par exemple moins de zones plates couleur et des effets visuels assez satisfaisants. Quoi qu'il soit, l'approche composante par composante est aussi valide.

Dans la figure 5.22 on montre les résultats de la simplification morphologique couleur par nivellement régional, version scalaire, pour quatre autres images, en comparant les résultats sur deux partitions différentes (deux niveau de la pyramide non-paramétrique). L'inconvénient principale est l'effet de bords qu'on peut obtenir lorsque les classes de la partition sont très grandes (plus probable qu'elles soient inhomogènes). Toutefois, la performance est assez bonne.

5.6 Conclusions du chapitre

Dans ce chapitre, nous avons présenté quelques algorithmes morphologiques de segmentation pour les images couleur. Le but principal a été de développer des opérateurs couleur, extension des opérateurs scalaires, qui soient adaptés aux caractéristiques avantageuses des espaces couleur type "teinte, luminance et saturation".

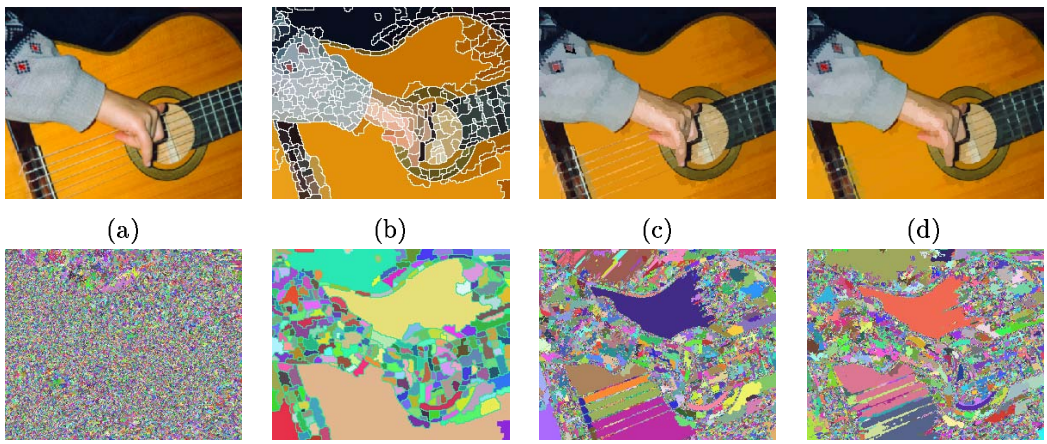


FIG. 5.21 – Comparaison de la simplification morphologique couleur dans l'image "guitare" : (a) image initiale, (b) partition de l'image (niveau 2 d'une pyramide non-paramétrique), (c) simplification avec l'algorithme vectoriel, (d) simplification avec l'algorithme scalaire. Dans la deuxième ligne, zones plates associées à chaque image : 39626, 338, 14735 et 15629 respectivement.

En définitive, le fait d'avoir à notre disposition l'information chromatique et l'information achromatique d'une manière indépendante, ainsi qu'une information comme la saturation qui joue le rôle de poids de contrôle entre les deux, nous a permis de proposer quelques façons différentes de segmenter conjointement les structures chromatiques et achromatiques d'une image couleur. Un grand nombre d'exemples ont montré l'intérêt de cette approche.

D'un point de vue plus général en morphologie mathématique, nous avons pu constater, à partir de la notion de connexion, les liens étroits entre filtrage connexe et segmentation par critères connectifs. En effet, dans la plupart des cas, si on associait à l'image de départ une partition dite la plus fine (composée des singletons ou des sup-générateurs), le résultat d'un filtre connexe ou d'un critère connectif de segmentation serait une nouvelle partition plus simple, où les classes sont maximales par rapport au critère utilisé.

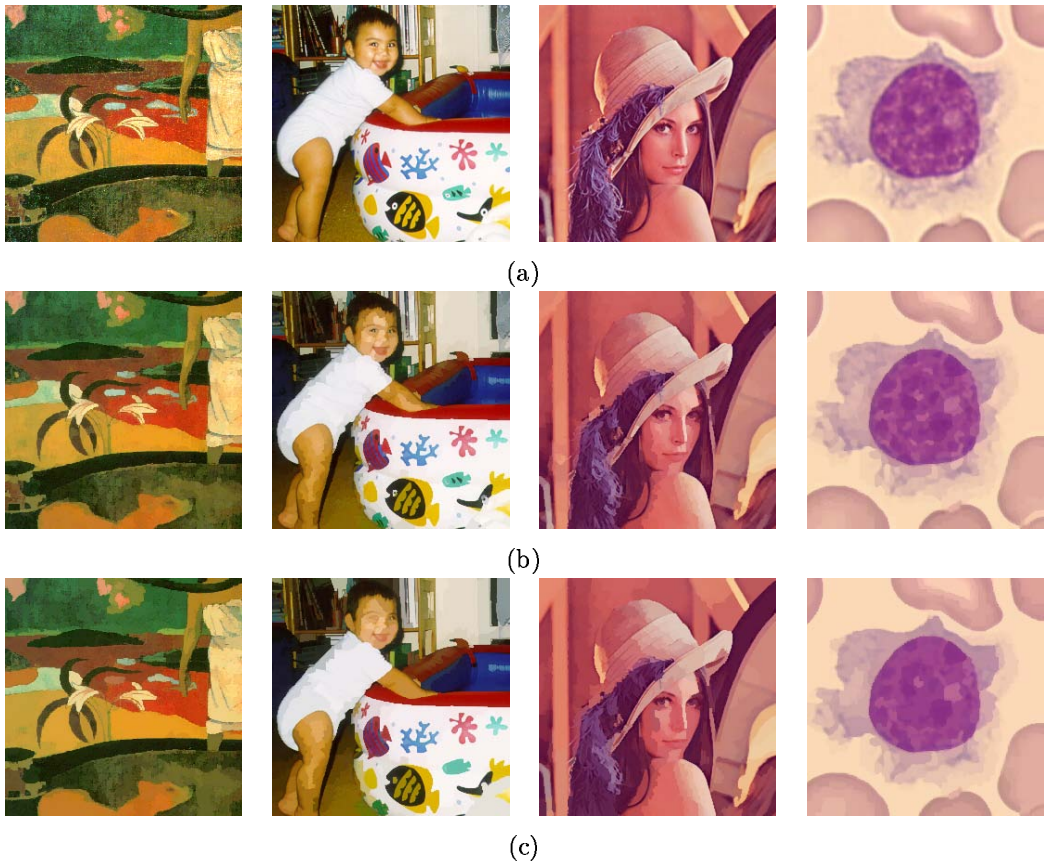


FIG. 5.22 – Résultats de la simplification morphologique scalaire dans les images "tableau", "carmen", "lenna" et "lymphocyte" : (a) images initiales, (b) nivellements régionaux sur la partition du niveau 2 d'une pyramide non-paramétrique, (c) nivellements régionaux sur la partition du niveau 3 d'une pyramide non-paramétrique.

Chapitre 6

Extraction de caractéristiques

6.1 Introduction

Si nous revenons au schéma classique de traitement d'une image décrit dans le chapitre 1, une fois que les objets d'une image ont été segmentés, il est possible d'aborder l'extraction de caractéristiques. Nous allons entendre par extraction de caractéristiques tout algorithme qui vise à obtenir des paramètres quantitatifs des objets sémantiques contenus dans l'image.

Si l'image est très simple, l'extraction de caractéristiques peut se faire sans avoir besoin de la filtrer et/ou la segmenter, par exemple, si l'image ne contient que l'échantillon d'une texture. Même si l'image est relativement complexe, on peut aussi extraire des caractéristiques très utiles sans segmentation ; ceci est le cas pour l'étude sur l'identification des leucocytes que nous présentons dans ce chapitre. Cependant, on doit pouvoir réduire autant que possible l'entropie de l'information d'entrée à l'algorithme de description (par exemple, pour le cas des leucocytes, l'image d'entrée provient en fait d'un algorithme de localisation et de segmentation de l'image hématologique qui nous assure qu'il n'y a qu'un seul leucocyte dans l'image).

Comme nous en avons aussi traité dans le chapitre 1, l'extraction de caractéristiques est la donne fondamentale pour la reconnaissance automatique et pour l'indexation par le contenu en imagerie numérique. D'une manière générale, il y a deux manières d'aborder le problème :

- soit on extrait un grand nombre de caractéristiques génériques et ensuite on utilise des algorithmes de classification/appariement très sophistiqués pour bien identifier les objets ;
- soit on extrait des caractéristiques spécifiquement adaptées à la nature des objets étudiés de manière à ce qu'ensuite les méthodes de classification/appariement puissent être plus simples et robustes.

Dans cette thèse nous nous sommes concentrés sur le deuxième type d'approche, c'est-à-dire que nous proposons de bien étudier la nature des objets avec différents tests pour aboutir à la définition des bonnes caractéristiques du point de vue de leur capacité de discrimination.

Plus précisément, nous étudions des algorithmes d'extraction de caractéristiques de forme, de texture et de couleur. Pour la texture et la forme nous travaillons sur une notion très puis-

sante de la morphologie mathématique : les granulométries. Celles-ci fournissent des descripteurs vectoriels sur la distribution de probabilité des structures selon la variation d'un certain paramètre morphologique. Ensuite pour décrire la couleur nous utilisons aussi des distributions de probabilité (i.e. histogrammes). Quelques études tirées de la microscopie biomédicale vont nous aider à illustrer la manière de mettre en pratique ce type d'approche. D'autre part, une partie des applications décrites dans ce chapitre sont à la base des algorithmes présentés dans le chapitre suivant sur l'hématologie cellulaire.

6.1.1 Propriétés requises pour un descripteur quantitatif

La *forme* de l'objet est une image binaire représentant la surface de la région de l'objet. Une multitude de méthodes ont été proposées pour caractériser la forme : descripteur de Fourier [205], moments de Legendre et Zernike [308], transformé de Hough [128], ondelettes [138].

Le concept de *texture* est intuitivement évident (le sable de la plage, l'écorce d'un arbre, la laine d'un pull-over, etc...) mais n'a pas de définition précise et générale. Qualitativement, on peut décrire la texture comme fine, rugueuse, granuleuse, lisse, etc., cependant, ce type de description est imprécis et non quantitatif. Classiquement, la notion de texture est en rapport avec quelque chose qui se compose d'éléments mutuellement relatifs (des primitifs de texture ou des éléments de texture). La texture peut être décrite par sa tonalité (basée sur des propriétés d'intensité des pixels) et/ou par sa structure (fondée sur des rapports spatiaux entre les primitives).

Beaucoup de méthodes, de modèles et de paramètres ont été proposés dans la littérature pour décrire, analyser et classifier des textures, voir les états de l'art très détaillés suivants [117][216][221].

La notion de *couleur* est aussi très intuitive, mais à la différence de la texture, elle admet une représentation très compacte grâce aux histogrammes. Evidemment, lorsqu'on définit un descripteur pour la couleur, le premier choix à faire est celui de l'espace de représentation de la couleur. La description et l'indexation de la couleur ont été les sujets d'un grand nombre de travaux [266][265][108][127][257][40].

Les propriétés requises pour un descripteur quantitatif de forme, de texture ou de couleur sont :

- Invariance à certaines transformations : la représentation doit être invariante à la translation et à la rotation. La description de la forme et de la couleur doit être aussi invariante au changement d'échelle (par contre, la texture est une notion qui dépend fortement de l'échelle).
- Robustesse face au "bruit" : la représentation doit être robuste aux petites variations spatiales et/ou d'intensité.
- Efficacité de l'algorithme d'extraction : Les vecteurs de caractéristiques devraient être calculés efficacement.
- Efficacité de l'algorithme de classification/appariement : L'appariement (distance métrique) ou la classification (complexité de classificateur) doit exiger un coût informatique raisonnable par rapport à l'application.

6.1.2 ISO MPEG-7 Standard et descripteurs de caractéristiques

Le standard MPEG-7, aussi connu comme Interface pour la Description du Contenu Multimédia, est une norme ISO ; résultat d'un projet international intégré par les principaux acteurs du monde multimédia. MPEG-7 fournit des outils de description/structuration/indexation des caractéristiques des données audiovisuelles [162].

Dans cette thèse nous n'avons pas travaillé sur la description de caractéristiques ou l'indexation du contenu dans le cadre de cette norme. Sans doute, utiliser une technologie standardisée comme celle-ci a beaucoup d'avantages.

Nous trouvons cependant que la norme est relativement complexe et que pour des applications très spécifiques et simples, elle est lourde à mettre en œuvre. D'autre part, MPEG-7 définit jusqu'aux descripteurs et leurs algorithmes de calcul. Des études expérimentales ont justifié le choix des "meilleures" techniques. Cette approche est trop rigide et parfois discutable. Par exemple, l'un des descripteurs de la couleur est le "Scalable Color", qui est fondé sur le codage par la transformation 1-D de Haar des trois histogrammes de l'espace couleur HSV [66]. Nous invitons le lecteur à relire dans le chapitre 3 les failles importantes de cet espace couleur.

6.1.3 Organisation du chapitre

La structure de ce chapitre est la suivante : nous commençons notre exposé avec un résumé des notions de base sur la reconnaissance et l'appariement statistique d'images à partir de descripteurs quantitatifs. Ceci va nous permettre d'aborder la suite de ce chapitre.

Nous allons rappeler le concept de granulométrie ainsi que les fondements de l'analyse spectrale morphologique. Nous proposons alors une première application des granulométries à l'étude de la forme du cytoplasme des lymphocytes. La deuxième application des granulométries reste dans le même domaine de la cytologie hématologique, cette fois-ci l'étude concerne la classification de la texture du noyau des lymphocytes. Nous traitons ensuite l'analyse de l'organisation spatiale d'une population cellulaire en agrégats à l'aide d'une granulométrie par fermetures, considérée comme une connexion seconde. Le but pratique est l'étude de l'agrégation des cellules endothéliales cultivées *in vitro*. Enfin, cette première partie sur les granulométries se conclut avec l'usage des ouvertures par reconstruction dans les granulométries, pour la description de structures morphologiquement périodiques. Nous introduisons la notion de spectre d'extinction et illustrons son application aux images des biopuces.

Nous abordons alors la description de la couleur à l'aide des histogrammes. Nous présentons les différentes alternatives pour construire les histogrammes. Puis, nous montrons comparativement la performance de différents histogrammes et distances, dans le cadre d'une nouvelle application à l'hématologie cellulaire : la classification des leucocytes. Pour ce cas précis, nous montrons que l'emploi de la couleur est insuffisant pour l'objectif recherché et donc nous proposons de combiner l'information de la couleur avec la forme-texture des structures, de nouveau grâce aux granulométries. Etant donné qu'il s'agit d'images couleur, nous comparons aussi quelques alternatives de calcul de granulométries sur les images couleur.

Finalement, la dernière étude du chapitre porte sur l'analyse et la description d'objets

binaires, dont la structure arborescente ou ramifiée est difficile à quantifier par les moyens classiques. Tel est le cas pour les réseaux de cellules endothéliales cultivées *in vitro*. La méthode appliquée est basée sur le front d'onde morphologique qui permet de construire un graphe pour étudier l'évolution du nombre de composantes connexes ainsi que les maxima régionaux de la fonction distance géodésique.

Procédons à présent à l'exposition détaillée de ces notions et études.

6.2 Notions de base sur la reconnaissance statistique de formes

Dans cette section nous donnons un résumé des notions de base sur la reconnaissance et l'appariement statistique d'images à partir d'un vecteur de caractéristiques quantitatives.

6.2.1 Attributs d'une image

Afin de classifier des images selon la forme de leurs objets, la texture ou la couleur, nous devons pouvoir comparer efficacement deux images pour déterminer leur ressemblance par rapport à la forme, la texture ou la couleur. Soit f une certaine image, et soit $\mathbf{x}$ un vecteur de caractéristiques n-dimensionnel qui définit les attributs de f. Soit Ξ le fonctionnel qui représente la transformation de l'espace d'image sur l'espace n-dimensionnel des caractéristiques $\Xi : f \rightarrow \mathbf{x} = (x_1, x_2, \cdots, x_n)$ où n est le nombre de caractéristiques employées pour représenter l'image (à son tour, chaque caractéristique peut avoir des dimensions différentes). Ξ est donc appelé processus *d'extraction de caractéristiques*. Un appariement efficace entre deux images dépend de la nature (i.e. structure et représentation) des caractéristiques (valeur scalaire, graphe, histogramme, pdf, etc...) et de leur capacité discriminatoire.

6.2.2 Décision de Bayes

Dans la reconnaissance statistiques de formes (SPR), une forme (notion générale qui fait référence à une entité sémantique) est représentée par l'ensemble des n caractéristiques ou attributs, vus comme un vecteur de caractéristiques de dimension n. Le processus décisionnel dans la SPR peut être résumé comme suit : une forme donnée est assignée à une des c catégories $\omega_1, \omega_2, \cdots, \omega_c$ en se basant sur le vecteur des n caractéristiques $\mathbf{x} = (x_1, x_2, \cdots, x_n)$ [80] [236].

Le vecteur de la forme $\mathbf{x}$ appartenant à la classe ω_i peut être considéré comme une observation aléatoire de la fonction de probabilité de classe conditionnelle $p(\mathbf{x}|\omega_i)$. La règle de décision optimale de Bayes pour minimiser le risque peut être énoncée comme suit : la forme d'entrée $\mathbf{x}$ doit être assignée à la classe ω_i pour laquelle le risque conditionnel $R(\omega_i|\mathbf{x}) = \sum_{j=1}^{c} L(\omega_i, \omega_j) P(\omega_j|\mathbf{x})$ est minimum, où $L(\omega_i, \omega_j)$ est la perte encourue en décidant la classe ω_i quand la classe vraie est ω_j et $P(\omega_j|\mathbf{x})$ est la probabilité *a posteriori*.

Dans le cas de la fonction de perte de type $0/1$, le risque conditionnel devient la probabilité conditionnelle de la classification erronée :

$$L(\omega_i, \omega_j) = \begin{cases} 0, & i = j \\ 1, & i \neq j \end{cases} .$$

Pour ce choix de fonction de perte, la règle de décision de Bayes peut être simplifiée comme suit (également appelée la règle de maximum *a posteriori*, MAP) : assigner la forme $\mathbf{x}$ d'entrée à la classe ω_i si

$$P(\omega_i|\mathbf{x}) > P(\omega_j|\mathbf{x}) \quad pour \ tout \quad j \neq i.$$

Les densités de probabilité de classe conditionnelle ne sont pas habituellement connues dans la pratique et doivent être calculées par apprentissage à partir des formes disponibles.

6.2.3 Appariement de modèles ou "template matching"

Le "template matching" est une approche naturelle pour la classification de formes : assigner la forme au modèle le plus semblable. L'appariement de modèles peut être exprimé mathématiquement de manière très simple. Soit $\mathbf{x}$ le vecteur de caractéristiques pour la forme inconnue d'entrée, et soient $\mathbf{m}_1$, $\mathbf{m}_2$, $\cdot$, $\mathbf{m}_c$ les formes modèles pour les c classes. Alors, l'erreur dans l'appariement de $\mathbf{x}$ avec $\mathbf{m}_k$ est donnée par

$$\|\mathbf{x} - \mathbf{m}_k\|,$$

où $\|.\|$ est appelée la norme du vecteur différence. Un classificateur d'erreur minimale calcule $\|\mathbf{x} - \mathbf{m}_k\|$ pour $k = 1$ jusqu'à c et choisit la classe pour laquelle cette erreur est minimale. Il faut voir que $\|\mathbf{x} - \mathbf{m}_k\|$ est également la distance de $\mathbf{x}$ à $\mathbf{m}_k$: on peut l'appeler un classificateur de distance minimale [133].

Dans la plupart des algorithmes de recherche sur le contenu par appariement, une mesure de distance entre les attributs des images est utilisée pour ordonner les images de la base de données dans l'ordre croissant selon leurs distances à l'image requête, on suppose que ceci correspond à un ordre décroissant en similitude. Le système rend les images qui sont les plus similaires à l'image-requête. En se fondant sur le paradigme de la SPR, l'opération de récupération peut être interprétée comme une approche de classification de formes en deux classes. De cette manière, nous définissons deux classes, la classe pertinente ω_A et la classe non pertinente ω_B, afin de classifier les paires d'images comme similaires ou différentes. Soit d la distance entre l'image-requête et l'image indexée tirée de la base de données, l'image est assignée à la classe de pertinence si $P(\omega_A|d) > P(\omega_B|d)$ [16].

Nous pouvons dire en résumé que dans les applications comportant la classification d'images, le système assigne chaque image à la classe la plus proche. Dans des applications d'indexation et d'appariement d'images, le système recherche les images les plus semblables à celle de requête. Les mêmes descripteurs de caractéristiques et les mêmes distances s'utilisent pour classifier ou apparier.

Classificateur par distance Euclidienne minimale

Il y a beaucoup de manières de définir la norme $\|\mathbf{x} - \mathbf{m}_k\|$, et celles-ci correspondent aux différentes manières d'obtenir la distance (i.e. métrique différente). L'une des plus com-

munément utilisée est la distance euclidienne :

$$d_E(\mathbf{x}, \mathbf{m}_k) = \|\mathbf{x} - \mathbf{m}_k\|_E = \sqrt{(x_1 - m_{1,k})^2 + (x_2 - m_{2,k})^2 + \cdots + (x_n - m_{n,k})^2}.$$

Si un classificateur par distance euclidienne est satisfaisant, il n'y a aucune raison d'utiliser une distance plus compliquée. Or, il se produit fréquemment qu'un tel classificateur fasse trop d'erreurs. Il y a plusieurs raisons possibles à ceci : les caractéristiques sont insatisfaisantes pour distinguer les différentes classes, les caractéristiques sont fortement corrélées, la frontière de décision entre les classes devrait être courbée, il y a peut-être des sous-classes distinctes dans les données, l'espace de caractéristiques est trop complexe, etc.

Classificateur par distance métrique de Mahalanobis

Certaines des limitations des classificateurs par distance euclidienne minimale peuvent être surmontées en utilisant une métrique de Mahalanobis. La distance de Mahalanobis est un cas spécial de distance métrique de forme quadratique dans laquelle la matrice de transformation est donnée par la matrice de covariance, obtenue à partir d'un ensemble d'apprentissage des vecteurs de caractéristiques.

La distance de Mahalanobis peut être utilisée dans un classificateur de distance minimale comme suit. Soient $\mathbf{m}_1, \mathbf{m}_2, \cdots, \mathbf{m}_c$ les moyennes des c classes, et soient $\mathbf{C}_1, \mathbf{C}_2, \cdots, \mathbf{C}_c$ les matrices de covariance correspondantes.

La distance de Mahalanobis associée à $\|\mathbf{x} - \mathbf{m}_k\|$ est donnée par

$$d_M(\mathbf{x}, \mathbf{m}_k) = \|\mathbf{x} - \mathbf{m}_k\|_M = (\mathbf{x} - \mathbf{m}_k)^T \mathbf{C}_k^{-1} (\mathbf{x} - \mathbf{m}_k).$$

On rappelle que $\mathbf{x}$ est le vecteur de la forme d'entrée et $\mathbf{m}_k$ est le vecteur du modèle ou vecteur moyen d'un ensemble d'apprentissage de vecteurs de la classe k. Tous les deux sont des vecteurs de dimension n et la matrice de covariance $\mathbf{C}_k$ est une matrice de dimension $n \times n$. De nouveau, un vecteur de caractéristiques $\mathbf{x}$ est classifié en mesurant la distance de Mahalanobis de $\mathbf{x}$ à chacun des $\mathbf{m}_k$, et en assignant $\mathbf{x}$ à la classe pour laquelle la distance de Mahalanobis est minimale.

L'utilisation de la métrique de Mahalanobis permet de surmonter plusieurs des limitations de la métrique euclidienne. Elle prend automatiquement en compte la normalisation en échelle des différents axes, elle corrige la corrélation entre les différentes caractéristiques et elle peut fournir des frontières de décision linéaires ou incurvées. Cependant, il y a un prix à payer pour ces avantages : la difficulté pour déterminer les matrices de covariance. Dans le cas spécial où les $\mathbf{m}_k$ sont statistiquement indépendantes pour toutes les classes, mais ont des variances σ_k^2 inégales, la matrice $\mathbf{C}_k$ est une matrice diagonale. Dans ce cas-là, la distance de Mahalanobis se réduit à l'expression suivante :

$$d_M(\mathbf{x}, \mathbf{m}_k) = \sum_{i=0}^{n-1} \frac{(x_i - m_{i,k})^2}{\sigma_{i,k}^2}.$$

6.2.4 Distances métriques pour les histogrammes

Nous allons voir dans ce chapitre que les histogrammes de couleur ou de morphologie des structures sont des vecteurs de caractéristiques très intéressants en tant qu'index pour les images.

Des distances métriques sont utilisées dans l'espace des histogrammes comme moyen pour mesurer la similitude entre deux images. Formellement, l'espace des histogrammes $\mathcal{H}^n$ est considéré comme un espace métrique s'il est possible de trouver pour chaque paire d'histogrammes h_f et h_g ($h_f, h_g \in \mathcal{H}^n$) la valeur $d(h_f, h_g)$, appelée distance métrique entre les deux points; laquelle doit satisfaire les propriétés suivantes : (1) non négativité, $d(h_f, h_g) \geq 0$), (2) identité, $d(h_f, h_g) = 0 \Leftrightarrow h_f = h_g$, (3) commutativité, $d(h_f, h_g) = d(h_g, h_f)$, (4) inégalité triangulaire, $d(h_f, h_g) \leq d(h_f, h_k) + d(h_k, h_g)$

La similitude (ou dissimilitude en termes de distance) est calculée entre un histogramme d'entrée $h_Q \in \mathcal{H}^n$ et un histogramme de référence $h_I \in \mathcal{H}^n$. Plusieurs distances $d : \mathcal{H}^n \times \mathcal{H}^n \rightarrow [0, \infty)$, qui satisfont les propriétés métriques ont été proposées dans la littérature (voir l'étude comparative [257]) afin de mesurer la dissimilitude entre les histogrammes.

Les distances métriques que nous allons utiliser sont les suivantes :

- *Intersection normalisée d'histogrammes, $d_\cap$.* L'intersection normalisée d'histogrammes est équivalente à l'utilisation de la somme des différences absolues ou métrique "city-block". La distance normalisée d'intersection d'histogrammes est donc définie comme suit :

$$d_\cap(h_Q, h_I) = 1 - \frac{\sum_{i=0}^{n-1} \min(h_Q(i), h_I(i))}{\min(\sum_{i=0}^{n-1} h_Q(i), \sum_{i=0}^{n-1} h_I(i))}. \tag{6.1}$$

  Il faut remarquer que $d_\cap$ est robuste à l'occlusion substantielle des objets [266][96].

- *Distance euclidienne d'histogrammes, d_E.* La distance euclidienne d'histogrammes classique est définie comme :

$$d_E(h_Q, h_I) = \sqrt{\sum_{i=0}^{n-1} (h_Q(i) - h_I(i))^2}. \tag{6.2}$$

- *Distance d'histogrammes par métrique χ^2, d_{χ^2}.* La distance métrique entre histogrammes fondée sur le statistique χ^2 est donnée par l'expression suivante [40] :

$$d_{\chi^2}(h_Q, h_I) = \sum_{i=0}^{n-1} \frac{(h_Q(i) - h_I(i))^2}{(h_Q(i) + h_I(i))}. \tag{6.3}$$

- *Distance Mahalanobis d'histogrammes, d_M.* Celle-ci correspond justement à la définition de distance de Mahalanobis que nous avons présentée précédemment [87] :

$$d_M(h_Q, h_{I^k}) = (h_Q - h_{I^k})^T \mathbf{C}_k^{-1} (h_Q - h_{I^k}). \tag{6.4}$$

  Comme nous l'avons signalé, h_{I^k} est un histogramme moyen pour la classe k d'un ensemble utilisé pour l'apprentissage et $\mathbf{C}_k$ est la matrice de covariance de ce même

ensemble. On travaille typiquement avec la forme réduite de la distance Mahalanobis :

$$d_M(h_Q, h_{I^k}) = \sum_{i=0}^{n-1} \frac{(h_Q(i) - h_{I^k}(i))^2}{\sigma^2_{I^k}(i)}. \tag{6.5}$$

Nous verrons dans ce chapitre que ces distances sont tout à fait valables pour des histogrammes unidimensionnels ou bidimensionnels.

6.2.5 Validation et performance d'un classificateur

Une des questions principales au sujet de tout classificateur est de connaître sa performance, c'est-à-dire le taux d'erreur (ou inversement le taux de précision). La manière la plus simple est de définir la performance en tant que pourcentage de classification correcte (CCR) :

$$CCR(\%) = \frac{N_r}{N} \times 100$$

où N est le nombre d'images à classifier et N_r le nombre d'images correctement classifiées.

Il y a d'autres paramètres d'efficience plus précis comme la *sensibilité* et la *spécificité*, que nous allons utiliser dans le chapitre 7. Pour l'indexation et la requête par l'exemple, d'autres paramètres spécifiques ont été utilisés par exemple dans le cadre des expériences de MPEG-7 [162].

Pour estimer le taux d'erreur, il faut commencer par voir à quel point le classificateur fonctionne bien avec les exemples employés dans l'étape d'apprentissage. C'est une bonne condition nécessaire - si le classificateur ne peut pas classifier correctement les exemples utilisés pour le définir, il est certainement sans valeur -. Cependant, c'est une mesure très faible de sa capacité de généralisation. Un procédé simple de validation passe par diviser les données disponibles en deux sous-ensembles disjoints : un sous-ensemble pour définir le classificateur et un sous-ensemble pour l'évaluer. Ceci s'appelle la méthode de "holdout". L'approche peut fonctionner raisonnablement bien, mais elle a souvent comme conséquence l'exécution sub-optimale parce que si l'on garde beaucoup d'exemples pour avoir des test significatifs, il n'y aura pas assez d'exemples pour la définition du classificateur (ce point est crucial dans beaucoup d'applications médicales, où il est souvent difficile de trouver un groupe représentatif de patients souffrant par exemple d'une même tumeur). Evidemment, plus d'échantillons sont disponibles pour l'apprentissage, meilleure sera la performance pour le classificateur ; or il est possible aussi de sur-entraîner le classificateur [80].

6.3 Granulométrie et analyse spectrale morphologique

6.3.1 Définitions de base

En 1967, en utilisant un parallelisme avec le tamisage de grains de gravier, Matheron [167] présente la notion de granulométrie, ou distribution de taille, appliquée à des images binaires (espace des ensembles continus) et en se basant sur des familles paramétriques d'ensembles convexes compacts. L'extension aux fonctions à niveaux de gris est faite par Serra [238]. Une

granulométrie est l'étude de la distribution de taille des objets d'une image. Formellement, une *granulométrie* peut être définie comme une famille d'*ouvertures* $\Gamma = (\gamma_\lambda)_{\lambda \geq 0}$ telle que :

1. γ_0 est la transformation identité ; i.e., $\gamma_0(f) = f$
2. γ_λ est croissante ; i.e.,
$$f \leq g \Rightarrow\Rightarrow \gamma_\lambda(f) \leq \gamma_\lambda(g), \forall \lambda \geq 0,$$
pour toute f et g.
3. γ_λ est anti-extensive ; i.e.,
$$\gamma_\lambda(f) \leq f, \forall \lambda \geq 0,$$
pour toute f.
4. γ_λ vérifie la loi d'absorption ; i.e.,
$$\forall \lambda \geq 0, \forall \mu \geq 0, \gamma_\lambda \gamma_\mu = \gamma_\mu \gamma_\lambda = \gamma_{\max(\lambda,\mu)}$$
Il faut remarquer que pour $\lambda = \mu$ la propriété d'idempotence est un cas particulier de la loi d'absorption.

D'ailleurs, une granulométrie par fermetures (ou *anti-granulométrie*) peut être définie comme une famille de *fermetures* croissantes $\Phi = (\varphi_\lambda)_{\lambda \geq 0}$.

Dans la pratique, les granulométries et les anti-granulométries les plus utiles sont celles données par des ouvertures/fermetures morphologiques : $\gamma_\lambda(f) = f \circ \lambda B$, $\lambda = 1, 2, \cdots$ et $\varphi_\lambda(f) = f \bullet \lambda B$, $\lambda = 1, 2, \cdots$, respectivement, où B est un élément structurant fini.

Par définition, toutes les ouvertures satisfont les trois premières conditions de la définition de granulométrie. Cependant, toutes les ouvertures avec des éléments structurants de taille croissante ne satisfont pas la loi d'absorption. Les éléments structurants habituellement considérés sont le disque (granulométries isotropiques) ou des segments de ligne droite (granulométries linéaires). Les algorithmes traditionnels de mise en œuvre des granulométries impliquent des ouvertures (fermetures) de taille croissante, et donc sont relativement lents. Toutefois, des algorithmes rapides spécifiques pour le calcul des granulométries (images binaires et à niveaux de gris) ont été développés par Vincent [291] [292].

La classification de textures et l'extraction de caractéristiques avec des granulométries ont beaucoup d'applications dans le secteur biomédical et la science des matériaux [277] [193] [21] [18] [270] [22].

6.3.2 Courbes d'ouvertures et de fermetures

L'exécution de l'analyse granulométrique d'une image f avec Γ est équivalente à évaluer chaque ouverture de taille λ avec une mesure $m(\gamma_\lambda(f))$. En général, la seule mesure morphologique croissante est l'intégrale de Lebesgue (i.e. l'aire ou le volume).

Pour le cas discret, dans lequel nous travaillons, une granulométrie est une famille d'ouvertures $\Gamma = (\gamma_n)_{n \geq 0}$ indexée par rapport à un paramètre entier n. On dénote par $m(f)$ la mesure d'une image discrète f : $m(f)$ est l'aire (nombre de pixels) si $f \in \mathcal{P}(E)$ ou le volume (somme de valeurs des pixels) si $f \in \mathcal{F}(E, \mathcal{T})$.

Nous illustrons l'exemple de calcul de mesures granulométriques à l'aide de l'image d'un noyau segmenté de lymphocyte à niveaux de gris, voir les figures 6.2 et 6.1.

Les éléments structurants sont des octogones (approche isotrope d'un cercle dans la grille carrée) de taille croissante $n+2$, de $n = 4$ à $n = 40$. Afin de pouvoir utiliser ces décompositions radiales d'éléments structurants en forme de disque, créées avec des lignes de Bresenham, nous devons vérifier que la famille d'ouvertures respecte toutes les propriétés (c'est juste pour cela que la taille augmente avec $n + 2$), voir [262].

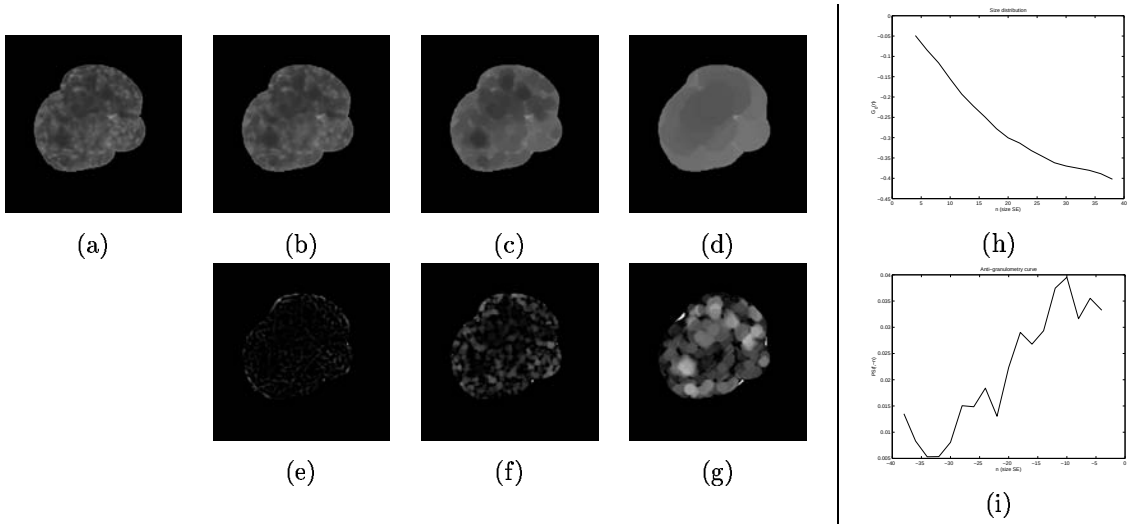


FIG. 6.1 – Anti-granulométrie à niveaux de gris avec des octogones de la chromatine d'un lymphocyte : (a) image initiale f, (b-d) fermetures de taille croissante $\phi_n(f)$: $n = 5$, $n = 10$ et $n = 30$, (e-g) résidus correspondants $\phi_{n+m}(f) - \phi_n(f)$, (h) distribution de taille selon les fermetures $G_0(n)$, (i) densité de taille selon les fermetures $PS(-n)$.

Nous définissons *la loi de distribution de taille* G_1 de la fonction f par rapport à Γ comme la proportion de structures claires de l'image qui ont été éliminées par l'ouverture nB, i.e.

$$G_1(n) = 1 - \frac{m(\gamma_n(f))}{m(f)} = \frac{m(f) - m(\gamma_n(f))}{m(f)}; n \geq 0$$

Si nous nous concentrons maintenant sur les structures foncées de l'image, la fermeture $\varphi_n(f)$ remplace l'ouverture $\gamma_n(f)$ et nous obtenons la loi de distribution de taille de f par rapport à Φ :

$$G_0(n) = \frac{m(\varphi_n(f)) - m(f)}{1 - m(f)}.$$

$\frac{m(\gamma_n(f))}{m(f)}$ est une fonction monotone décroissante et semi-continue par la gauche. En conséquence, $G_1(n)$ est une fonction de distribution cumulative qui est liée aux mesures probabilistes de la distribution de taille [238].

La *courbe granulométrique*, ou *spectre de forme* [164], de f par rapport à Γ, $PS_\Gamma(f)$, est définie par la transformation normalisée suivante :

$$PS_\Gamma(f, n) = PS(f, n) = \frac{m(\gamma_n(f)) - m(\gamma_{n+1}(f))}{m(f)}, n \geq 0.$$

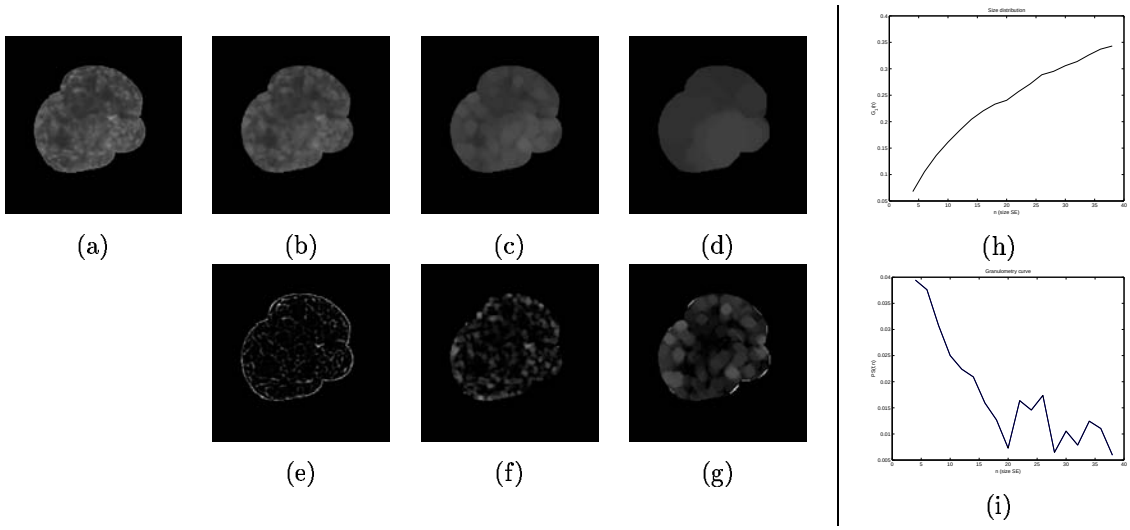


FIG. 6.2 – Granulométrie à niveaux de gris avec des octogones de la chromatine d'un lymphocyte : (a) image initiale f, (b-d) ouvertures de taille croissante $\gamma_n(f)$: $n = 5$, $n = 10$ et $n = 30$, (e-g) résidus correspondants $\gamma_n(f) - \gamma_{n+m}(f)$, (h) distribution de taille selon les ouvertures $G_1(n)$, (i) densité de taille selon les ouvertures $PS(n)$.

Le spectre de forme $PS_\Gamma(f,n)$ fait correspondre à chaque taille n une certaine mesure des structures lumineuses de l'image qui ont cette taille (perte de structures claires de l'image entre deux ouvertures successives). Par dualité, le concept de spectre de forme s'étend à la *courbe anti-granulométrique* de fermetures $\varphi_n(f)$:

$$PS_\Phi(f,-n) = PS(f,-n) = \frac{m(\varphi_n(f)) - m(\varphi_{n-1}(f))}{m(f)}, n \geq 0,$$

qui est utilisée pour caractériser la taille des structures sombres de l'image.

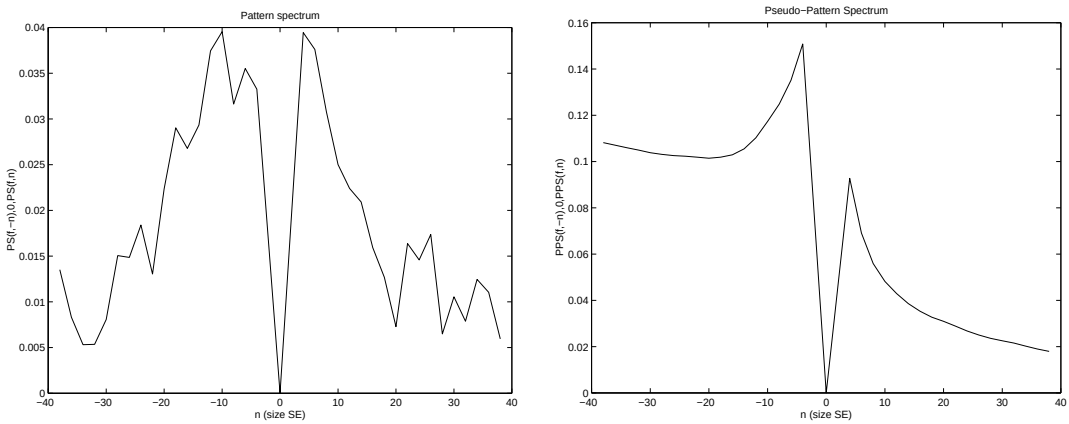
Le spectre de forme $PS_\Gamma(f,n)$ est la dérivée de la loi de distribution de taille G_1 et donc $PS_\Gamma(f,n)$ est une fonction de densité de probabilité (i.e. un histogramme) : un impulse ou mode dans le spectre de forme à une échelle donnée indique la présence de beaucoup de structures dans l'image associées à cette échelle. $PS_\Gamma(f,n)$ peut être appelé également *densité de taille* de f.

Dans les diagrammes 6.2 et 6.1 (h)-(i) sont montrés les courbes de distribution de taille et les spectres de forme correspondants. La courbe granulométrique et la courbe anti-granulométrique peuvent être assemblées dans une courbe unique, figure 6.3(a), avec les fermetures dans le côté gauche du diagramme (côté de "tailles négatives") et les ouvertures du côté droit ("tailles positives") :

$$\{-n, 0, n\} \rightarrow PS(f,n) = \{PS_\Phi(f,-n), 0, PS_\Gamma(f,n)\}, n \geq 1$$

Quelques remarques

Les granulométries peuvent être utilisées pour les images binaires (étude de la forme) comme pour les images à niveaux de gris (étude des structures ou de la texture de la fonction),



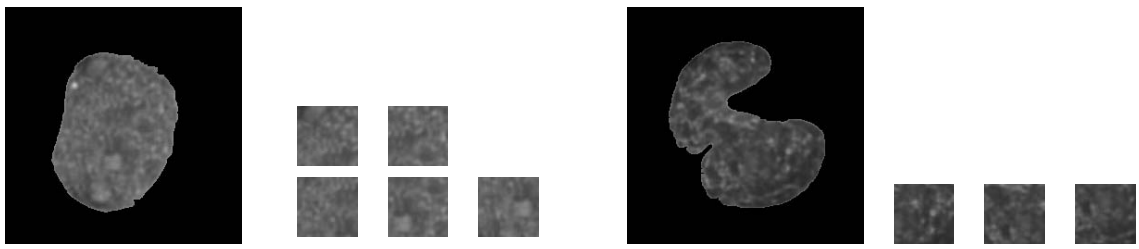
(a) (b)

FIG. 6.3 – Exemples de courbes granulométriques pour l'exemple des figures 6.1 et 6.2 : (a) spectre de forme (densité de tailles par fermetures et ouvertures), $PS(n)$, (b) pseudo-spectre de forme (par dilatations et érosions), $PPS(n)$.

soit pour un objet isolé soit simultanément pour l'ensemble d'objets.

Un avantage important des granulométries est leur normalisation inhérente. Les courbes sont normalisées au volume total de l'image, ainsi les variations dans certaines conditions (i.e. *anamorphoses*) du procédé d'acquisition n'auraient pas d'influence sur les résultats granulométriques.

Comme nous l'avons vu dans l'exemple précédent, les noyaux segmentés des lymphocytes sont des régions de l'image définies par un contour irrégulier, et cette région est plaçée sur un fond noir (ceci n'est qu'un choix). La plupart des techniques classiques de classification de texture doivent être appliquées sur une image carrée et dans le cas du spectre de Fourier, étant donné qu'il est calculé en utilisant la FFT, la taille des images est typiquement une puissance entière de deux. Pour le cas d'une cellule, il faut donc commencer par échantillonner la chromatine pour extraire des sous-images carrées, voir figure 6.4. Ensuite, et après avoir calculé le descripteur de la texture pour chaque sous-image, il faut obtenir un descripteur moyen.



(a) (b)

FIG. 6.4 – Exemples d'échantillonnage de la région nucléaire en plusieurs fenêtres carrées partiellement superposées : (a) noyau de forme régulière (cinq sous-images) et (b) noyau de forme irrégulière (trois sous-images).

Avec les granulométries, nous pouvons quantifier directement la texture de la chromatine sans tenir compte de la forme de la cellule. Or il y a aussi des effets de bords à considérer dans les granulométries.

Typiquement, et quand la texture est mesurée dans une région rectangulaire de l'image définie par le masque M, les effets de bords sont contrôlés en restreignant l'image à un masque qui dépend de la taille n de l'ouverture/fermeture. En fait, le masque est une érosion de M avec une taille $2n$ [69] [18] [255]. Dans le cas des images de l'exemple des lymphocytes, nous avons évalué l'influence de l'effet de bords et sa correction dans la courbe des ouvertures et des fermetures. Pour les ouvertures, la contribution de l'effet de bords est presque nulle, en revanche pour les fermetures, la correction est plus intéressante surtout pour les noyaux de forme très irrégulière et de grande taille (nous rappelons que les fermetures de taille croissante tendent vers l'enveloppe convexe), bien qu'elle soit également négligeable d'un point de vue quantitatif pour la plupart des cas.

6.3.3 Courbes d'érosion et de dilatation

Nous pouvons considérer également l'érosion morphologique $\varepsilon_{\lambda B}(f) = f \ominus \lambda B$ et la dilatation morphologique $\delta_{\lambda B}(f) = f \oplus \lambda B$ afin de définir d'autres courbes de taille. Soit $\epsilon = (\varepsilon_\lambda)_{\lambda \geq 0}, \forall \lambda \geq 0$, une famille d'*érosions* et $\Delta = (\delta_\lambda)_{\lambda \geq 0}, \forall \lambda \geq 0$, une famille de *dilatations*.

Il est clair que les opérateurs $\{\varepsilon_\lambda\}_{\lambda \geq 0}$ satisfont les trois premières conditions de la définition de granulométrie mais ne vérifient pas la dernière condition (loi d'absorption), et de même pour les duaux δ_λ. Par conséquent, $\{\varepsilon_\lambda\}_{\lambda \geq 0}$ n'est pas une granulométrie dans le sens strict de la définition. Cependant, ces familles d'érosions/dilatations ont été également utilisées d'une manière satisfaisante pour la classification morphologique de la texture [18]. Nous dirons que $\{\varepsilon_\lambda\}_{\lambda \geq 0}$ est une *pseudo-granulométrie* fondée sur des érosions, $\{\delta_\lambda\}_{\lambda \geq 0}$ étant la *pseudo-anti-granulométrie* associée par des dilatations [255].

En conséquence, dans le cas discret, nous définissons une *courbe pseudo-granulométrique* ou *pseudo-spectre de forme* $PPS_\epsilon(f, n)$ et une *courbe pseudo-anti-granulométrique* $PPS_\Delta(f, -n)$, obtenues en remplaçant l'ouverture et la fermeture par l'érosion et la dilatation, respectivement. Nous avons donc les transformations suivantes :

$$PPS_\epsilon(f, n) = PPS(f, n) = \frac{m(\varepsilon_n(f)) - m(\varepsilon_{n+1}(f))}{m(f)}, n \geq 0,$$

et

$$PPS_\Delta(f, -n) = PPS(f, -n) = \frac{m(\delta_n(f)) - m(\delta_{n-1}(f))}{m(f)}, n \geq 0.$$

Ces courbes s'appellent aussi *vitesse d'érosion* et *vitesse de dilatation*. De même, les deux courbes pseudo-granulométriques peuvent être assemblées dans une courbe unique, voir l'exemple pour l'image du lymphocyte dans la figure 6.3(b), avec les dilatations du côté négatif et les érosion du côté positif du diagramme, i.e.

$$\{-n, 0, n\} \rightarrow PPS(f, n) = \{PPS_\Delta(f, -n), 0, PS_\epsilon(f, n)\}, n \geq 1$$

6.3.4 Moments

Le spectre de forme est une fonction de densité de probabilité, ainsi il est possible d'appliquer les définitions standard pour calculer ses moments.

Le premier moment μ, ou moyenne, est donné par

$$\mu = \mu_1 = \sum_n nPS(f,n),$$

et le k-ième *moment du spectre de forme*, $k \geq 2$, est calculé selon l'équation :

$$\mu^k = \sum_n (n-\mu)^k PS(f,n).$$

En particulier, on utilise souvent les quatre premiers moments : μ moyenne, variance μ^2, skewness μ^3 et kurtosis μ^4. La méthodologie des moments granulométriques a été développée et utilisée d'une manière satisfaisante pour la classification de texture [26].

6.3.5 Sommes partielles

Afin d'extraire d'autres caractéristiques pour la classification de texture, nous proposons la définition d'un nouveau genre de paramètres obtenus à partir de $PS(f,n)$ et $PPS(f,n)$: les sommes partielles du spectre.

Ces paramètres sont la représentation de la fonction de densité de probabilité en quelques valeurs. En utilisant cette réduction de données de spectre, les structures de l'image sont classifiées en quelques intervalles.

La *somme partielle du spectre de forme* $\langle i,j \rangle$, $i \leq j$, est définie comme suit :

$$\nu^{\langle i,j \rangle} = \sum_{n=i}^{j} PS(f,n).$$

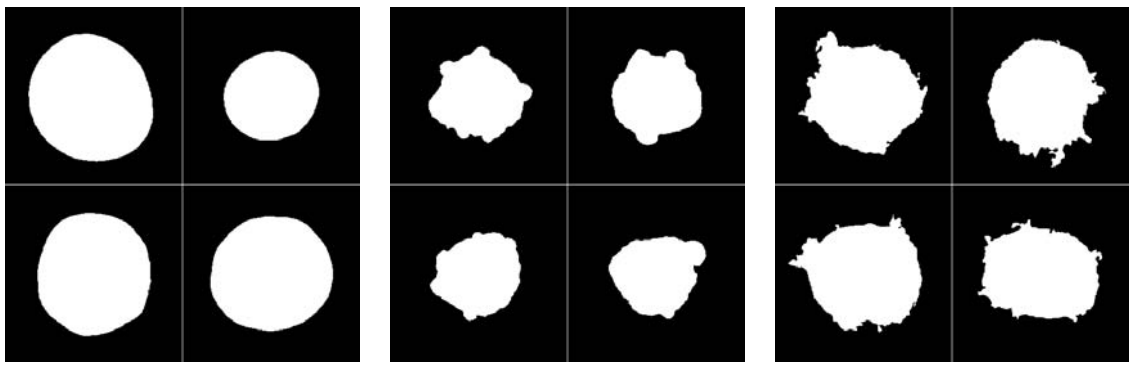
6.4 Application des granulométries à l'étude de la forme du cytoplasme des lymphocytes

6.4.1 La forme du cytoplasme

Contrairement à la notion de forme nucléaire, dans la plupart des études sur la morphologie des lymphocytes, la forme du cytoplasme est négligée. Comme nous allons le montrer dans le chapitre suivant, après avoir segmenté le lymphocyte on aura séparé le contour du noyau et celui de la cellule qui correspond au profil du cytoplasme. Nous illustrons ici la manière d'utiliser les granulométries pour étudier la forme d'une particule. Dans une étude similaire [150], divers paramètres obtenus à partir d'une granulométrie ont été utilisés afin de mesurer la forme nucléaire.

Si nous nous concentrons sur les irrégularités du profil cytoplasmique, nous pouvons identifier trois classes principales (voir les exemples de la figure 6.5) :

1. *Cytoplasme régulier* : le profil du cytoplasme est très régulier (plus ou moins circulaire ou elliptique).
2. *Cytoplasme irrégulier avec "blobs"* : cette irrégularité large est caractérisée par de grandes variations le long du profil du cytoplasme qui ressemblent aux inclusions de gouttes.
3. *Cytoplasme irrégulier avec "villosities"* : les irrégularités sont plus étroites : le profil du cytoplasme est formé de petites structures qui ressemblent à des villosités.



(a) (b) (c)

FIG. 6.5 – Catégories de formes de cytoplasmes : (a) régulière, (b) irrégulière (irrégularités de type "blob"), (c) irrégulière (irrégularités de type "villosity").

En plus des 12 images de cellules montrées dans la figure 6.5, lesquelles en fait constituent l'ensemble d'apprentissage, nous allons évaluer notre méthode de classification sur 50 images qui ont été aussi manuellement classifiées par un expert en morphologie hématologique.

6.4.2 Etude granulométrique

Dans la figure 6.6 on montre l'effet d'une granulométrie sur l'ensemble binaire correspondant à la forme d'un cytoplasme. On observe que les résidus des ouvertures de taille croissante

vont extraire les irrégularités du contour selon leur taille. Etant donné que l'élément structurant multi-échelle est un octogone (approximation au cercle), les ouvertures successives ont tendance à rendre circulaire la forme en éliminant les irrégularités. Ceci va nous permettre de différencier les formes complètement circulaires des irrégulières.

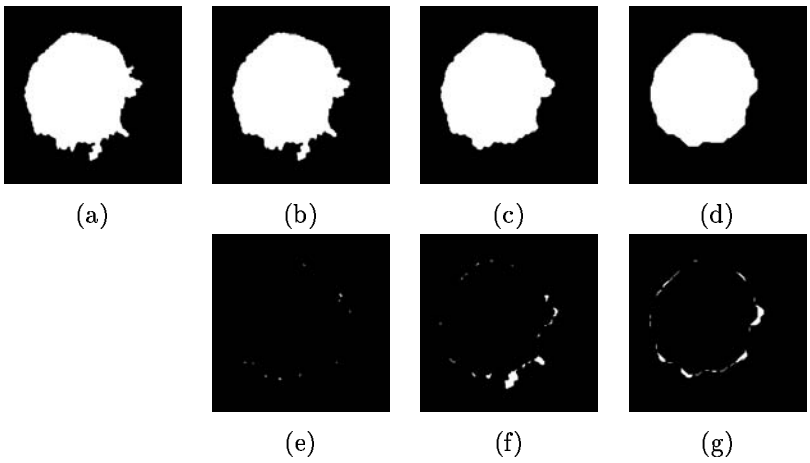


FIG. 6.6 – Granulométrie binaire avec des octogones du profil d'une cellule : (a) image initiale X, (b-d) ouvertures de taille croissante $X \circ nB$: $n = 5$, $n = 10$ et $n = 30$, (e-g) résidus correspondants $(X \circ nB) \backslash (X \circ (n+m)B)$.

Pour le but recherché, nous calculons le spectre de forme classique de l'ensemble X :

$$PS(n, X) = \frac{Surf(X \circ nB) - Surf(X \circ (n+2)B)}{Surf(X)},$$

où $4 \leq n \leq 60$ (ce qui correspond à l'intervalle intéressant pour les irrégularités). Dans la figure 6.7(a) sont montrés les $PS(n)$ des 12 formes qui constituent l'échantillon d'apprentissage. Nous avons commencé par obtenir le spectre de forme moyen de chaque catégorie, montré dans la figure 6.7(b). A partir des résultats, on constate qu'il est possible d'identifier trois parties dans les spectres de forme. Dans la première ($4 \leq n \leq 10$), les cytoplasmes avec villosités ont une contribution très importante vis-à-vis des deux autres catégories cellulaires ; dans la deuxième ($12 \leq n \leq 40$), les cytoplasmes avec de larges protubérances ont une composante spectrale relativement plus grande. Pour la partie finale du spectre, les trois catégories se mélangent.

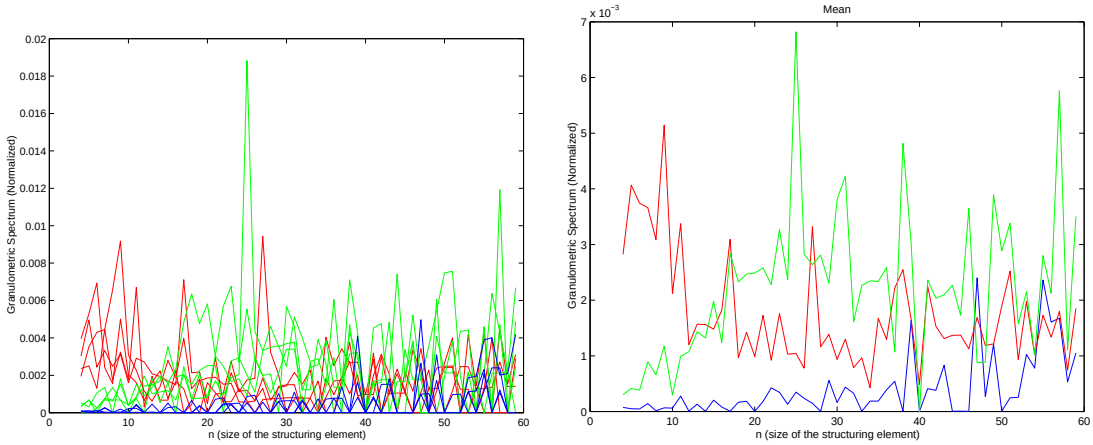
Il semble donc logique d'utiliser les sommes partielles du spectre de forme pour tenir compte de ces phénomènes. Nous définissons deux paramètres granulométriques d'irrégularités dans la forme du cytoplasme X :

– Irrégularités étroites du cytoplasme, $Cyto_{narrow}$: somme partielle $\langle 4, 10 \rangle$,

$$Cyto_{narrow} = \nu^{\langle 4,10 \rangle} PS(X, n) = \sum_{n=4}^{10} PS(X, n)$$

– Irrégularités larges du cytoplasme, $Cyto_{wide}$: somme partielle $\langle 12, 40 \rangle$,

$$Cyto_{wide} = \nu^{\langle 12,40 \rangle} PS(X, n) = \sum_{n=12}^{40} PS(X, n)$$



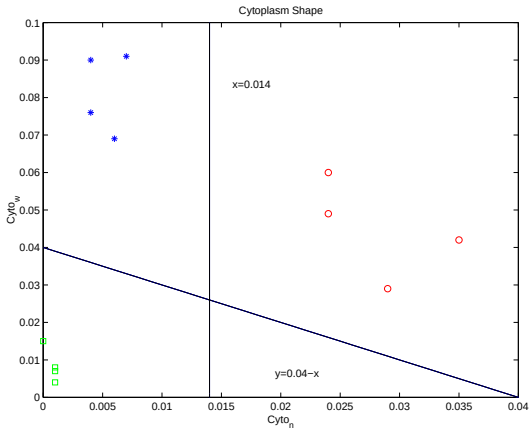
(a) (b)

FIG. 6.7 – Spectre de forme $PS(X, n)$ des cytoplasmes de la figure 6.5 (en bleu, régulier ; en vert, "blobs" ; et en rouge, "villosities") : (a) spectres de forme de toutes les cellules, (b) spectres de forme moyens de chaque catégorie cellulaire.

Pour évaluer la capacité de discrimination des paramètres $Cyto_{narrow}$ et $Cyto_{wide}$, nous les avons placés sous la forme d'un diagramme de dispersion, figure 6.8(a). On observe que la séparation entre les trois classes est très évidente. Nous avons défini les classes à l'aide de deux lignes droites, ce qui correspond donc à un classificateur linéaire très simple, voir l'équation de définition dans figure 6.8(b).

Maintenant, il faut évaluer la validité de cette méthode de classification, obtenue sur la base d'un nombre très petit de formes (quatre pour chaque catégorie) et où l'apprentissage a consisté à définir *ad hoc* une bonne partition de l'espace des deux paramètres $Cyto_{narrow}$ et $Cyto_{wide}$. Nous avons calculé les paramètres ganulométriques pour les 50 cellules à étudier et nous avons évalué leur résultat de classification, tout ceci est résumé dans la figure 6.9. On observe que les formes régulières sont toujours identifiées, tandis qu'il y a quelques erreurs pour les irrégulières.

Le taux de réussite dans la classification de 80% peut être considéré comme acceptable, en égard à la relative difficulté d'identifier certaines formes. Dans la figure 6.10 nous avons inclus deux exemples de cytoplasmes irréguliers classifiés par erreur (des protubérances très petites sont considérées comme des villosités et vice-versa).



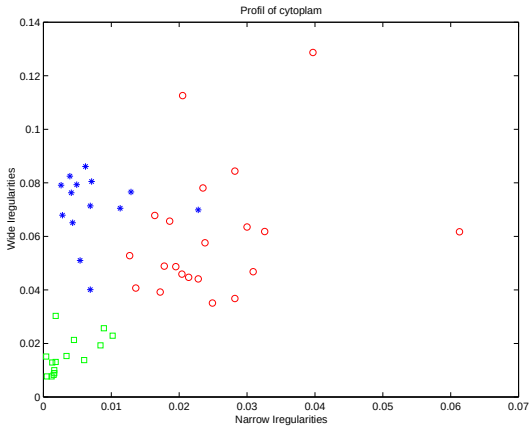
(a)

Classificateur linéaire : $f(Cyto_{narrow}, Cyto_{wide}) = 0.04 - Cyto_{narrow} - Cyto_{wide} \Leftrightarrow$

$$\begin{cases} \leq 0 \Rightarrow \text{Regular} \\ > 0 \Rightarrow \begin{cases} Cyto_{narrow} \leq 0.014 \Rightarrow \text{Blobs} \\ Cyto_{narrow} > 0.014 \Rightarrow \text{Villosities} \end{cases} \end{cases}$$

(b)

FIG. 6.8 – Classificateur pour la forme du cytoplasme : (a) Diagramme de dispersion des mesures morphologiques $Cyto_{narrow}$ et $Cyto_{wide}$ pour les cellules de l'ensemble d'apprentissage (en vert, régulier ; en bleu, "blobs" ; et en rouge, "villosities"), (b) classificateur paramétrique de type linéaire.



(a)

	N	N_r	$CCR(\%)$
Regular	16	16	100
Blobs	14	11	78.5
Villosities	20	13	65
Total	50	40	80

(b)

FIG. 6.9 – Classification des cytoplasmes selon leur forme : (a) Diagramme de dispersion des mesures morphologiques $Cyto_{narrow}$ et $Cyto_{wide}$ pour les 50, (b) résultats de la classification.

(a) (b)

FIG. 6.10 – Deux exemples de cytoplasmes irréguliers classifiés de façon erronée : (a) forme avec des "blobs" considérée de type "villosities" et (b) forme avec des "villosities" considérée de type "blobs".

6.5 Application des granulométries à l'étude de la texture du noyau des lymphocytes

6.5.1 La texture de la chromatine nucléaire

En cytologie quantitative fondée sur le traitement numérique de l'image, la caractéristique nucléaire la plus utilisée est la structure de la chromatine : l'analyse de la chromatine est une méthode employée pour l'évaluation de l'état métabolique des noyaux. Ce principe est valide aussi pour les lymphocytes.

La structure de la chromatine est caractérisée par divers phénomènes cellulaires, tels que la condensation de la chromatine, la configuration de nucléoles, etc... Nous étudions dans cette section le cas de la densité et dans le chapitre suivant, nous allons proposer en complément des méthodes pour extraire les nucléoles.

L'analyse de la densité de la chromatine, vue comme une analyse de texture, est un outil important dans la classification des cellules lymphoïdes ainsi que d'autres cellules cancéreuses.

Les approches les plus anciennes et les plus simples [303], étaient basées sur des mesures de la distribution de l'intensité. Avec des modèles markoviens et en se basant sur la matrice de co-occurrences (probabilités de transition des niveaux de gris des pixels voisins à certaines orientations et distances), un ensemble de caractéristiques représentant la texture peut être calculé [74]. D'autres approches statistiques combinent la morphologie mathématique avec des statistiques des niveaux de gris [191], ou proposent des modèles hiérarchiques de texture basés sur une segmentation morphologique [299]. Les granulométries morphologiques ont été déjà employées pour l'étude de la chromatine des lymphocytes [174] [97]. Plus récemment, les ondelettes ont aussi fait l'objet de descripteurs de texture de la chromatine [280].

Pour cette étude, les images de départ sont les noyaux segmentés des lymphocytes à niveaux de gris, tels que nous les avons montrés dans les exemples précédents.

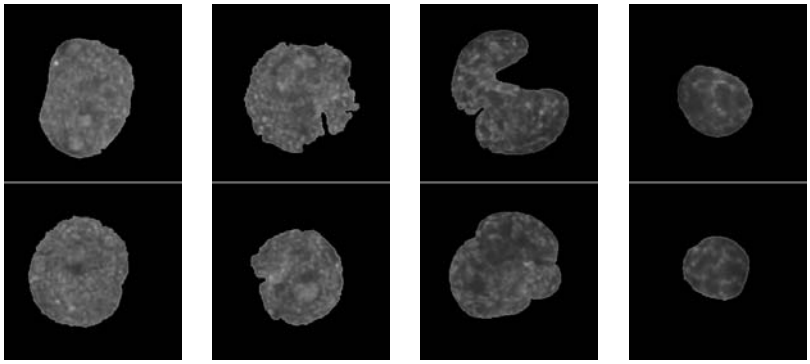
Sur la base d'une connaissance approfondie des experts en hématologie, nous pouvons identifier principalement quatre classes de noyaux selon la densité de leur chromatine :

1. *Chromatine très peu dense*, $VLch$: chromatine finement dispersée.
2. *Chromatine peu dense*, Lch : chromatine faiblement condensée.
3. *Chromatine dense*, Dch : chromatine modérément condensée.
4. *Chromatine très dense*, $VDch$: chromatine fortement condensée.

La figure 6.11 illustre une sélection de deux noyaux de chacune des quatre catégories de texture de chromatine. Dans les expériences de classification que nous allons présenter ci-dessous, on a utilisé une base de 100 images nucléaires (correctement segmentées) : un ensemble de 40 noyaux pour l'apprentissage et un ensemble de 60 noyaux pour évaluer la performance de la classification. De nouveau, toutes les images ont été manuellement classifiées par un expert en morphologie hématologique.

6.5.2 Etude granulométrique

Comme nous pouvons le voir dans les exemples montrés précédemment, la densité de la chromatine est donnée par l'alternance de structures condensées (sombres) et de structures



VLch *Lch* *Dch* *VDch*

FIG. 6.11 – Catégories de texture de chromatine nucléaire : *VLch* chromatine très peu dense, *Lch* chromatine peu dense, *Dch* chromatine dense et *VDch* chromatine très dense.

claires. *A priori*, et à partir des exemples, on observe que la quantification des structures de chromatine doit faire face à plusieurs difficultés : (1) les noyaux sont des mélanges de texture aléatoire et de structures (comme des nucléoles, des incisions, etc.) ; (2) la texture de la chromatine peut changer dans le noyau ; et (3) la texture nucléaire est donnée sur une petite zone irrégulière.

Notre but est de mesurer la texture moyenne de la chromatine sans tenir compte des nucléoles ni de la forme du noyau. Nous nous basons sur les spectres granulométriques pour tenter de mener à bien cette tâche.

Il faut donc commencer par calculer le spectre morphologique :

$$\{-n, 0, n\} \rightarrow PS(f, n) = \{PS_{\Phi}(f, -n), 0, PS_{\Gamma}(f, n)\}, 4 \leq n \leq 40,$$

et le pseudo-spectre morphologique :

$$\{-n, 0, n\} \rightarrow PPS(f, n) = \{PPS_{\Delta}(f, -n), 0, PS_{\epsilon}(f, n)\}, 4 \leq n \leq 40,$$

pour chaque image de noyau f de l'ensemble d'apprentissage. Les résultats sont montrés dans la figure 6.12, où on a inclus aussi les spectres moyens pour chaque catégorie cellulaire.

Tout d'abord nous avons voulu vérifier s'il serait possible de classifier la chromatine grâce aux moments ou grâce à leurs sommes partielles. Dans les figures 6.13 et 6.14, on donne quelques exemples des nouages de points pour ces paramètres. Très vite on s'aperçoit qu'il est très difficile de construire un classificateur robuste avec ces descripteurs.

Nous proposons de travailler avec les spectres morphologiques dans le cadre d'une approche de "template matching" : les formes modèles $\overline{PS}(n)$ et $\overline{PPS}(n)$ (figures 6.12(b)-(d)) sont les spectres moyens obtenus pour chaque catégorie à partir du spectre de 10 cellules et la métrique utilisée est la distance euclidienne (nous avons fait des tests avec les autres distances et les meilleurs résultats correspondent à l'euclidienne).

Plus précisément, nous allons avoir deux distances :

$$d_{E,1}(PS, \overline{PS}) = \sqrt{\sum_n (PS(n) - \overline{PS}(n))^2} + \sqrt{\sum_n (PS(-n) - \overline{PS}(-n))^2}$$
$$d_{E,2}(PPS, \overline{PPS}) = \sqrt{\sum_n (PPS(n) - \overline{PPS}(n))^2} + \sqrt{\sum_n (PPS(-n) - \overline{PPS}(-n))^2}$$

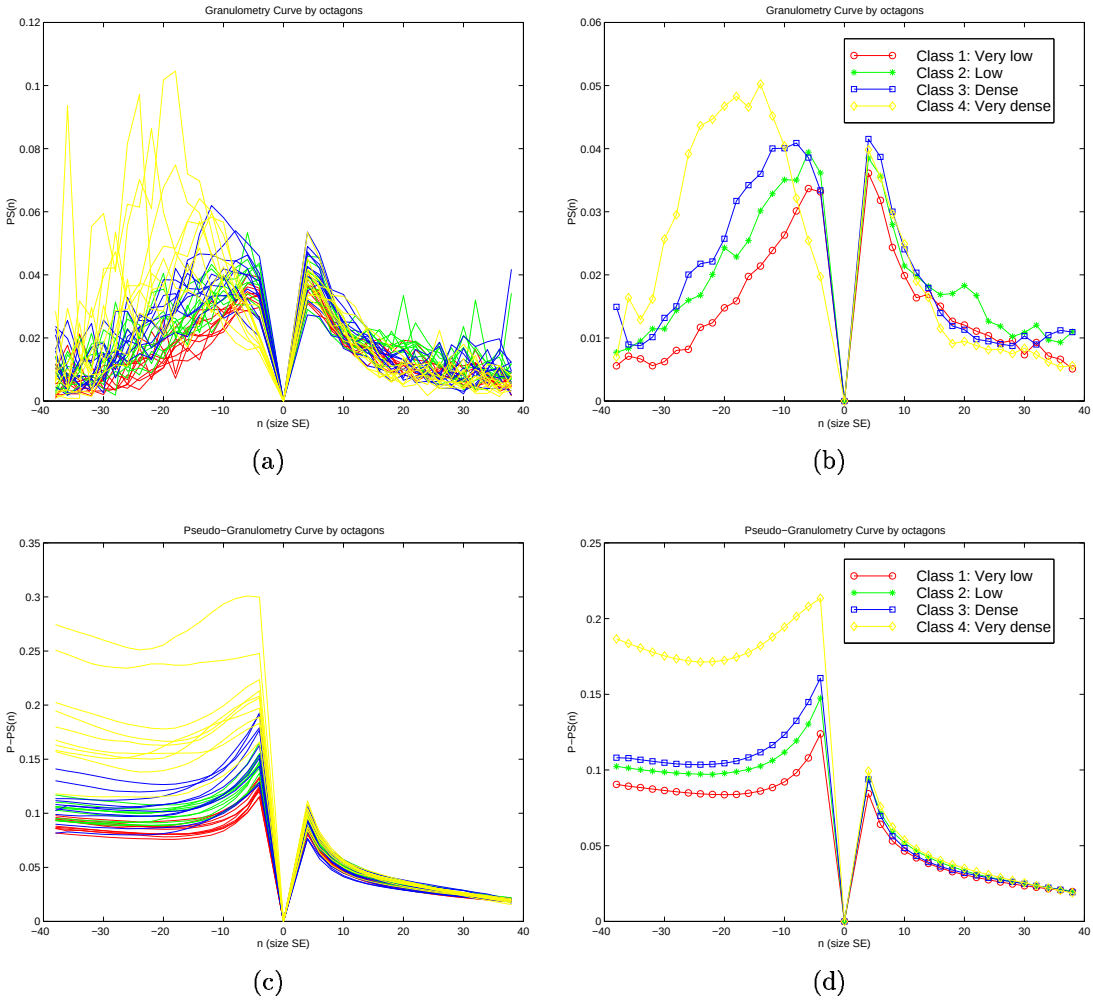
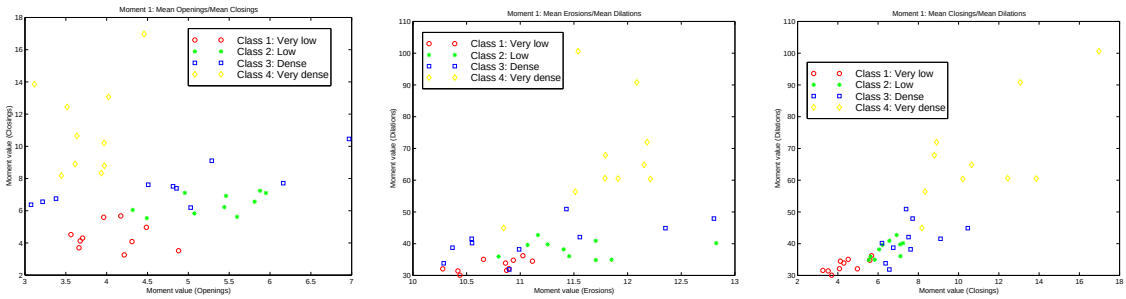
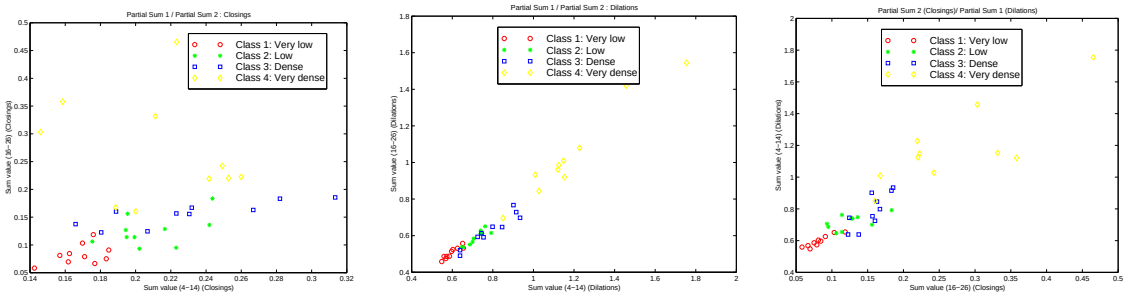


FIG. 6.12 – Courbes granulométriques des cellules utilisées pour l'apprentissage : (a) spectre de forme des 10 lymphocytes de chacune des 4 classes, (b) spectre de forme moyen de chaque classe, (c) pseudo-spectre de forme des 10 lymphocytes de chacune des 4 classes, (d) pseudo-spectre de forme moyen de chaque classe.



(a) (b) (c)

FIG. 6.13 – Diagrammes de dispersion du moment μ de $PS(n)$ et $PPS(n)$ qui correspondent aux 40 cellules utilisées pour l'apprentissage : (a) μ_{PS+} Vs. μ_{PS-} (ouvertures Vs. fermetures), (b) μ_{PPS+} Vs. μ_{PPS-} (érosions Vs. dilatations), (c) μ_{PS-} Vs. μ_{PPS-} (fermetures Vs. dilatations).



$(\nu_{PS-}^{\langle 4,14\rangle}$ Vs. $\nu_{PS-}^{\langle 16,26\rangle})$ $(\nu_{PPS-}^{\langle 4,14\rangle}$ Vs. $\nu_{PPS-}^{\langle 16,26\rangle})$ $(\nu_{PS-}^{\langle 16,26\rangle}$ Vs. $\nu_{PPS-}^{\langle 4,14\rangle})$

FIG. 6.14 – Diagrammes de dispersion pour quelques exemples de sommes partielles de $PS(n)$ et $PPS(n)$ qui correspondent aux 40 cellules utilisées pour l'apprentissage.

de la forme d'entrée à chacune des 4 catégories. Les distances $d_{E,1}$ et $d_{E,2}$ nous fournissent une information complémentaire et la question maintenant est de trouver une manière intelligente de la combiner.

On ordonne les distances en ordre décroissant et on garde les deux premières et la dernière :

$$\{d_{E,1}\}^1 \to \alpha_1,\ \{d_{E,1}\}^2 \to \alpha_2,\ \{d_{E,1}\}^4$$
$$\{d_{E,2}\}^1 \to \beta_1,\ \{d_{E,2}\}^2 \to \beta_2,\ \{d_{E,2}\}^4$$

où les α_1, α_2, β_1 et β_2 sont les catégories correspondantes aux distances. Ensuite, on obtient l'écart relatif entre la première et la deuxième distance (normalisé par rapport à la distance la plus grande) puis, le rapport de la distance la plus petite à la plus grande :

$$\alpha_r = |\{d_{E,1}\}^1 - \{d_{E,1}\}^2|/\{d_{E,1}\}^4 \quad \beta_r = |\{d_{E,2}\}^1 - \{d_{E,2}\}^2|/\{d_{E,2}\}^4$$
$$\alpha_{rr} = \{d_{E,1}\}^1/\{d_{E,1}\}^4 \quad \beta_{rr} = \{d_{E,2}\}^1/\{d_{E,2}\}^4$$

Ces paramètres permettent d'évaluer d'une manière relative si une cellule est considérée comme vraiment plus proche d'une catégorie que d'une autre ou si en revanche, la catégorie d'appartenance n'est pas très évidente entre deux très similaires (ce qui est souvent le cas pour la chromatine). Si les distances les plus petites $\{d_{E,1}\}^1$ et $\{d_{E,1}\}^2$ donnent la même catégorie, cette catégorie peut être considérée comme bonne. Mais il y a beaucoup d'autres cas qui peuvent se présenter. Suite à différents tests, nous avons trouvé que l'algorithme de classification *ad hoc* suivant aboutit à une approche très satisfaisante :

$$f(PS(-n), PS(n), PPS(-n), PPS(n)) \Leftrightarrow$$

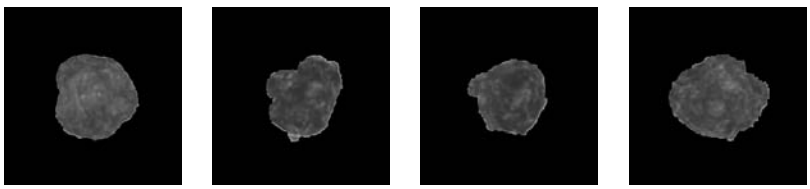
$$\begin{cases} \alpha_1 = \beta_1 & \Rightarrow \alpha_1 \\ \alpha_1 \neq \beta_1 & \begin{cases} \alpha_1 = \beta_2 \ et \ \alpha_2 = \beta_1 \Rightarrow \begin{cases} \alpha_r \leq \beta_r \Rightarrow \alpha_1 \\ \alpha_r > \beta_r \Rightarrow \alpha_2 \end{cases} \\ \alpha_1 = \beta_2 \ et \ \alpha_2 \neq \beta_1 \Rightarrow \alpha_1 \\ \alpha_1 \neq \beta_2 \ et \ \alpha_2 = \beta_1 \Rightarrow \alpha_2 \\ \alpha_1 \neq \beta_2 \ et \ \alpha_2 \neq \beta_1 \Rightarrow \begin{cases} \alpha_{rr} \leq \beta_{rr} \Rightarrow \alpha_1 \\ \alpha_{rr} > \beta_{rr} \Rightarrow \beta_1 \end{cases} \end{cases} \end{cases}$$

Nous avons appliqué cet algorithme à 60 cellules. Dans le tableau de la figure 6.15 sont résumés les résultats de classification.

	N	N_r	$CCR(\%)$
Very low	12	12	100
Low	18	16	88.8
Dense	23	20	86.9
Very dense	7	4	57.1
Total	60	52	86.6

FIG. 6.15 – Résultats de la classification des noyaux selon la texture de la chromatine.

De notre point de vue, la performance moyenne du classificateur (un peu plus de 85%) est relativement suffisante pour le but que nous avions fixé. Dans la figure 6.16, on donne quatre cas où la classification de la densité de la chromatine a échoué.



(a) (b) (c) (d)

FIG. 6.16 – Quatre exemples de chromatine nucléaire classifiée de façon erronée : (a) manuellement considérée de type Lch tandis que le système la classe $VLch$, (b) manuellement considérée de type $VDch$ tandis que le système la classe Dch, (c) manuellement considérée de type $VDch$ tandis que le système la classe Lch, (d) manuellement considérée de type Dch tandis que le système la classe $VLch$.

6.6 Application des granulométries à l'étude de l'agrégation cellulaire

Nous avons appliqué les granulométries à l'étude de la forme et de la texture des objets. Une autre application très puissante des granulométries par fermetures est l'analyse de l'organisation spatiale des objets. C'est-à-dire qu'on peut étudier grâce aux granulométries le regroupement ("clustering") des objets en zones d'une taille déterminée (i.e. à une échelle déterminée). Les objets sont alors considérés comme une population et ils sont associés à des agrégats ou amas ; et ceci est intéressant en cytologie quantitative. Le but pratique est l'analyse de l'agrégation des cellules endothéliales cultivées *in vitro* [12].

Lorsque la notion de connexion est présentée dans le chapitre A, l'un des exemples de connexion seconde est la connexion par dilatation, ou de la même manière, la connexion par fermeture. Si on paramètrise cette connexion (en paramètrisant la fermeture) nous pouvons considérer d'un point de vue théorique qu'on définit une **granulométrie de connexions**. Développons ces idées.

6.6.1 Fermetures, partitions et agrégation

Nous allons utiliser l'exemple d'une population de cellules endothéliales qui est montré dans la figure 6.17. Soit $X_{cellules} \in \mathcal{P}(E)$ l'image de la population initiale. Pour l'étude du regroupement, il est évident qu'il faut utiliser une famille de fermetures isotropes de taille croissante pour le calcul du spectre granulométrique en mesure ou courbe anti-granulométrique correspondant,

$$PS(X_{cellules}, -n) = \frac{m(\varphi_n(X_{cellules})) - m(\varphi_{n-n_{step}}(X_{cellules}))}{m(X_{cellules})},$$

où n varie dès n_{min} jusqu'à n_{max} avec un accroissement égal à n_{step}. Pour le cas des cultures de cellules endothéliales, les valeurs retenues ont été : $n_{min} = 40$, $n_{max} = 160$ et $n_{step} = 20$.

L'effet de cette famille de fermetures est un regroupement des cellules selon leur distance de séparation, qui est donnée par la taille n de l'élément structurant, voir figure 6.17 (rang supérieur). Chaque agrégat est défini par l'enveloppe pseudo-convexe des cellules qui le constituent. Nous pouvons considérer que le nombre d'agrégats de chaque étape de l'anti-granulométrie constitue une autre variable à quantifier pour connaître la loi d'agrégation des cellules. En fait, ceci peut être vu comme une granulométrie en nombre.

Par ailleurs, nous voulons aussi étudier l'organisation spatiale ou les régions d'influence des agrégats cellulaires associées à chaque n ; et pour cela on a recours au squelette par zones d'influence, $SKIZ$. Considérons que $\varphi_n(X_{cellules})$ est un ensemble compact de $\mathbf{R}^2$. La zone d'influence d'une composante connexe $X^i_{cellules}$ de l'image $X_{cellules}$ est l'ensemble des points du plan qui sont plus près de $X^i_{cellules}$ que de toute autre composante, le $SKIZ$ est alors la frontière de ces zones d'influence, voir figure 6.17 (rang au milieu).

L'intérêt de cette transformation est qu'elle nous permet de connaître l'homogénéité dans la distribution spatiale des amas cellulaires. Si on regarde les différentes zones d'influence comme une partition de l'espace de définition de la population d'objets, figure 6.17 (rang

inférieur), on peut associer à chaque région i de la partition sa taille, i.e. son aire $A(X^i_{cellules})$, et étudier de quelle façon évolue la distribution de ce paramètre par rapport à n (de nouveau, il s'agit d'une granulométrie).

6.6.2 Courbes d'agrégation

A partir de cette analyse morphologique multi-échelle, nous définissons trois histogrammes d'agrégation ou courbes granulométriques des structures cellulaires de l'image.

Spectre anti-granulométrique des cellules, $PS(X_{cellules}, -n)$: Cela correspond directement à la granulométrie en mesure par fermetures,

$$n \rightarrow PS(X_{cellules}, -n),$$

qui associe à chaque taille n l'accroissement d'aire occupée par les agrégats, voir figure 6.18(a). La valeur maximale correspond à la valeur n pour laquelle l'accroissement a été le plus grand et cette valeur pourrait caractériser la taille limite d'agrégation.

Courbe d'agrégation des cellules, $AGC(X_{cellules}, n)$: Cet histogramme associe à chaque échelle n le nombre de composantes connexes après fermeture $N_{cellules}(n)$, normalisé par rapport au nombre initial $N_{cellules}$,

$$n \rightarrow AGC(X_{cellules}, n) = \frac{N_{cellules}(n)}{N_{cellules}}.$$

Ceci nous donne l'évolution du processus d'agrégation, voir figure 6.18(b).

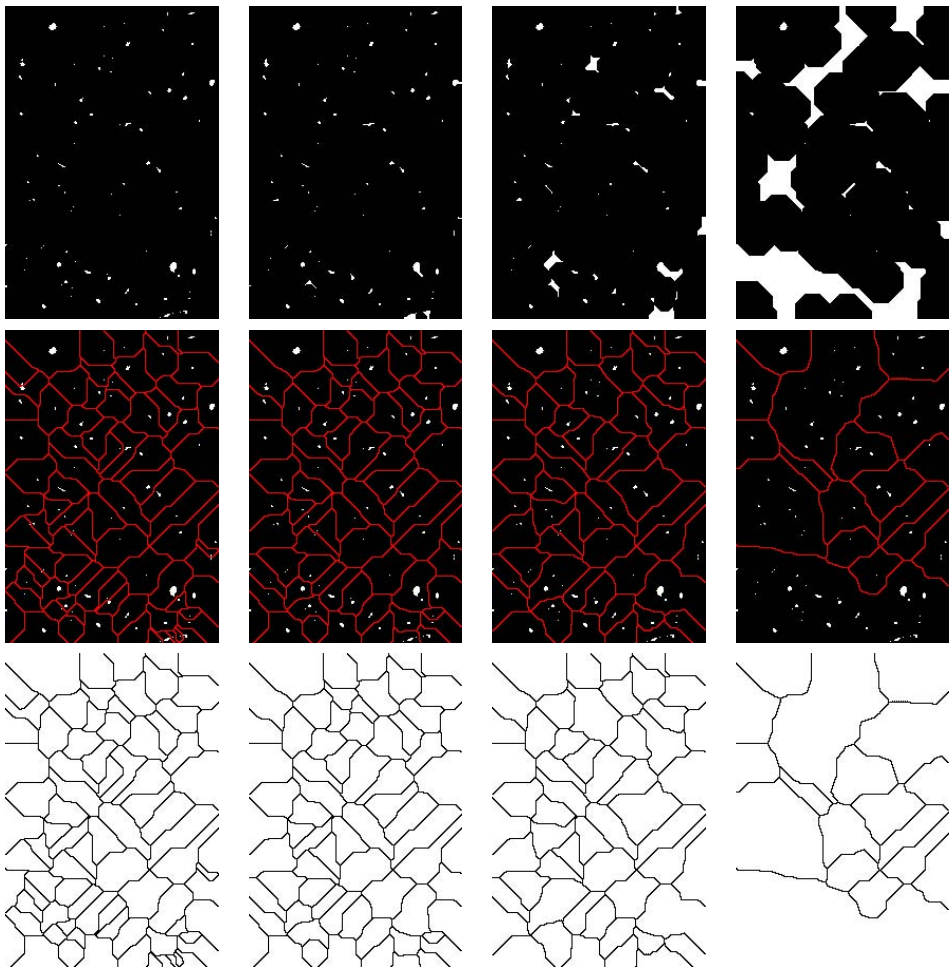
Courbe d'agrégation des régions des cellules, $AGCR(X_{cellules}, n)$: A partir de la partition en zones d'influence, correspondant à chaque échelle n, on peut construire un histogramme d'occurrence de l'aire normalisée, voir figure 6.18(c). Chacun des histogrammes d'aire normalisée $h_{A_{IZ}/A_{champ}}$, correspondant à une échelle n, est en fait une courbe granulométrique. Ainsi, il est possible d'associer à chaque n leur moyenne $\mu_{A_{IZ}}$ et leur variance $\sigma^2_{A_{IZ}}$. De la sorte, on pourrait penser à définir la courbe d'agrégation des régions $\mu_{A_{IZ}}(n)$ comme : $\mu_{A_{IZ}}(n) \simeq A_{champ}/N_{cellules}(n)$, et donc la courbe devient approximativement

$$\frac{A_{champ}}{N_{cellules}(n)} = \frac{N_{cellules}}{N_{cellules}(n)} \frac{A_{champ}}{N_{cellules}} = \frac{1}{AGC(n)} k,$$

où k est une constante et par conséquent cette courbe d'aire des régions sera simplement l'inverse de la courbe de nombre de régions (tout à fait prévisible : lorsque le nombre de régions augmente, l'aire moyenne diminue). Alternativement, on propose d'associer à chaque n l'écart type de l'aire des zones d'influence,

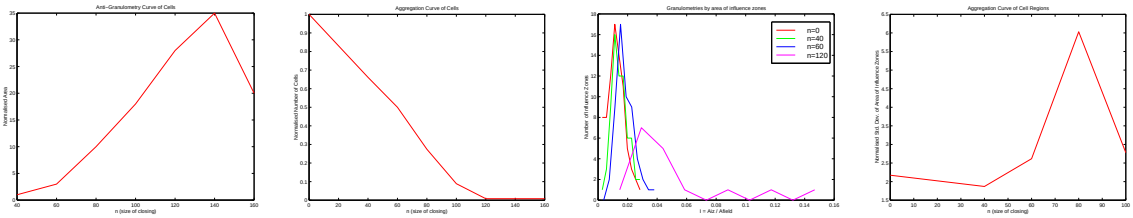
$$n \rightarrow AGCR(X_{cellules}, n) = \sigma_{A_{IZ}}(n).$$

La signification de cette courbe est aussi très intéressante, voir figure 6.18(d), puisque grâce à la variance $\sigma_{A_{IZ}}(n)$ on peut connaître la valeur de n pour laquelle la dispersion ou le désordre des zones associées aux agrégats est maximale.



(a) (b) (c) (d)

FIG. 6.17 – Etude du regroupement des cellules en agrégats grâce à une anti-granulométrie de paramètre n : (a) $n = 0$, (b) $n = 40$, (c) $n = 60$, (d) $n = 80$. Sur le rang supérieur, la fermeture $\varphi_n(i_5)$; au milieu le $SKIZ$ délimitant la région d'influence de chaque agrégat de cellules ; et sur le rang inférieur les régions d'influence des agrégats à l'échelle n.



(a) (b) (c) (d)

FIG. 6.18 – Courbes de quantification du regroupement des cellules en agrégats par une anti-granulométrie de paramètre n (voir figure 6.17) : (a) spectre anti-granulométrique, (b) évolution du nombre de composantes connexes par rapport à n, (c) histogrammes des zones d'influence par rapport à l'aire, (d) évolution de l'écart type de l'aire des zones d'influence par rapport à n.

6.6.3 Exemples et conclusion

Dans la figure 6.19 sont montrées cinq populations de cellules avec leurs courbes d'agrégation associées.

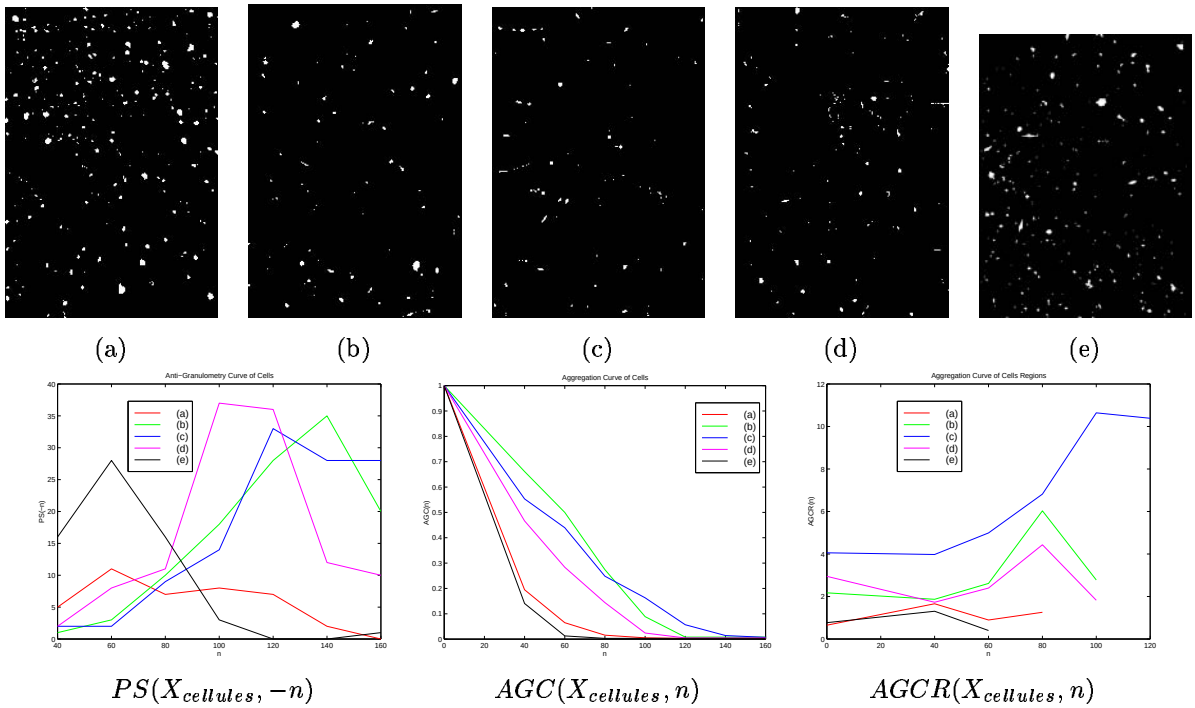


FIG. 6.19 – Exemples de cinq populations de cellules avec leurs courbes d'agrégation associées.

Nous constatons grâce aux courbes d'agrégation que les populations (a) et (e) sont assez similaires (plus denses en cellules), de même pour les populations (b) et (c), tandis que la population (d) est d'une nature intermédiaire entre les deux groupes. Nous observons que l'agrégation de la population (a) est la plus homogène.

En conclusion, nous pouvons dire que l'usage de ces distributions permet une étude comparative précise du "clustering" de différentes populations cellulaires, ainsi que la possibilité de corréler l'organisation morphologique des cellules vis-à-vis d'autres types de paramètres biologiques.

6.7 Granulométries et structures morphologiques périodiques : application aux images des puces à ADN

6.7.1 Introduction

Considérons l'étude granulométrique montrée dans la figure 6.20. Il s'agit d'un exemple utilisé dans le chapitre d'annexe A pour illustrer l'usage de l'ouverture surfacique lorsqu'on vise à extraire des structures de la même taille, indépendamment de leur forme ou de leur contraste.

Nous voulons maintenant comparer l'effet d'une granulométrie sur différents niveaux d'extraction des cellules (les objets à quantifier). On a donc la fonction numérique initiale f, avec les cellules à caractériser sur un fond relativement inhomogène, ensuite le résidu qui donne la fonction numérique après correction du fond, $\widetilde{f} = f - \gamma_\lambda^a(f)$ et finalement l'ensemble binaire avec les composantes connexes des cellules, X, après "nettoyage" des petites structures parasites.

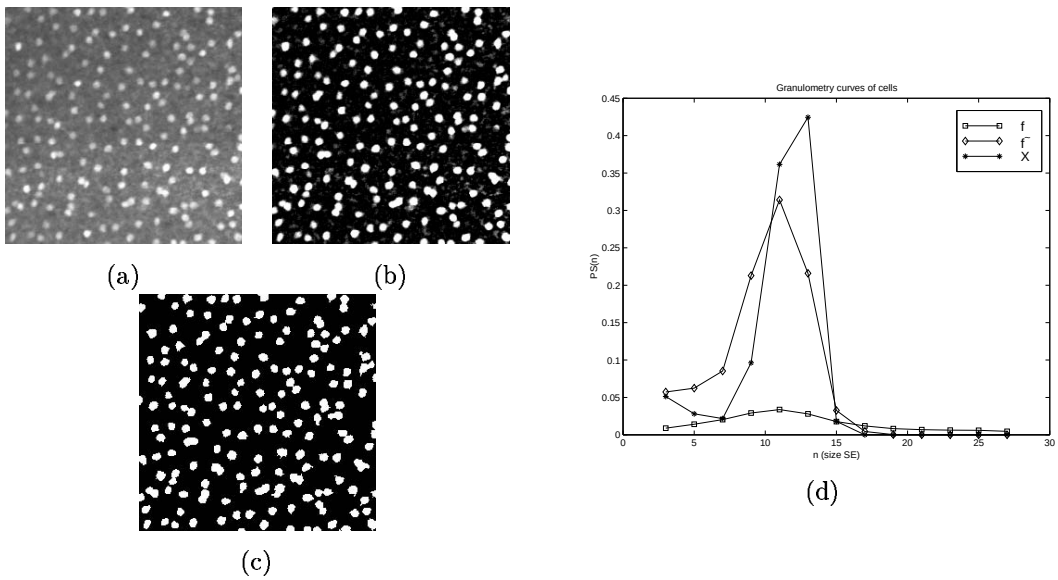


FIG. 6.20 – Etude granulométrique d'une population homogène de cellules : (a) image initiale f, (b) chapeau haut de forme d'une ouverture surfacique $\widetilde{f} = f - \gamma_\lambda^a(f)$, (c) image binaire après seuillage et suppression des petits artefacts X, (d) comparative des courbes granulométriques correspondant à chaque image.

Les courbes granulométriques ont été obtenues avec des ouvertures octogonales de taille croissante. Evidemment, lorsqu'on cherche à décrire des structures morphologiquement similaires, il est intéressant de filtrer de l'image tout ce qui peut être considéré comme du "bruit".

Toutefois, les trois courbes fournissent l'information la plus importante : un seul mode dans la distribution de tailles. Mais cette information est un peu pauvre. On constate par exemple qu'un certain nombre de cellules sont superposées, ou bien que sur le fond il y a des structures

claires plus petites que les cellules mais qui pourraient avoir une certaine signification.

Or, lorsque l'image a été filtrée, nous avons utilisé une ouverture par reconstruction parce que nous voulions garder les contours des cellules. Nous pouvons donc penser que l'application d'une granulométrie selon des ouvertures par reconstruction va nous permettre de mieux identifier les structures, car toutes ont la même morphologie ("morphologiquement périodiques").

Précédemment nous avons montré l'application des ouvertures isotropes pour la caractérisation de la forme, la texture et l'agrégation spatiale. Nous traitons maintenant l'usage des ouvertures par reconstruction dans les granulométries pour la description de structures morphologiques périodiques.

6.7.2 Histogramme des valeurs d'extinction : le spectre d'extinction

La manière la plus directe de construire $\Gamma = (\gamma_\lambda^{rec})_{\lambda>0}$ est donc d'appliquer successivement les différentes ouvertures par reconstruction γ_λ^{rec}.

Nous nous intéressons cependant à des structures morphologiquement périodiques. Ceci veut dire que les structures doivent avoir à peu près la même valeur pour un certain paramètre morphologique. Les paramètres les plus importants sont le contraste, la surface et le volume, voir chapitre A. Par ailleurs, dans ce chapitre d'annexe on rappelle le lien entre ces transformations et les valeurs d'extinction des extrema, selon les travaux de Vachier et Meyer [278, 279]. En effet, les valeurs d'extinction sont des opérateurs granulométriques et peuvent être par conséquent utilisées pour construire des courbes granulométriques pour décrire le contenu d'une image.

Nous introduisons donc la notion de spectre d'extinction [3].

Définition 11 (Spectre d'extinction) *Soit $f \in \mathcal{F}(E,\mathcal{T})$ une fonction numérique et soit $\mathcal{M}ax(f) \in \mathcal{P}(E)$ l'ensemble des maxima régionaux ($N_{Max} \in \mathbf{Z}^+$ est le nombre de maxima). On associe à chaque maxima M_i sa valeur d'extinction $\mathcal{E}_\Gamma(M_i) = \lambda$ par rapport à la granulométrie Γ. Le spectre d'extinction de f respectivement à Γ est donné par la fonction :*

$$\mathcal{ES}_\Gamma(\lambda) = n_\lambda, \;\; \lambda \in \mathcal{D}_\lambda$$

où n_λ est le nombre d'occurrences de la valeur d'extinction λ, et $\mathcal{D}_\lambda$ correspond au domaine de définition des valeurs d'extinction.

De manière duale, nous pouvons définir le spectre d'extinction pour les minima de f selon la famille granulométrique Φ, i.e. $\mathcal{ES}_\Phi(-\lambda)$

Il est clair que le spectre d'extinction est simplement l'histogramme des maxima (ou minima) par rapport à leurs valeurs d'extinction. Il y a une représentation normalisée de $\mathcal{ES}_\Gamma(\lambda)$, dénotée par $\overline{\mathcal{ES}_\Gamma}(\lambda)$, telle que

$$\overline{\mathcal{ES}_\Gamma}(\lambda) = \frac{\mathcal{ES}_\Gamma(\lambda)}{N_{Max}}, \;\; \lambda \in \mathcal{D}_\lambda.$$

La probabilité d'occurrence de la valeur d'extinction λ est donc définie comme :

$$Prob(\lambda) = \frac{n_\lambda}{N_{Max}} = \overline{\mathcal{ES}_\Gamma}(\lambda)$$

en conséquence :

$$\begin{array}{l} \sum_\lambda \overline{\mathcal{ES}_\Gamma}(\lambda) = 1 \\ \overline{\mathcal{ES}_\Gamma}(\lambda) \geq 0 \end{array},$$

le spectre d'extinction normalisé peut être vu comme une fonction de densité de probabilité. Avec cette représentation granulométrique nous pouvons étudier la distribution des structures d'une image sans prendre strictement en considération une "information de forme", contrairement au spectre de forme, où le choix fondamental est l'élément structurant B.

Nous pouvons définir trois distributions :

- Spectre d'extinction par contraste, $\mathcal{ES}^{dyn}(\lambda)$,
- Spectre d'extinction surfacique, $\mathcal{ES}^{a}(\lambda)$,
- Spectre d'extinction volumique, $\mathcal{ES}^{v}(\lambda)$,

qui fournissent une compréhension complémentaire du contenu de l'image.

Il faut prendre quelques précautions dans la construction des spectres d'extinction, comme pour un histogramme quelconque.

Les valeurs d'extinction des extrema doivent se concentrer sur N_{bin} intervalles équidistants d'une valeur λ_{bin}. Soit λ_{min} la valeur d'extinction la plus petite (respectivement, λ_{max} la plus grande),

$$\lambda_{bin} = \frac{\lambda_{max} - \lambda_{min}}{N_{bin}}.$$

Il y a deux possibilités à considérer dans la mise en œuvre :

- Fixer le nombre d'intervalles, N_{bin}.
- Fixer la longueur de l'intervalle, λ_{bin}.

D'autre part, on trouve typiquement dans les images réelles beaucoup d'extrema associés au bruit, et qui ont par conséquent des valeurs d'extinction très petites. Il est donc conseillé de construire le spectre d'extinction en échelle logarithmique, i.e.

$$\mathcal{ES}^{a}_{log}(\lambda) = \begin{cases} 0 & si\ \mathcal{ES}^{a}(\lambda) = 0 \\ \log(\mathcal{ES}^{a}(\lambda)) & sinon \end{cases}$$

Reprenons l'exemple de la population de cellules. Nous avons calculé les spectres d'extinction surfacique et volumique pour les trois images f, $\widetilde{f}$ et X, figure 6.21. Le spectre d'extinction par contraste peut être intéressant pour d'autres types d'images.

Evidemment, pour l'image binaire, $\mathcal{ES}^{a}(\lambda)$ et $\mathcal{ES}^{v}(\lambda)$ ont exactement la même forme et ce qui change est la valeur de la surface ou du volume associés. On a de nouveau un mode principal très clair, mais on peut reconnaître aussi un deuxième mode qui est associé aux structures superposées et qui a donc une valeur de surface ou de volume double du mode principal. On va revenir à cette question.

On constate aussi que pour ce cas précis, il est très difficile de caractériser les structures sur l'image de départ. En revanche, l'application du spectre d'extinction volumique sur l'image $\widetilde{f}$ permet d'identifier le mode principal associé aux structures périodiques, qui de plus a une certaine variance due à la variation du volume des cellules.

Une autre application des spectres d'extinction sont les images des biopuces.

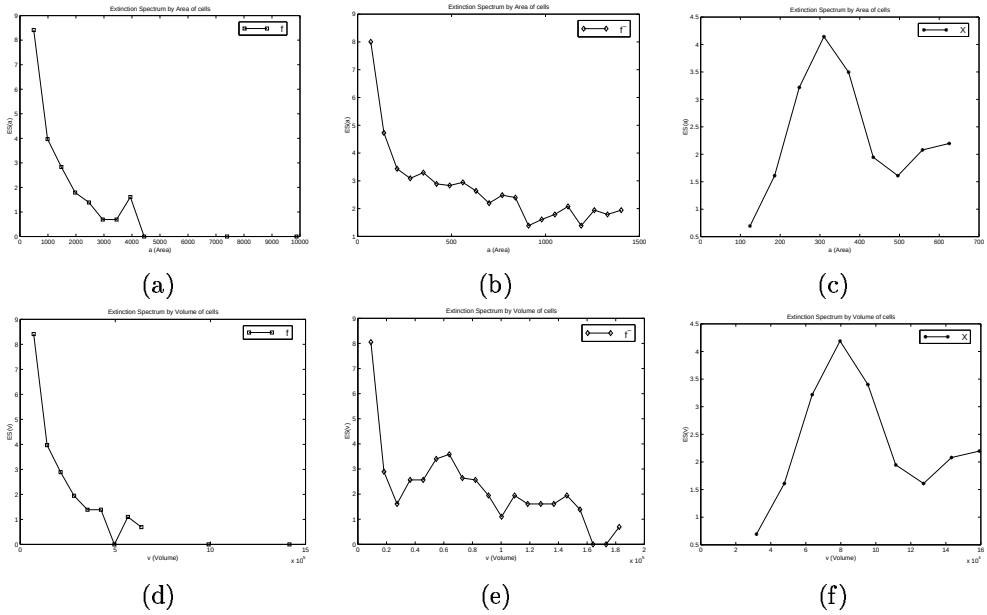


FIG. 6.21 – Spectres d'extinction par aire et volume des images de la figure 6.20 : (a)-(b)-(c) $\mathcal{ES}^a(\lambda)$ pour f, $\widetilde{f}$ et X respectivement ; (d)-(e)-(f) $\mathcal{ES}^v(\lambda)$ pour f, $\widetilde{f}$ et X respectivement.

6.7.3 La loi de distribution de taille des spots

Nous présentons dans le chapitre 8 les algorithmes pour la lecture automatique des puces à ADN. Dans l'étape de filtrage morphologique, nous avons besoin de connaître la taille du filtre, c'est-à-dire la taille des spots à préserver.

Il est possible d'appliquer une granulométrie avec des ouvertures isotropes pour estimer ce paramètre. Cependant, étant donné que le filtre que nous allons appliquer est une ouverture par aire, il est plus logique de travailler sur une granulométrie avec des ouvertures surfaciques (ou volumiques).

Dans la figure 6.22 sont montrés trois exemples d'images avec les spectres d'extinction surfaciques et volumiques correspondants. On constate tout d'abord que pour les images tirées de la même biopuce les courbes sont presque superposables (bonne estimation de la distribution périodique de taille des structures). Ensuite, on peut observer aussi que la surface constitue un paramètre plus descriptif pour les spots que le volume (plus facile d'identifier le mode principal).

Nous proposons de définir **la loi de distribution de taille des spots**, $\mathcal{SS}(\lambda)$, comme le spectre d'extinction surfacique. Regardons en détail la loi de distribution de taille des spots pour un exemple concret, figure 6.23. On observe que $\mathcal{SS}(\lambda)$ est composé de plusieurs modes (un histogramme multimodal). D'ailleurs, on identifie clairement la contribution importante des maxima associés au bruit (des surfaces petites) suivie du mode de la *fréquence morphologique fondamentale* (utilisé pour estimer la surface moyenne des spots) et associés à celui-ci, un ou plusieurs modes *harmoniques*, multiples de la fréquence fondamentale. L'apparition des harmoniques est justifiée par le fait que quelques extrema vont avoir une valeur d'extinction

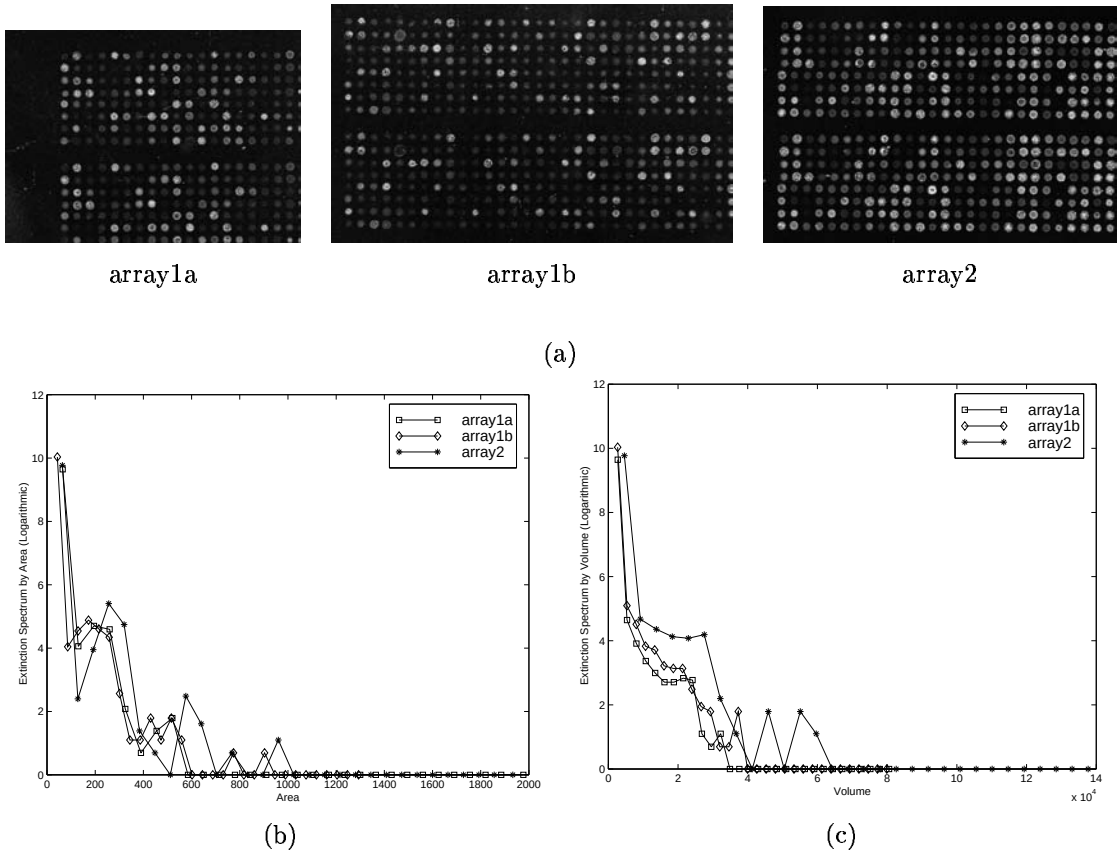


FIG. 6.22 – Application des spectres d'extinction aux biopuces : (a) Trois exemples d'images, *array1a* et *array1b* tirées de la même biopuce et *array2* extraite d'une autre ; (b) $\mathcal{ES}^a(\lambda)$ des exemples ; (c) $\mathcal{ES}^v(\lambda)$ des exemples.

correspondant à plusieurs spots voisins (dû à la définition des valeurs d'extinction comme des opérateurs par reconstruction), voir la figure 6.23.

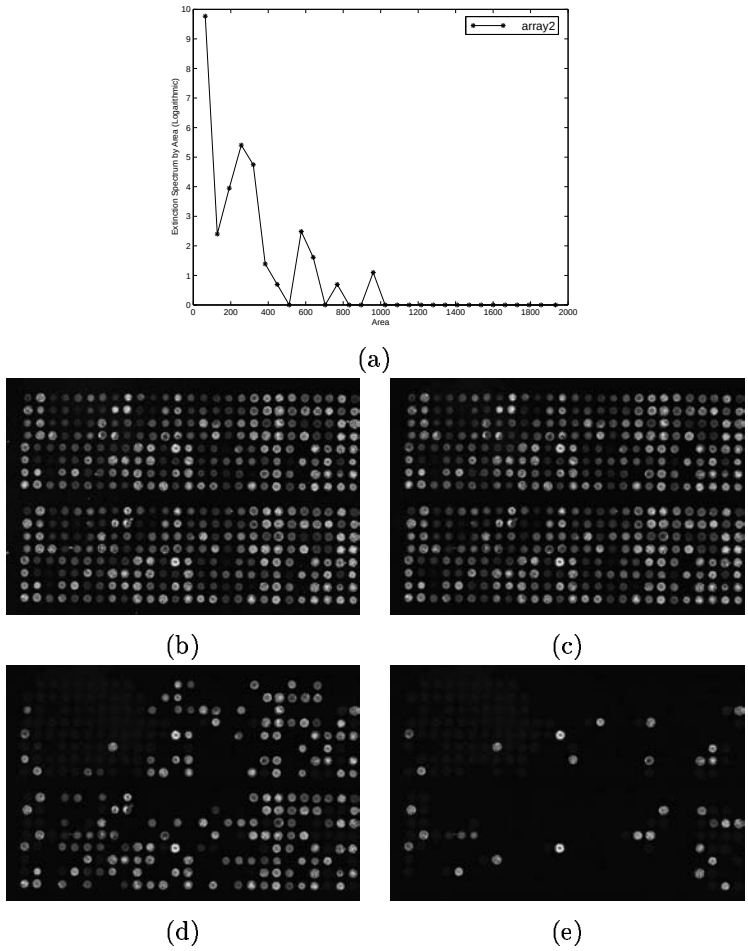


FIG. 6.23 – Loi de distribution de taille des spots et son interprétation : (a) $\mathcal{SS}(f, \lambda)$, (b) image initiale f, (c) reconstruction avec le maxima $\mathcal{E}^a \geq 100$, (d) $\mathcal{E}^a \geq 250$, (e) with $\mathcal{E}^a \geq 500$.

6.8 Histogrammes et description de la couleur

Nous commençons par rappeler la définition de l'histogramme d'une image. Etant donné une image f, de taille M par N pixels, caractérisée par la couleur $\mathbf{c}$ ($\mathbf{c} \in \mathcal{C}$) au pixel (i,j), i.e. $\mathbf{c} = f(i,j)$, on définit la distribution de couleur de premier ordre, ou histogramme couleur, de la manière suivante :

$$h(f,\mathbf{c}) = \frac{1}{MN} \sum_{i=0}^{M-1} \sum_{j=0}^{N-1} \delta(f(i,j) - \mathbf{c}), \forall \mathbf{c} \in \mathcal{C},$$

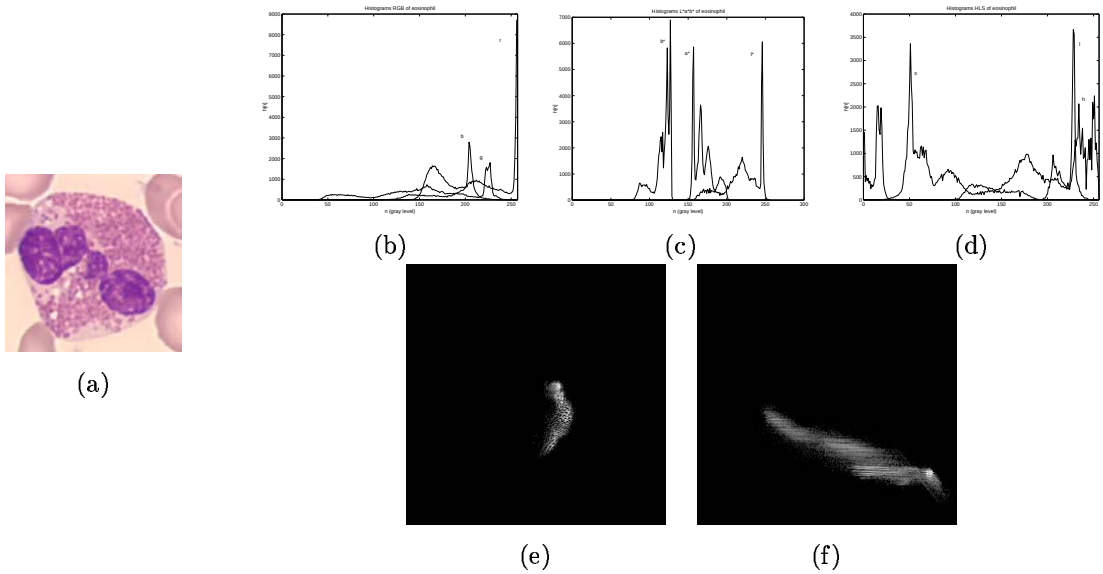
où $\delta(.)$ est la fonction impulse unitaire. L'histogramme est normalisé pour permettre la comparaison entre images de tailles différentes (en fait, $h(f,\mathbf{c})$ est une fonction densité de probabilité). Si le cardinal de $\mathcal{C}$ est n (nombre de "bins" ou casiers), les histogrammes sont représentés comme des vecteurs de caractéristiques d'un espace n-dimensionnel (espace des histogrammes, $\mathcal{H}^n$).

Dans le cadre de cette thèse, nous avons travaillé avec trois représentations des images couleur : l'espace RVB, l'espace L*a*b* et une version améliorée de l'espace HLS. Si l'on cherche à décrire la distribution couleur d'une image, il faut donc commencer par choisir l'espace couleur. Ensuite, l'information des trois composantes pour un espace quelconque admet aussi plusieurs représentations en forme d'histogrammes. Typiquement, trois histogrammes 1-D ou un histogramme 3-D. D'autres choix concernent le nombre de "bins" ou niveaux utilisés pour construire l'histogramme. Passer de 256 niveaux pour chaque composante à 16 ou 8 permet d'obtenir une représentation plus compacte des couleurs ainsi que plus légère d'un point de vue informatique.

Nous avons présenté dans le chapitre 3 les deux histogrammes bidimensionnels teinte-saturation h_{HS} et luminance-saturation h_{LS} de l'espace HLS, que nous avons utilisés pour la segmentation et pour la détection de certains phénomènes comme les reflets et les ombres des images couleur. Ces histogrammes sont aussi intéressants pour la description de la couleur : comme toujours, on a une séparation de l'information chromatique et de l'achromatique (ce qui peut être utile pour des applications spécifiques) et d'autre part, les histogrammes sont enregistrés sous forme d'images de 256 niveaux en échelle logarithmique, ceci fournit une représentation simple et compacte (seules les régions importantes de l'image sont contenues). Dans la figure 6.24, nous montrons un exemple d'image couleur d'un leucocyte avec les différents histogrammes que nous allons utiliser par la suite.

Evidemment, tous les histogrammes sont des descripteurs couleur invariants par rotation et par translation. De plus, après normalisation à la taille de l'image, les histogrammes sont aussi invariants à la taille/échelle.

D'une manière générale, les histogrammes sont l'une des méthodes les plus efficaces et rapides pour l'appariement d'images couleur, en utilisant une certaine distance métrique. D'ailleurs, en plus de choisir la métrique il faut établir la manière de combiner les distances lorsqu'on utilise les histogrammes unidimensionnels de chacune des trois composantes. Nous allons donner la même importance aux trois histogrammes, de telle sorte que par exemple, pour l'espace RVB, la distance couleur grâce aux histogrammes $h_R(n)$, $h_G(n)$ et $h_B(n)$, entre



(a) (b) (c) (d) (e) (f)

FIG. 6.24 – Histogrammes d'un leucocyte : (a) image couleur, (b) histogrammes $h_R(n)$, $h_G(n)$ et $h_B(n)$, (c) histogrammes $h_{L*}(n)$, $h_{a*}(n)$ et $h_{b*}(n)$, (d) histogrammes $h_H(n)$, $h_L(n)$ et $h_S(n)$, (e) histogramme $h_{HS}(\mathbf{n})$, et (f) histogramme $h_{LS}(\mathbf{n})$.

une image $\mathbf{f}$ et une autre $\mathbf{g}$ selon la métrique d sera :

$$d(h_{RGB}(\mathbf{f},n),h_{RGB}(\mathbf{g},n)) = d(h_R(\mathbf{f},n),h_R(\mathbf{g},n))+d(h_G(\mathbf{f},n),h_G(\mathbf{g},n))+d(h_B(\mathbf{f},n),h_B(\mathbf{g},n)).$$

Nous allons approfondir dans la section suivante l'usage des histogrammes pour une application bien précise.

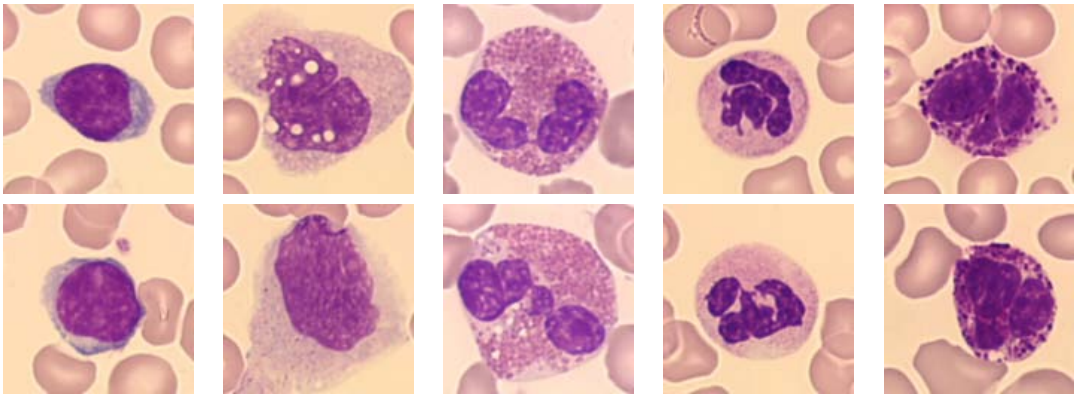
6.9 Application des granulométries et des histogrammes couleur à l'étude des leucocytes

6.9.1 Classification de leucocytes

Les leucocytes, ou globules blancs du sang, sont subdivisés en cinq catégories différentes : (Classe 1) *monocytes*, (Classe 2) *neutrophiles*, (Classe 3) *basophiles*, (Classe 4) *eosinophiles* et (Classe 5) *lymphocytes*.

Lorsqu'on examine au microscope une goutte de sang périphérique, coloré avec May-Grünwuald Giemsa, et sous un grossissement important (typiquement $\times 100$), les cinq classes de leucocytes peuvent être différenciées selon leurs caractéristiques morphologiques et spectrales (voir les exemples montrés dans la figure 6.25).

La différentiation ou classification des leucocytes à partir des images de sang périphérique est un problème classique de l'analyse d'image, qui a commencé il y a quatre décennies (en fait, il s'agit de l'un des premiers sujets d'automatisation en imagerie) [129][214][302][20], pour lequel des approches continuent à être proposées [118][263][27]. Récemment a été présentée aussi une approche de classification des leucocytes à partir de granulométries morphologiques [270].



(a) (b) (c) (d) (e)

FIG. 6.25 – Exemples d'images couleur de leucocytes : (a) lymphocytes, (b) monocytes, (c) eosinophiles, (d) neutrophiles et (e) basophiles.

Dans ce qui suit, nous évaluons les différentes alternatives d'histogrammes couleur et de distances pour la classification automatique des leucocytes. Nous nous proposons aussi de comparer l'application des granulométries aux images des leucocytes pour tenter leur classification, ainsi que d'étudier la manière d'intégrer la couleur et la morphologie pour obtenir un classificateur plus performant.

Pour les expériences décrites nous avons employé 123 images couleur de leucocytes (mélange des 5 classes de leucocytes). Comme pour la forme du cytoplasme ou la texture de la chromatine, l'étude expérimentale est divisée en deux modes : l'étape d'apprentissage avec 51 leucocytes et l'étape de test avec 74 leucocytes. Toutes les images ont été manuellement classifiées.

Dans chaque image couleur, le contenu est similaire : un leucocyte sur un fond de plasma (jaune) entouré de quelques hématies (rosées). Notre but est d'arriver à classifier les leucocytes sans devoir segmenter l'image. Une autre difficulté est le fait que, même si les images ont été acquises dans des conditions contrôlées (calibration de la couleur), la couleur des cellules est le résultat d'une méthode de coloration histo-chimique, ce qui, comme nous allons le voir, nous oblige à définir des techniques de normalisation de la couleur.

6.9.2 Etude de la combinaison de la couleur et de la texture granulométrique

Histogrammes couleur

Tout d'abord, nous obtenons tous les histogrammes des images : $\{h_R, h_G, h_B\}$, $\{h_{L*}, h_{a*}, h_{b*}\}$, $\{h_H, h_L, h_S\}$ et $\{h_{HS}, h_{LS}\}$. A partir de l'ensemble d'images d'apprentissage, nous avons calculé un histogramme moyen de chaque catégorie ainsi que les vecteurs des variances de chaque catégorie. Pour les histogrammes bivariables $\{h_{HS}, h_{LS}\}$ on n'a calculé que l'histogramme moyen, sans les variances (on ne pourra pas utiliser la distance de Mahalanobis).

Maintenant, en travaillant dans le cadre de "template matching", il est possible d'utiliser une métrique pour classifier chacune des 74 images à tester. Dans la section 2 de ce chapitre,

	$CCR(\%)$			
Histogrammes	$d_\cap$	d_E	d_{χ^2}	d_M
$\{h_R, h_G, h_B\}$	18.05	2.77	18.05	**20.83**
$\{h_{L*}, h_{a*}, h_{b*}\}$	**34.72**	18.05	31.94	23.61
$\{h_H, h_L, h_S\}$	**30.55**	23.71	29.16	16.66
h_{HS}	25.00	**29.16**		
h_{LS}	8.33	**33.33**		

(a)

	$CCR(\%)$			
Spectres de forme	$d_\cap$	d_E	d_{χ^2}	d_M
$\{PS_R, PS_G, PS_B\}$	19.44	**62.50**	61.11	25.00
PS_L		**73.61**		
PS_H		**70.83**		
$\{PS_L, PS_H\}$		**73.63**		

(b)

FIG. 6.26 – Performances comparatives dans la classification des leucocytes : (a) histogrammes couleur et (b) spectres de forme appliqués aux images couleur.

nous avons présenté quatre distances métriques pour les histogrammes : (1) intersection normalisée d'histogrammes, $d_\cap$, (2) distance euclidienne, d_E, (3) distance par métrique χ^2, d_{χ^2} et (4) distance de Mahalanobis, d_M. Nous avons donc évalué la performance des histogrammes par rapport aux distances. Dans le cas des histogrammes bi-variables, nous avons utilisé seulement la distance intersection et la distance euclidienne. Par ailleurs, nous déterminons la performance séparée pour h_{HS} et pour h_{LS} (avec les histogrammes 1-D la distance totale est la somme des trois distances). Les résultats sont donnés dans le tableau (a) de la figure 6.26.

En regardant les résultats, une première conclusion est que les distances par intersection et par métrique χ^2 sont généralement plus robustes pour les histogrammes 1-D (et plus faciles à calculer que la distance de Mahalanobis!). Pour les histogrammes bi-variables, la distance euclidienne fonctionne relativement mieux que les autres. Toutefois, le meilleur résultat obtenu (35%), avec $d_\cap$ dans l'espace L*a*b*, est insuffisant. La pire précision, 2.77%, est obtenue en prenant des histogrammes RVB avec la distance euclidienne.

Granulométries couleur

Si l'on regarde les leucocytes, on observe que la morphologie (on pourrait même dire la granularité) permet aussi d'identifier les cinq classes. Il est donc logique d'utiliser les courbes granulométriques pour voir si les résultats de classification s'améliorent.

Etant donné qu'il s'agit d'images couleur, il faut établir la méthode d'application des granulométries. On pourrait penser appliquer une famille d'ouvertures (fermetures) vectorielles dans un treillis totalement ordonné, voir le chapitre 4. Cependant, cette approche lourde en calcul ne s'avère pas intéressante pour la quantification, et nous préférons travailler sur une approche marginale à la couleur : composante par composante.

La plus simple consiste à obtenir le spectre de forme (par ouvertures et par fermetures) pour chaque composante R, V et B. En effet, quelques tests préliminaires nous ont montré que même si les trois composantes R, V et B sont fortement corrélées, les résultats sont meilleurs avec les trois qu'avec par exemple seulement V. On a donc pour chaque image :

$$\{-n, 0, n\} \rightarrow PS_R = \{PS_\Phi(f_R, -n), 0, PS_\Gamma(f_R, n)\}, 4 \leq n \leq 100,$$
$$\{-n, 0, n\} \rightarrow PS_G = \{PS_\Phi(f_G, -n), 0, PS_\Gamma(f_G, n)\}, 4 \leq n \leq 100,$$
$$\{-n, 0, n\} \rightarrow PS_B = \{PS_\Phi(f_B, -n), 0, PS_\Gamma(f_B, n)\}, 4 \leq n \leq 100,$$

Voir un exemple dans la figure 6.27(a). Ensuite, pour chaque distance métrique nous allons considérer la somme des trois distances, i.e. pour les images couleur $\mathbf{f}$ et $\mathbf{g}$ en RVB on aura :

$$d(PS(\mathbf{f}), PS(\mathbf{g})) = d(PS(f_R), PS(g_R)) + d(PS(f_G), PS(g_G)) + d(PS(f_B), PS(g_B))$$

Nous avons essayé aussi une façon alternative d'appliquer le spectre de forme aux images couleur. Si on prend l'espace HLS, il semble logique d'obtenir un spectre de forme pour la composante luminance L puis, après avoir fixé une série d'origines de la composante teinte, d'obtenir une image de distance à chaque origine h_0 (pour mettre en évidence les objets de couleur $h_0 + 180^o$) : $f_H \div h_0$, voir les méthodes de manipulation de la teinte dans le chapitre 4. De cette manière, on aura une courbe granulométrique selon la luminance des structures :

$$\{-n, 0, n\} \rightarrow PS_L = \{PS_\Phi(f_L, -n), 0, PS_\Gamma(f_L, n)\}, 4 \leq n \leq 100,$$

et une courbe granulométrique pour chaque origine de teintes :

$$n \rightarrow PS_{H \div H_0} = PS_\Gamma(f_H \div h_0, n), 4 \leq n \leq 100.$$

Pour la teinte on n'applique qu'une famille d'ouvertures car nous allons prendre une série d'origines h_0 qui vont parcourir le cercle unité, et pour les origines $h_0' = h_0 + 180^o$, les structures claires correspondent aux structures sombres de h_0, images de la figure 6.27.

Pour les images des leucocytes, nous avons calculé six images de distance $h_0 = 0^o$, 60^o, 120^o, 180^o, 240^o, 360^o. Dans ce cas, la distance pour deux images couleur sera la somme des 6 distances. PS_H va dénoter de façon compacte l'ensemble des six courbes $PS_{H \div H_0}$.

Comme pour les histogrammes, nous avons calculé les spectres de forme moyens de chaque catégorie (modèles) et ensuite nous avons évalué les différentes distances pour l'espace RVB. Les résultats sont résumés dans le tableau (b) de la figure 6.26. Comme nous l'avions déjà constaté lors de l'étude de la chromatine, la meilleure distance pour les courbes granulométriques est la distance euclidienne ; pour PS_L et PS_H nous n'avons appliqué que celle-ci. On s'aperçoit que les résultats des granulométries sont sensiblement meilleurs que ceux des histogrammes ; de plus, travailler sur la luminance (par rapport aux composantes rouge, verte, bleue) améliore les résultats de 10%. La série de teintes aboutit aussi à une belle performance, plus de 70%.

Intégration de la couleur et de la texture

L'utilisation d'un seul attribut pour l'appariement ou la classification des images peut manquer d'une information discriminatoire suffisante. Dans le cas de l'indexation par le

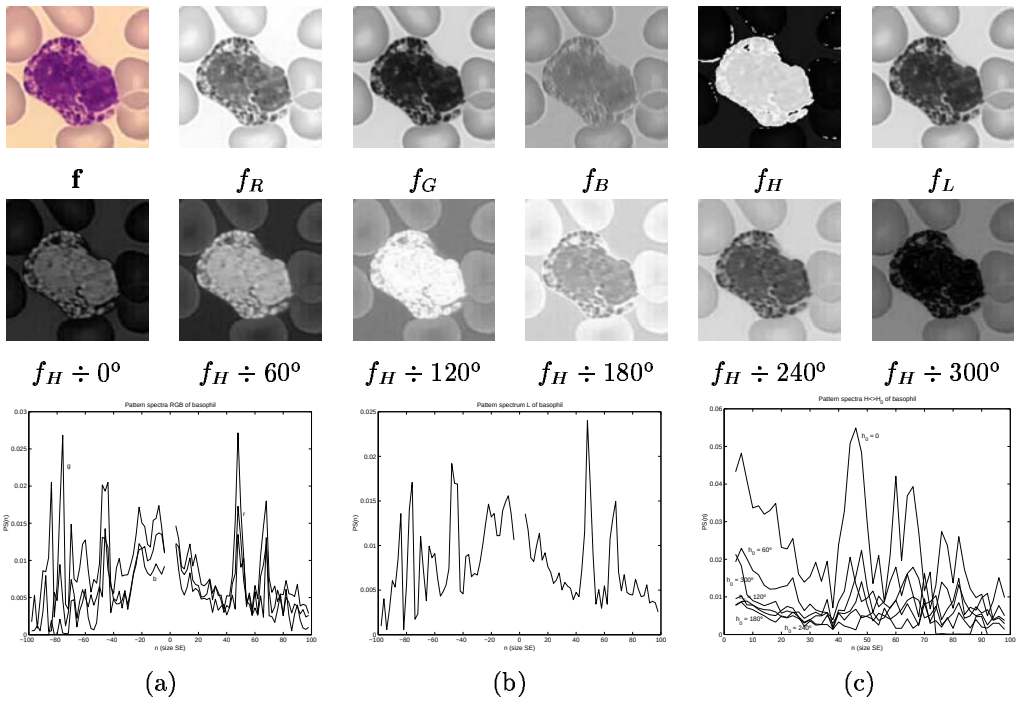


FIG. 6.27 – Courbes granulométriques de l'image couleur d'un leucocyte (composantes rouge, verte, bleue, teinte et luminance) : (a) spectres de forme des composantes RVB, (b) spectre de forme de la luminance L, (c) spectres de forme des teintes $H \div H_0$, en prenant six origines $H_0 = 0°$, $60°$, $120°$, $180°$, $240°$, $360°$.

contenu et afin d'augmenter la précision des requêtes, les résultats obtenus par différentes caractéristiques doivent être intégrés.

Dans notre approche pour les leucocytes, les caractéristiques de couleur (distributions spectrales pour différents espaces de représentation) et de texture morphologique (courbes granulométriques) sont définies par des histogrammes, où la mesure de similitude est faite à l'aide de distances. Dans ce cas, les résultats de couleur et morphologie peuvent être intégrés en combinant les valeurs associées de distance.

La combinaison linéaire pondérée des distances est une méthode possible. Par exemple, nous pouvons définir une distance intégrée entre l'image Q et l'image I par :

$$d(Q,I) = \frac{\omega_c d(h_Q, h_I) + \omega_t d(PS_Q, PS_I)}{\omega_c + \omega_t},$$

où ω_c et ω_t sont les poids assignés à la distance selon l'histogramme couleur et à la distance selon le spectre de forme, respectivement [132]. Evidemment, avant de pouvoir combiner les distances de caractéristiques différentes il faut normaliser chaque distance à la valeur maximale qu'elle pourrait donner.

On peut aussi envisager des méthodes de combinaison non linéaire [196] : stratégies de vote majoritaire, arbres de décision, etc., i.e.

$$d(Q,I) = \xi(d(h_Q, h_I), d(PS_Q, PS_I))$$

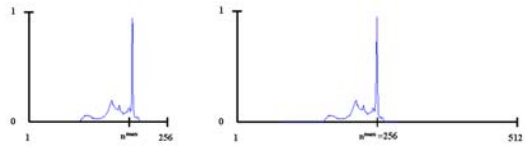
où ξ représente une fonction de combinaison quelconque.

Nous avons réalisé quelques tests pour la méthode de combinaison linéaire et pour une méthode de vote pondéré. Plus spécifiquement et pour simplifier les choses, nous utilisons la meilleure distance pour chaque ensemble d'histogrammes unidimensionnels et les courbes granulométriques RVB avec la distance euclidienne.

- *Combinaisons linéaires pondérées* : Le choix de ω_c et de ω_t doit être déterminé plus ou moins empiriquement. Il y a beaucoup de possibilités, par exemple, le plus simple est de pondérer également $\omega_c = \omega_t = 1$. Une autre possibilité consiste à choisir des poids sur la base de la précision individuelle des caractéristiques [132]. Etant donné que pour les distances en étude, la classification selon la couleur fournit un CCR entre 20.83% et 34.72% dans le meilleur cas, et que la classification selon la texture morphologique fournit une précision de 62.50%, nous avons choisi $\omega_c = 3$ et $\omega_t = 7$. Le tableau de la figure 6.28 présente les résultats de classification en pondérant les distances. Nous observons que les résultats sont insuffisants, le meilleur est seul de 31.72%. Par conséquent une approche par combinaison linéaire ne garantit pas une meilleure précision.
- *Stratégie de vote pondéré* : La méthode de vote pondéré fonctionne comme suit. En réponse à l'opération d'appariement, chaque caractéristique donne la similitude aux cinq catégories modèles. Les grades de dissimilitude de chaque caractéristique peuvent alors être combinés par une somme pondérée pour produire une distance globale à chaque catégorie modèle selon la combinaison des caractéristiques. Soyons plus précis. Après avoir ordonné la distance euclidienne des granulométries RVB, 40 votes $\{12, 10, 8, 6, 4\}$ sont distribués entre les 5 distances des classes de leucocytes (la distance la plus petite aura 12 votes, la suivante 10, etc.). De la même manière, selon la distance des

	$CCR(\%)$	
	Combinaisons linéaires pondérées	
	$\omega_c = 1,\ \omega_t = 1$	$\omega_c = 3,\ \omega_t = 7$
$d_M(h_{RGB}(Q), h_{RGB}(I))$ et $d_E(PS_{RGB}(Q), PS_{RGB}(I))$	22.55	25.10
$d_\cap(h_{HLS}(Q), h_{HLS}(I))$ et $d_E(PS_{RGB}(Q), PS_{RGB}(I))$	26.30	30.12
$d_\cap(h_{L*a*b*}(Q), h^{L*a*b*}(I))$ et $d_E(PS_{RGB}(Q), PS_{RGB}(I))$	24.62	31.72
	Stratégie de vote pondéré	
	20 votes couleur, 40 votes texture	
	30.55	

FIG. 6.28 – Performance comparative de quelques approches d'intégration des distances couleur et des distances texture.



(a) (b)

FIG. 6.29 – Normalisation par rapport au fond de l'image (plasma) en centrant l'histogramme.

histogrammes, 20 votes $\{6, 5, 4, 3, 2\}$ sont distribués pour chaque histogramme couleur. Ensuite, les votes de chaque classe sont ajoutés et donc la classe la plus votée est la catégorie assignée. Le CCR obtenu est égal à 30.55%, ce qui démontre que cette technique d'intégration n'est pas très bonne.

Normalisation de la distribution de couleur

Tels que nous les avons montrés, les résultats d'utilisation des histogrammes couleur ont été assez décevants. Nous savons que ceci est dû au fait que les petites variations dans le processus de coloration ont une influence très forte sur certaines composantes couleur (la couleur mesurée est justement le résultat de l'effet de coloration sur les structures biologiques). Une manière d'améliorer la classification par la couleur consiste à normaliser les histogrammes, en essayant de trouver une couleur de référence qui soit la même dans toutes les images et qui nous permettrait un certain contrôle de la procédure de coloration. En effet, nous savons que la couleur du plasma sanguin (le fond jaune sur lequel sont placées les cellules) doit être constante et très uniforme.

- *Normalisation des histogrammes unidimensionnels* : L'uniformité spectrale implique que le mode correspondant de l'histogramme soit très étroit et nous avons confirmé que ce mode est le maximum de l'histogramme pour les neuf histogrammes unidimensionnels. La détection du maximum est directe et donc la normalisation par rapport au fond peut

être mise en œuvre facilement pour chaque composante.
L'histogramme est *centré* selon le maximum (en pratique, les 256 valeurs sont copiées sur un vecteur de 512 ce qui permet ensuite de les décaler par rapport au maximum centré sur 0, voir la figure 6.29). Après, les distances sont calculées en utilisant les nouveaux histogrammes centrés. Cette normalisation implique une amélioration notable sur les histogrammes $\{h_H, h_L, h_S\}$: la précision pour la distance $d_\cap$ après la normalisation est de 55.55% (30.55% sans normalisation). Dans le cas des histogrammes $\{h_R, h_G, h_B\}$ et $\{h_{L*}, h_{a*}, h_{b*}\}$ cette normalisation très simple n'améliore pas les résultats.

– *Normalisation des histogrammes bidimensionnels* : Lors de l'étude sur la normalisation des histogrammes $\{h_H, h_L, h_S\}$, nous avons constaté que centrer l'histogramme est intéressant surtout pour les composantes chromatiques (teinte et saturation). Nous proposons donc de trouver une méthode pour normaliser géométriquement l'histogramme bi-variable h_{HS} (pour h_{LS} la normalisation n'a pas d'intérêt). Etant donné qu'il s'agit d'un histogramme en coordonnées polaires, nous pouvons trouver le centroïde de la distribution à niveaux de gris pour le centrer et ensuite trouver l'orientation principale pour la rotation. Les équations qui nous donnent le centre de masses $(\bar{x}, \bar{y})$ et l'orientation de l'axe principal de symétrie θ d'une distribution à niveaux de gris $f(x, y)$ sont obtenues à partir des moments d'inertie [125][155]. Les moments spatiaux sont calculés par :

$$M[p,q] = \sum_x \sum_y x^p y^q f(x,y), \;\; p,q = 0,1,2,\cdots.$$

Le moment d'ordre zéro $M[0,0]$ est égal au volume de $f(x,y)$ et le centroïde est donné par la normalisation des moments de premier ordre : $(\bar{x}, \bar{y})$: $\bar{x} = M[1,0]/M[0,0]$ et $\bar{x} = M[0,1]/M[0,0]$. Une fois defini le centre de masses, il est possible de calculer les moments centraux de $f(x,y)$:

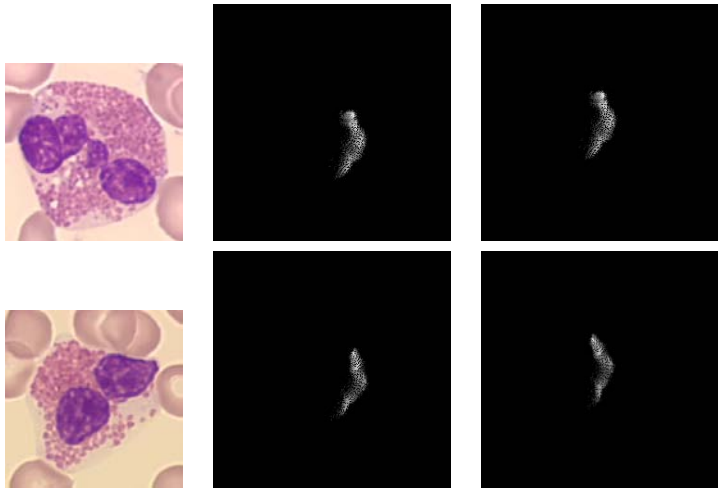
$$U[p,q] = \sum_x \sum_y (x-\bar{x})^p (y-\bar{y})^q f(x,y).$$

Les trois moments centraux de deuxième ordre $U[1,1]$, $U[2,0]$ et $U[0,2]$ sont connus comme moments d'inertie et sont utilisés pour déterminer les axes principaux a et b et l'orientation θ :

$$\begin{aligned} a &= \left[\tfrac{1}{2}(U_{2,0}+U_{0,2}) - \tfrac{1}{2}\sqrt{(U_{2,0}+U_{0,2})^2 + 4(U_{1,1})^2}\right]^{-\frac{1}{2}} \\ b &= \left[\tfrac{1}{2}(U_{2,0}+U_{0,2}) + \tfrac{1}{2}\sqrt{(U_{2,0}+U_{0,2})^2 + 4(U_{1,1})^2}\right]^{-\frac{1}{2}} \end{aligned} \qquad (6.6)$$

$$\theta = \tfrac{1}{2}\arctan\left(\frac{2U_{1,1}}{U_{2,0}-U_{0,2}}\right)$$

Dans la figure 6.30, nous donnons deux exemples du même type de leucocyte mais avec une variation dans la coloration, en montrant les histogrammes h_{HS} avant et après adaptation géométrique. Nous avons appliqué cette normalisation, la performance de la classification pour h_{HS} selon $d_\cap$ est passée de 25% à 38.8% et selon d_E elle est passée de 30% à 68% (comparable aux granulométries !).
Par conséquent, cette méthode de normalisation s'avère très efficace.



(a) (b) (c)

FIG. 6.30 – Exemples de normalisation de l'histogramme h_{HS} : (a) image couleur, (b) histogramme h_{HS}, (c) histogramme orienté et centré h^c_{HS}.

Classification par arbre de décision

La dernière partie de cette étude sur les leucocytes concerne la présentation de l'algorithme final de classification que nous utilisons dans notre plate-forme d'hématologie, voir chapitre 7.

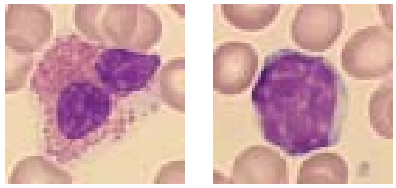
Après que quelques alternatives de combinaison des histogrammes couleur et des courbes granulométriques aient été examinées, nous avons développé une méthode spécifique de type arbre de décision.

Afin d'avoir un algorithme simple et rapide, nous allons prendre les spectres de forme marginaux des composantes RVB, $\{PS_R, PS_G, PS_B\}$, avec la distance d_E et les histogrammes $\{h_H, h_L, h_S\}$ (normalisés par rapport au fond) avec la distance $d_\cap$ et les histogrammes $\{h_{L*}, h_{a*}, h_{b*}\}$ avec la distance $d_\cap$. L'approche est basée sur une utilisation prioritaire des distances selon les granulométries, qui sont ensuite conditionnées aux distances selon les histogrammes. Les conditions de classification sont le résultat d'une étude approfondie des tests préliminaires.

On commence par calculer les distances à chacune des 5 catégories. Les trois vecteurs de distances sont mis en ordre décroissant $\{d_E(PS)\}^k$, $\{d_\cap(HLS)\}^k$ et $\{d_\cap(L*a*b*)\}^k$, $k = 1, 2, \cdots, 5$. Ensuite, il faut vérifier les conditions suivantes :

1 .- Si $\{d_E(PS)\}^1 = 2$ ou $\{d_E(PS)\}^2 = 2 \Rightarrow$ Classe 2
2 .- Si $\{d_E(PS)\}^1 = 1$ ou $\{d_E(PS)\}^2 = 1$ ou $\{d_E(PS)\}^3 = 1$ et $\{d_\cap(HLS)\}^1 = 1 \Rightarrow$ Classe 1
3 .- Si $\{d_E(PS)\}^1 = 4$ ou $\{d_E(PS)\}^2 = 4$ ou $\{d_E(PS)\}^3 = 4$ et $\{d_\cap(HLS)\}^1 = 4$ et $\{d_\cap(L*a*b*)\}^1 = 4$ $\Rightarrow$ Classe 4
4 .- Si $\{d_E(PS)\}^1 = 3$ et $\{d_\cap(HLS)\}^1 = 3 \Rightarrow$ Classe 3
5 .- Si $\{d_E(PS)\}^1 = 5$ ou $\{d_E(PS)\}^2 = 5$ ou $\{d_E(PS)\}^3 = 5 \Rightarrow$ Classe 5
6 .- Si pas encore classifié $\Rightarrow$ Classe $= \{d_E(PS)\}^1$

Pour les 72 cellules à classifier, la précision obtenue est 94.44%, ce qui constitue sans conteste une bonne performance. Nous donnons dans la figure 6.31, deux exemples où la classification a échoué.



(a) (b)

FIG. 6.31 – Deux exemples de leucocytes classifiés de façon erronée : (a) eosinophile classifié comme monocyte, (b) lymphocyte classifié comme monocyte.

6.10 Application du front d'onde à la description morphologique des structures arborescentes et ramifiées

L'étude présentée dans cette section porte sur l'analyse et la description d'objets binaires, dont la structure arborescente ou ramifiée est difficile à quantifier par les moyens classiques. Pour ce faire, la méthode choisie est basée sur le front d'onde morphologique : il s'agit d'étudier l'évolution du nombre de composantes connexes ainsi que les maxima régionaux de la fonction distance géodésique. L'objectif premier est l'application de cette technique à l'analyse de l'organisation des réseaux de cellules endothéliales [12].

D'un point de vue théorique, on reprend en grande partie les résultats de Serra [244], qui introduit une façon de voir le problème de l'analyse de forme sous un angle différent de l'approche classique (principalement basée sur le squelette et sa quantification, voir par exemple Fricout *et al.* [89]).

6.10.1 Front d'onde morphologique

Les notions de chemin géodésique et de boule géodésique sont rappelées dans le chapitre A. Dans ce qui suit, nous supposerons que la référence $Z \in \mathbf{R}^n$ à étudier est un ensemble compact et simplement connexe, i. e., connexe et sans trou.

Fonction de propagation

La valeur de la fonction de propagation t dans un point x de Z est le supremum des longueurs des chemins géodésiques qui commencent dans x et qui sont contenus dans Z [148] :

$$t(x) = \sup_{y \in Z} d_Z(x, y).$$

Lorsque l'ensemble Z n'a pas de trou, la fonction t passe par un unique minimum, mais qui peut correspondre à plusieurs localisations. On en retient alors une, le point c, que l'on appelle le *centre géodésique* de l'objet Z. On voit facilement, de plus, que $B_Z(x, t(c)) = Z$ si et seulement si $x = c$. Pour cette raison, la quantité $t(c)$ est considérée comme le *rayon géodésique* de Z. La fonction t a aussi plusieurs maxima régionaux. Ils sont localisés sur la frontière ∂Z de Z et on les appelle *extrémités* de l'objet. On pourrait aussi dire que la *longueur* de l'objet est le supremum des distances entre couples de points extrêmes. Même s'il existe des algorithmes efficaces pour calculer la fonction de propagation [148], nous préférons revenir aux boules géodésiques.

Boules ultimes

Soit en effet $\overset{\circ}{B}(x, \lambda)$ la boule géodésique ouverte de rayon λ et de centre x et soit λ_0 la borne supérieure des λ tels que $\overset{\circ}{B}(x, \lambda)$ soit strictement inclus dans Z. Comme les compacts

non vides $\left\{ Z \setminus \overset{\circ}{B}(x,\lambda), \lambda < \lambda_0 \right\}$ décroissent et que $\mathbf{R}^n$ est un espace séparé, l'intersection

$$\bigcap_{\lambda<\lambda_0} \left[Z \setminus \overset{\circ}{B}(x,\lambda) \right]$$

est elle-même un compact non vide, dont tous les points sont à la distance maximale λ_0 de x. On appelle *érodé ultime* cette intersection, et $\overset{\circ}{B}(x,\lambda_0)$ *dilaté ultime* du point x.

L'existence de points extrêmes peut s'envisager aussi dans un cadre régional, et non plus global. Il faut supposer que Z et x étant donnés, on peut trouver un $\mu(Z,x) < \lambda_0(Z,x)$ tel que chaque composante connexe de $\left\{ Z \setminus \overset{\circ}{B}(x,\lambda), \mu \leq \lambda \leq \lambda_0 \right\}$ diminue sans se subdiviser. Il suffit alors d'appliquer l'analyse précédente aux ensembles

$$K_i \bigcap \left[Z \setminus \overset{\circ}{B}(x,\lambda) \right], \ \mu \leq \lambda \leq \lambda_0$$

où les K_i, $i \in I$ désignent les composantes connexes de $Z \setminus \overset{\circ}{B}(x,\mu)$. On obtient ainsi les éloignés ultimes du point x.

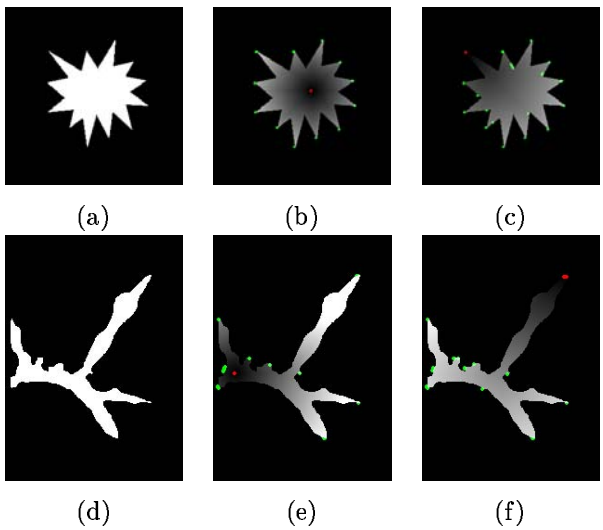


FIG. 6.32 – Deux fonctions distances géodésiques : en rouge, le point x_c, origine de la géodésique ; et en vert, les maxima régionaux de la fonction distance.

Pour construire la fonction distance géodésique de l'ensemble de référence Z, on a besoin d'un marqueur x_c dans l'ensemble. Le choix de x_c conditionnera le front d'onde résultat et par conséquent, toute l'analyse se fait à partir de celui-ci. On pourra, tout d'abord, penser que le point origine doit toujours être le centre géodésique de l'objet, et le recours à la fonction de propagation permet de l'obtenir. Or, l'obtention du centre géodésique est lourde (*a priori*, pour la fonction de propagation on doit construire une fonction distance géodésique correspondant à chaque pixel x de l'ensemble) et pas vraiment nécessaire. Un pixel de l'érodé ultime [148], disons x_c, nous fournit un centroïde intérieur à l'objet. Même si ce x_c n'est pas

le centre géodésique (ni le centre de gravité, ce dernier pourrait être extérieur à l'objet), il n'en est pas suffisamment éloigné pour modifier de beaucoup la position des extrémités, et il est très simple à déterminer.

Dans la figure 6.32, deux objets très différents illustrent cette discussion. Dans le premier, il s'agit d'une particule globalement convexe mais étoilée à petite échelle. Dans ce cas, la géodésique associée au centroïde intérieur, figure 6.32(b) (en rouge), permet d'extraire parfaitement les extrémités (en vert). Le même algorithme fournit aussi les extrémités de la deuxième particule, avec une structure très fortement concave, figure 6.32(e). Pourtant, on ne doit pas oublier que le but est d'étudier aussi les bifurcations des structures arborescentes (comme ce deuxième objet). Pour cela, le front d'onde le plus intéressant semblerait être celui qui balaye l'objet en partant de l'extrémité la plus éloignée. Cette extrémité est obtenue comme le maximum régional le plus contrasté (dynamique la plus grande) de la géodésique associée au centroïde morphologique. La figure 6.32(f) montre la fonction distance géodésique associée à l'extrémité (en rouge), ainsi que les nouvelles extrémités correspondantes (en vert), aussi intéressantes que les premières. Pour une structure quasi-circulaire, le front d'onde excentrique n'est pas très descriptif, figure 6.32(c).

Front d'onde

Les opérations géodésiques sont toujours isotropes, car elles ne mettent en jeu que des cercles (dans le plan) ou des sphères (dans l'espace 3D). Pour éviter des erreurs, on a intérêt à choisir pour boule unité $C(x)$ une forme assez proche du disque euclidien. Puisqu'on travaille dans une trame carrée, on a choisi de travailler avec une distance octogonale (voir chapitre A). Le passage de la boule unité $C(x)$ à sa version géodésique $B_1(x)$ à l'intérieur d'un masque Z n'est autre que

$$B_1(x) = C(x) \cap Z$$

et la boule géodésique $B_n(x)$ de taille n s'obtient par n itérations de la précédente :

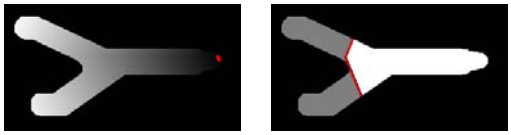
$$B_n(x) = B_1[B_{n-1}(x)] \cap Z.$$

Le front d'onde correspondant, ou cercle géodésique, vaut

$$F_n(x) = B_{n+1}(x) \backslash B_n(x).$$

6.10.2 Description des arborescences par front d'onde

Soit Z un compact et $x \in Z$. Nous proposons d'étudier l'évolution du nombre des composantes connexes du front d'onde $F(x, \lambda)$ issu de x quand, λ augmentant, l'espace Z est balayé. On suppose que les éléments critiques, bifurcations ou confluents, restent en nombre fini quand $\lambda \in [0, \lambda max]$, de sorte qu'on peut toujours trouver au voisinage d'une bifurcation, pour $\lambda = \lambda_0$ un intervalle ouvert $]\lambda_1, \lambda_2[$ de valeurs de λ, contenant λ_0, et dans lequel on ne rencontre pas d'autre bifurcation. On suppose fini le nombre de rameaux qui se regroupent en λ_0. Enfin, comme la bifurcation peut adopter les deux formes duales de la division ou



(a) (b)

FIG. 6.33 – Exemple de bifurcation : (a) Front d'onde et point d'origine (en rouge). (b) Bifurcation λ_0 (en rouge), $\overset{o}{B}(x, \lambda_0)$ (en blanc) et $K(\lambda_0)$ (en gris).

du confluent lorsque λ augmente, on considère conventionnellement que le passage $\lambda_1 \to \lambda_2$ correspond à une division.

Dans la figure 6.33(a) on voit le front d'onde d'un objet Z où le point x est en rouge. La figure 6.33(b) représente le moment précis de la bifurcation : le front d'onde $F(x, \lambda_0)$ apparaît en rouge, $\overset{o}{B}(x, \lambda_0)$ (en blanc) est la boule géodésique ouverte et $K(\lambda_0)$ (en gris foncé) est son complément dans Z, i.e.

$$K(\lambda_0) = Z \setminus \overset{o}{B}(x, \lambda_0).$$

Ainsi, le compact $K(\lambda)$ possède une unique composante connexe, lorsque $\lambda < \lambda_0$ et davantage quand $\lambda > \lambda_0$. Pour déterminer ce qui se passe en $\lambda = \lambda_0$, notons d'abord que s'agissant de compacts, on a

$$\bigcap \{K(\lambda),\ \lambda < \lambda_0\} = K(\lambda_0).$$

Le compact $K(\lambda_0)$ est formé d'une seule composant connexe. Sinon, elles seraient séparées par une distance minimale d, ce qui est incompatible avec le fait que toute dilatation de taille ϵ, avec $0 < \epsilon < d$, le dilaté géodésique de $K(\lambda_0)$ devient connexe. Il s'en suit que le front $F(x, \lambda_0)$ lui-même est connexe, car sinon pour aller d'une de ses composantes à une autre, il faudrait passer par un $K(\lambda)$ avec $\lambda > \lambda_0$, or ces $K(\lambda)$ ne sont plus connexes.

Lorsque Z présente plusieurs bifurcations, la même méthode s'applique à chacun des branchements de la propagation émanant du point x, ce qui partitionne par conséquent l'ensemble Z en tronçons successifs. Il reste à envisager le cas où deux rameaux au moins arrivent au front critique, et au moins deux en partent (branchement en "X"). Dans ce cas, la région connexe intermédiaire est réduite au front en λ_0, car si elle était plus large, on serait ramené au cas précédent, et si elle n'existe pas, il n'y a plus d'élément critique, mais seulement des rameaux disjoints. Lorsqu'il s'agit d'un arbre au sens du langage courant, le découpage reste pratiquement le même pour tous les points pris suffisamment bas dans le tronc. Nous nous sommes intéressés aux structures dites arborescentes ou ramifiées dans un sens plus général, dans lesquelles l'extrémité la plus éloignée ou la plus excentrique pourra être considérée comme la racine, origine du front d'onde. Par ailleurs, on avait dit que Z doit être simplement connexe (i.e. sans trous). Dans ce cas, on peut définir l'arbre comme une partition pour laquelle il n'existe pas de confluents : il n'aura jamais de "cycles" ; Un avantage additionnel de cette hypothèse est la possibilité de représenter l'analyse de la structure comme un arbre au sens des graphes.

6.10.3 L'algorithme

Décrivons l'algorithme de construction du front d'onde, ainsi que celui d'extraction des branches et des extrémités pour étudier une structure arborescente, voir exemple dans figure 6.34. L'analyse comporte plusieurs étapes :

Pré-Filtrage Pour nous assurer qu'il n'y aura pas de trou dans la particule, on pourrait faire une reconstruction géodésique du négatif de l'image en utilisant le contour du bord de l'image comme marqueur ("bouchage des trous", voir chapitre A). Par ailleurs, on aurait tout intérêt à régulariser l'ensemble étudié par une ouverture isotrope, de taille 1 ou 2 (à condition qu'elle ne brise pas la connexité, et pour cela on pourra, par la suite, faire une reconstruction pour obtenir la particule la plus grande).

Centroïde Obtention d'un centroïde intérieur (un pixel de l'érodé ultime pourra jouer le rôle), x_c.

Première fonction distance géodésique et extrémités Construire la fonction distance géodésique qui part du marqueur donné par le centroïde intérieur, $F(x_c)$. Les maxima régionaux de la fonction distance sont les extrémités de celle-ci.

Extrémité plus excentrique Associer à chaque maximum son contraste (ou dynamique) ; ceci nous donne le maximum le plus contrasté qui correspond à l'extrémité la plus éloignée du centroïde (on dira l'extrémité la plus excentrique), x_e.

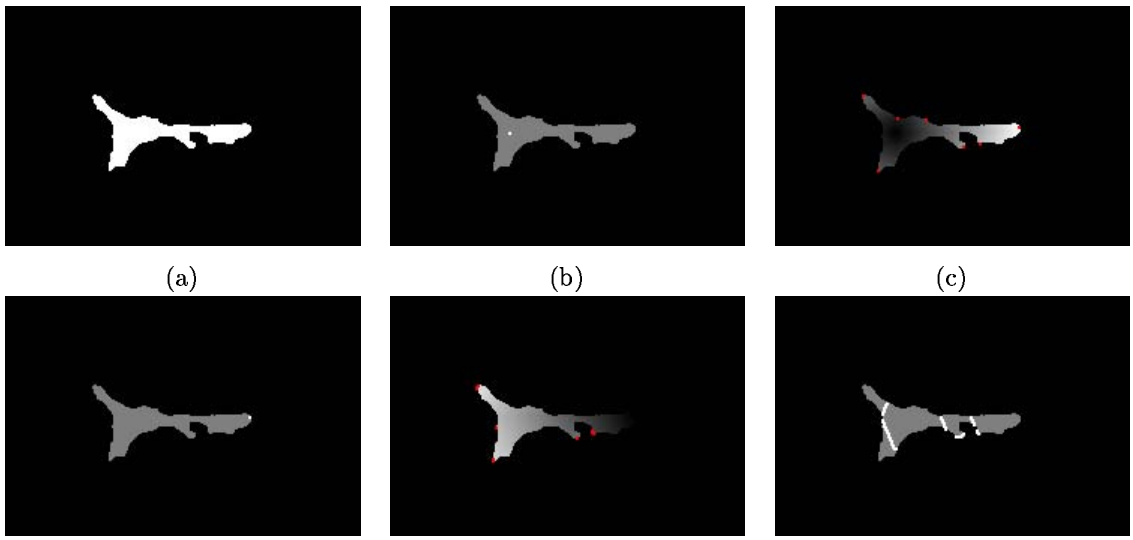
Deuxième fonction distance géodésique et extrémités Construire une deuxième fonction distance géodésique sur le même ensemble, mais qui, cette fois-ci, part du marqueur donné par l'extrémité la plus excentrique, $F(x_e)$. De nouveau, les extrémités ne sont rien d'autre que les maxima régionaux de la fonction géodésique précédente. La position de ces extrémités et leur valeur dans la géodésique seront utilisées comme caractéristiques dans la quantification.

Branchements et quantification L'extraction des branchements, conceptuellement simple, conduit à un traitement plus ou moins lourd. A partir de la fonction distance géodésique, il faut étudier l'évolution des composantes connexes du front d'onde $F(x_e, \lambda)$. A chaque fois qu'une bifurcation est détectée, il faut d'abord prendre sa position et ensuite, étudier les branches définies par leur : taille (surface ou volume), longueur géodésique (λ minimum et maximum de la branche) et position dans l'arborescence (branche supérieure à laquelle elle appartient).

6.10.4 Quantification des branches et des extrémités

Au total, partant de l'ensemble connexe de la structure arborescente, nous sommes arrivés à une segmentation de celle-ci en branches disjointes et en lames de bifurcation, certaines branches contenant une extrémité du front d'onde. A partir de là, on aurait intérêt à considérer l'objet d'étude comme un arbre au sens des graphes, arbre pondéré par le vecteur de ses caractéristiques principales.

Plus précisément, une *arborescence* $k - aire$ est un arbre enraciné orienté dont chaque sommet a au plus k successeurs. Quand $k = 2$, l'arborescence est *binaire* (on parle abusivement



(a) (b) (c)

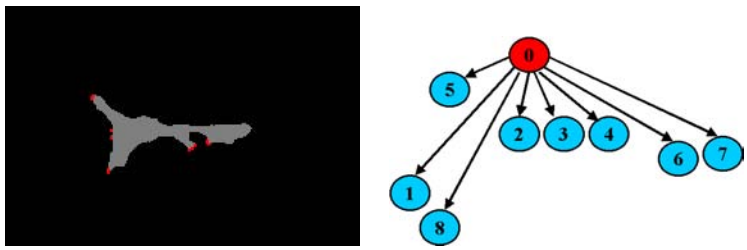
(d) (e) (f)

FIG. 6.34 – Algorithme d'extraction des branches et extrémités : (a) Ensemble de départ (après pré-filtrage). (b) Centroïde intérieur. (c) Fonction distance géodésique associée au centroïde et extrémités. (d) Extrémité la plus excentrique. (e) Fonction distance géodésique associée à l'extrémité et nouvelles extrémités. (f) Branchements.

mais couramment d'arbres binaires). Un arbre $k-aire$ est *complet* si tous ses nœuds ont 0 ou k successeurs. Un *niveau* est un ensemble de nœuds qui ont en commun d'être équidistants de la racine [217].

L'arborescence des extrémités

Les extrémités et leurs caractéristiques prennent la forme d'une arborescence d'un seul niveau ; c'est-à-dire que le nœud racine correspond au point origine du front d'onde et qu'ensuite il y aura une feuille pour chaque extrémité, voir figure 6.35.



(a) (b)

FIG. 6.35 – Exemple d'une arborescence des extrémités.

Les caractéristiques associées à l'extrémité i qui pondèrent le nœud i sont : la position (x_i, y_i) et le λ_i correspondant, $i\ x_i\ y_i\ \lambda_i$.

Donc, pour l'exemple précèdent, nous avons l'arbre suivant :

```
#Ends
0 164 81 0
1 69 110 106
2 123 95 54
3 125 94 54
4 127 92 54
5 136 91 32
6 71 87 95
7 71 82 93
8 58 61 113
```

Nous pouvons obtenir la *longueur géodésique* L de l'ensemble Z, définie par le λ maximum. Par ailleurs, à partir de ce paramètre on pourra donner une mesure objective de l'élongation de l'objet : le *facteur de longueur* ρ [148],

$$\rho(Z) = \frac{\pi L^2(Z)}{4S(Z)}$$

où $S(Z)$ correspond à la surface de Z. Dans l'exemple précèdent : $L = \lambda_8 = 113$, $S = 1458$ et $\rho = 6.878$.

Si on regarde avec attention, on constate qu'il y a des extrémités géométriquement très proches et qui appartiennent au même cercle géodésique (voir nœuds 2, 3 et 4) ou à des cercles proches (voir nœuds 6 et 7) ; par conséquent avec une répétition d'information qui n'est pas nécessaire. De ce fait, à partir de l'arbre nous pouvons *filtrer* les extrémités adjacentes, en *fusionnant* les nœuds correspondants. La méthode de simplification des extrémités implique donc le calcul de deux paramètres pour chaque couple d'extrémités adjacentes i et j :

- Distance de voisinage, $d_v(i,j) = \sqrt{(x_i - x_j)^2 + (y_i - y_j)^2}$
- Proximité de cercle géodésique, $d_c(i,j) = |\lambda_i - \lambda_j|$

On aura besoin de valeurs pour les deux critères de fusion : seuil de la distance maximale de voisinage, d_v^{max} et seuil de la proximité maximale du cercle géodésique d_c^{max}. Avec cette information, les nœuds i et j seront fusionnés si $d_v(i,j) < d_v^{max}$ et si $d_c(i,j) < d_c^{max}$. Le résultat sera un seul nœud i avec ses valeurs correspondantes. Dans l'exemple qui précède , si on fixe les valeurs des seuils à $d_v^{max} = 5$ et $d_c^{max} = 5$, le nouvel arbre est donné par :

```
#Ends_Merging
0 164 81 0
1 69 110 106
2 123 95 54
5 136 91 32
6 71 87 95
8 58 61 113
```

A partir des extrémités, nous pouvons définir aussi un paramètre d'*excentricité géodésique* E^{cc}. Soit $(\overline{x}, \overline{y})$: $\overline{x} = \sum_i x_i / N_{ends}$ et $\overline{y} = \sum_i y_i / N_{ends}$ le centroïde ou centre de masses des positions des extrémités. Ensuite, pour chaque extrémité, on calcule sa distance euclidienne

au centroïde, $d_i = \sqrt{(\overline{x} - x_i)^2 + (\overline{y} - y_i)^2}$. On dit que le paramètre d'excentricité est donné par l'écart type des distances,

$$E^{cc} = \sigma(d_i)$$

L'arborescence des extrémités nous fournit aussi la possibilité d'une étude statistique de la distribution des extrémités (excentricité moyenne, etc.) ou de la comparaison parmi les extrémités de différents objets.

L'arborescence des branchements

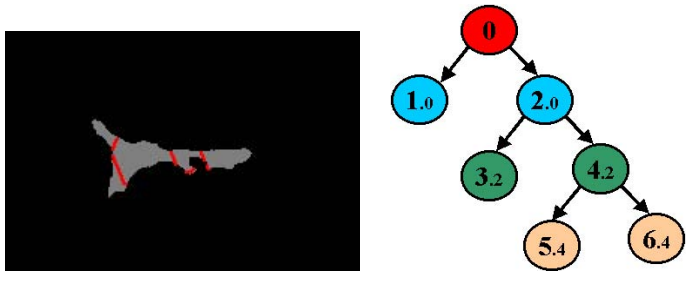
De la même façon, nous allons construire une deuxième arborescence pour les branchements mais cette fois-ci hiérarchique, c'est-à-dire à plusieurs niveaux. Le nœud racine ou nœud 0 correspond de nouveau au point origine du front d'onde et chacun des autres nœuds représente une des branches obtenues après une bifurcation. Pour inclure dans la hiérarchie le nœud i, on doit connaître le nœud père j qui correspond à la branche de la bifurcation précédente du front d'onde, voir figure 6.36.

Dans ce cas-là, les caractéristiques associées à la branche i qui pondèrent le nœud i sont : le nœud père j, la position du centre du branchement (x_i, y_i), la valeur géodésique minimale λmin_i et maximale λmax_i et la surface ou taille de la branche S_i,

$$i\ j\ x_i\ y_i\ \lambda min_i\ \lambda max_i\ S_i$$

l'arbre de l'exemple, qui illustre la démarche, est donné pour l'information suivante :

```
#Branchs
0 -1 164 81 0 113 1458
1 0 134 90 32 32 3
2 0 131 83 32 113 1132
3 2 123 92 52 54 15
4 2 112 84 52 113 950
5 4 75 92 92 106 175
6 4 72 74 92 113 137
```



(a) (b)

FIG. 6.36 – Exemple d'une arborescence des branchements.

L'avantage le plus important de la méthode montrée, c'est le passage qu'on fait d'un objet

binaire à cet arbre pondéré qui décrit ses caractéristiques ; avec cette deuxième structure logique, l'analyse de l'objet peut se faire efficacement.

Par exemple, cette représentation compacte de l'objet binaire met en évidence le fait que les branches détectées n'ont pas toutes la même importance. A partir de la taille assignée à chaque nœud de l'arborescence S_i, on voit facilement que nous pouvons définir une opération dite d'*ébarbulage* : filtrer ou supprimer les branches peu significatives. Sur le graphe, la mise en œuvre de cette transformation consiste à éliminer les nœuds avec un poids plus petit que le seuil donné. Puisque l'on travaille avec une structure hiérarchique, la suppression d'un nœud père implique certainement la suppression de tous ses fils. Après cette opération d'ébranchage de l'arbre, il faudra réorganiser l'arbre pour supprimer par fusion les nœuds *parasites* (une seule arête d'entrée et une seule de sortie).

Dans l'exemple qui précède, si on fixe la taille minimale à la valeur $S^{min} = 20$, les feuilles 1 et 3 sont supprimées et les nœuds 2 et 4 sont fusionnés au nœud 0. Le nouvel arbre est :

```
#Branchs_Pruning
0 -1 164 81 0 113 1458
5 0 75 92 92 106 175
6 0 72 74 92 113 137
```

Puisque nous connaissons la longueur géodésique de chaque branche L_i,

$$L_i = \lambda max_i - \lambda min_i$$

et sa surface S_i, nous pouvons calculer le facteur de longueur de chaque branche ρ_i. Dans l'exemple précèdent :

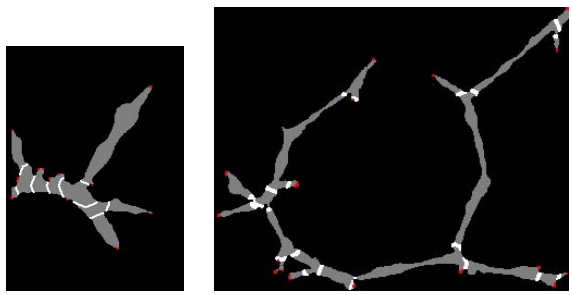
$$\begin{array}{lll} L_0 = 113 & S_0 = 1458 & \rho_0 = 6.878 \\ L_5 = 14 & S_5 = 175 & \rho_5 = 0.880 \\ L_6 = 21 & S_6 = 137 & \rho_6 = 2.624 \end{array}$$

Remarquer que ρ_0 correspond au facteur de longueur de toute la particule.

De la même façon que pour les extrémités, l'arborescence des branchements permet la définition d'autres paramètres et études statistiques ou même la comparaison directe d'objets grâce à leurs arborescences.

6.10.5 Conclusion

Le problème posé est de quantifier la réorganisation *in vitro* de cellules endothéliales en tubes vasculaires sur une membrane basale reconstituée. L'analyse quantitative est utilisée pour comparer les caractéristiques morphologiques des tubes et du réseau qui les constituent [12]. Les branchements et les longueurs des tubes dans le réseau sont des caractéristiques importantes pour connaître la complexité du réseau via les interconnexions. Deux autres exemples de segmentation de cellules endothéliales sont montrés dans la figure 6.37.



(a) (b)

FIG. 6.37 – Résultats de l'approche pour deux composantes connexes des cellules endothéliales : en rouge, les extrémités et en blanc, les bifurcations.

6.11 Conclusions du chapitre

L'objectif principal que nous nous sommes donné dans ce chapitre était de présenter de manière pratique l'utilisation des granulométries et des histogrammes couleur comme descripteurs quantitatifs ou signatures pour la classification et l'indexation par le contenu.

Nous avons montré que ces descripteurs sont très bien adaptés pour caractériser les entités morphologiques qu'on étudie en microscopie biomédicale : cellules de forme et couleur différentes, chromatine nucléaire de texture variable, agrégats cellulaires, extraction de spots similaires, réseaux cellulaires, etc...

Certaines des applications sont relativement classiques en cytologie quantitative (e.g. forme cellulaire, texture de la chromatine nucléaire), d'autres sont plus originales comme l'étude des amas, les distributions de spots ou les arborescences par front d'onde. La combinaison de la couleur et de la forme-texture apporte aussi de nouvelles perspectives pour d'autres applications.

Nous avons aussi illustré que lorsqu'on travaille avec des spectres morphologiques ou avec des histogrammes, le simple appariement basé sur des distances peut constituer une bonne méthode pour mesurer la similarité à une certaine catégorie ou classe. Evidemment, ces descripteurs peuvent être utilisés avec d'autres techniques de classification supervisée plus sophistiquées, notamment les réseaux de neurones, susceptibles de fournir des résultats plus performants. Comme dans tous les problèmes de classification supervisée, le choix adéquat et représentatif des données pour l'étape d'apprentissage ainsi que la définition correcte des classes est d'une importance fondamentale pour aboutir à des classificateurs efficaces et robustes. Ceci est moins critique dans le contexte d'indexation et de recherche par la similitude du contenu.

Les descripteurs pour la couleur, la texture et la forme que nous avons étudiés dans ce chapitre sont aussi valables pour d'autres domaines d'application.

Les études sur la forme du cytoplasme des lymphocytes, la texture de la chromatine des lymphocytes et l'identification des leucocytes sont à la base des algorithmes correspondants de la plate-forme pour la lecture des images d'hématologie cellulaire que nous présentons dans le chapitre suivant. Nous allons voir aussi dans ce chapitre 7 d'autres méthodes d'extraction de caractéristiques (forme nucléaire, détection de nucléoles, etc.) spécifiquement développées pour les lymphocytes et qui sont difficilement généralisables à d'autres domaines.

Chapitre 7

Plate-forme pour l'hématologie cellulaire

Malgré d'importantes avancées en biologie moléculaire, génétique, etc., le recours à l'analyse et à la quantification microscopique occupe encore une place importante dans l'anatomopathologie, la cytologie et l'hématologie cellulaire. Comme pour toutes les disciplines qui s'appuient sur l'image numérique, les progrès technologiques en informatique et en télécommunications ont permis le développement d'applications en ligne pour l'échange d'informations, les demandes de diagnostic auprès de réseaux d'experts, les consultations de bases de données, etc... Une mise en œuvre efficace et robuste de ce type d'applications de télémédecine (ou plus précisément de télépathologie) est toutefois limitée par le manque de standardisation et de contrôle de qualité des préparations et par le faible échantillonnage dans le choix des images à transmettre [86].

Or, l'usage de microscopes à platine robotisée, contrôlés par logiciel, peut aider à surmonter le manque de qualité et de représentativité des échantillons. La notion de "champ large" donne accès à des échantillons de grande taille obtenus par juxtaposition ou mosaïquage de champs conjoints visualisés à un fort grossissement du microscope [141].

Par ailleurs, la mesure objective des entités morphologiques, grâce à des outils de traitement d'image et de reconnaissance de formes, fournit des descripteurs morphologiques puissants pour assister le médecin dans le diagnostic, pour l'indexation des dossiers d'images dans des bases de données, etc. [267] [170] ; avec des applications plus spécifiques à l'hématologie cellulaire [67] [88]. Quelques systèmes commerciaux d'automatisation en hématologie cellulaire et téléhématologie sont aussi en cours de développement : CellaVision (www.cellavision.com) et Sysmex LAFIA (www.sysmex.com).

Les avantages premiers d'une telle démarche sont au nombre de trois : (1) les descripteurs sont objectifs, (2) les mesures sont reproductibles automatiquement, (2) le système dispose de "mémoire" (toutes les études précédentes peuvent être indexées et donc consultables dans la base de données, avec la possibilité d'appariement par contenu). Par ailleurs, ce type d'approches quantitatives fournit les outils nécessaires pour avancer dans le consensus nécessaire à toutes les disciplines en médecine expérimentale.

Parmi les premières applications de la morphologie mathématique il faut citer la cytologie quantitative, et notamment les travaux de F. Meyer [173, 175]. Depuis lors, la morphologie mathématique a démontré à de multiples reprises être une méthodologie très puissante pour l'étude des images tirées de la cytologie quantitative [153][150, 151].

En collaboration avec le Pr. G. Flandrin (Unité de Télémédecine, Hôpital Necker, Paris) et la société française TRIBVN (dirigée par J. Klossa et spécialisée dans le développement et la commercialisation de stations de microscopie), nous avons entrepris dans le cadre du projet MATCHCELL d'utiliser les possibilités offertes par les outils morphologiques à partir des images acquises sur microscope à platine motorisée pour automatiser les mesures cytologiques dans des domaines appropriés du sang périphérique. Nous présentons dans ce chapitre les résultats principaux de ce travail de recherche.

7.0.1 Cytomorphologie des cellules sanguines

Le sang est composé de cellules sanguines en suspension dans le plasma. Leur morphologie peut être étudiée sur un frottis coloré au *May-Grünwald Giemsa, MGG* (voir ci-dessous).

Nous allons décrire ici l'aspect morphologique en microscopie optique des types cellulaires présents dans le sang périphérique [210], voir des exemples dans la figure 7.1.

Les globules rouges ou hématies

Les hématies sont des cellules anucléées dont le constituant essentiel est une hémoprotéine de liaison de l'oxygène : l'hémoglobine. Le rôle principal de ces cellules est d'assurer le transport de l'oxygène et du gaz carbonique entre les alvéoles pulmonaires et les tissus.

Il s'agit d'une cellule de $5\mu m$ à $7\mu m$ de diamètre d'aspect homogène. Ce sont des cellules biconcaves, aplaties au centre ayant un aspect de disque. Son épaisseur est d'environ $2\mu m$. Son volume moyen est de $90\mu m^3$. Le nombre de globules rouges est d'environ $5 \times 10^6/mm^3$, taux un peu plus élevé chez l'homme que chez la femme.

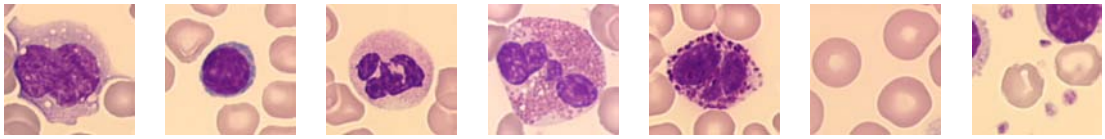
Les monocytes

Ces cellules constituent entre 2 à 10% des leucocytes (ou globules blancs). Elles apparaissent arrondies, ayant un diamètre de 15 à $20\mu m$. Le cytoplasme est bleu grisâtre au MGG et a un aspect un peu granuleux. Le noyau est central, en fer à cheval ou en E. Elles appartiennent au système mononucléé phagocytaire.

Les lymphocytes

Ce sont des leucocytes mononuclés au rapport nucléo/cytoplasmique élevé. Ces sont des cellules de petite taille, environ $7\mu m$ de diamètre avec un noyau occupant la quasi totalité de la cellule. Dans le cas normal, leur forme est régulière, arrondie. Il existe une petite frange cytoplasmique périphérique. Le noyau est sphérique et dense. Ces caractéristiques peuvent changer dans des situations pathologiques, comme nous allons le voir.

Tous les lymphocytes sont semblables sur le plan morphologique mais il existe plusieurs groupes de lymphocytes mis en évidence par des marqueurs antigèniques de membrane :



(a) (b) (c) (d) (e) (f) (g)

FIG. 7.1 – Aspect morphologique en microscopie optique (colorés au MGG) des globules blancs : (a) monocytes, (b) lymphocytes, (c) neutrophiles, (d) éosinophiles, (e) basophiles ; (f) des hématies et (g) des plaquettes.

les lymphocytes B et les lymphocytes T, dont la maturation se fait au niveau du thymus. On décrit également un troisième groupe apparenté aux lymphocytes T : les cellules NK ou "natural Killer". La population lymphocytaire sanguine comprend 8 à 12 % de lymphocytes B, 70 à 80 % de lymphocytes T et 5 à 15 % de cellules NK.

Ces cellules sont responsables des réponses spécifiques immunitaires. Les lymphocytes B effectuent leur différenciation dans la moelle osseuse, sont responsables de l'immunité humorale et peuvent fabriquer les anticorps ou immunoglobulines après présentation de l'antigène par une cellule présentatrice d'antigène (macrophages, cellules folliculaires, cellules dendritiques). Les lymphocytes B possèdent des immunoglobulines de membrane qui constituent le marqueur phénotypique de ces cellules. La fabrication des anticorps se fait au niveau des organes lymphoïdes secondaires où les lymphocytes se transforment en plasmocytes.

Les lymphocytes T acquièrent leur différenciation au niveau du thymus. Les lymphocytes T matures expriment le récepteur de membrane CD3. Les lymphocytes T participent à la réponse immunitaire humorale en stimulant ou en freinant la production d'anticorps par les lymphocytes B mais sont également impliqués dans l'immunité cellulaire et sécrètent des cytokines ou lymphokines.

Les neutrophiles

Ce sont les polynucléaires les plus nombreux, de 40 à 75 % de l'ensemble des globules blancs. Leurs granulations spécifiques sont neutrophiles.

Ce sont des cellules d'environ $12\mu m$ de diamètre, le noyau est généralement trilobé (le nombre de lobes varie de 2 à 5 et est un indice de maturation de la cellule). Le cytoplasme apparaît clair, non colorable au MGG.

La fonction de ces neutrophiles est la défense non spécifique de l'organisme et notamment la lutte anti-bactérienne.

Les éosinophiles

Ces cellules représentent 1 à 3 % des globules blancs. Les granulations spécifiques des éosinophiles sont acidophiles.

Leur diamètre est de 10 à $14\mu m$, le noyau est généralement bi-lobé, le cytoplasme apparait orangé au MGG, d'aspect granuleux à cause de la présence des granulations spécifiques.

La fonction des éosinophiles est la participation, en synergie avec d'autres cellules, aux réactions d'hypersensibilité immédiate et retardée.

Les basophiles

Ces cellules sont les moins nombreuses des polynucléaires (0 à 1 % de l'ensemble des globules blancs).

Ces cellules ont un diamètre de 10 à 14μm. Leur noyau est irrégulier, peut prendre un aspect en trèfle, qui est généralement masqué par les nombreuses granulations métachromatiques qui apparaissent pourpres au MGG.

Les fonctions de cette cellule sont les manifestations allergiques de type immédiat.

Les plaquettes

Leur fonction est de jouer un rôle fondamental dans les phénomènes initiaux de coagulation. Elles sont douées de propriétés d'adhésion et d'agrégation.

En microscopie optique, les plaquettes sanguines ou thrombocytes sont des fragments cellulaires anucléés de 2 à 5μm de diamètre. On distingue deux zones : le centre de la cellule (chromomère) contenant des granulations et la périphérie (hyalomère) plus homogène.

7.0.2 La coloration May-Grünwald Giemsa

L'observation microscopique de frottis sanguins nécessite une coloration préalable. Un consensus ancien a montré l'intérêt de la coloration de *May-Grünwald Giemsa* pour des applications médicales principalement en hématologie et en parasitologie. La réalisation quotidienne de cette coloration pour tous les laboratoires du secteur public ou privé constitue encore une des bases essentielles de la pratique hématologique. La coloration dite de *May-Grünwald Giemsa* préconisait l'emploi successif de deux mélanges complexes de colorants, la solution de *May-Grünwald*, mélange neutre d'éosine et de bleu de méthylène en solution alcoolique, et la solution de *Giemsa* ajoutant aux colorants précédents l'azur. Le principe de cette coloration repose sur une fixation en milieu alcoolique dans le liquide de *May-Grünwald* qui, dilué dans un second temps en milieu aqueux permet la dissociation du colorant neutre et son action colorante, tout ceci en contrôlant le pH qui doit être voisin de 7.

Les hématies sont principalement colorées par l'action du *May-Grünwald*, l'action du *Giemsa* permettant la coloration des leucocytes tout en modifiant légèrement la couleur des hématies. Les résultats des affinités tinctoriales sont définis comme suit : hématies de couleur rouge-brique d'intensité moyenne. L'importance qu'il y a à obtenir ce type de résultat tient à la nécessité de bien distinguer les dominantes "basophiles", de couleur bleue, des dominantes "acidophiles", de couleur tirant sur le rouge [28].

7.1 Le projet MATCHCELL

Le projet MATCHCELL a été une coopération entre TRIBVN / ARCHE-Pr. Flandrin / ARMINES-CMM qui s'est déroulée pendant neuf mois, avec une subvention BIO CRITT

Ile-de-France (Centre Régional d'Innovation et de Transfert de Technologie Biomédicale).

L'objectif du projet MATCCHELL était d'étudier la possibilité de développement d'une solution de description quantitative de cellules nucléées du sang à partir d'étalements observés au microscope, en vue d'une implantation dans les stations d'imagerie diagnostiques proposées par la société TRIBVN aux laboratoires de biologie. Compte tenu de l'existence de corrélations entre l'aspect des cellules et des tableaux clinico-biologiques, c'est l'étude des cellules anormales des syndromes lymphoprolifératifs qui a été choisie comme modèle d'application.

Un essai de terminologie raisonnée des cellules lymphoïdes anormales avait été réalisé préalablement à cette étude (ARCHE) et elle a servi de première base de comparaison avec l'étude morphométrique (CMM). Cette première confrontation a permis de constater que la première classification cellulaire, bien que plus descriptive que les terminologies classiques, était encore trop marquée par des attendus historiques, et ne permettait pas de "suivre" la démarche quantitative. Une nouvelle classification purement analytique déclinant en degrés chaque paramètre cellulaire semble maintenant répondre convenablement à cet objectif et représente un des aboutissements de l'étude. Les autres résultats du projet ont été la conception d'un processus de production en routine des images ainsi que l'approche d'analyse morphologique des frottis sanguins. Cette dernière est le sujet principal que nous allons décrire par la suite.

7.2 Description de l'application pour l'analyse morphologique de frottis sanguins

Historiquement, l'examen sous le microscope de frottis sanguins de bonne qualité a été la méthode utilisée dans les laboratoires d'hématologie pour estimer le nombre et la classification des leucocytes, pour étudier la morphologie des hématies, pour caractériser la morphologie des lymphocytes et pour calculer le nombre et la morphologie des plaquettes.

Depuis une vingtaine d'années, l'évaluation des populations leucocytaires (la "formule sanguine") a été également automatisée et bénéficie de décomptes en phase liquide sur un grand nombre d'éléments, à partir de particularités physiques, cytochimiques et immunophénotypiques de diverses catégories leucocytaires, ceci, indépendamment de toute procédure d'évaluation morphologique. En ce qui concerne les éléments anormaux, les "automates à formule sanguine" ne fournissent que des "alarmes" qualitatives plus ou moins précises incitant l'utilisateur à vérifier avec le microscope le résultat.

Ainsi l'examen des frottis de sang périphérique est encore nécessaire pour détecter et classifier les cellules anormales et pour étudier en particulier la morphologie des lymphocytes, qui est considérée comme la base de principe pour l'identification et la discrimination parmi les syndromes lymphoprolifératifs [31][73][298].

Notre démarche vise à optimiser les tâches suivantes : (1) contrôle objectif de qualité pour aboutir à la standardisation dans la préparation des échantillons (les nouveaux automates et des protocoles bien définis pour la coloration permettent des préparations reproductibles) ; (2) définition automatique des zones de bonne lecture de la lame, (3) description morphologique

précise des entités cellulaires; en particulier, des populations de cellules lymphoïdes.

Le schéma de la figure 7.2 illustre la mise en œuvre de l'approche, avec ses différentes étapes. Dans une première phase de pré-traitement, un algorithme morphologique procure la définition de zone de bonne lecture de la lame, à partir d'images à faible grossissement. Ceci permet dans un deuxième temps la production automatique en routine des images au fort grossissement, nécessaires au diagnostic.

Puis, les images couleur sont analysées grâce aux opérateurs morphologiques. Une étape de segmentation, fondée sur les couleurs distinctes des différentes cellules, détecte et extrait les cellules nucléées (leucocytes) et isole les hématies. Les leucocytes sont ensuite classés selon leur couleur et leur texture granulométrique pour identifier les lymphocytes, qui constituent la population lymphoïde pour laquelle on désire une description fine.

En utilisant l'information couleur, chaque lymphocyte est alors segmenté en deux régions : le noyau et le cytoplasme. Un ensemble de paramètres quantitatifs est calculé à partir des images couleur du noyau et du cytoplasme ; nous avons identifié dix caractéristiques morphologiques décrivant un lymphocyte : taille du noyau, taille de la cellule, rapport noyau/cytoplasme, densité de la chromatine, forme du noyau, nucléole, basophilie du cytoplasme, forme du cytoplasme et excentricité du noyau. L'étude statistique de la distribution de chaque paramètre sur de grandes populations de cellules permet de donner un sens objectif aux descripteurs verbaux utilisés par les médecins, tels que noyau de grande taille par opposition à noyau de taille moyenne. Ainsi chaque lymphocyte sera caractérisé par un jeu de mesures, permettant de le classer dans une typologie cellulaire spécifique.

Les données morphologiques peuvent ensuite être complétées par d'autres données non morphologiques (cliniques, génétiques, etc.).

Nous décrivons dans les sections qui suivent les détails de chaque module de notre plate-forme.

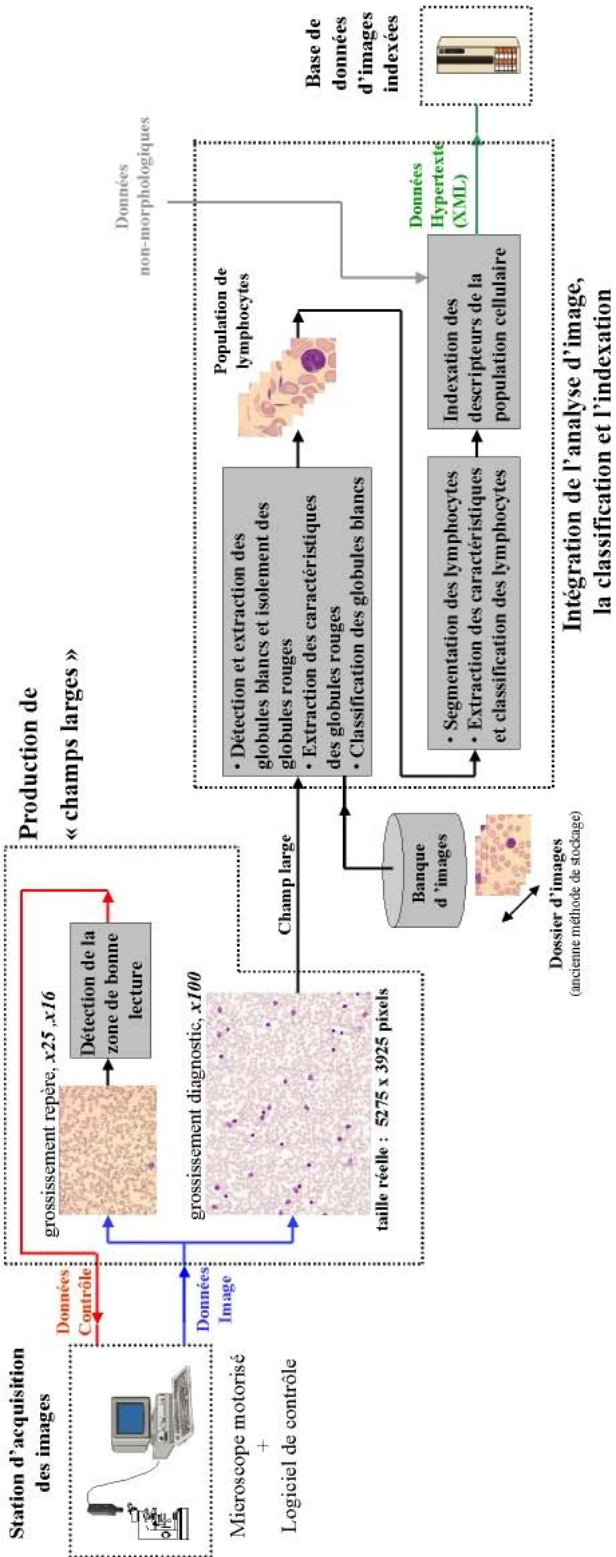


FIG. 7.2 – Schéma du système pour l'analyse morphologique des frottis sanguins.

7.3 Acquisition des images microscopiques

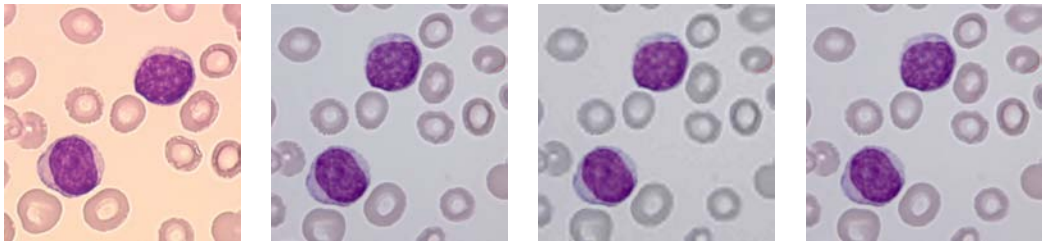
Les données de départ pour l'ensemble des applications morphologiques que nous avons développées sont des images numériques couleur obtenues au faible grossissement (objectif $\times 16$ ou $\times 25$ à immersion à l'huile) et au fort grossissement (objectif $\times 100$ à immersion à l'huile) à partir de frottis sanguins colorés avec MGG selon un protocole de coloration stable [28]. Les images ont été acquises sur une station de microscopie qui incorpore une caméra Tri-CCD analogique avec une carte de numérisation (système TRIBVN du laboratoire central d'hématologie de l'hôpital Necker, Pr. Flandrin) et une compression JPEG [86]. L'ensemble des images constitue une base de données de référence relativement bien détaillée : classifiées par cas et pathologie associée et classifiées par particularité cellulaire. Ainsi, il a été possible de mettre en œuvre sur une base représentative les différents algorithmes et de les évaluer systématiquement.

Il faut toutefois tenir compte du fait que les algorithmes de traitement d'image développés dans le cadre de ce projet pourront être intégrés dans la nouvelle génération de stations de microscopie automatique TRIBVN : microscope à platine robotisée contrôlé par logiciel et caméra numérique Mono-CCD contrôlée aussi par logiciel. Ce type de systèmes permet la production en routine, avec une interaction d'utilisateur minimale, sur plusieurs grossissements et sur plusieurs profondeurs de champ (prises à valeurs de "z" différentes), d'un volume suffisamment important d'images numériques de chaque lame microscopique pour être considéré comme un échantillon représentatif et non biaisé. Cette structure hiérarchisée de l'ensemble d'images (à faible et à fort grossissement) d'une lame microscopique est dénommée TeleSlide [141].

Ce changement dans la production fournit des images différentes par rapport aux images de la base de référence. En effet, les images couleur des TeleSlides sont obtenues à partir d'une série d'images de champs qui ont été pré-traitées : (1) matriçage de la couleur (la caméra numérique est mono-CCD et cet algorithme permet de retrouver les composantes Rouge, Vert et Bleu), (2) réduction de la taille de l'image, (3) correction de gamma pour optimiser le contraste, (4) accentuation des hautes fréquences pour améliorer la définition, et (6) correction de "shading" (problème classique produit par la non-uniformité de la source d'illumination). Il y a ensuite une étape de recalage automatique des bords adjacents pour construire l'image mosaïque finale. Finalement, étant donné que le volume d'information est très grand et qu'il faut les transmettre par réseau, les images sont comprimées avec JPEG 2000.

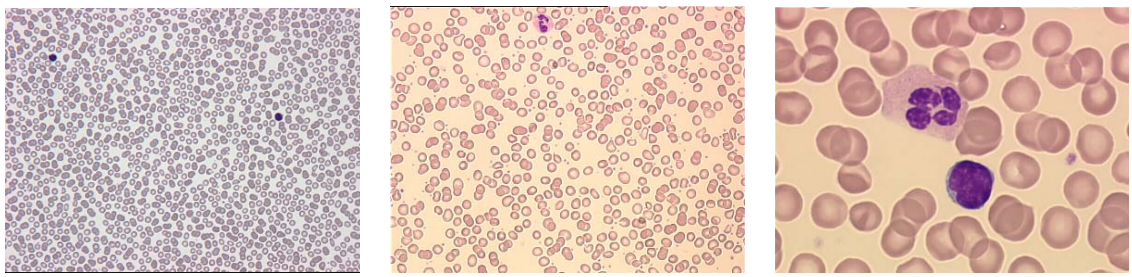
Evidemment, l'application des algorithmes développés pour les images "standard" aux images TeleSlide ne serait valable que si ces dernières conservent une qualité suffisante (en ce qui concerne les pré-traitements et la compression).

Dans la figure 7.3 nous montrons l'exemple d'un même échantillon de frottis de sang périphérique obtenu avec une caméra analogique Tri-CCD et le correspondant à la camera Mono-CCD à plusieurs niveaux de compression JPEG 2000. Nous allons montrer que les algorithmes de segmentation sont assez robustes vis-à-vis du changement des couleurs ; en revanche, il est clair que les algorithmes de classification qui sont basés sur un apprentissage doivent être re-validés sur les nouvelles images (par exemple il faut connaître le taux de



(a) (b) (c) (d)

FIG. 7.3 – Exemple de l'influence de l'acquisition ainsi que de la compression sur les images couleur de frottis sanguins : (a) camera analogique Tri-CCD et faible compression JPEG, (b) camera numérique Mono-CDD et compression JPEG 2000 avec qualité 95%, (c) idem. avec qualité 80% et (d) idem. avec qualité 50%.



(a)-(1) (a)-(2) (b)

FIG. 7.4 – Exemple de frottis du sang peripherique coloré avec MGG : (a) faible grossissement (repérage), (1) objectif ×16 à immersion et (2) objectif ×25 à immersion. (b) fort grossissement (diagnostic), objectif ×100 à immersion.

compression maximal pour garder l'information nécessaire à la classification de la texture de la chromatine).

7.4 Détection de la zone de bonne lecture d'un frottis

D'un point de vue méthodologique, il y a deux qualités souhaitables pour un frottis sanguin : (1) une zone de lecture suffisante (définie comme la part du frottis où les cellules sont bien étalées) et (2) une bonne reproductibilité de la technique de coloration. Toutes les deux ont été précédemment étudiées, voir les travaux de Benattar et Flandrin [28, 29] et dans les deux cas, les hématies ou érythrocytes jouent le rôle de témoins

Le but de cette section est de présenter un algorithme morphologique qui vise à détecter automatiquement la zone de travail sur un frottis à partir d'images à faible grossissement, ×16 ou ×25 [7]. Dans une stratégie d'automatisation en travaillant avec un microscope motorisé, et une fois que la zone optimale de lecture a été définie à ×16, l'étape suivante consiste à augmenter le grossissement à ×100, afin de localiser les champs intéressants pour les acquérir et les stocker de façon à pouvoir les analyser ultérieurement, voir figure 7.4.

Pour définir la zone de lecture optimale d'un frottis de sang périphérique, il faut exami-

ner le frottis sous un grossissement bas de telle manière que nous ayons dans le champ un échantillon suffisamment grand de la zone du frottis, i.e. un nombre suffisant de cellules pour avoir une vue compréhensive d'ensemble. Notre méthodologie est valide pour différents grossissements, du moment que cette exigence qualitative est respectée. Par exemple, dans cette étude nous avons travaillé avec des images obtenues à partir de l'objectif à immersion $\times 25$ et de l'objectif à immersion $\times 16$. Nous croyons que ces deux valeurs sont la limite respectivement supérieure et inférieure de la validité de l'approche.

Cette zone de travail est définie comme la partie bien étalée du frottis, qui commence quand les érythrocytes cessent de se recouvrir (se superposer l'un sur l'autre) et qui finit quand les érythrocytes commencent à perdre leur zone centrale claire (ils ne sont pas bien étalés). Nous pouvons voir dans la figure 7.5 une série de 20 images d'un frottis qui illustrent cette définition. Notre algorithme pour la détection automatique de la zone de lecture est justement fondé sur la quantification de ces phénomènes des hématies.

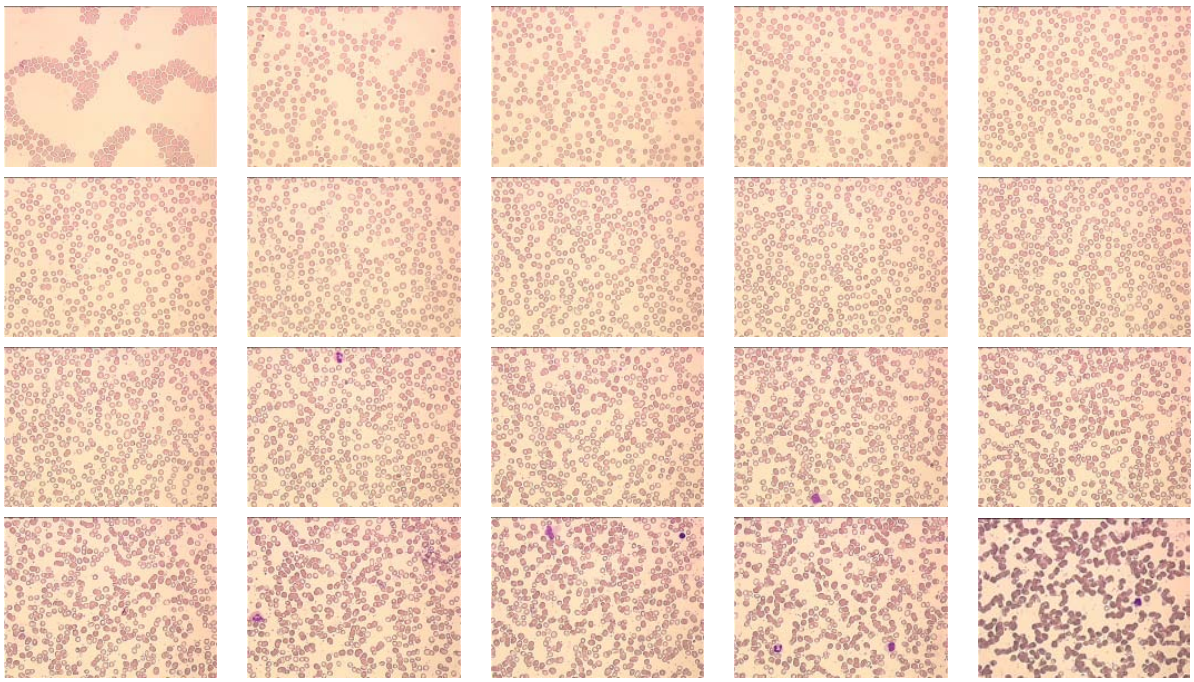


FIG. 7.5 – Série de 20 images du sang tirées de la même lame, en couvrant la totalité du frottis (*Frottis 0*, $\times 25$).

7.4.1 Algorithme

L'algorithme se divise en deux étapes. La première est un procédure de traitement morphologique pour la segmentation des hématies et leurs zones centrales. La deuxième vise à compter les composantes connexes des trois types d'hématies pour définir un paramètre d'étalement et un autre de superposition.

Traitement des images

Le but de l'étape d'analyse d'image est la segmentation et la classification des cellules, principalement les érythrocytes. En effet, nous sommes intéressés par la morphologie des érythrocytes : présence ou absence de centre clair et superposition entre cellules voisines. Les distinctions entre les érythrocytes avec et sans le centre et entre les érythrocytes isolés et recouverts sont donc nécessaires. La première tâche est facile, nous extrayons d'une part les cellules et d'autre part les centres (plus lumineux que le corps), et par reconstruction, sont obtenues les cellules avec le centre. La deuxième tâche est moins directe et simple à l'échelle petite de travail (où une séparation par LPE sur la fonction distance ne fournit pas de bons résultats) ; toutefois on peut supposer qu'après binarisation, deux cellules superposées constituent une seule composante connexe qui a probablement deux centres (deux trous). La présence de quelques leucocytes sur les images à faible grossissement n'est pas une erreur sérieuse puisque leur contribution d'un point de vue statistique est négligeable. Cependant, il est souhaitable d'extraire les plaquettes et d'autres petits artefacts qui pourraient être nombreux.

Soit $\mathbf{f}_{blood}^{\times low}$ l'image couleur d'un frottis de sang périphérique. Par simplicité, on dira dans cette section $\mathbf{f}$. Après avoir comparé les différentes composantes des espaces couleur étudiés dans cette thèse, nous avons constaté que les contours des érythrocytes et le contraste entre la zone centrale et la périphérie sont plus marqués sur le canal vert f_G. Après l'avoir pré-filtré et binarisé, il est suffisant pour nos traitements morphologiques de travailler sur les images binaires. Il y a deux raisons derrière l'utilisation des opérateurs binaires : la première est le fait qu'on cherche à compter des particules connexes et la deuxième, que l'application des opérateurs binaires fournit des algorithmes sensiblement plus rapides (important pour envisager l'intégration de cet algorithme dans un système microscopique en temps réel).

L'algorithme peut être résumé comme suit (un exemple des images intermédiaires qui permettent de suivre les différentes étapes est montré dans le figure 7.6).

Filtrage Dans un premier temps, nous filtrons l'image f_G avec un filtre de médiane MF_n de taille $n = 3$,

$$\hat{f}_G = MF_n(f_G),$$

afin d'éliminer le bruit, ainsi que les petites erreurs optiques et de numérisation.

Binarisation L'histogramme de $\hat{f}_G$ est typiquement bi-modal, i.e. deux classes d'objets : les cellules (corps des érythrocytes, leucocytes et plaquettes) et le fond (plasma et centres des érythrocytes). Avec un simple seuil sur u, la valeur optimale entre les deux modes, $T_{[t_{min},u]}$, l'image est relativement bien segmentée,

$$I = T_{[t_{min},u]}(\hat{f}_G).$$

Evidemment, le choix de u est crucial car il est très important de pouvoir différencier le centre du corps des érythrocytes (trop bas, les corps seraient cassés en morceaux et trop élevé, les corps et le centre ne sont pas séparés). La méthode utilisée est l'algorithme de seuillage morphologique que nous présentons dans le chapitre d'annexe A.

Extraction des cellules On a sur l'image binaire I les cellules sans les centres. On peut utiliser l'opérateur "bouchage de trous" pour remplir les centres,

$$I_{cl} = \psi^{ch}(I).$$

Extraction des plaquettes et des artefacts Etant donné que nous connaissons leur taille approximative (plus petites que les autres cellules), on peut les éliminer moyennant une ouverture par reconstruction,

$$I_{cl2} = \gamma^{rec}(I_{cl}, \gamma_{s_1 B})$$

avec la taille de s_1 telle que $s_1 B$ est plus grand que la taille des plaquettes; l'élément structurant B est un cercle. Le résultat est un masque binaire des cellules, sachant qu'une certaine quantité d'entre elles pourraient être superposées. Par différence, nous pouvons obtenir :

$$I_{pl} = I_{cl} - I_{cl2},$$

qui contient les plaquettes et quelques petits artefacts (fragments cellulaires).

Extraction des centres Le but est d'extraire les centres des cellules. Pour réaliser ceci, nous commençons par prendre la différence entre I et I_{cl}

$$I_{ct} = I - I_{cl}.$$

Ensuite, nous appliquons un opérateur combiné de type "fermeture de grains de taille fixée", afin de fusionner les composantes connexes qui appartiennet au même centre,

$$I_{ct2} = \psi^{clogra}_{s_2 B, s_3 B}(I_{ct}),$$

où s_2 est la taille de l'ouverture par reconstruction qui élimine les petits grains et s_3 la taille de la fermeture qui fusionne les grains suffisamment proches. On obtient comme résultat le masque binaire des centres.

Extraction des cellules avec centre L'image finale est obtenue en appliquant une reconstruction du masque des cellules I_{cl2} en utilisant le masque des centres I_{ct2} comme marqueur :

$$I_{clct} = \gamma^{rec}(I_{cl2}, I_{ct2}).$$

Ceci fournit un masque binaire aux cellules qui ont au moins un centre clair.

Cet algorithme a trois paramètres : la taille des plaquettes s_1, la taille des centres considérés insignifiants s_2 et la taille de l'espace de séparation entre les particules appartenant au même centre s_3. Puisqu'elles sont des paramètres de taille des structures biologiques, l'utilisation de différents grossissements implique le choix de différentes tailles. Par exemple, sous $\times 25$: $s_1 = 9$, $s_2 = 3$ et $s_3 = 5$ et sous $\times 16$: $s_1 = 7$, $s_2 = 1$ et $s_3 = 3$. La robustesse d'un algorithme peut être définie par rapport aux changements dans les paramètres ou par rapport à la qualité d'image. Nous avons examiné l'algorithme et l'influence des paramètres sur une base de données avec 180 images, présentant plusieurs changements de la qualité (bruit, résolution,

etc.). Devant les résultats, nous pouvons affirmer que le comportement de l'algorithme est tout à fait robuste (après avoir fixé les paramètres, toutes les images ont été bien segmentées).

La figure 7.7 illustre les résultats de l'algorithme pour trois champs appartenant à un frottis de sang sous $\times 25$ et trois autres sous $\times 16$, montrant les différences entre les trois zones possibles que nous pouvons trouver : trop étalée, acceptable et trop épaisse.

Paramètres pour la quantification

En prenant ces trois images binaires I_{cl2}, I_{ct2} et I_{clct} comme point de départ, nous pouvons décompter pour chacune le nombre de composantes connexes (particules séparées), de sorte que nous aurons le nombre de cellules N_{cells}, le nombre de centres $N_{centers}$ et le nombre de cellules avec le centre clair $N_{cells_with_center}$. A partir de ces trois mesures, nous définissons les deux paramètres suivants.

Le *coefficient d'étalement* ρ_s mesure la proportion de cellules qui ont un centre clair, i.e.

$$\rho_s = \frac{N_{centers}}{N_{cells}}.$$

Une valeur basse de ρ_s implique que les cellules sont trop répandues sur la lame ou qu'elles sont trop superposées l'une sur l'autre et par conséquent les zones centrales sont également superposées. Puisque $N_{centers}$ peut être plus grand que N_{cells}, le domaine de $\rho_s > 1$. Ceci se produit quand il y a quelques cellules empilées. Cependant, afin de mesurer avec plus de précision cette situation d'empilement, nous présentons un deuxième paramètre. Le *coefficient de superposition* ρ_o évalue la proportion de cellules avec la zone centrale claire qui sont superposées, i.e.

$$\rho_o = \frac{N_{cells_with_center}}{N_{centers}}.$$

Dans ce cas-là $\rho_0 \leq 1$. Une valeur basse de ρ_s implique une quantité importante d'érythrocytes recouverts.

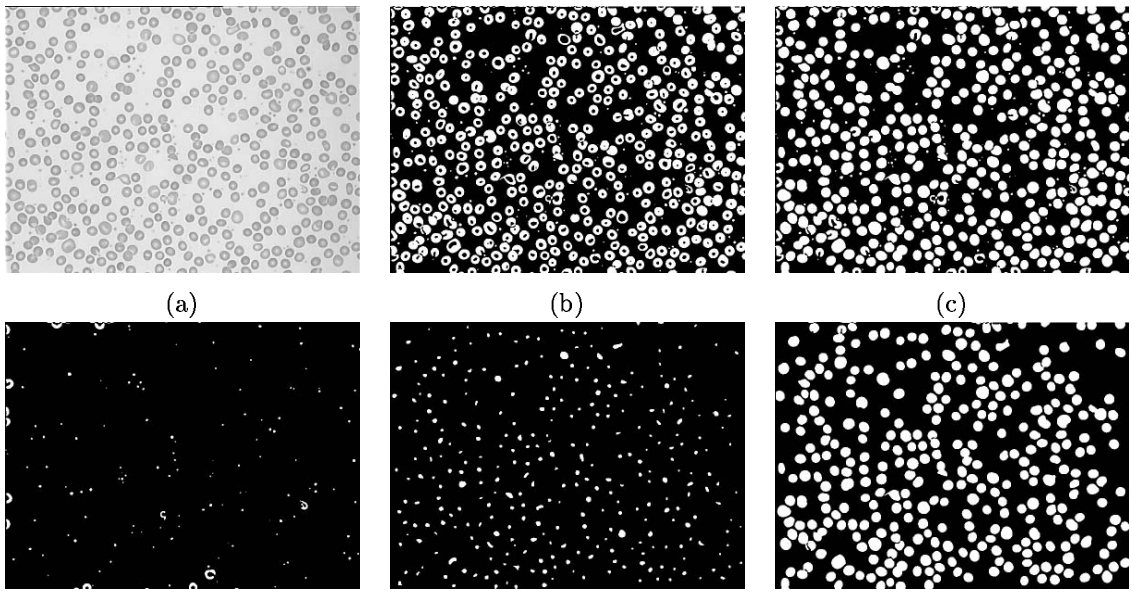
Le diagramme synthétique de la figure 7.8 contient toutes les situations possibles de deux hématies voisines et les valeurs respectives de ρ_s et ρ_o. L'usage combiné des deux coefficients est très significatif et fournit la méthode de discrimination entre les zones différentes du frottis.

7.4.2 Résultats expérimentaux et discussion

Afin de définir quantitativement la zone de bonne lecture, nous avons réalisé tout d'abord une expérience de contrôle sur un premier frottis, *Frottis 0* (voir la figure 7.5), visant à évaluer la capacité de discrimination des coefficients ρ_s et ρ_o par rapport à une approche manuelle.

Les images ont été soumises à l'analyse par un expert en hématologie pour commenter le contenu et pour assigner la zone correspondante du frottis. Nous considérons trois catégories de zone : trop étalée, acceptable (zone valide) et trop épaisse. Ensuite les paramètres ont été calculés pour chaque image pour comparer les résultats à l'étude subjective. Les valeurs des paramètres et les commentaires de l'expert sont récapitulés dans le tableau 7.1.

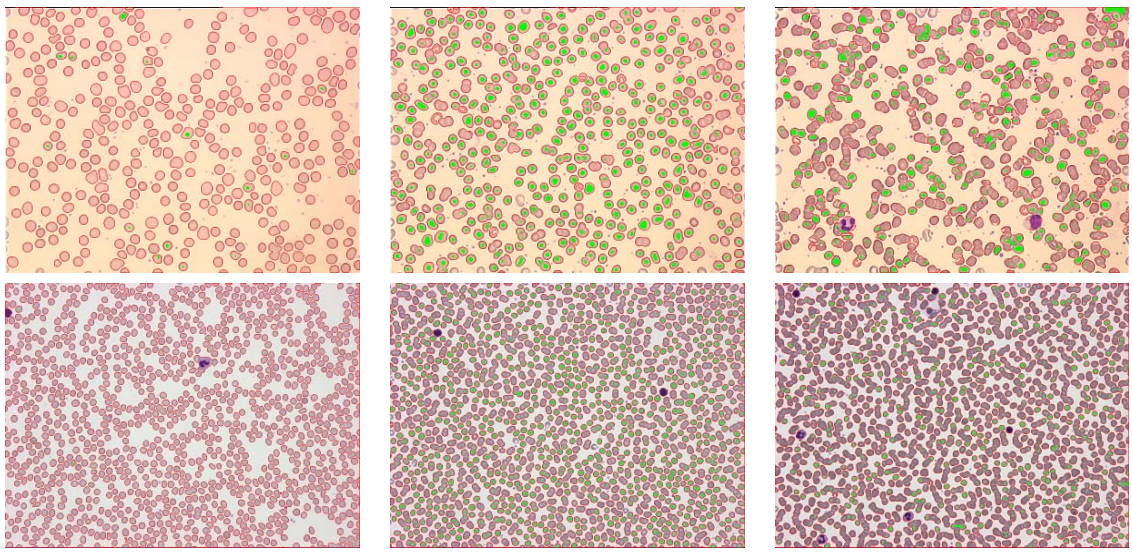
A partir de ce tableau, nous pouvons établir les valeurs des coefficients qui permettent la vérification objective de la classification faite par l'expert humain. Pour le coefficient



(a) (b) (c)

(d) (e) (f)

FIG. 7.6 – Algorithme pour la segmentation des cellules (×25) : (a) composante verte de l'image couleur filtrée, (b) image binaire correspondante après seuillage, (c) masque binaire des cellules, (d) masque binaire des plaquettes et artefacts, (e) masque binaire des centres des hématies, (f) masque binaire des cellules avec centre.



(a) (b) (c)

FIG. 7.7 – Exemple de trois champs d'un frottis sanguin (première ligne ×25 et deuxième ligne ×16) : (a) zone étalée, (b) zone optimale et (c) zone épaisse. En vert, les centres clairs et en rouge, les contours des cellules.

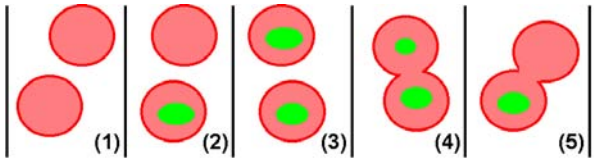


FIG. 7.8 – Morphologie des hématies voisines : (1) Deux cellules séparées sans centre clair, $\rho_s = 0$ et $\rho_o \sim 1$. (2) Deux cellules séparées avec un centre clair, $\rho_s = 0.5$ et $\rho_o = 1$. (3) Deux cellules séparées avec deux centres, $\rho_s = 1$ et $\rho_o = 1$. (4) Deux cellules connectées (superposées) avec deux centres, $\rho_s = 2$ et $\rho_o = 0.5$. (4) Deux cellules connectées (superposées) avec un centre, $\rho_s = 1$ et $\rho_o = 1$.

Image	No. Cellules	No. Centres	No. Cellules avec Centre	ρ_s	ρ_o	Remarques
1	208	1	1	0,005	1,000	Fin de la lame, trop étalé
2	322	12	11	0,037	0,917	Trop étalé, pas de centre clair
3	346	16	16	0,046	1,000	”
4	373	63	63	0,169	1,000	”
5	386	211	211	0,547	1,000	Acceptable, centre clair
6	382	306	303	0,801	0,990	”
7	374	301	297	0,805	0,987	”
8	396	360	351	0,910	0,975	”
9	408	387	370	0,948	0,956	”
10	416	410	380	0,985	0,927	”
11	402	393	354	0,977	0,900	”
12	382	404	345	1,057	0,854	”
13	376	383	328	1,018	0,856	Trop épais, cellules superposées
14	360	363	289	1,008	0,796	”
15	352	360	271	1,023	0,753	”
16	332	336	245	1,012	0,729	”
17	271	342	205	1,262	0,599	”
18	304	316	212	1,040	0,671	”
19	223	268	155	1,202	0,578	”
20	116	115	56	0,991	0,487	Illisible, forte accumulation

TAB. 7.1 – Résultats quantitatifs de l'étude et remarques subjectives faites par l'expert hématologue sur le *Frottis 0*.

d'étalement, il est facile d'observer que si nous considérons par exemple $\rho_s > 0.50$ comme critère d'acception, les champs trop étalés sont rejetés. L'interprétation de cette valeur est également très intuitive : la moitié des cellules détectées (50%) ont au moins un centre clair. Le coefficient de superposition est moins simple, puisque son interprétation est également moins intuitive. Nous avons pris la valeur limite $\rho_o > 0.73$; i.e. au moins 73% des cellules avec le centre clair ne se superposent pas. Ce choix a impliqué que trois images, douteusement classifiées par l'expert humain comme appartenant à la zone épaisse, soient acceptables pour la lecture. On constate d'ailleurs que ces cas irrésolus pour un opérateur humain sont résolus selon des critères objectifs.

La figure 7.9 montre le diagramme de dispersion des paramètres ρ_s et ρ_o. Les limites établies divisent l'espace, délimitant les champs appartenant à la zone de bonne lecture.

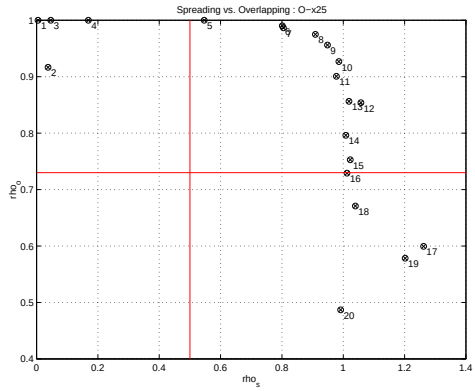


FIG. 7.9 – Diagramme de dispersion des paramètres ρ_s et ρ_o pour *Frottis 0*. La zone de lecture correspond au quadrant supérieur droit.

En résumé, à partir de ce cas de contrôle la zone de travail est définie par les frontières suivantes :

$$\rho_s^{work_area} > 0.50 \quad et \quad \rho_o^{work_area} > 0.73.$$

Par ailleurs, nous pouvons dire que :

$$\begin{aligned} &si\ \rho_s \leq 0.50 \quad \Rightarrow \text{area trop étalée} \\ &et \\ &si\ \rho_o \leq 0.73 \quad \Rightarrow \text{area trop épaisse.} \end{aligned}$$

Nous avons fixé ces valeurs dans notre approche comme un classificateur très simple.

Indépendamment de l'exemple $\times 25$ de controle, nous avons ensuite étudié l'application de la classification sur 3 frottis $\times 16$, chacun avec 20 images (*Frottis A*, *Frottis B* et *Frottis C*). Nous avons voulu prouver par ce changement d'échelle que la définition de zone de travail au moyen de $\rho_s^{work_area}$ et $\rho_o^{work_area}$ est indépendante du grossissement et par conséquent, indépendante de la taille de l'échantillon de cellules (également indépendante de la taille d'image de champ). Ceci est normal du fait que la définition est donnée par rapport aux deux coefficients relatifs.

Afin de comparer les résultats obtenus par l'algorithme proposé à l'exécution d'une expertise humaine, le contenu des images a été manuellement évalué dans quatre catégories de zone : trop épais (TT), trop étalé (TS), acceptable (OK) et douteux (DB). Les résultats sont montrés dans le tableau 7.2. Nous observons que les résultats sont assez bons. Les résultats manuels correspondent à la classification automatique dans les cas bien définis. Une réponse a été également obtenue quand l'expert a un doute. Les conflits (l'image 16 du *Frottis B* et l'image 16 du *Frottis C*) se sont produits juste dans la frontière entre la zone acceptable et la zone étalée, où la décision à prendre est très difficile pour l'expert.

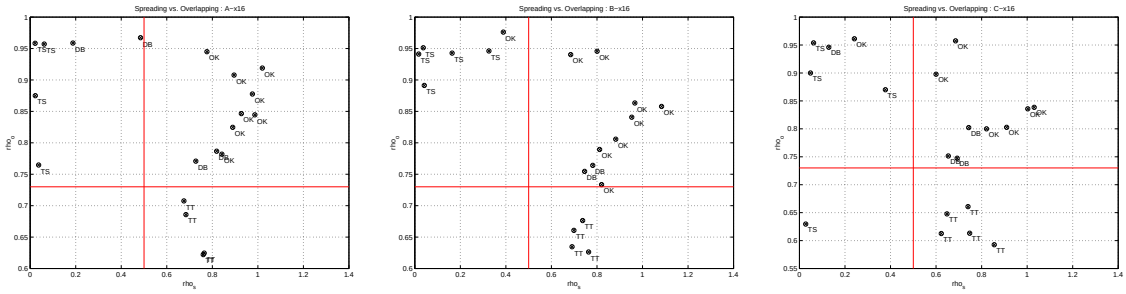
Finalement pour compléter l'étude, nous avons effectué une analyse additionnelle sur 10 autres frottis $\times 16$, chacun avec 10 images. La méthodologie employée pour valider l'exécution est identique, comparant le résultat de l'algorithme proposé à l'évaluation de l'expert.

Nous proposons d'employer les notions bien connues de *vrai positif* TP, *vrai négatif* TN, *faux positif* FP et *faux négatif* FN. Ensuite, nous nous sommes basés sur les rapports relatifs classiques associés : la *sensibilité*, $Sens. = TP/(TP + FN)$ (qui mesure le nombre d'images champ qui appartiennent vraiment à la zone de travail et qui ont été correctement classifiées) ; la *spécificité*, $Spec. = TN/(TN + FP)$ (qui mesure le nombre d'images champ qui n'appartiennent pas à la zone de lecture, classifiées comme négatives) et la *valeur prédictive positive*, $PPV = TP/(TP + FP)$ (qui mesure la proportion de champs qui ont été classifiés comme zones de bonne lecture qui sont vraiment dans cette zone). Dans le tableau 7.3 sont résumées les valeurs satisfaisantes obtenues pour ces trois paramètres à partir des 13 frottis $\times 16$.

En realité, le choix des frontières de décision pour $\rho_s^{work_area}$ et $\rho_o^{work_area}$ n'est pas seulement une question de classification automatique. Malgré le fait que les valeurs fixées pour les coefficients ont été basées sur un seul frottis bien représentatif ainsi que sur une expérience humaine prouvée, ces limites ont fourni des résultats très intéressants.

La définition de la zone de travail d'un frottis de sang périphérique, colorée avec MGG, est une étape cruciale lorsqu'on cherche à automatiser et à standardiser la prise d'images pour l'analyse en hématologie cellulaire. Nous avons développé un algorithme simple et efficace pour la détection de cette zone de bon étalement. La robustesse et la précision par rapport à l'expertise humaine ont été évaluées sur plusieurs frottis sous deux grossissement différents.

En plus de l'intégration de l'algorithme présenté comme module de contrôle dans un logiciel d'acquisition des images, sur une station à platine motorisée, il y a d'autres applications possibles. Par exemple, en hématologie pratique la technique peut être à la base d'un outil de contrôle de qualité pour les préparations manuelles et automatiques. Benattar et Flandrin [29] ont comparé un appareil pour la réalisation automatique de frottis avec la procédure manuelle, prouvant que la taille moyenne de la zone de lecture obtenue est deux fois plus grande avec l'automate. En utilisant notre approche, on peut envisager de comparer objectivement la performance de différents automates pour la préparation des lames.



TAB. 7.2 – Comparaison de la méthode automatique proposée vis-à-vis de l'expertise manuelle pour *Frottis A*, *Frottis B* et *Frottis C*. Codage pour les zones classifiées manuellement : trop épaisse (TT), trop étalée (TS), acceptable (OK) et douteuse (DB). La zone de lecture correspond au quadrant supérieur droit.

	TP	TN	FP	FN	$Sens.(\%)$	$Spec.(\%)$	$PPV(\%)$
Frottis A	10	10	0	0	100.0	100.0	100.0
Frottis B	10	9	1	0	100.0	90.0	90.0
Frottis C	9	10	1	0	100.0	90.0	90.0
Frottis 1,2,...,10	43	48	7	2	95.5	87.2	86.0
Total	72	77	9	2	97.2	89.5	88.8

TAB. 7.3 – Comparaison statistique de la méthode automatique proposée vis-à-vis de l'expertise manuelle.

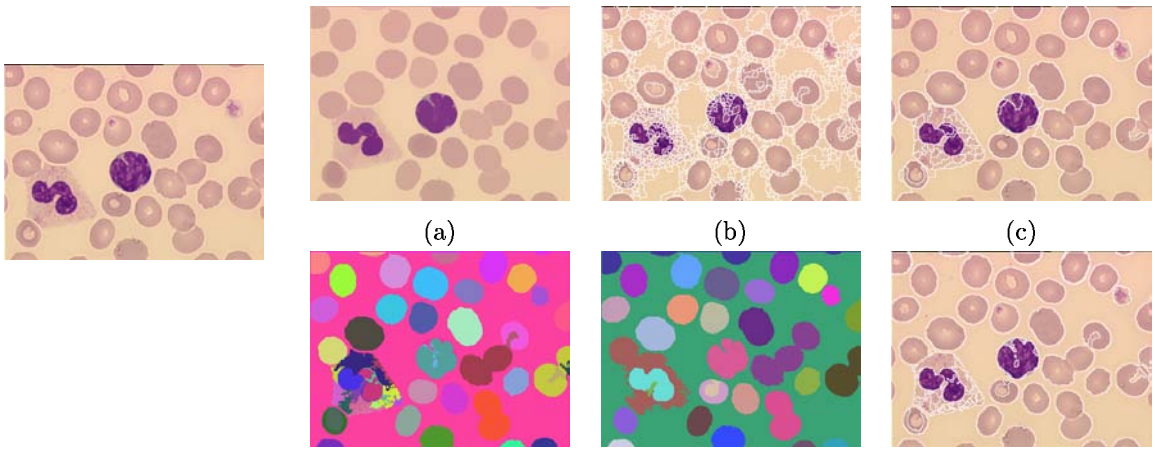


FIG. 7.10 – Exemple comparatif de segmentation couleur pour l'image d'un frottis sanguin (×100) : (a) image simplifiée par nivellement couleur, (b) niveau 1 d'une cascade de LPE's sur un gradient type pondération par saturation, (c) niveau 2 d'une cascade de LPE's sur un gradient type pondération par saturation, (d) application de la connexion par sauts sur la luminance avec suppression des petites régions, (e) application de la connexion par sauts sur la teinte centrée avec suppression des petites régions (f) combinaison des deux partitions par LPE sur la partition pondérée.

7.5 Segmentation des images des frottis

En cytologie automatique, la segmentation des différentes structures morphologiques dans les images des cellules est un prérequis. D'ailleurs, dans un système qui emploie des méthodes de traitement de l'image numérique pour l'automatisation de la cytologie quantitative, la segmentation semble être l'étape la plus critique : les erreurs dans le procédé de segmentation peuvent se propager pour fausser l'extraction de caractéristiques, la classification et ceci a finalement comme conséquence une interprétation biomédicale incorrecte [296].

La segmentation de l'image hématologique a été étudiée en utilisant différentes approches. Les algorithmes proposés diffèrent considérablement dans le fondement méthodologique, la performance et la précision des résultats, la complexité et le temps de calcul, etc. Dans la littérature, les méthodes les plus classiques sont basées sur une technique simple de seuillage [41] [90], ou des techniques un peu plus sophistiquées : seuillage hiérarchique [295]), seuillage et correction géométrique [47]), "clustering" couleur [67]), etc... D'autres techniques sont fondées sur la croissance de régions [119] [92], ou sur l'application de la LPE [78] [154].

Dans la figure 7.10, nous montrons une comparaison des résultats de l'application des deux principales méthodes de segmentation couleur que nous avons présentées dans le chapitre 5. On constate que même avec des algorithmes relativement puissants, il y a toujours de petites erreurs pour la segmentation de certaines cellules, ce qui motive le besoin de définir une technique optimale et robuste adaptée à la nature des images de la cytologie hématologique. D'autre part, le volume des images à segmenter peut être très important (les TeleSlides sont constitués de centaines d'images champ comme celle représentée dans la figure) et en conséquence il est logique de travailler sur une stratégie hiérarchique, dans le sens où on appliquera un algorithme plus ou moins précis selon la nature de l'objet à segmenter.

Brièvement, l'algorithme de segmentation des images couleur à fort grossissement $\mathbf{f}_{blood}^{\times 100}$ (ou par simplicité, $\mathbf{f}$) basé sur la sémantique est divisé en deux niveaux, voir la figure 7.11 :

- *Niveau 1.* Le but premier de ce module est la segmentation des globules rouges, obtenant un masque qui définit leurs composantes connexes $\mathbf{f}_{erythro}$. Ce résultat peut être utilisé pour quantifier la couleur des érythrocytes (afin d'examiner la qualité de la coloration) et également pour étudier leur morphologie (considéré comme la suite la plus logique de nos travaux sur les lymphocytes). La deuxième fonction du module est la détection de la position centrale de chaque leucocyte contenu dans l'image. Ces centres de masses, que nous pouvons considérer comme des *centres sémantiques*, définissent les régions d'intérêt pour ensuite extraire automatiquement une sous-image centrée autour de chaque leucocyte, $\mathbf{f}_{leuko\ i}$ (où i est l'index assigné au leucocyte). Cette image est étudiée plus profondément sans la complexité supplémentaire des autres cellules. Les sous-images des leucocytes sont l'entrée au module de classification des leucocytes, qui permet en conséquence l'identification des lymphocytes.
- *Niveau 2.* Pour chaque lymphocyte, $\mathbf{f}_{lympho\ j}$, on partitionne l'image couleur en trois régions : le noyau $\mathbf{f}_{nucleus\ j}$, le cytoplasme $\mathbf{f}_{cytoplasm\ j}$ et le fond. La segmentation des lymphocytes doit être très précise car le noyau et le cytoplasme obtenus sont utilisés pour calculer les mesures paramètres du descripteur quantitatif du lymphocyte.

Pour chaque niveau, un algorithme morphologique a été développé et nous décrivons à

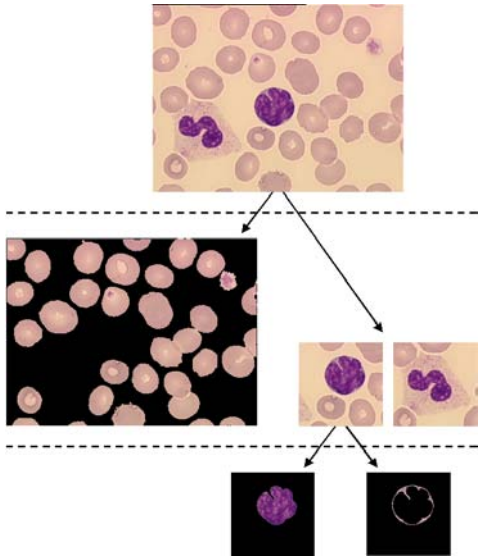


FIG. 7.11 – Segmentation hiérarchique de l'image couleur d'un frottis du sang périphérique à grossissement diagnostique.

présent les détails.

7.5.1 Segmentation des érythrocytes et extraction des leucocytes

De la même manière que pour la détection de la zone de bonne lecture, nous avons pu constater l'avantage de travailler sur la composante vert f_G afin de segmenter les érythrocytes ainsi que les noyaux des leucocytes. Il s'agit d'un algorithme de segmentation rapide qui est composé principalement d'un seuillage automatique suivi d'un filtrage morphologique binaire.

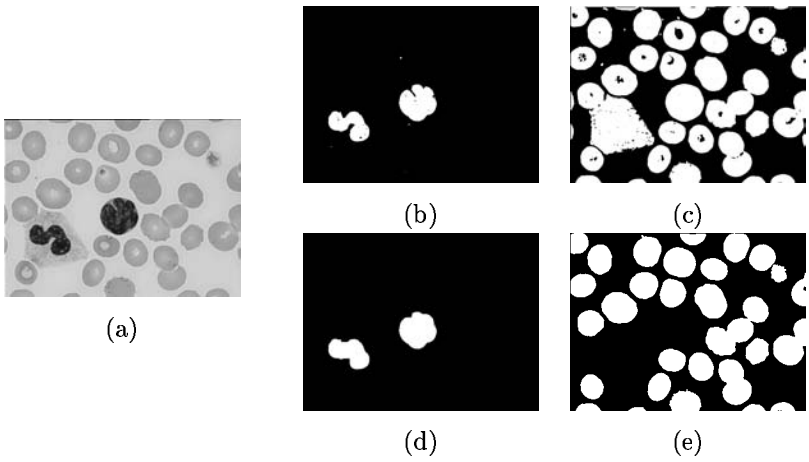


FIG. 7.12 – Algorithme pour la segmentation des érythrocytes et extraction des leucocytes : (a) image initiale f_G, (b) masque binaire des noyaux, (c) masque binaire des cellules, (d) masque filtré des noyaux et (e) masque filtré des cellules.

Comme d'habitude, nous montrons un exemple pour mieux illustrer l'algorithme (fi-

gure 7.12).

Seuillage morphologique Typiquement, dans chaque image couleur du sang, on peut observer cinq régions, à savoir, le fond (le plasma), les plaquettes, les hématies, les noyaux des leucocytes et les cytoplasmes des leucocytes. Lorsqu'on regarde l'histogramme de la composante vert, on observe qu'il s'agit d'un histogramme tri-modal : le fond est la partie la plus claire de l'image (les valeurs les plus élevées de niveaux de gris), les noyaux (ainsi que parfois des fragments de chromatine dans les plaquettes) sont associés au mode le plus bas (régions foncées), tandis que les érythrocytes (sauf les centres) et les régions cytoplasmiques correspondent au mode intermédiaire. Etant donné cette stabilité dans la structure de l'histogramme, nous avons de nouveau utilisé la technique de seuillage morphologique présentée dans le chapitre d'annexe A. Dans ce cas, nous allons obtenir deux valeurs de seuil u_{low} et u_{high} qui vont fournir deux images binaires (images (b) et (c) de la figure 7.12) : I_{nuclei} pour les noyaux et I_{cells} pour les cellules, i.e.

$$I_{nuclei} = T_{[t_{min},u_{low}]}(f_G),$$

et

$$I_{cells} = T_{[u_{low},u_{high}]}(f_G).$$

Filtrage binaire Etant donné qu'on observe des erreurs importantes, ces images binaires doivent être filtrées. Ainsi, pour le masque des noyaux nous appliquons un bouchage des trous suivi d'une fermeture des grains proches (pour résoudre le problème des noyaux segmentés) et finalement un opérateur d'élimination des grains touchant les bords (on ne s'intéresse qu'aux leucocytes totalement contenus dans l'image) :

$$\widehat{I}_{nuclei} = \psi^{kb}[\psi^{clogra}_{s_1 B, s_2 B}[\psi^{ch}(I_{nuclei})]].$$

La raisonnement que nous avons fait précédemment pour le choix des paramètres de taille s_1 et s_2 est aussi valable pour ce cas. Voir les exemples dans les images (d) et (e) de la figure 7.12.

Pour l'autre masque binaire, nous commençons par boucher les trous $\widehat{I}_{cells} = \psi^{ch}(I_{cells})$. Ensuite, afin de pouvoir isoler les erythrocytes, nous devons séparer ceux qui sont "collés" à un cytoplasme. Nous utilisons l'algorithme de séparation de grains superposés présenté dans le chapitre A :

$$\widehat{I}_{cells} = I_{cells} \setminus LPE((dist_{I_{cells}})^C).$$

Finalement, par reconstruction, et en utilisant le masque des noyaux comme marqueur, nous pouvons extraire les leucocytes et obtenir comme résultat le masque des érythrocytes :

$$I_{erythro} = \widehat{I}_{cells} \setminus \gamma^{rec}_{\widehat{I}_{cells}}(\widehat{I}_{nuclei})$$

Le masque binaire peut être appliqué à l'image couleur de départ pour obtenir l'image couleur $\mathbf{f}_{erythro}$. Il peut y avoir sur cette image des composantes connexes correspondant aux plaquettes, qui peuvent être extraites selon des critères de taille et de couleur.

Calcul des centres sémantiques A partir de l'image des noyaux $\widehat{I}_{nuclei}$, on calcule le centroïde de chaque composante connexe (coordonnées x_i and y_i) pour extraire une sous-image autour de chaque leucocyte i.

7.5.2 Segmentation des lymphocytes

Il y a une multitude de méthodes qu'on pourrait appliquer pour segmenter d'une façon robuste et précise l'image couleur qui contient un lymphocyte, disons **f**. Par exemple, dans le chapitre 3 nous avons montré la segmentation satisfaisante obtenue moyennant l'algorithme de "clustering" sur les histogrammes L/S et H/S.

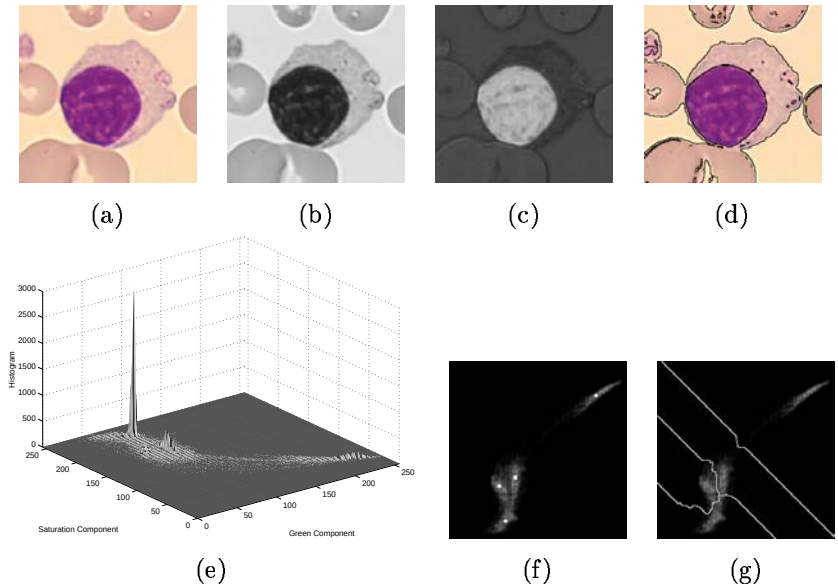
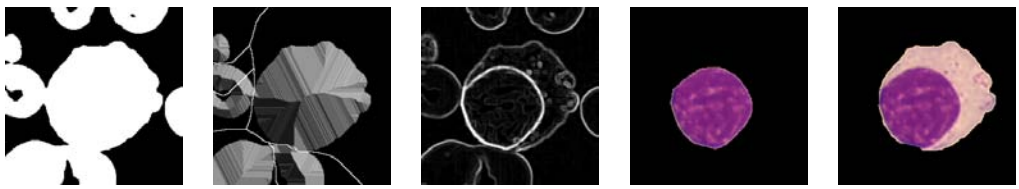


FIG. 7.13 – "Clustering" morphologique supervisé pour segmenter un lymphocyte avec les composantes verte et saturation : (a) image couleur initiale, (b) composante verte. (c) composante saturation, (d) résultat de la segmentation, (e) histogramme bi-variable des deux composantes, (f) image histogramme normalisée en montrant les quatre maxima de plus forte dynamique, (g) application de la LPE.

En fait, si on regarde en détail les composantes couleur de l'image d'un lymphocyte, on s'aperçoit très vite que l'information pour la segmentation est très bien représentée sur la composante verte f_G et la composante saturation f_S, voir la figure 7.13(b)(c). On pourrait donc penser à construire un histogramme bi-dimensionnel f_G/f_S pour ensuite le segmenter et revenir à l'image couleur pour obtenir la partition associée. Dans la figure 7.13 nous montrons un exemple de cette procédure. De petits problèmes apparaissent, qu'on pourrait améliorer par la suite; cependant, le grand inconvénient de cette approche se trouve dans les situations où les globules rouges sont collés au cytoplasme, avec une transition de couleur très faible qui rend plus difficile leur séparation.

Il nous a paru plus logique de travailler dans une approche plus classique avec la LPE (voir l'exemple de la figure 7.14).



(a) (b) (c) (d) (e)

FIG. 7.14 – Exemple de procédure de segmentation morphologique d'un lymphocyte : (a) Masque binaire des cellules, (b) LPE sur la fonction distance de la composante connexe associée au cytoplasme, (c) gradient couleur, (d) noyau segmenté, (e) lymphocyte segmenté.

Segmentation du cytoplasme La première étape consiste en un double seuillage et en un filtrage binaire, tel que nous l'avons présenté précédemment. On aura donc deux images : le masque des cellules et le masque du noyau. Par reconstruction on extrait la composante connexe du lymphocyte, qui probablement aura des hématies légèrement superposées. On peut appliquer la méthode de la LPE sur la fonction distance pour justement séparer ces hématies, et garder la composante d'intérêt avec une nouvelle reconstruction. Le résultat est le masque du cytoplasme, X_{cell}.

En plus du fait que certaines hématies peuvent être collées, il y a une autre raison importante qui justifie le fait de ne pas utiliser un gradient suivi de LPE pour extraire le cytoplasme : dans beaucoup de cas, le cytoplasme est une structure mal contrastée avec des villosités qui doivent être détectées, et nous avons pu constater que la meilleure méthode pour extraire les cytoplasmes villeux consiste à utiliser un seuillage sur la composante verte.

Segmentation du noyau En revanche, la segmentation du noyau est réalisée par LPE sur un gradient couleur. Nous commençons par simplifier l'image avec un nivellement couleur (de type scalaire en RVB) pour éliminer la texture de la chromatine. Alors, nous calculons un gradient couleur qui cette fois, et étant donné la nature du noyau, est en fait le supremum du gradient de la composante verte et du gradient de la composante saturation. Ensuite nous appliquons la LPE sur ce gradient, en prenant comme marqueur externe le négatif du cytoplasme détecté préalablement et comme marqueur interne les maxima dilatés de la fonction distance d'une première approche au noyau obtenue par seuillage (avec ceci on garantit une segmentation correcte puisque parfois on trouve des noyaux polynucléaires). Le résultat est le masque du noyau, $X_{nucleus}$.

La figure 7.15 montre plusieurs lymphocytes segmentés avec cette méthode. En effet, le problème de la séparation des érythrocytes superposés sur le cytoplasme et des lymphocytes polynucléaires est résolu par l'algorithme.

7.5.3 Discussion et conclusions

Comme nous l'avons dit, la segmentation est une étape cruciale pour la mise en œuvre d'un système de lecture automatique des cellules d'une image microscopique. L'algorithme

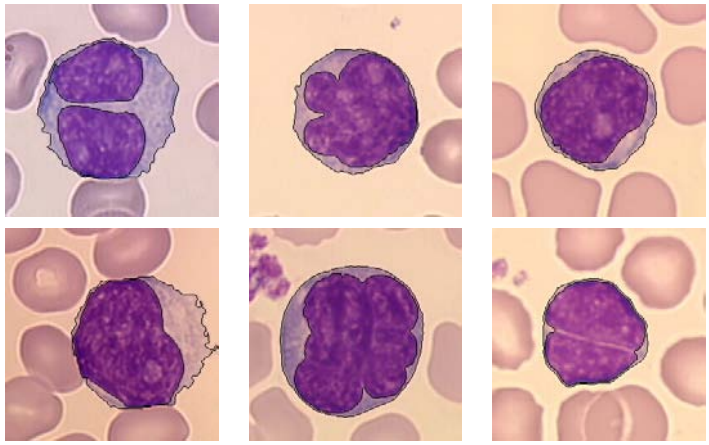


FIG. 7.15 – Exemples de segmentation morphologique des lymphocytes.

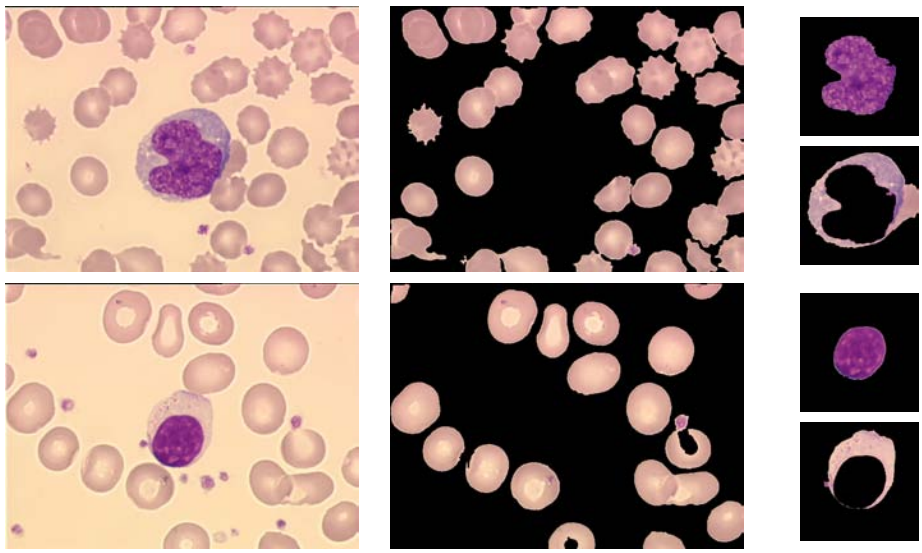


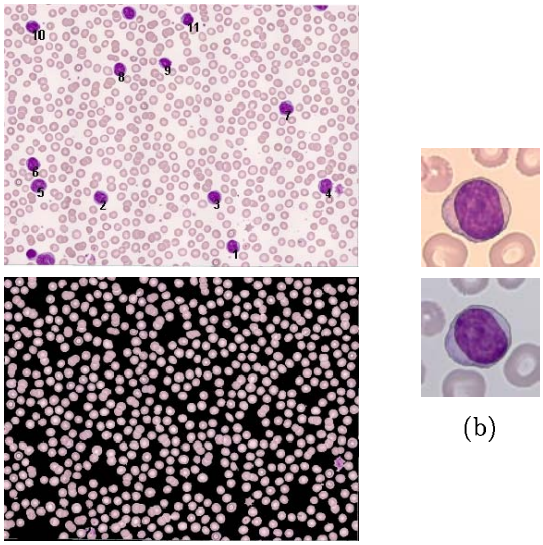
FIG. 7.16 – Exemples d'images de frottis segmentées de façon erronée.

que nous avons développé a montré en de nombreux exemples sa robustesse (en fait, tous les lymphocytes que nous avons étudiés ont dû être segmentés).

Bien sûr, dans certains cas la segmentation peut échouer, voir les deux exemples de la figure 7.16. Mais en général la performance est considérée satisfaisante, ceci par rapport à la complexité très simple de la méthode. Nous pouvons appliquer directement cet algorithme pour segmenter des images TeleSlides de grande taille avec un niveau de compression considérable 7.17.

7.6 Classification des leucocytes

Dans le cadre de notre approche chaque leucocyte i est localisé sur une sous-image $\mathbf{f}_{leuko\ i}$ pour ensuite, s'il s'agit d'un lymphocyte $\mathbf{f}_{lympho}$, segmenter le noyau et le cytoplasme. Il est



(a) (b)

FIG. 7.17 – (a) Exemple de segmentation d'une image TeleSlide : segmentation des érythrocytes et détection des leucocytes. (b) Exemple de segmentation d'un lymphocyte numérisé avec la camera Tri-CCD vs. la camera Mono-CCD.

indispensable donc d'identifier les lymphocytes.

Nous avons décrit en détail dans le chapitre 6 un algorithme relativement efficace pour la classification des cinq catégories de leucocytes moyennant des histogrammes couleur dans les espaces HLS et L*a*b* et des granulométries par ouvertures/fermetures dans l'espace RVB.

C'est justement cet algorithme qui constitue le module de notre système pour la classification des leucocytes. Etant donné qu'il est primordial de ne pas créer un faux positif dans l'identification des lymphocytes car ceci introduirait des erreurs dans l'étape de segmentation et ultérieurement dans la caractérisation morphologique du noyau et du cytoplasme, nous avons incorporé un contrôle additionnel pour réduire le nombre de faux positifs de lymphocytes.

Grâce à ce module on peut identifier les lymphocytes mais aussi les autres leucocytes, de sorte qu'après l'analyse de l'ensemble des images, on aura constitué la population de lymphocytes à étudier en profondeur et le nombre des autres. Cette dernière information est intéressante pour certaines applications.

7.7 Description, classification et indexation des lymphocytes

La littérature médicale récente au sujet du diagnostic des syndromes lymphoprolifératifs considère toujours la morphologie des lymphocytes comme la base de principe pour l'identification de ces situations pathologiques [73] [30]. Cependant, pour pouvoir distinguer parmi plusieurs entités, le diagnostic combiné employant d'autres techniques est parfois nécessaire : caractérisations immuno-phenotypage, cytogénétique et moléculaire. En particulier, le groupe d'étude Français-Américain-Britannique (FAB) a proposé une classification dans ce cadre [31].

Les récents travaux de l'Organisation Mondiale de la Santé (WHO) sont dans le même esprit [298].

Tandis que les attributs morphologiques peuvent théoriquement mener à un premier diagnostic, dans la pratique, l'interprétation clinique est souvent ambigüe. Ce manque de détermination est dû à la mesure subjective des différences visuelles, ce qui justifie clairement la nécessité d'une quantification automatique et objective. Dans la description quantitative de lymphocyte, la taille et la forme nucléaires sont essentielles, mais il y a également d'autres caractéristiques importantes exigées pour avoir une description complète : forme du profil de cytoplasme, rapport noyau/cytoplasme, couleur du cytoplasme, texture de la chromatine nucléaire, etc...

L'importance du choix des mesures et paramètres morphométriques reproductibles pour ces caractéristiques a été précédemment montrée. Dans les 30 dernières années, beaucoup de travaux ont été menés sur le sujet, présentant des résultats de classification automatique des lymphocytes. Typiquement, on y trouve deux manières d'agir. La première consiste à se concentrer sur une seule caractéristique pour trouver les paramètres capables de la décrire et de discriminer parmi un certain nombre de catégories de cette caractéristique [157] [150]. Le deuxième type d'approche a été conçu pour fonctionner de façon plus globale : après extraction d'un grand nombre de mesures et paramètres décrivant à peu près toutes les caractéristiques intéressantes, des méthodes de reconnaissance de formes fournissent une classification automatique des cellules [136] [32]. Le problème avec ces techniques est la difficulté de pouvoir interpréter intuitivement les résultats.

Nous avons développé une nouvelle démarche que nous allons présenter dans cette section. Trois principes ont axé notre approche :

1. définition d'un descripteur global, qui contient la totalité de l'information morphologique du lymphocyte ;
2. le descripteur est composé de toutes les caractéristiques morphologiques significatives, considérées d'une manière individuelle. Pour chaque caractéristique (e.g. taille du noyau) il faut fixer les valeurs des catégories qu'on pourrait assigner à cette caractéristique (e.g. très petite, petite, moyenne ou grande) ;
3. les caractéristiques morphologiques et ses valeurs doivent être interprétables et "mesurables" intuitivement (de sorte que le descripteur soit valable pour les études morphologiques automatiques et manuelles).

Dans le cadre de notre coopération, il a donc fallu : (1) retenir les caractéristiques à étudier et définir les catégories possibles, (2) constituer des bases de données avec des exemples de lymphocytes pour chaque caractéristique et ses catégories (utilisées dans les phases d'apprentissage du système, puis de validation), (3) développer des algorithmes d'extraction de mesures et de paramètres ainsi que de classification, pour passer des mesures/paramètres aux valeurs des caractéristiques.

Bien que nous ayons montré la validité de l'utilisation de ce descripteur au moyen des résultats obtenus dans notre base d'images de travail, ceci ne constitue que la première étape. Des études bio-médicales plus approfondies pourront mettre en évidence leur utilité pratique

pour : (1) la description objective et l'étude évolutive des pathologies lymphoïdes et (2) pour la discrimination parmi différents groupes de diagnostic.

7.7.1 Descripteur morphologique d'un lymphocyte

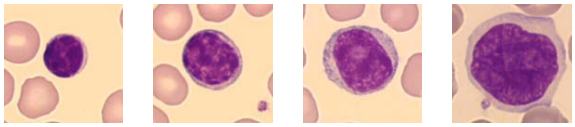
Dix caractéristiques morphologiques ont été retenues pour la description précise d'un lymphocyte. Nous décrivons à présent, et pour chaque caractéristique, les mesures morphologiques utilisées pour identifier la catégorie correspondante ainsi que l'algorithme de classification associé.

Dans chaque caractéristique, nous commençons par montrer les catégories possibles (nous avons gardé la terminologie anglaise) avec des exemples illustratifs.

Un module de notre système va calculer ce descripteur morphologique pour chaque lymphocyte.

Taille nucléaire

1 Nuclear Size	
very small	NSI 1-1
small	NSI 1-2
medium	NSI 1-3
large	NSI 1-4



NSI 1-1 NSI 1-2 NSI 1-3 NSI 1-4

La taille nucléaire est obtenue à partir de l'aire en pixels du masque binaire du noyau :

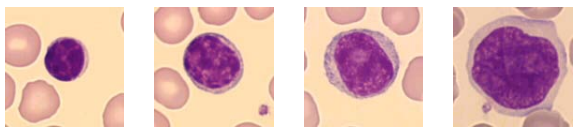
$$S_{nucleus} = Surf(X_{nucleus}).$$

Suite à des études sur quelques populations représentatives de lymphocytes (dans le diagramme de la figure 7.18(a) sont montrées les mesures de six populations) de tailles différentes, nous avons établi le classificateur suivant :

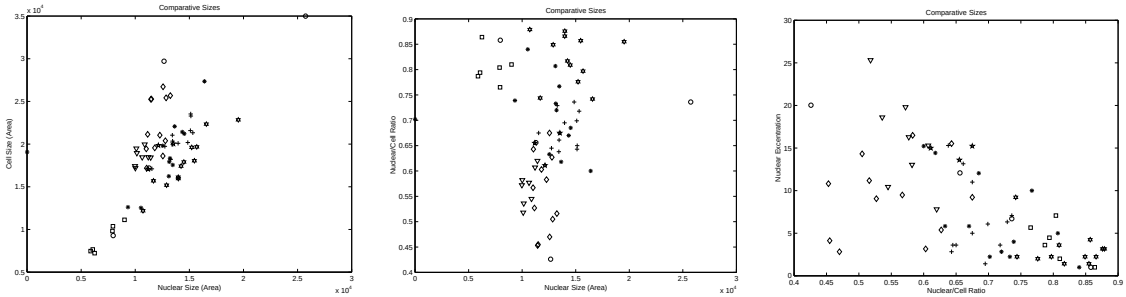
$$f_{NuclearSize}(S_{nucleus}) \Leftrightarrow \begin{cases} S_{nucleus}/10^4 < 0.85 & \Rightarrow NSI = 1 \\ 0.85 \leq S_{nucleus}/10^4 < 1.20 & \Rightarrow NSI = 2 \\ 1.20 \leq S_{nucleus}/10^4 < 2.00 & \Rightarrow NSI = 3 \\ S_{nucleus}/10^4 \geq 2.00 & \Rightarrow NSI = 4 \end{cases}$$

Taille cellulaire

2 Cell Size	
very small	CSI 2-1
small	CSI 2-2
medium	CSI 2-3
large	CSI 2-4



CSI 2-1 CSI 2-2 CSI 2-3 CSI 2-4



(a) (b) (c)

FIG. 7.18 – Mesures de taille cellulaire, de taille nucléaire, de rapport nucléo/cytoplasmique et d'excentration nucléaire pour six populations de lymphocytes.

La taille cellulaire est obtenue à partir de l'aire en pixels du masque binaire de la cellule (noyau + cytoplasme) :

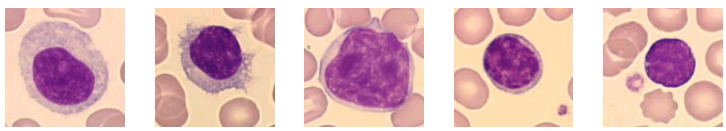
$$S_{cell} = Surf(X_{cell}).$$

A partir du même type d'études expérimentales que pour le noyau, le classificateur correspondant est donné par :

$$f_{CellSize}(S_{cell}) \Leftrightarrow \begin{cases} S_{cell}/10^4 < 1.20 & \Rightarrow CSI = 1 \\ 1.20 \leq S_{cell}/10^4 < 2.00 & \Rightarrow CSI = 2 \\ 2.00 \leq S_{cell}/10^4 < 3.00 & \Rightarrow CSI = 3 \\ S_{cell}/10^4 \geq 3.00 & \Rightarrow CSI = 4 \end{cases}$$

Rapport nucléo/cytoplasmique

3 N/C Ratio	
very low	NC 3-1
low	NC 3-2
medium	NC 3-3
high	NC 3-4
very high	NC 3-5



NC 3-1 NC 3-2 NC 3-3 NC 3-4 NC 3-5

Il s'agit d'un paramètre classique et très important en cytologie quantitative qui se définit comme le ratio entre l'aire du noyau et l'aire totale :

$$NCR = \frac{S_{nucleus}}{S_{cell}}.$$

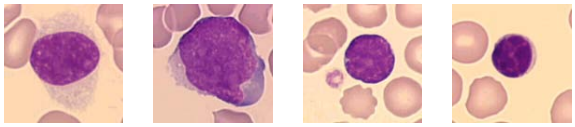
De nouveau, sur la base des expériences, nous avons fixé les seuils suivants (voir aussi les

deux exemples de la figure 7.32) :

$$f_{N/CRatio}(NCR) \Leftrightarrow \begin{cases} NCR < 0.55 & \Rightarrow NC = 1 \\ 0.55 \leq NCR < 0.65 & \Rightarrow NC = 2 \\ 0.65 \leq NCR < 0.75 & \Rightarrow NC = 3 \\ 0.75 \leq NCR < 0.80 & \Rightarrow NC = 4 \\ NCR \geq 0.80 & \Rightarrow NC = 5 \end{cases}$$

Densité de la chromatine

4 Chromatin Density	
very low	CD 4-1
low	CD 4-2
dense	CD 4-3
very dense	CD 4-4

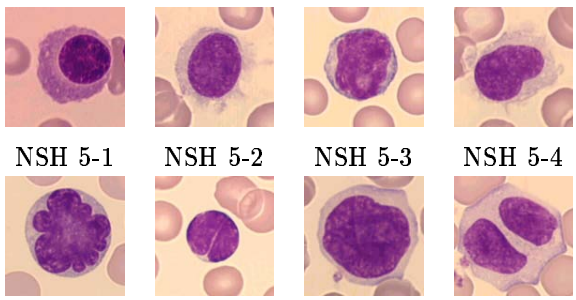


CD 4-1 CD 4-2 CD 4-3 CD 4-4

La classification des quatre classes de densité de chromatine nucléaire est réalisée moyennant l'algorithme que nous avons présenté dans le chapitre 6-section 5. On rappelle que la méthode se fonde sur le calcul de plusieurs courbes granulométriques dans un schéma de classification par distances.

Forme nucléaire

5 Nuclear Shape	
regular, round	NSH 5-1
regular, oval	NSH 5-2
weakly irregular, oval	NSH 5-3
weakly irregular, kidney shape	NSH 5-4
irregular, deep indentation (n)	NSH 5-5
irregular, narrow indentation	NSH 5-6
grooved chromatin pattern	NSH 5-7
binucleated	NSH 5-8



NSH 5-1 NSH 5-2 NSH 5-3 NSH 5-4

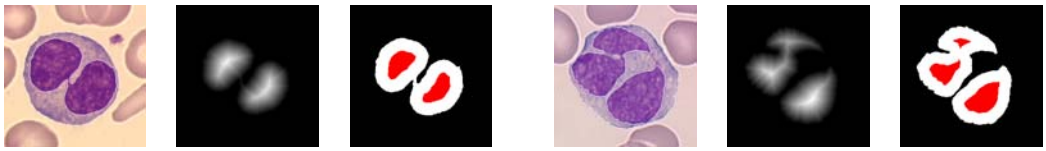
NSH 5-5 NSH 5-6 NSH 5-7 NSH 5-8

Comme nous pouvons le voir, la forme nucléaire est une caractéristique riche en variétés et très intéressante pour identifier des situations pathologiques. Nous rappelons que la forme "normale" du noyau d'un lymphocyte est circulaire.

Dans le passé, beaucoup d'études quantitatives sur la morphologie nucléaire des lymphocytes dans les désordres lymphoproliferatifs ont été réalisées. En général, elles ont prouvé que les paramètres morphonucléaires simples ne sont pas suffisants pour la discrimination fiable des types cellulaires les plus importants, en proposant des paramètres plus élaborés, voir par exemple [157] [23] [150] [203] [264]. Nous avons développé une démarche qui, étape par étape, va nous permettre de classer cette diversité. Donnons les détails des algorithmes.

- On commence par détecter le degré le plus extrême d'irrégularité : le noyau polynucléaire. La figure 7.19 montre des exemples de ces situations, avec un lymphocyte

bi-nucléé (avec une seule composante connexe) un lymphocyte tri-nucléé (avec deux composantes connexes). Nous devons identifier le nombre de noyaux indépendamment du nombre de composantes connexes, et pour ce faire la fonction distance $d_{X_{nucleus}}$ est très indiquée.



(a) (b)

FIG. 7.19 – Lymphocytes polynucléaires et seuillage de la fonction distance : (a) bi-nucléaire et (b) tri-nucléaire.

Nous pouvons ensuite seuiller la fonction distance $X_{nuclei} = T_{[u,t_{max}]}(d_{X_{nucleus}})$, où la valeur de seuil u est calculée de façon à garder un pourcentage fixé du volume de la fonction distance (on a fixé 30%). Le nombre de composantes connexes de X_{nuclei} est égal au nombre de noyaux NN. L'analyse subséquente n'est faite que lorsque $NN = 1$.

- Pour identifier les noyaux réguliers nous utilisons le facteur de forme le plus connu. Soient $S_{nucleus}$ l'aire et $P_{nucleus}$ le périmètre (étant donné qu'on travaille en 8-connexité, le périmètre est calculé en comptant comme 1 les segments horizontaux et verticaux et comme $\sqrt{2}$ les diagonaux) du contour de $X_{nucleus}$. Le facteur de forme ou index de circularité, fondé sur l'inégalité iso-périmètrique du cercle, est donné par l'expression :

$$FF_{nucleus} = \frac{P^2_{nucleus}}{4\pi S_{nucleus}}.$$

Expérimentalement, nous avons fixé que si $FF_{nucleus} < 1.35$ la forme est considérée comme régulière.
Ensuite, il faut séparer les cas ronds et ovales. Dans ce but, on peut calculer le paramètre d'excentricité défini par :

$$E_{nucleus} = \frac{a}{b} = \sqrt{\frac{(U_{2,0}+U_{0,2}) + \sqrt{(U_{2,0}+U_{0,2})^2 + 4(U_{1,1})^2}}{(U_{2,0}+U_{0,2}) - \sqrt{(U_{2,0}+U_{0,2})^2 + 4(U_{1,1})^2}}}$$

où a et b sont les axes principaux de l'ellipse d'inertie calculés à partir des moments spatiaux, que nous avons présentés dans le chapitre 6. De sorte que nous considérons un noyau comme ovale si $E_{nucleus} \geq 1.10$. Voir les exemples de la figure 7.20.

- Pour les noyaux irréguliers, nous commençons par séparer les cas de forte ou de faible irrégularité à l'aide d'un paramètre de convexité (ou disons plutôt de concavité).
D'abord quelques lignes sur la notion d'ensemble convexe. Il y a au moins deux manières de définir un ensemble convexe. D'abord, X est un ensemble convexe si pour chaque paire de points x_1 et x_2 appartenant à X, le segment $[x_1, x_2]$ appartient complètement à X. Pour la deuxième définition (plus intéressante dans un treillis de points comme les pixels d'une image), on dit qu'un ensemble fermé est convexe si et seulement si c'est l'intersection de tous les demi-espaces fermés qui le contient. A partir de ceci, on a encore

Paramètre	*S1*	*S2*	*S3*	*S4*	*S5*
Aire	13996	18970	19382	14688	12615
Périmètre	524.65	652.78	621.81	583.66	456.75
Facteur Forme	1.565	1.788	1.588	1.846	1.316
Excentricité	1.068	1.089	1.252	1.051	1.279
Concavité	0.943	0.930	0.937	0.922	0.981

FIG. 7.20 – Quelques exemples de formes nucléaires avec les paramètres de forme correspondants.

deux manières de définir la notion d'enveloppe convexe. D'abord, pour chaque ensemble X, l'enveloppe convexe $CH(X)$ est le plus petit ensemble convexe qui contient X. Si X est un ensemble fermé, l'enveloppe convexe est également l'intersection de tous les demi-espaces qui la contient [238]. La définition de $CH(X)$ en termes des intersections demi-plans fournit un algorithme pour la construire en utilisant l'intersection de fermetures morphologiques. Une simplification peut être définie en prenant seulement les directions primaires ou secondaires de la grille (carrée ou hexagonale, voir la figure 7.21). Par exemple, dans l'étude [42] les opérateurs morphologiques d'épaississement sont utilisés pour construire des enveloppes convexes appliquées à la classification cellulaire.

(a) (b) (c)

FIG. 7.21 – De l'ensemble initial à l'enveloppe convexe : (a) forme du noyau, (b) enveloppe convexe hexagonale ($C = 0.82$), et (c) enveloppe convexe polygonale ($C = 0.93$).

Nous utilisons une autre méthode pour construire une enveloppe convexe polygonale dans un espace discret. Ainsi, il y a deux étapes à suivre [139] : trouver les points convexes du périmètre de l'objet discret X et les relier en utilisant des segments de ligne. La définition de $CH(S)$ en termes de segments de ligne contient de petites erreurs, parce qu'il peut y avoir plus d'une ligne numérique discrète liant deux points. Néanmoins, cette définition a un grand avantage : son exécution rapide et efficace.
Afin d'analyser la concavité d'un noyau, nous calculons son enveloppe convexe pour comparer des paramètres de forme (l'aire et le périmètre, avec des mesures moins sensibles au bruit pour l'aire [69]). En conséquence, nous définissons le paramètre de concavité suivant :

$$C_{nucleus} = \frac{S_{nucleus}}{S_{CH(X_{nucleus})}}.$$

Moyennant ce paramètre, nous disons qu'un noyau est faiblement irrégulier si $C_{nucleus} \geq 0.98$. Sinon, il faudra étudier les concavités plus en détail.

– Notre but maintenant est d'identifier les noyaux avec des encoches étroites, qui ont une apparence de grain du café.

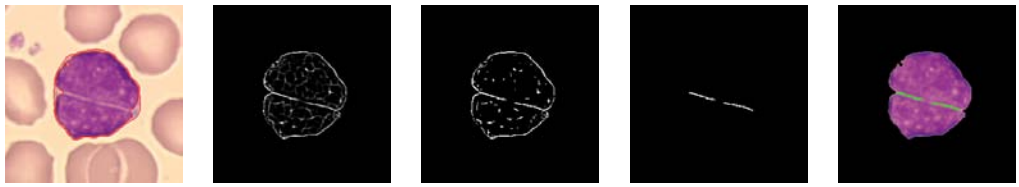


FIG. 7.22 – Etapes intermédiaires pour l'extraction des encoches dans le noyaux (voir le texte).

L'algorithme est relativement simple, voir l'exemple montré dans la figure 7.22. Si on travaille de nouveau sur la composante verte, nous commençons par appliquer une version numérique de la formule de Lantuéjoul (présentée dans le chapitre d'annexe A pour calculer le squelette), i.e.

$$S(f_V) = \sum_{i=1}^{N} S_i(f_V) = \sum_{i=1}^{N} \{\varepsilon_i(f_V) - \gamma[\varepsilon_i(f_V)]\},$$

qui est itérativement appliquée avec $N = 5$. Avec cet opérateur, les structures claires et minces sont fortement rehaussées et nous pouvons ensuite les obtenir par simple seuillage dans l'image binaire X_{ske}. Si nous limitons la surface d'étude (en appliquant le masque érodé du noyau) pour éviter la contribution des bords du noyau, il est possible d'extraire les structures linéaires (segments de droites) d'une certaine longueur moyennant une reconstruction où le marqueur est le supremum d'une série de quatre ouvertures linéaires à différentes orientations de taille $n = 5$, i.e. $X_{lines} = \gamma^{rec}(X_{ske}, \gamma_n^{0^o \vee 45^o \vee 90^o \vee 315^o})$. Finalement nous prenons une ouverture surfacique de taille pour éliminer les segments trop petits, $X_{cleaved} = \gamma_\lambda^a(X_{lines})$ (avec $\lambda = 30$).

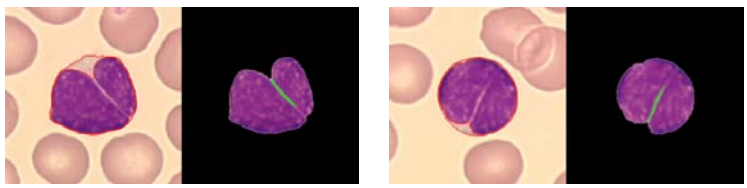


FIG. 7.23 – Exemples de l'extraction des encoches dans le noyaux.

Dans la figure 7.23 sont donnés deux lymphocytes avec extraction positive des encoches.

– L'autre phénomène morphologique qu'il faut étudier dans les noyaux irréguliers concaves est celui des indentations larges qui leur donnent un aspect multi-lobulaire.
La régularité et l'amplitude des indentations peuvent être considérées d'un double point de vue : soit des lobes (les régions appartenant au noyau), soit des concavités intermédiaires entre les lobes. L'étude de ceci a déjà été l'objet d'autres travaux, par exemple dans [235] est présenté un algorithme pour décrire les lobes par algèbre des

vecteurs ; néanmoins nous préférons travailler avec les régions inter-lobulaires. Nous avons vu précédemment le calcul de l'enveloppe convexe, utilisée pour obtenir l'index de concavité. Nous pouvons aussi l'employer pour obtenir les zones inter-lobulaires de convexité par différence entre les ensembles, $CH(S)\backslash S$, voir la figure 7.24.
Pour éliminer les composantes connexes qui correspondent aux petites irrégularités du contour (et qui sont dues parfois à des erreurs de segmentation) nous utilisons une ouverture morphologique, $(CH(S)\backslash S) \circ B$. A partir de ces régions significatives de concavité, nous définissons plusieurs paramètres.

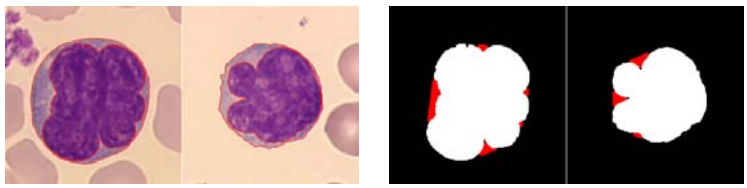


FIG. 7.24 – Définition par enveloppe convexe des régions inter-lobulaires.

Le nombre de régions inter-lobulaires L, qui est le nombre de composantes connexes, est égal au nombre de lobes du noyau. Ensuite pour chaque région inter-lobulaire C_i $(i = 1, 2, \cdots, L)$, on calcule deux paramètres. Le premier, le rapport concavité/noyau $LNR(i)$, est un ratio relatif des aires, i.e.

$$LNR(i) = \frac{Surf(C_i)}{S_{nucleus}}.$$

Le deuxième est le paramètre d'excentricité de l'ensemble C_i, qu'on notera $E_{lobe}(i)$.
En utilisant L, une première classification selon le nombre de lobes est possible. En outre, la combinaison de $LNR(i)$ et de $E_{lobe}(i)$ nous permet de distinguer deux populations différentes de noyaux de poly-lobulaires.
D'abord, les noyaux avec des zones de concavité de taille-forme semblables, qu'on pourrait appeler "irrégularité continue de lobes" CLI ; et en second lieu, des noyaux avec une ou plusieurs concavités plus prononcées que les autres, qu'on note "irrégularité abrupte de lobes" ALI. Un exemple de cette classification est montré sur la figure 7.25.
La présence d'une ALI est caractéristique des noyaux très irréguliers. Les exemples de la figure 7.25 illustrent l'apparition de deux types de ALI : la "concavité large non-profonde" $(WnDC)$, comme par exemple le noyau 2 ; et la "concavité étroite très profonde (NDC), comme celle du noyau 3. Les deux cas ont des valeurs relativement élevées pour $LNR(i)$ et/ou $E_{lobes}(i)$. Afin de pouvoir les différencier nous allons utiliser l'ensemble médian entre la forme initiale du noyau et son enveloppe convexe.
L'ensemble médian, utilisé dans l'interpolation morphologique, définit l'ensemble intermédiaire (placé entre deux ensembles initiaux quand l'intersection de ces derniers est non vide) [37]. Dans notre cas, la forme nucléaire $X_{nucleus}$ est toujours incluse à l'intérieur de son enveloppe convexe $CH(X_{nucleus})$. L'ensemble médian peut s'exprimer comme suit :

$$M(X, CH(X)) = \bigcup_{\forall\lambda} [(X \cap CH(X)) \oplus \lambda B] \cap [(X \cup CH(X)) \ominus \lambda B] = \bigcup_{\forall\lambda} [X \oplus \lambda B] \cap [CH(X) \ominus \lambda B].$$

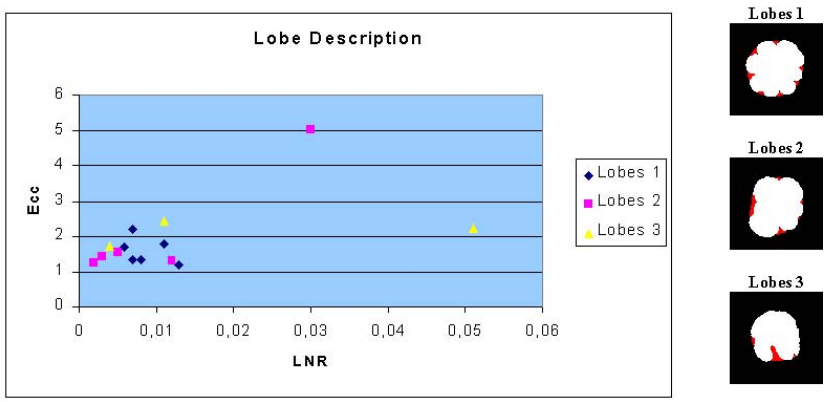
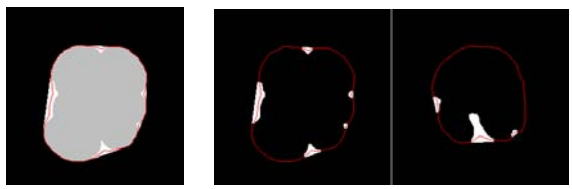


FIG. 7.25 – Exemple de classification des régions en utilisant les paramètres $LNR(i)$ et $E^L_{cc}(i)$.

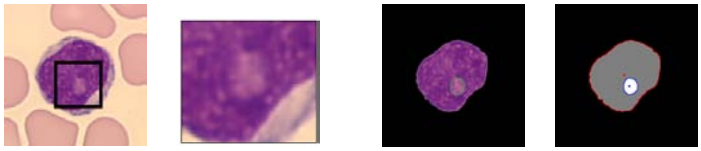


(a) (b)

FIG. 7.26 – Etude précise des concavités : (a) contour de l'ensemble médian (rouge) d'un noyau (gris) et de son enveloppe convexe (blanche), (b) le contour de l'ensemble médian divise les régions de concavité.

Observons l'exemple d'ensemble médian montré dans la figure 7.26, calculé selon l'algorithme présenté, et l'application pour la classification des zones concaves. Le contour de l'ensemble médian divise chaque concavité C_i en deux nouvelles composantes connexes $i1$ et $i2$. Si la région de concavité i est de type $WnDC$, ses régions C_{i1} et C_{i2} auront une aire similaire (proche de la moitié de l'aire de i), tandis que si la concavité est NDC, une des régions $i1$ ou $i2$ aura une aire relativement plus grande que l'autre. Pour le noyau $WnDC$ de la figure 7.26(b)-gauche, les valeurs sont $S_{i1}/Si = 232$, $S_{i2}/S_i = 213$ et $S_i/2 = 290$, et pour le noyau de la figure (b)-droite, on a $S_{i1}/S_i = 117$, $S_{i2}/S_i = 543$ et $S_i/2 = 375$.
Comme conclusion, nous pouvons dire que, pour les noyaux fortement irréguliers, l'analyse de régions inter-lobules fournit une description précise de la forme en les classifiant.

Finalement, il est necessaire de dire que bien que la catégorie "grooved chromatin pattern" ait été incluse dans la caractéristique forme nucléaire, il s'agit plutôt d'un phénomène de structure de la chromatine que, dans cette première phase de nos travaux, nous n'avons pas considéré.

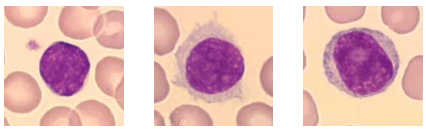


(a) (b)

FIG. 7.27 – Détection du nucléole : (a) aspect morphologique (zoom ×2), (b) extraction et quantification.

Nucléole

6 Nucleolus	
absent	NU 6-1
small, multiple	NU 6-2
single, prominent	NU 6-3



NU 6-1 NU 6-2 NU 6-3

Nous avons préalablement étudié la texture de la chromatine nucléaire comme une texture granulaire qui peut être classifiée moyennant des courbes. Cependant, il y a une structure importante à détecter dans le noyau : le nucléole.

Le nucléole est un corps arrondi qui est habituellement basophile et placé excentriquement dans le noyau. Sur une coloration de type MGG, le nucléole est plus ou moins visible, apparaissant comme une région un peu plus claire et notre but est donc de l'extraire et de le quantifier 7.27. La grande difficulté se trouve dans le fait que certaines structures aléatoires de la chromatine peuvent ressembler à des nucléoles, par ailleurs il peut être multiple.

L'algorithme que nous présentons ci-dessous est fondé sur l'hypothèse (observée expérimentalement sur les images) que le nucléole est une structures claire entourée d'une zone de chromatine très sombre. De plus, il faut considérer des critères de forme et de taille. La figure 7.28 illustre la procédure d'extraction du nucléole, dont les étapes sont :

- Pour cette tâche on travaille de nouveau avec la composante verte du noyau, f_G.
- Modification de contraste : l'histogramme de l'image est étiré pour réduire la variation de marque dynamique et augmenter le contraste entre les structures claires et foncées de la chromatine (voir l'image (b) de la figure). Le facteur d'étirement dépend d'un paramètre α, qui désigne la proportion d'intensité recoupée à partir des deux côtés de l'histogramme. Le choix de ce paramètre dépend lui de l'intensité moyenne du noyau μ_{f_G}. Suite à des tests, nous avons fixé un tableau d'équivalences de α :

μ_{f_G}	α
≥ 70	20%
≥ 62 *et* ≤ 69	10%
≥ 59 *et* ≤ 61	6%
< 59	4%

Ensuite l'opération à faire sur l'image est la suivante :

$$f_G^* = \left[\frac{f_G - t_{min}(\alpha)}{t_{max}(\alpha) - t_{min}(\alpha)}\right](D_{max} - D_{min}) + D_{min},$$

où $[t_{min}(\alpha), t_{max}(\alpha)]$ est l'intervalle d'étirement, et D_{min} et D_{max} sont la valeur max. et min. de l'échelle de niveaux de gris (0 et 255 dans notre cas).
Les paramètres $t_{min}(\alpha)$ et $t_{max}(\alpha)$ sont choisis de telle façon qu'une proportion prédéterminée d'intensité reste entre eux. Ces limites sont dérivées de l'histogramme $h(n)$ de f_G à partir des expressions :

$$\int_{t_{min}(0)}^{t_{min}(\alpha)} h(x)dx = \alpha, \quad et \quad \int_{t_{max}(\alpha)}^{t_{max}(0)} h(x)dx = \alpha.$$

où $t_{min}(0)$ et $t_{max}(0)$ sont la valeur minimale et maximale de l'image f_G.

- Seuillage : après modification du contraste, les régions les plus claires sont typiquement menées à 255 et on peut les extraire sur une image binaire X (image (c)).
- Critères de taille / forme : il faut commencer par appliquer un filtre d'aire pour éliminer les structures les plus grandes moyennant une ouverture surfacique, i.e. $X_{size} = X - \gamma^a_\lambda(X)$. La valeur de taille a été fixée empiriquement $\lambda = 2000$ (aucun nucléole ne pourrait avoir cette taille).
  Ensuite, un deuxième filtrage consiste à utiliser une ouverture circulaire (en fait, il s'agit d'un octogone de taille $n = 10$) suivie de reconstruction pour ne plus garder que les composantes connexes relativement circulaires et plus grandes qu'une taille fixée, i.e. $X_{size+shape} = \gamma^{rec}_n(X_{size})$ (l'image (e) de l'exemple). Les composantes connexes qui restent sont candidates à être un nucléole.
- Test sur les régions candidates : Si $X_{size+shape} \neq \emptyset$, et pour chaque composante connexe R_i nous devons appliquer deux tests :
  Un critère affiné de circularité, calculé en mesurant le résidu entre R_i et l'ouverture octogonale maximale $\gamma_{max}(R_i)$, qui doit être supérieure à 60% (image (f)).
  Un critère de différence de contraste entre la moyenne d'intensité μ_{inner} dans la région R_i et la moyenne μ_{around} de la région qui l'entoure $R_i^\delta = \delta_n(R_i)$ (obtenue par dilatation de taille $n = 20$, image (g)). Empiriquement, nous considérons que la différence $\mu_{inner} - \mu_{around}$ doit être supérieure à 20.
- Arrondir les composantes connexes : si les deux critères de circularité et de contraste se vérifient, nous pouvons considérer que la région R_i est un nucléole. Nous proposons aussi d'arrondir cette composante connexe pour avoir une forme plus propre. En fait il s'agit d'appliquer une petite ouverture pour régulariser le contour $R_{i^*} = \gamma_n(R_i)$ $(n = 10)$ suivie de l'enveloppe convexe $R_{nucleolus} = CH(R_i^*)$. Voir le résultat sur l'image (h).
- La sortie de l'algorithme de détection est le masque binaire du nucléole (avec plusieurs composantes connexes dans le cas où nous avons plusieurs petits nucléoles).

Lorsqu'on se trouve avec un nucléole unique de grande taille (la taille se mesure avec un paramètre de type rapport surfacique nucléole/noyau), la détection est beaucoup plus simple. Par ailleurs, les nucléoles multiples et petits ont une signification biomédicale beaucoup moins claire.

La figure 7.29 donne des exemples d'extraction du nucléole. Notons qu'il s'agit d'un algorithme relativement complexe, c'est-à-dire avec un grand nombre de paramètres. En conséquence, l'algorithme n'est pas très robuste. Ceci est dû à la difficulté inhérente du problème à résoudre : souvent, l'expert hématologue a une grande difficulté à identifier le

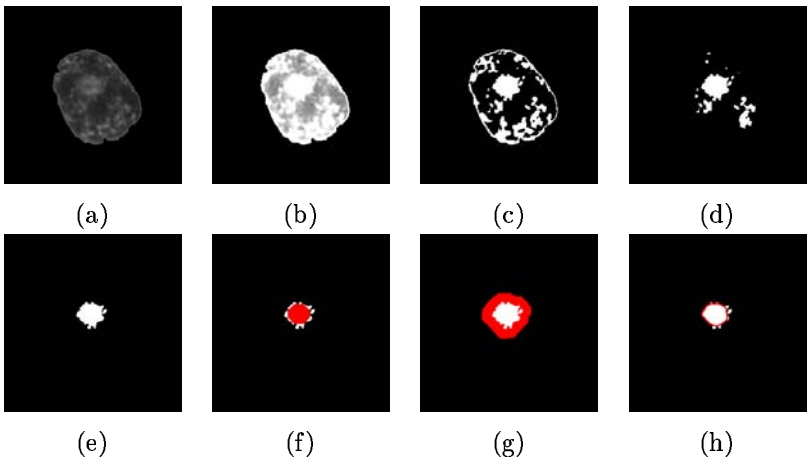


FIG. 7.28 – Etapes intermédiaires de l'algorithme pour l'extraction des nucléoles (voir le texte).

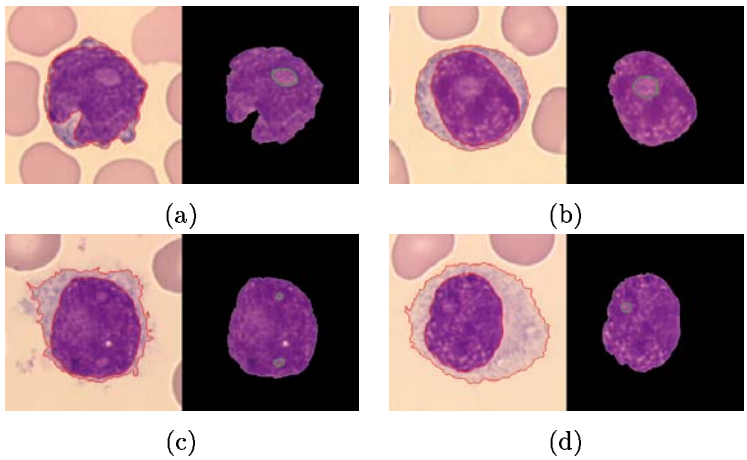
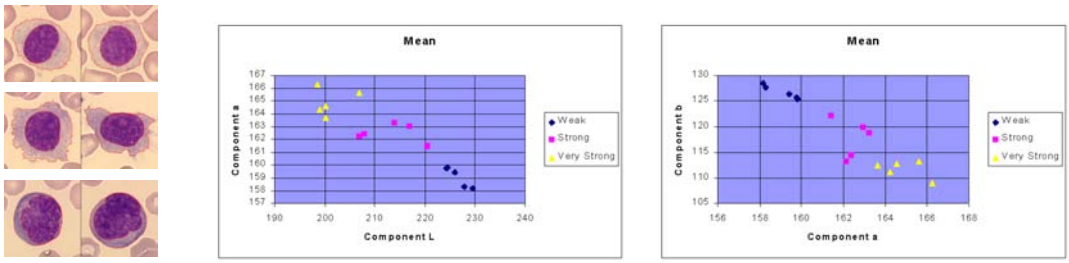


FIG. 7.29 – Exemples d'extraction du nucléole : (a)-(b) nucléole proéminent, (c)-(d) petits nucléoles (un ou plusieurs).



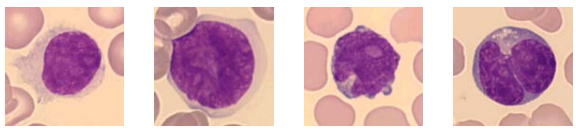
(a) (b) (c)

FIG. 7.30 – (a) Exemples de niveau de basophilie très différents, (b) et (c) valeurs de la moyenne des composantes L*, a* et b* de la région cytoplasmique pour quelques lymphocytes.

nucléole. Certaines améliorations sont envisageables pour augmenter la performance de l'algorithme (qui se situe dans la forme actuelle vers 60%).

Basophilie cytoplasmique

7 Cytoplasmic Basophilia	
very weak	CB 7-1
weak	CB 7-2
strong	CB 7-3
very strong	CB 7-4



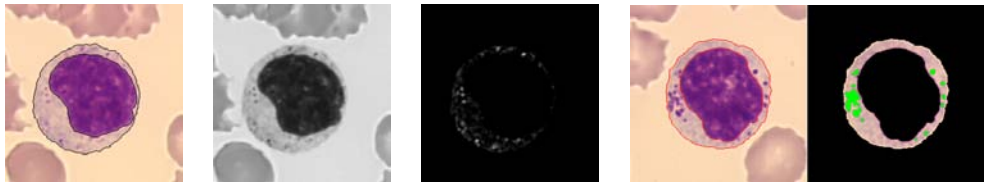
CB 7-1 CB 7-2 CB 7-3 CB 7-4

Sur les images de frottis colorés avec MGG, la basophilie a tendance à se colorer en bleu et par conséquent, une étude de la basophilie du cytoplasmique implique l'étude de sa couleur. Cette caractéristique a été déjà utilisée dans la classification de lymphocytes [118].

Comme nous avons en discuté dans le chapitre 2, l'espace couleur L*a*b* a de bonnes propriétés colorimétriques qui justifient le choix de cet espace pour la quantification de la basophilie.

Une fois segmentée la région couleur du cytoplasme, $\mathbf{f}_{cyto} = \mathbf{f}_{cell} - \mathbf{f}_{nucleus}$, on peut obtenir l'histogramme pour chaque composante L*, a* et b*. Etant donné que les régions sont très homogènes, les histogrammes sont de belles gaussiennes et il semble logique de travailler avec les moments : moyenne μ, variance σ, skewness $Skew$ et kurtosis $Kurt$. Nous avons pu constater que l'emploi de la moyenne (μ_{L*}, μ_{a*} et μ_{b*}) est déjà suffisant pour le but recherché, voir la figure 7.30.

Lorsqu'on a approfondi quelques populations de lymphocytes on a pu constater aussi le besoin d'introduire un niveau de basophilie intermédiaire pour faciliter la classification. Sur la base des résultats, nous avons proposé un classificateur linéaire qui n'utilise que la moyenne de la composante L* et la moyenne de la composante b* (l'axe de l'opposition jaune-bleu) :



(a) (b) (c) (d)

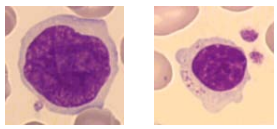
FIG. 7.31 – Exemple d'extraction des granulations cytoplasmiques : (a) lymphocyte, (b) composante vert, (c) chapeau haut de forme noir. (d) Un autre exemple.

$$f_{CytoplaBaso}(\mu_{L*},\mu_{a*},\mu_{b*}) \Leftrightarrow \begin{cases} \mu_{L*} > 220.0 \ et \ \mu_{b*} > 123.5 & \Rightarrow CB = 1 \\ \mu_{L*} \leq 220.0 \ ou \ \mu_{b*} \leq 123.5 & \Rightarrow (1) \end{cases}$$

$$(1) \begin{cases} 215.5 - 0.5\mu_{L*} - \mu_{b*} \leq 0 \Rightarrow CB = 4 \\ 215.5 - 0.5\mu_{L*} - \mu_{b*} > 0 \Rightarrow \begin{cases} 223.1 - 0.5\mu_{L*} - \mu_{b*} \leq 0 \Rightarrow CB = 3 \\ 223.1 - 0.5\mu_{L*} - \mu_{b*} > 0 \Rightarrow CB = 2 \end{cases} \end{cases}$$

Granulations cytoplasmiques

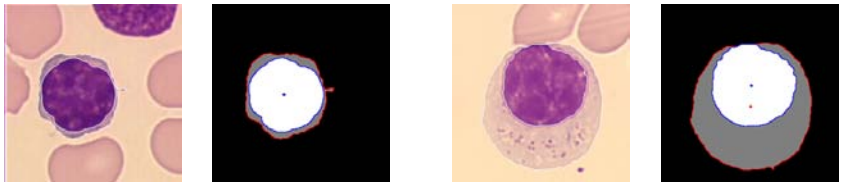
8 Cytoplasmic Granulations	
absent	CG 8-1
present	CG 8-2



CG 8-1 CG 8-2

L'autre caractéristique intéressante à identifier sur les cytoplasmes est l'apparition de granulations azurophiliques (couleur bleu). Ces structures sont clairement visibles sur la composante verte f_G. Pour les extraire, nous proposons de travailler sur cette composante pour ensuite appliquer un chapeau haut de forme noir, $f_{grains} = \rho^{-}_{sB}(f_G)$, et finalement par simple seuillage obtenir les grains X_{grains}, voir l'exemple de la figure 7.31. On calcule la surface des grains détectés : $Cyto_{grains} = Surf(X_{grains})$. Le choix de la taille de l'élément structurant circulaire et le niveau de seuil ont été fixés sur une série d'exemples.

Evidemment, on ne s'intéresse qu'à la région du cytoplasme. Il s'agit d'un problème qui semble très facile, cependant nous avons pu observer l'apparition de beaucoup de faux positifs dûs à certaines variations dans la basophilie qu'on trouve dans les cytoplasmes très foncés. D'autre part, les grains ne peuvent pas se trouver dans les lymphocytes avec une région très petite de cytoplasme. En conséquence et pour aboutir sur un classificateur plus robuste, nous proposons de tenir compte de toutes ces considérations :



(a) (b)

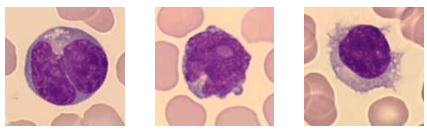
FIG. 7.32 – Exemples de lymphocytes avec des rapports noyau/cytoplasme très diferents : (a) $NCR = 0.76$ et $d_{nucleus \to cell} = 1$, (b) $NCR = 0.44$ et $d_{nucleus \to cell} = 30$.

$$f_{CytoplasmicGranulations}(NCR, \mu_{L*}, \mu_{b*}, Cyto_{grains}) \Leftrightarrow$$

$$\begin{cases} 0.40 \leq NCR \leq 0.70 \ et & \\ \quad [\mu_{L*} > 218 \ and \ \mu_{b*} > 119] \ et & \\ \quad\quad Cyto_{grains} > 40 & \Rightarrow CG = 2 \\ sinon & \Rightarrow CG = 1 \end{cases}$$

Forme cytoplasmique

9 Cytoplasmic Shape	
regular	CSH 9-1
irregular, budding	CSH 9-2
irregular, villosity	CSH 9-3

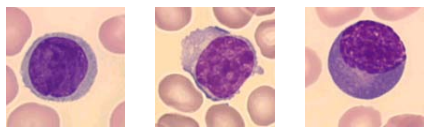


CSH 9-1 CSH 9-2 CSH 9-3

La classification des trois catégories de profil cytoplasmique est menée à bien en calculant les paramètres $Cyto_{narrow}$ et $Cyto_{wide}$ à partir de la granulométrie par ouvertures, selon l'algorithme que nous avons décrit en détail dans le chapitre 6-section 4.

Excentration nucléaire

10 Nuclear Excentration	
absent	NEX 10-1
moderate	NEX 10-2
strong	NEX 10-3



NEX 10-1 NEX 10-2 NEX 10-3

La position du noyau dans la cellule est un exemple particulier du problème plus général, qui est celui de la position d'une structure à l'intérieur d'une autre (typiquement, position centrale, paracentrale ou excentrique). Quelques méthodes ont été proposées dans la littérature dans ce but. Notamment pour étudier la position du nucléole dans le noyau, voir par exemple [123] qui propose une approche probabiliste ou [151], où est présenté un modèle descriptif avec trois paramètres.

Nous proposons d'utiliser un paramètre simple mais qui est suffisant pour mesurer le degré d'excentricité du noyau à l'intérieur de la cellule : la distance euclidienne entre les centroïdes, i.e.

$$d_{nucleus \to cell} = \sqrt{(\bar{x}_n - \bar{x}_c)^2 + (\bar{y}_n - \bar{y}_c)^2},$$

où $(\bar{x}, \bar{y})_{nucleus}$ et $(\bar{x}, \bar{y})_{cyto}$ sont le centre de masses (calculé à partir des moments spatiaux présentés dans le chapitre 6) du masque du noyau $X_{nucleus}$ et du masque de la cellule X_{cell}, respectivement.

De nouveau, sur la base des expériences, et à partir de ce paramètre nous classifions les noyaux selon le degré d'excentricité :

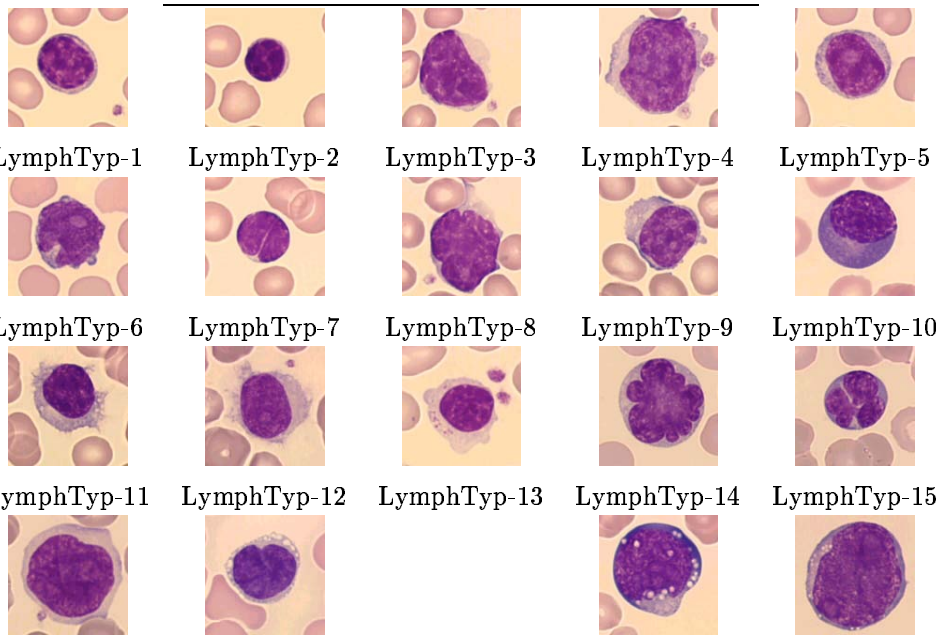
$$f_{NuclearExcent}(d_{nucleus \to cell}) \Leftrightarrow \begin{cases} d_{nucleus \to cell} < 5 & \Rightarrow NEX = 1 \\ 5 \leq d_{nucleus \to cell} < 15 & \Rightarrow NEX = 2 \\ d_{nucleus \to cell} \geq 15 & \Rightarrow NEX = 3 \end{cases}$$

7.7.2 Typologie d'un lymphocyte

En résumé, on peut affirmer que les dix caractéristiques présentées sont nécessaires et suffisantes pour décrire la morphologie de tout lymphocyte. Or dans la démarche de classification manuelle classique, l'hématologue n'est pas conscient de cette séparation en caractéristiques ; toute l'information morphologique est intégrée par le cerveau et le lymphocyte est assigné à une typologie particulière.

La partie médicale de notre projet a réalisé un important travail de synthèse pour proposer l'ensemble de typologies lymphocytaires historiquement acceptées par la communauté des spécialistes. Plus précisément, voici la liste avec des exemples :

Lymphoid Cell Typology	
Small Lymphocyte	LymphTyp-1
Very Small Lymphocyte	LymphTyp-2
Large Lymphocyte	LymphTyp-3
Very Large Lymphocyte	LymphTyp-4
B-Like Prolymphocyte	LymphTyp-5
T-Like Prolymphocyte	LymphTyp-6
Small Centrocyte	LymphTyp-7
Large Centrocyte	LymphTyp-8
Lymphoplamocytic Cell	LymphTyp-9
Plasma Cell	LymphTyp-10
Villous Lymphocyte	LymphTyp-11
Hairy Cell	LymphTyp-12
Large Granular Lymphocyte	LymphTyp-13
ATL-Like Cell Large	LymphTyp-14
ATL-Like Cell Small	LymphTyp-15
Large Sezary Cell	LymphTyp-16
Small Sezary Cell	LymphTyp-17
(Lympho)blast-Like Cell	LymphTyp-18
Burkitt-Like Cell	LymphTyp-19
Immunoblast-Like Cell	LymphTyp-20



LymphTyp-1 LymphTyp-2 LymphTyp-3 LymphTyp-4 LymphTyp-5

LymphTyp-6 LymphTyp-7 LymphTyp-8 LymphTyp-9 LymphTyp-10

LymphTyp-11 LymphTyp-12 LymphTyp-13 LymphTyp-14 LymphTyp-15

LymphTyp-16 LymphTyp-17 LymphTyp-18 LymphTyp-19 LymphTyp-20

Théoriquement, il est possible de faire le recoupage entre les catégories des caractéristiques. Pour certaines typologies la question est simple, e.g. si $CG = 2$ (cytoplasme avec des granulation) la typologie est $LymphTyp = 13$ ("Large Granular Lymphocyte"), cependant, pour d'autres, la réponse est moins directe. De nouveau, notre partenaire médical a développé une

série de tableaux pour aider à la classification. Nous n'allons pas considérer ici cette partie du travail car les résultats en sont assez préliminaires et doivent être améliorés. Toutefois, à notre avis, la piste à suivre consiste à mettre en œuvre un arbre de décision avec de la logique floue pour bien tenir compte des possibles incertitudes dans la classification, qui devrait être validée de manière consensuelle sur un ensemble important de cellules (comme nous l'avons fait pour les caractéristiques).

7.7.3 Extension à une population de lymphocytes

D'un point de vue biomédical, il est évident qu'un seul lymphocyte n'est pas représentatif d'une situation pathologique. Dans la littérature on considère qu'il faut étudier un échantillon d'au moins 30 à 50 lymphocytes pour formuler un diagnostic morphologique [86]. Cette considération est également valable pour les descripteurs que nous avons développés.

Si on obtient un descripteur pour chacun des lymphocytes de la population, la question clé est de trouver une méthode de combinaison de toutes ces informations (mesures/paramètres, catégories morphologiques et typologies cellulaires) pour définir le descripteur de la population, voir la figure 7.33.

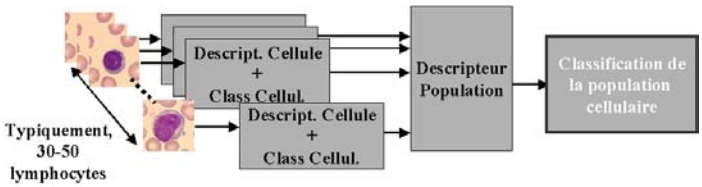


FIG. 7.33 – Extension à une population de lymphocytes.

Plusieurs alternatives sont envisageables. Si on travaille directement sur les paramètres quantitatifs, il serait pratique d'obtenir des moyennes (d'une manière plus générale, des histogrammes) qui constitueraient le point de départ pour les algorithmes de classification qui fourniraient les dix caractéristiques du descripteur morphologique de la population. Une autre possibilité serait de travailler en se basant sur les caractéristiques après classification ; dans ce cas des statistiques de type médiane et mode pourraient fournir un descripteur morphologique représentatif de la population. Des études biomédicales plus approfondies pourront montrer quelle est la meilleure façon de combiner les descripteurs.

7.7.4 Indexation des données morphologiques

Le langage XML (acronyme de "Extensible Markup Language") a été défini par le groupe de travail XML du W3C (World Wide Web Consortium, www.w3.org). XML est un langage de marquage à valises conçu spécifiquement pour délivrer des information sur le WWW tout comme HTML, qui a été le langage standard utilisé pour créer des pages web depuis l'origine du WWW. HTML propose un ensemble rigide d'éléments prédéfinis qui peuvent être utilisés pour marquer les composants d'une page web type, de portée générale ; cependant il a des capacités limitées de stockage de l'information. A l'opposé, la souplesse de la syntaxe XML permet de décrire virtuellement tout type d'information. Un document XML, conjointement

avec une feuille de style ou une page HTML conventionnelle, peut être facilement affiché par un navigateur web. Du fait qu'un document XML structure et étiquette l'information qu'il contient, le navigateur peut trouver, extraire, trier, filtrer, arranger et manipuler cette information avec une très grande souplesse. Lorsqu'on l'utilise pour décrire une base de données, il présente des avantages par rapport aux formats propriétaires : XML est directement lisible et repose sur un standard public et ouvert.

Tout ceci a justifié notre choix de XML pour indexer les données morphologiques associées aux descripteurs des lymphocytes. XML a été aussi adopté par MPEG-7 comme langage pour ses descripteurs (www.mp7c.org/).

Suite à l'analyse manuelle ou automatique de chaque lymphocyte, le résultat est l'ensemble composé des catégories assignées à chacune des caractéristiques morphologiques et de la typologie cellulaire. Dans le cas de l'analyse automatique, il y a aussi les valeurs de mesures et paramètres utilisées pour déterminer les catégories. Par ailleurs, il semble logique d'indexer conjointement toutes les informations sur les lymphocytes qui constituent la population représentative. A tout ceci, il faut ajouter les images couleur initiales ainsi que les images du noyau et du cytoplasme des lymphocytes segmentés (et une image de synthèse avec les contours du noyau, cytoplasme, nucléoles, incisions, grains, etc.).

Nous avons bâti un fichier XML pour indexer toutes ces données hypertexte (ou metadata selon la terminologie MPEG-7). Dans la figure 7.34 est inclus un exemple de fichier descriptif. Il faut noter qu'il y a quelques champs prévus pour les informations complémentaires : identification du cas, identification de la lame et de l'image, position du lymphocyte dans l'image, etc. Il serait aussi possible d'incorporer d'autres informations non-morphologiques (cliniques, génétiques, etc.) pour les indexer conjointement en vue d'applications ultérieures.

7.8 Validation par téléconsensus de la méthodologie

L'acceptation et le passage à une implantation de routine de laboratoire passent évidemment par la mise en œuvre d'un protocole d'évaluation du système dans le cadre d'un groupe d'experts qui doivent valider le traitement d'images, les mesures, les résultats de classification, ainsi que leur robustesse face à différentes variabilités.

Du point de vue de la valorisation industrielle, c'est une validation approfondie de ce type qui permet le passage du prototype de recherche au produit commercial dans un domaine très sensible comme celui de la technologie en biomédecine.

Nous avons réalisé un premier essai de validation du système visant plusieurs objectifs. Le premier était justement la mise à l'épreuve de la méthodologie du descripteur développé (qualité de la segmentation, définition des caractéristiques, capacité de discrimination des classes) par un groupe d'experts en hématologie cellulaire. Un deuxième grand objectif s'adressait à l'évaluation d'une application informatique en réseau qui permettra le travail à distance entre experts pour trouver un consensus.

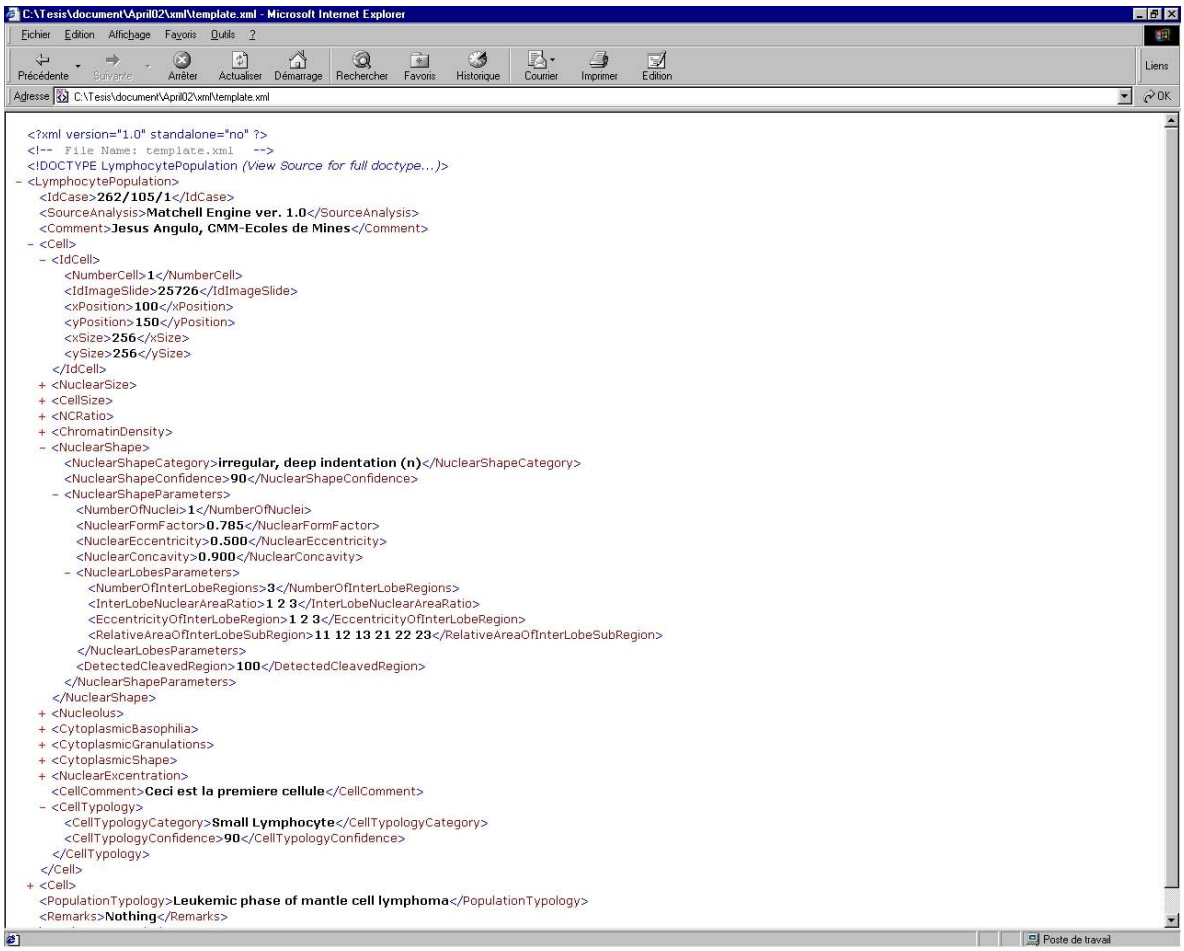


FIG. 7.34 – Exemple de fichier XML pour l'indexation des données morphologiques d'une population de lymphocytes.

7.8.1 Description de l'expérience

Pour ce faire, nous avons sélectionné 60 lymphocytes qui représentent à peu près toutes les situations les plus communes. Ceci constitue l'ensemble de cellules à "lire".

Cinq hématologues ont réalisé la lecture des cellules une par une. Il a fallu donc développer un logiciel pour travailler en ligne à partir d'un site web avec contrôle d'accès, de plus, doit être facilement utilisable. Ce logiciel a été mis en œuvre par le partenaire industriel de notre projet. La figure 7.35 montre l'interface de lecture proposée.

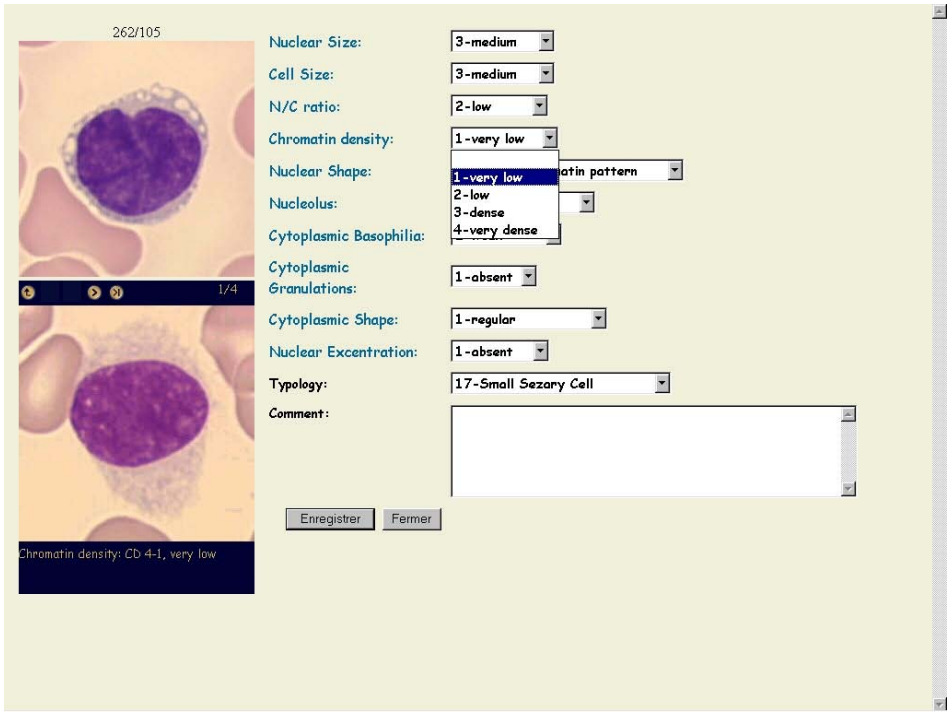


FIG. 7.35 – Interface web développé pour la lecture "manuelle" des lymphocytes.

Il y a une fenêtre avec l'image à lire, et la lecture par un utilisateur humain consiste à choisir la classe pour chaque caractéristique morphologique, en cliquant sur la case correspondante. Par ailleurs, l'utilisateur dispose pour chaque catégorie d'une aide, montrant un exemple de chaque classe (ce sont les mêmes cellules que nous avons montrées précédemment), qui apparaît sous la forme d'une fenêtre glissant lorsqu'on clique sur le nom de la caractéristique. Cette application permet d'enregistrer les données en format XML compatible avec le format de notre descripteur.

Suite aux cinq lectures, l'un des hématologues (qui coordonne ce projet), après examen des cinq résultats préliminaires (et une révision des images), propose la lecture de "consensus". Ensuite, les mêmes lymphocytes ont été analysés par le module de notre système.

7.8.2 Discussion

L'analyse approfondie des résultats de l'étude de téléconsensus est en cours actuellement. Donnons ici quelques premières constations à la vue des résultats obtenus.

1. *Caractéristiques de taille* : La taille nucléaire est un paramètre relativement facile à classifier d'une manière intuitive et en conséquence, les lectures manuelles et les résultats du système sont assez similaires.

   En revanche, les résultats de la taille cellulaire sont beaucoup plus dissemblables. Il semble que l'apparition de villosités et même une modification de la forme du noyau ont une conséquence sur la perception humaine de la taille cellulaire (qui est souvent sur-dimensionnée).

   Ces considérations sont aussi valables pour le rapport nucléo/cytoplasmique.

   L'excentration nucléaire est bien détectée manuellement et automatiquement, pourtant la séparation entre "moderate" et "strong" obtenue directement pour le système, devient plus difficile à identifier par la lecture manuelle.

2. *Densité de la chromatine* : Cette caractéristique est vraiment difficile à identifier de façon manuelle. Les résultats du système sont relativement cohérents entre eux mais on trouve souvent des incohérences vis-à-vis des résultats manuels (qui de plus sont parmi les plus variables). Normalement les problèmes sont entre les classes "low" et "dense" ; par ailleurs l'apparition des nucléoles sur la chromatine semble induire une perception humaine de la texture moins dense.

3. *Forme nucléaire* : Les résultats pour la forme nucléaire sont assez encourageants. Les classes sont faciles à identifier intuitivement. Le système fonctionne relativement bien, même si peut-être il faudrait peaufiner quelques éléments de classification des cellules très irrégulières, comme par exemple en introduisant une nouvelle catégorie pour séparer les cas où l'indentation étroite est une région de concavité profonde, ou bien un segment placé sur la texture (pour les noyaux de type grain de café).

   Et bien sûr il faudrait développer une méthode pour détecter les noyaux avec "grooved chromatin". Nous croyons que la solution serait de considérer une classe additionnelle de texture de la chromatine, qu'on pourrait essayer d'identifier avec des techniques d'analyse des textures.

4. *Nucléole* : Les nucléoles grands et uniques sont relativement bien détectés lorsqu'ils sont évidents. D'autres fois, l'interprétation devient difficile puisque le système extrait comme nucléole une structure qui pourrait être ou ne pas être un nucléole, voir l'exemple suivant :

   Les petits nucléoles sont souvent détectés de façon erronée aussi bien manuellement qu'automatiquement.

5. *Basophilie et granulations cytoplasmiques* : Il y a pas mal de difficultés dans l'identification de la basophilie par les lecteurs. Peut-être que quatre catégories constituent un choix trop large pour cette caractéristique.

Les granulations sont facilement identifiables pour les lecteurs. Le système introduit quelques faux positifs qui devraient être corrigés en ajoutant par exemple une détection alternative des grains sur la composante teinte.

6. *Forme cytoplasmique* : Une caractéristique facile à classifier dans les cas évidents. Il y a parfois quelques conflits pour des cellules qui ont une forme intermédiaire entre les deux irrégularités.

Cette étude de téléconsensus nous a permis d'envisager d'autres applications intéressantes du système : apprentissage et enseignement, établissement d'une sémiologie par consensus, etc... Il s'avère rapidement que l'extension de ces techniques à d'autres applications de la télépathologie est à considérer.

7.9 Conclusions et perspectives

Nous avons présenté dans ce chapitre une application complète de la morphologie mathématique à l'imagerie en microscopie biomédicale qui vise à améliorer les conditions de télédiagnostic en hématologie cellulaire. Le but principal est de décrire et de classifier la morphologie des lymphocytes. Il est prévu d'étendre cette sorte d'algorithmes et d'opérateurs à l'étude de la morphologie des hématies et des inclusions. Evidemment, la plate-forme logicielle présentée a été conçue pour être intégrée d'une manière modulaire dans des stations microscopiques automatisées.

Par ailleurs, la progressive introduction des réseaux d'ordinateurs et de l'Internet dans tous les domaines de la vie, et en particulier, dans la recherche et la médecine, impliquent un nécessaire changement de la philosophie de travail. Sur le territoire français, un nombre considérable de laboratoires de biomédecine travaillent en réseau, sous l'égide de l'Association pour le Développement de l'Informatique en Cytologie et en Anatomie Pathologiques (ADICAP) et du Groupe Français d'Hématologie Cellulaire (GFHC). Un certain nombre d'hématologistes français se sont engagés dans des activités de télémédecine et ont déjà réalisé un certain nombre d'applications concrètes sur ce réseau, tant en termes de contrôle de qualité des techniques préparatoires, qu'en termes de mise en commun de données thématiques (CD-ROM pédagogiques).

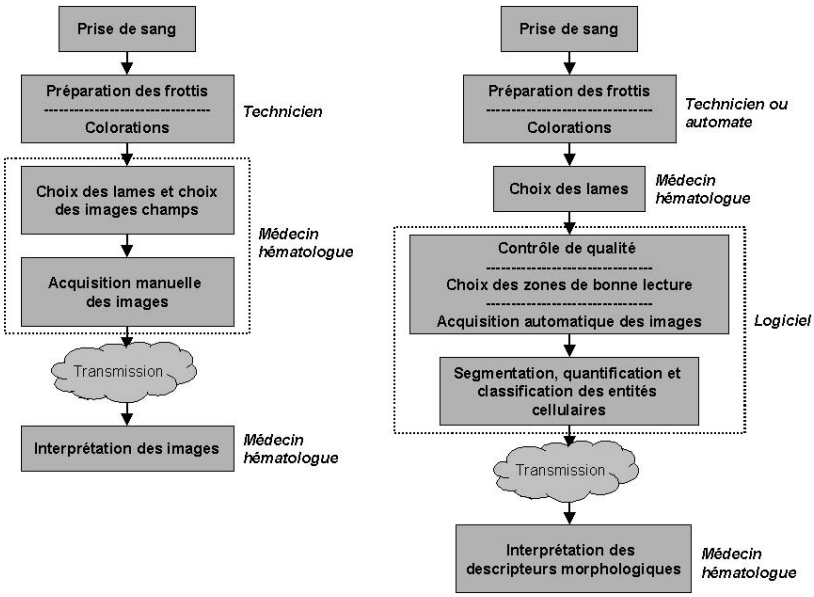


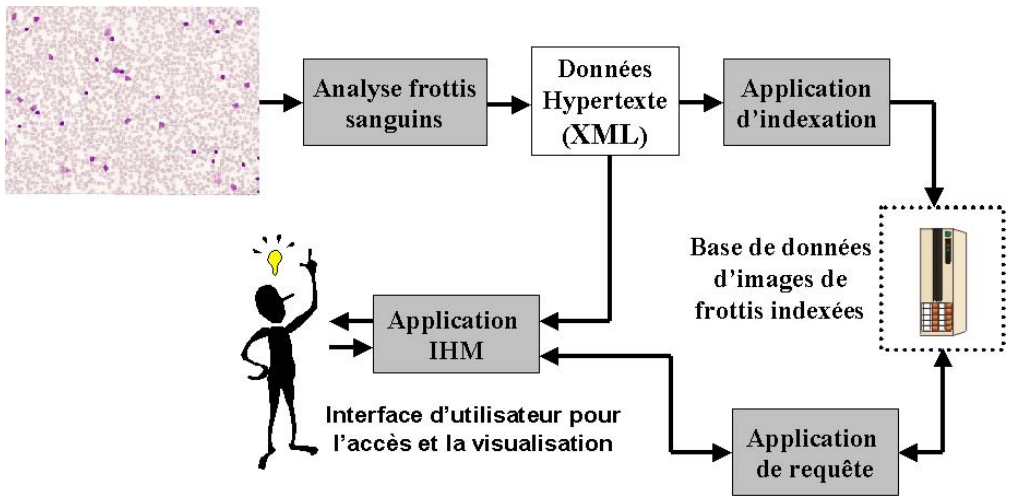
FIG. 7.36 – Télédiagnostic en hématologie : approche manuelle (gauche) vs. approche automatisée (droite).

Comme nous le montrons dans la figure 7.36, l'incorporation de la plate-forme dans les stations permet d'avancer vers des approches de télédiagnostic beaucoup plus puissantes et plus utiles, où une partie importante des étapes sont automatisées.

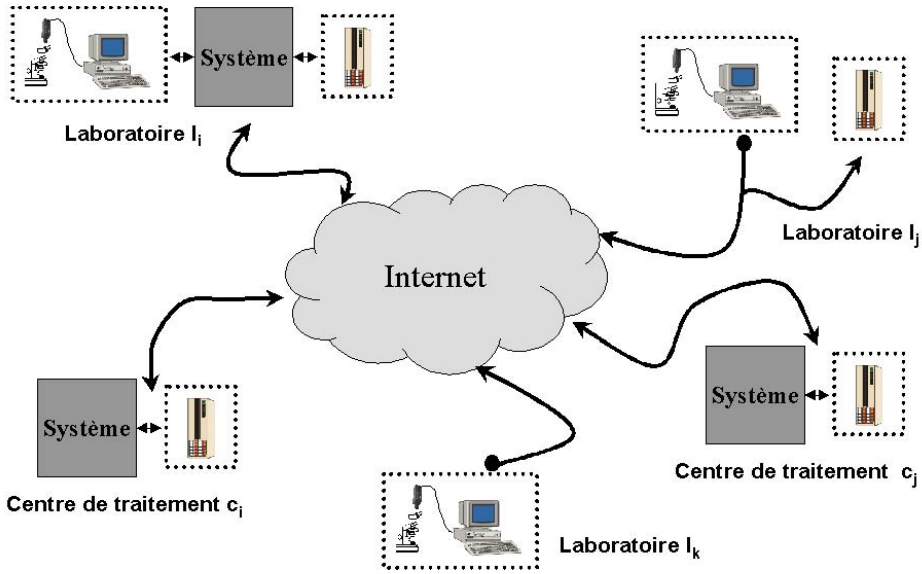
En plus de pouvoir utiliser l'analyse morphologique pour assister le diagnostic, d'autres applications en perspective sont à considérer, figure 7.37. Les différents dossiers d'images

peuvent être indexés dans des bases de données consultables par le contenu selon les descripteurs morphologiques, et tout ceci peut être envisagé dans un scénario de téléhématologie et de travail en réseau, en permettant de partager les ressources disponibles : échange d'information et usage partagé de la capacité de traitement.

En conclusion, nous pouvons dire que notre approche commence à atteindre ses objectifs initiaux : montrer la viabilité d'un système morphologique pour la lecture de frottis de sang périphérique. Il est vrai que dans le bouleversement que la biologie a connu au cours des dernières années, avec les découvertes en génétique et protéomique et donc avec des nouveaux outils biotechnologiques comme les puces à ADN, les matrices de tissus, etc., la morphologie a pris une place relativement secondaire. Elle reste néanmoins un élément primordial et de faible coût pour le diagnostic. Le télédiagnostic est devenu un vrai enjeu économique qui, à long terme et pour certaines sociétés, constitue une niche de marché justifiant l'investissement dans son développement et sa commercialisation.



(a)



(b)

FIG. 7.37 – Applications en perspective : (a) moteur d'indexation et recherche par le contenu selon les descripteurs morphologiques, (b) téléhématologie et travail en réseau.

Chapitre 8

Lecture automatique des puces à ADN

8.1 Avant-propos

Nous terminons ce mémoire sur l'imagerie couleur quantitative par un second exemple d'application biotechnologique [9] [10].

Il s'agit cette fois des puces à ADN, où la couleur intervient essentiellement dans la création de l'objet d'étude, au moyen de deux fluorescences rouge et vert. Le traitement en aval repose sur des algorithmes morphologiques numériques avancés.

8.2 Introduction

Les puces à ADN ou biopuces (en anglais, *DNA microarrays*) sont à la base d'une technologie expérimentale répandue pour explorer le génome. Plus précisément, les biopuces fournissent un outil simple pour identifier et mesurer les niveaux d'expression des gènes d'un certain échantillon biologique.

Une biopuce consiste en une matrice de milliers de segments discrets d'ADN (les spots) qui sont imprimés sur une lame microscope de verre en utilisant un robot. Pour comparer l'abondance relative de chacun de ces segments de génome dans deux échantillons d'ADN (typiquement, un échantillon de référence et un autre à l'étude), les deux échantillons sont d'abord marqués grâce à deux fluorescents différentes (les colorants sont des cyanines, la fluorescence rouge est Cy5 et la fluorescence vert Cy3, avec des émissions dans les 630-660 nm et 510-550 nm respectivement). Les deux échantillons sont alors mélangés et hybridés avec les spots d'ADN rangés dans la matrice. Après hybridation, des mesures de fluorescence sont faites pour chaque colorant séparément ; ces mesures sont utilisées pour déterminer le rapport, ou l'abondance relative, de chaque gène spécifique dans les deux échantillons d'ADN. Celle-ci est la technique développée par P. O. Brown, de l'Université de Stanford [49] [81]. Il y

a d'autres systèmes et méthodes de biopuces qui ont été proposés (ou en développement) qui diffèrent sur quelques détails mais qui partagent le principe de l'hybridation et produisent le même résultat, une image de spots, voir [43].

Les intensités des fluorescences peuvent être acquises en utilisant différents dispositifs. Dans la numérisation, un processus d'intégration spatiale et temporelle produit pour chaque pixel une intensité de signal qui représente la fluorescence dans la région correspondant au pixel. L'analyse d'image est un aspect important dans l'interprétation du résultat d'une expérience de biopuces. Les intensités extraites peuvent avoir un impact potentiellement grand sur les étapes suivantes de l'exploitation des données. Une large variété de logiciels ont été développés pour la lecture des images de biopuces. Le but est de convertir l'image des spots d'intensité variable dans un tableau de mesures associées à l'intensité de chaque spot. Bien qu'il s'agisse d'un problème relativement direct, les approches proposées pour l'automation de cette tâche ne sont pas vraiment satisfaisantes [25] .

Beaucoup d'algorithmes ont été et sont développés. Les techniques les plus simples de segmentation des spots sont basées sur le seuillage global ou local de l'image, comme TIGR-Spotfinder [121]. D'autres systèmes, comme Dapple [51], sont basés sur plusieurs hypothèses des spots (leur forme circulaire, une intensité minimale, etc.). L'approche de segmentation des spots fondée sur le test de Mann-Whitney est une méthode pionnière proposée en [61] ; récemment une variation de cette technique a été proposée en la combinant avec une transformation par tout ou rien [283]. Dans [301] est présenté le système Spot, avec la comparaison d'un certain nombre de méthodes existantes, examinant les propriétés statistiques des méthodes de segmentation et d'extraction du bruit de fond. La morphologie mathématique a été aussi utilisée pour le grillage et la segmentation des spots [124].

Nous présentons dans ce chapitre notre approche automatique et non-supervisée pour la lecture des images de puces à ADN, fondée sur des opérateurs de la morphologie mathématique.

8.3 Caractéristiques des images des puces à ADN

Le contenu d'une matrice d'ADN varie entre des centaines et des milliers de spots et chaque pixel de l'image est équivalent à environ $10\mu m$. Les spots, avec des intensités très variables, sont typiquement placés sur une grille orthogonale. A partir de ceci, les logiciels de traitement d'image disponibles utilisent un ensemble de cercles, de rectangles ou de formes arbitraires qui définissent les régions à mesurer de l'image. Cet ensemble est la *grille patron* et pour sa définition (procédé connu comme grillage) il faut introduire manuellement quelques paramètres : la taille et la forme du spot, l'espacement, la position initiale, etc. L'inconvénient principal est que les spots sont construits en utilisant un robot équipé d'une série d'aiguilles (faites d'acier, de verre ou d'autres matériaux) qui transfèrent l'ADN sur la lame et en conséquence, le déplacement mécanique du robot peut produire une certaine déformation géométrique et donc l'impossibilité de la réalisation de l'alignement global de la grille patron. D'autres approches plus avancées essayent un placement automatique de la grille grâce à un algorithme de seuillage adaptatif. L'idée est de trouver les spots sur la base de leur intensité. Cependant, des erreurs importantes sont provoquées par le choix difficile d'un seuil optimal,

principalement dû au bruit de fond.

Regardons l'exemple de la figure 8.1 qui montre trois coupes horizontales sur la portion d'une biopuce typique. On observe une variation forte de l'intensité entre les spots. D'une part, le *contraste* entre la région de spot et de fond est très différent d'un spot à l'autre ; et d'autre part, le *volume* (intégrale de l'intensité dans la région hybridée du spot) est également très différent. La *surface* (nombre de pixels du spot) semble être la propriété morphologique qui définit le mieux le spot. Un autre problème est dû au manque d'homogénéité du procédé d'hybridation : les spots sont "cassés" ou contiennent des "trous". En outre, on observe aussi une contribution importante de bruit. Cette intensité de fond doit être extraite afin d'avoir une estimation correcte de l'intensité d'hybridation.

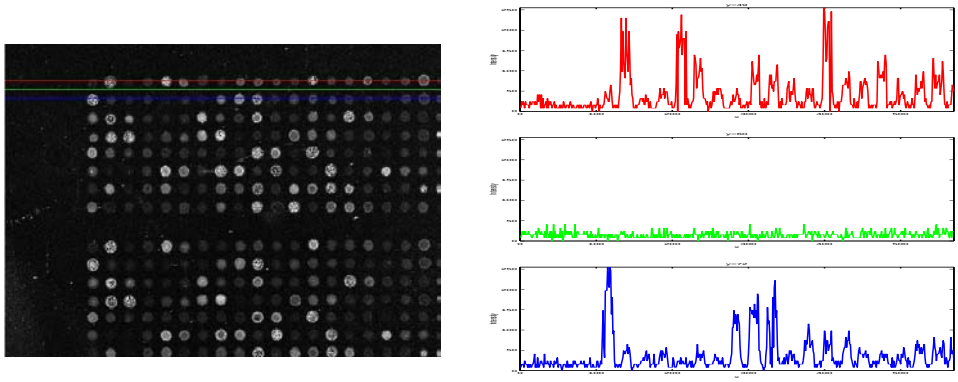


FIG. 8.1 – Variation d'intensité des spots et contribution de bruit de fond sur trois sections horizontales. Les courbes correspondent aux signaux du centre de la première ligne de spots, de la région entre la première et la deuxième ligne et du centre de la deuxième ligne de spots.

8.3.1 Orthogonalité et projections de l'image

L'organisation géométrique des spots fournit une grande connaissance sur la structure de l'image. Les spots sont placés selon un double alignement orthogonal : les blocs de spots et les spots dans chaque bloc. Dans cette situation, à partir des projections de l'image le long de ses lignes et de ses colonnes, on obtient une première approximation à la position des blocs d'une part, et des spots mêmes, d'autre part.

Les projections horizontales (lignes) et verticales (colonnes) d'une image $f(x, y)$ (de dimensions X et Y) sont définies comme : $HP^f(y) = \sum_{x=0}^{X-1} f(x, y)$ et $VP^f(x) = \sum_{y=0}^{Y-1} f(x, y)$. La figure 8.2 illustre les projections de l'image exemple. Les algorithmes basés sur les projections pour définir les grilles orthogonales des blocs et des spots sont décrits par la suite.

8.3.2 Visualisation, segmentation et quantification

Le résultat final d'une expérience comparative d'hybridation est un couple d'images numériques (typiquement, le scanner produit deux fichiers en format TIFF 16-bits, un pour chaque fluorescence), qui sont l'entrée à la procédure d'analyse d'image. Soient f_{Cy3} et f_{Cy5} les deux images 16-bits.

Habituellement, pour la *visualisation* sur un écran d'ordinateur, les deux images 16-bits sont réduites à 8-bits en utilisant une transformation racine carrée. A partir de cette transformation, on compose une image 24-bits RVB de fausses couleurs : la composante bleue est mise à zéro, la composante rouge est employée pour l'image Cy5 et la verte pour l'image Cy3, voir figure 8.3. De cette manière, les spots jaunes ont des quantités d'ADN de chaque échantillon à peu près égales. Les spots dont l'ADN s'exprime à un niveau plus élevé dans l'un ou l'autre échantillon apparaissent principalement comme rouge ou vert. Notre algorithme pour la *segmentation* des biopuces exige une seule image comme entrée, et du point de vue informatique le plus pratique est que l'image soit de 8-bits. Il y a deux solutions envisageables pour manipuler le couple d'images 16-bits. La première, une transformation de racine carré pour chaque image 16-bits et puis, l'analyse séparée de chacune. La deuxième, une combinaison des deux images afin d'obtenir une seule image 8-bits de synthèse utilisée pour le but de l'analyse (un processus différent de la méthode de combinaison RVB pour la visualisation). Pour la deuxième approche, une combinaison linéaire pondérée par les valeurs moyennes (ou médianes) est utilisée [301], i.e. $f = (\nu_{Cy3}\sqrt{f_{Cy3}} + \nu_{Cy5}\sqrt{f_{Cy5}})/(\nu_{Cy3} + \nu_{Cy5})$. D'autres techniques pour combiner les deux canaux ont été aussi examinées, par exemple l'union (maximum pixel à pixel) [124], i.e. $f = \sqrt{f_{Cy3}} \vee \sqrt{f_{Cy5}}$; pourtant dans le cas des images très bruitées (avec de plus, des signaux de bruit différents dans chaque canal) la combinaison linéaire fonctionne relativement mieux.

Le résultat de la méthode de segmentation est une partition de l'image, ou masque de segmentation, qui définit les spots ainsi que leurs régions d'influence.

Dans l'étape de *quantification* des spots, le masque de segmentation est employé, ainsi que les images 16-bits originales, pour extraire le fond et les intensités de chaque spot.

8.4 L'algorithme de lecture des biopuces

L'algorithme morphologique pour traiter les images des puces à ADN peut être résumé comme suit, voir le schéma de la figure 8.4.

8.4.1 Grille orthogonale de la matrice

L'image d'une biopuce est organisée en trois niveaux : la matrice globale, les blocs de spots et les spots de chaque bloc, figure 8.5(a). Le problème principal pour établir une seule grille orthogonale qui délimite tous les spots est dû au biais ou manque d'alignement entre les blocs. Cet inconvénient est négligeable lorsque la grille est obtenue individuellement pour chaque bloc. En conséquence, le but de la première phase est la détermination d'une grille pour les blocs. La precision du bloc n'est pas necessaire au pixel près, c'est pourquoi nous sous-échantillonnons l'image, donnant lieu à un algorithme plus rapide. Afin de parvenir aux deux conditions, une première opération est la réduction de la taille par décimation avec moyenne de l'image : l'image f de taille $M \times N$ est divisée en blocs de $K \times K$, la valeur du pixel (i, j) dans l'image décimée $\widetilde{f} = f \div K$ (de taille $(M/K) \times (N/K)$) est la moyenne des valeurs des pixels du bloc (i, j) de l'image initiale. L'avantage principal de l'image décimée est

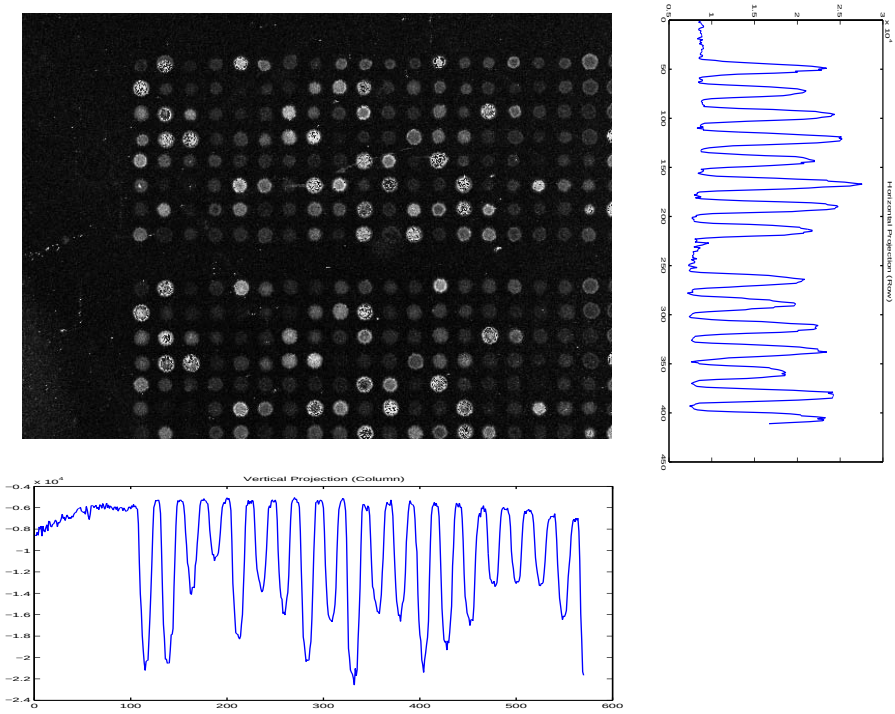
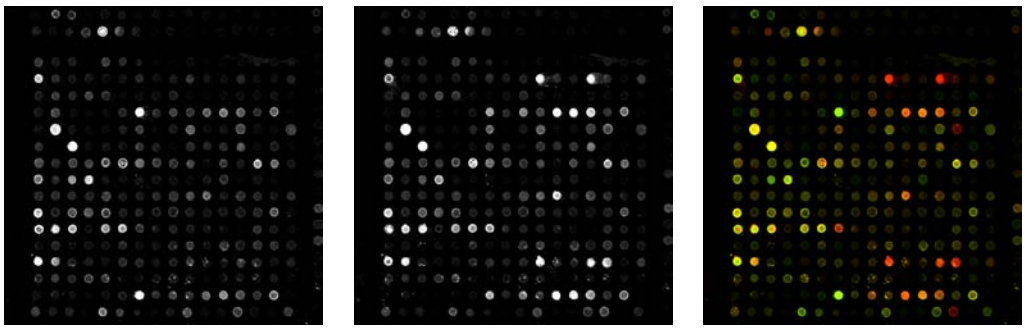


FIG. 8.2 – Projections verticales et horizontales de l'image.



(a) (b) (c)

FIG. 8.3 – Exemple de couple d'images d'une puce à ADN : (a) image 8 bits de la fluorescence verte $\sqrt{f_{Cy3}}$, (b) image 8 bits de la fluorescence rouge $\sqrt{f_{Cy5}}$, (c) image couleur 24-bits composée.

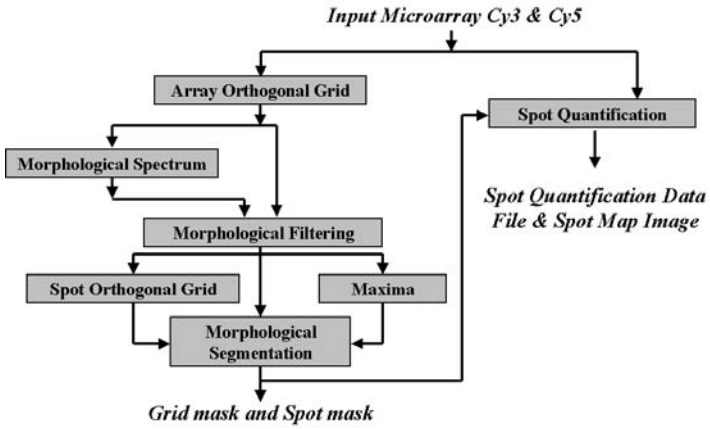


FIG. 8.4 – Schéma de l'algorithme morphologique pour traiter les images des puces à ADN.

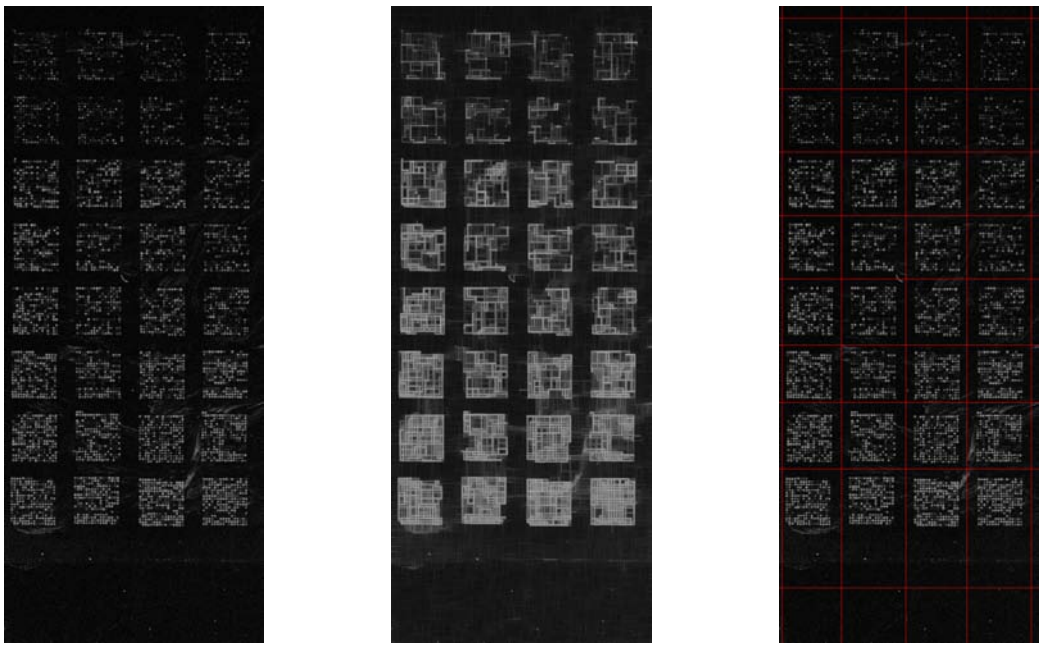
la réduction de données-image à traiter, mais il apparaît d'ailleurs que l'effet du filtrage passe-bas réduit sensiblement le bruit de fond qui pourrait introduire des erreurs dans le processus de grillage. La valeur de $K = 4$ a montré qu'elle était adéquate à ce genre d'images. L'image décimée est seulement utilisée comme moyen pour segmenter les blocs de spots, puis quand les coordonnées de chaque groupe ont été définies, les sous-matrices initiales sont extraites et analysées individuellement à l'échelle d'origine.

La figure 8.6(a) montre la projection horizontale pour l'image décimée de l'exemple précédent. Dans le signal projection nous pouvons identifier les blocs, cependant la contribution des spots est importante, en produisant un signal très bruité. Afin de filtrer le bruit, nous proposons de rehausser les blocs grâce à une opération morphologique simple : le supremum d'une fermeture verticale et une autre horizontale, $\varphi_n^{\pi/2}$ et φ_n^0, de l'image $\widetilde{f}$, i.e.

$$\widetilde{f}^{\bullet} = \varphi_n^{\pi/2}(\widetilde{f}) \vee \varphi_n^0(\widetilde{f}).$$

Comme résultat, les spots à l'intérieur d'un bloc sont fusionnés, figure 8.5(b). La nouvelle projection horizontale est montrée dans la figure 8.6(b). Avant d'appliquer la fermeture, nous proposons aussi de filtrer l'image avec une médian (taille 3×3) pour réduire le bruit susceptible d'être propagé dans la fermeture. La taille n de la fermeture doit être plus grande que le diamètre du spot d_{Spot} (à peu près équivalente à la distance entre spots) et plus petite que la distance entre les groupes de spots $d_{SpotGroups}$, afin d'éviter la fusion des blocs. Un bon critère est de prendre $n = 2d_{Spot}$, car nous n'avons trouvé dans notre base de données aucune biopuce avec $2d_{Spot} \geq d_{SpotGroups}$. Evidemment, la valeur de d_{Spot} dépend de la matrice ; c'est pour cela que nous présentons par la suite une technique morphologique spectrale pour calculer la taille du spot, i.e. la surface du spot $a_{Spot} = \lambda_s$. Par conséquent, $d_{Spot} = 2\sqrt{\frac{a_{Spot}}{\pi}}$, et nous devons tenir compte du fait que nous travaillons sur l'image décimée $\div 4$. Dans l'exemple en cours, $d_{Spot} \simeq 5$ et $d_{SpotGroups} = 30$. Sur l'image des blocs rehaussés, $\widetilde{f}^{\bullet}$, on calcule les projections horizontales et verticales, respectivement $HP^{\widetilde{f}^{\bullet}}(y)$ et $VP^{\widetilde{f}^{\bullet}}(y)$.

Le but du filtrage morphologique unidimensionnel que nous devons appliquer maintenant est la simplification du signal projection, pour obtenir la définition de chaque bloc j : origine $(x_0(j), y_0(j))$ et dimensions $[xsize(j), ysize(j)]$.



(a) (b) (c)

FIG. 8.5 – Procédure pour la définition de la grille orthogonale de la matrice : (a) Décimation et filtrage passe-bas $\div 4$, l'image initiale a une taille de 1842×4512 pixels et l'image résultat 460×1128 pixels. (b) Rehaussement par fermeture morphologique des groupes de spots. (c) Grille obtenue.

Soit $P^{\tilde{f}^\bullet}(i)$ la projection horizontale ou verticale (l'algorithme est identique). Le traitement afin d'obtenir la grille est composé de trois étapes,

1. Filtrage intra-bloc : Une ouverture de taille n_{ib} enlève les variations intra-bloc (signal bleu dans la figure 8.6(c)). Evidemment, n_{ib} doit être plus petit que la largeur du bloc,
$$P_{ib}^{\tilde{f}^\bullet} = \gamma_{n_{ib}}(P^{\tilde{f}^\bullet}(i)).$$
2. Extraction des blocs : Le résidu de ce signal et d'une autre ouverture de taille n_b (valeur qui doit être plus grande que la largeur du bloc) extrait les blocs (signal rouge dans la figure 8.6(c)),
$$P_b^{\tilde{f}^\bullet} = P_{ib}^{\tilde{f}^\bullet} - \gamma_{n_b}(P_{ib}^{\tilde{f}^\bullet}).$$
3. Seuillage : L'opération de seuillage du signal est directe, figure 8.6(d). On peut fixer comme valeur de seuillage, u_P, le 20% de la moyenne,
$$u_P = 0.2\frac{1}{N}\sum_{k=1}^{N} P_b^{\tilde{f}^\bullet}(k).$$

Grâce au signal binaire obtenu, il est immédiat d'établir la région orthogonale pour chaque bloc (la frontière passe par le milieu de chaque intervalle égal à 0). Dans la figure 8.5(c) est inclus le résultat pour l'exemple précédent et dans figure 8.7 deux autres exemples de biopuces. Quelques remarques au sujet du choix de n_{ib} et n_b. Nous fixons n_{ib} comme 5 fois la taille du spot, $n_{ib} = 5d_{Spot}$ (si le nombre de spots par ligne ou colonne est inférieur, il faudrait le réduire). Dans le cas de n_{ib}, le choix reste moins important, par exemple $n_b \gg n_{ib} \rightarrow n_b = 10n_{ib}$. Dans les exemples présentés, les valeurs prises sont $n_{ib} = 25$ et $n_b = 250$.

8.4.2 Loi de distribution de taille des spots

La loi de distribution de taille des spots, $\mathcal{SS}[\lambda]$, est une granulométrie d'ouvertures par surface. En fait, il s'agit d'un histogramme des valeurs d'extinction surfaciques. Dans le chapitre 6, où nous présentons en détail l'usage des granulométries morphologiques pour l'extraction de caractéristiques des images, nous avons décrit le calcul sur plusieurs exemples de loi de distribution de taille des spots. Ce qu'il faut retenir ici est l'intérêt de cet outil qui permet d'obtenir une estimation précise de la taille moyenne du spot pour chaque biopuce, important pour fixer automatiquement plusieurs paramètres de filtrage de notre algorithme.

8.4.3 Filtrage morphologique par aire

La contribution du bruit de fond peut être très importante. En plus de fausser la quantification de l'intensité du signal, le bruit peut introduire des erreurs dans la construction de la grille des spots ainsi que dans leur segmentation. Le but de cette étape de filtrage est donc de supprimer le bruit de fond, en essayant en même temps de ne pas dégrader les contours des spots ; évidemment, un filtre connexe est très indiqué.

Etant donné que le paramètre morphologique qui définit la structure de l'image associée au spot est la surface, la technique de filtrage la plus performante est par conséquent l'ouverture

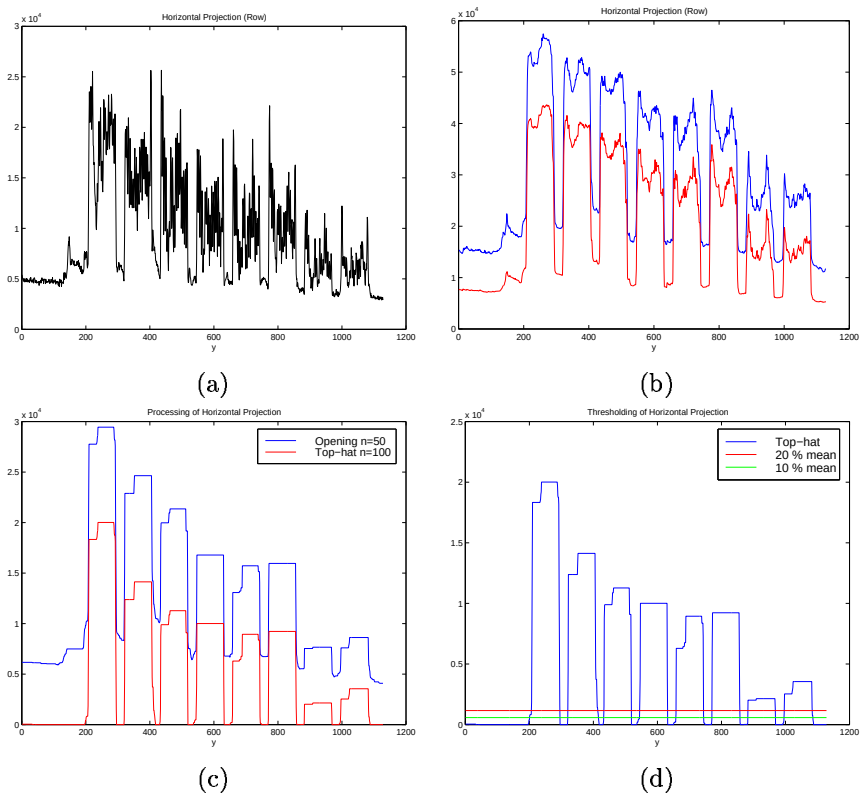
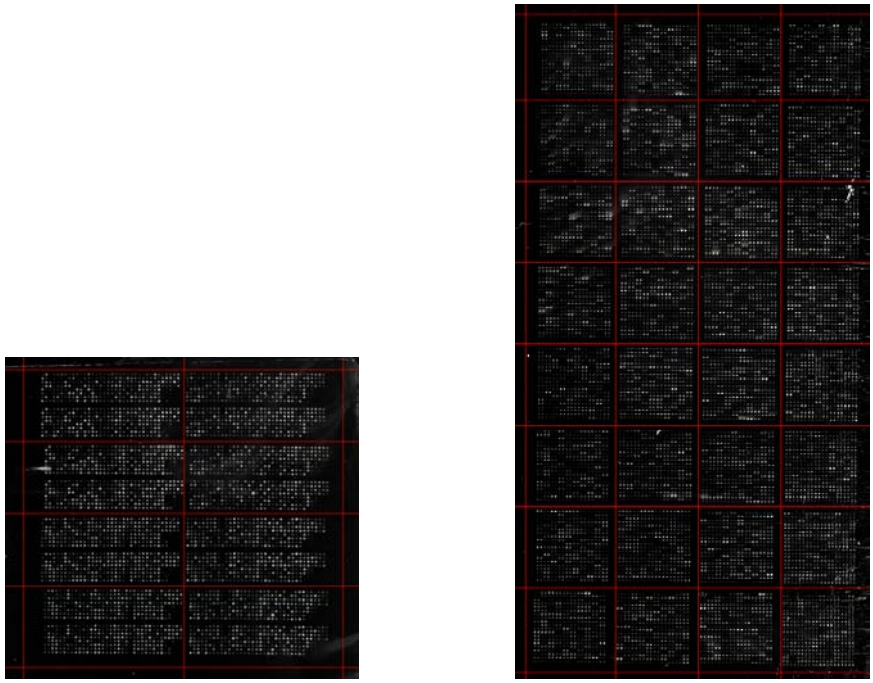


FIG. 8.6 – Projections de l'image et filtrage morphologique unidimensionnel (exemple de la figure 8.5) : (a) Projection horizontale de l'image décimée. (b) Projection horizontale de l'image décimée rehaussée : en bleu, sans filtrage de médiane et en rouge, après filtrage. (c) Traitement morphologique de la projection horizontale. (d) Seuillage de la projection horizontale filtrée.



(a) (b)

FIG. 8.7 – Exemples de grillage orthogonal des matrices.

surfacique. En fait, tel qu'il est décrit dans le chapitre A d'annexe, une fois qu'on a calculé les valeurs d'extinction surfaciques (nécessaires pour la loi de distribution de taille des spots), on peut seuiller les maxima significatifs, puis l'image est filtrée par reconstruction géodésique en utilisant ces maxima comme marqueurs.

La figure 8.8 illustre l'effet sur les spots du filtrage par aire, à partir d'une coupe horizontale d'image de la figure 8.1. En appliquant cette technique de filtrage selon l'aire à l'image f d'un bloc de spots,

$$f' = \gamma^a_{\lambda_s}(f);$$

on obtient dans l'image f' les structures avec une surface plus grande que le seuil choisi λ_s. Pour l'exemple en cours, il est clair que prenant $\lambda_s > 75$ tous les spots sont conservés et que le bruit de fond est fortement réduit. En revanche, la valeur de 150 est trop grande et enlève également quelques spots. La valeur de seuil λ_s d'aire optimale pour chaque image est par conséquent un choix important, qui dépend de la taille des spots. Dans notre cas, λ_s est automatiquement obtenu à partir de la loi de distribution de taille des spots. Différents tests expérimentaux ont prouvé que si on prend un λ_s égal au 50% de la taille moyenne (à partir du centre du mode principal) les résultats sont satisfaisants. Il est possible qu'une mesure statistique de dispersion fournisse un fondement théorique plus solide pour le choix du seuil.

Un autre avantage important du filtrage morphologique par l'ouverture d'aire est la sélection implicite des maxima. Soit m l'image binaire qui contient les maxima de f'. Effectivement, après la reconstruction il y aurait théoriquement un et seulement un maximum associé à chaque spot. Ces marqueurs internes des spots sont utilisés en tant que marqueurs

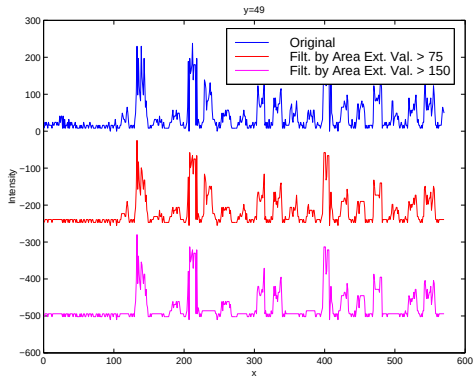


FIG. 8.8 – Performance du filtrage par valeurs d'extinction surfaciques d'une image de spots. Section horizontale de l'image de la figure 8.1 : en bleu, la section de l'image initiale sur $y_0 = 49$; en rouge, pour l'image filtrée avec des valeurs d'extinction surfaciques > 75 et en magenta, filtrage des maxima avec une valeur d'extinction > 150.

initiaux pour la segmentation par LPE.

8.4.4 Grille orthogonale des spots

Les spots à l'intérieur d'un bloc sont placés selon un alignement orthogonal et de nouveau, les projections horizontales et verticales, $HP^{f'}(y)$ et $VP^{f'}(x)$, donnent une première estimation de la position des spots. Comme nous l'avons déjà traité, le bruit de fond présente une contribution non-constante au signal des projections, rendant difficile la définition de la grille. L'image a été précédemment filtrée cependant, afin d'éviter tout sur-grillage, nous préférons inclure une autre simplification des signaux projection basée sur un filtrage morphologique uni-dimensionnel. L'algorithme pour la grille orthogonale des spots est comme suit. Soit $P(i)$ la projection horizontale ou verticale :

1. Calculer la valeur moyenne des points de $P(i)$, i.e.

$$\overline{P} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^{N} P(i).$$

2. Soustraire la moyenne à la projection, i.e.

$$P_\eta(i) = P(i) - \overline{P}.$$

3. Reconstruction morphologique de $P(i)$ avec $P_\eta(i)$ comme marqueur, i.e.

$$P^{rec}(i) = \gamma^{rec}(P(i); P_\eta(i)).$$

4. Prendre le résidu entre la projection $P(i)$ et la reconstruction $P^{rec}(i)$,

$$P_{TH}(i) = P(i) - P^{rec}(i).$$

5. Obtenir la valeur du seuil optimal u_P, définie comme $\alpha\%$ de la moyenne du résidu, i.e.

$$u_P = \frac{\alpha}{100}\frac{1}{N}\sum_{i=1}^{N} P_{TH}(i).$$

6. Construire le signal binaire de référence $P_u(i)$ par seuillage de $P_{TH}(i)$ sur u_P, i.e.

$$si\ P_{TH}(i) < u_P \rightarrow P_u(i) = 1$$
$$sinon \rightarrow P_u(i) = 0$$

7. Utiliser le i au milieu de chaque intervalle à 1 de $P_u(i)$ pour tracer les lignes droites qui correspondent à la grille orthogonale.

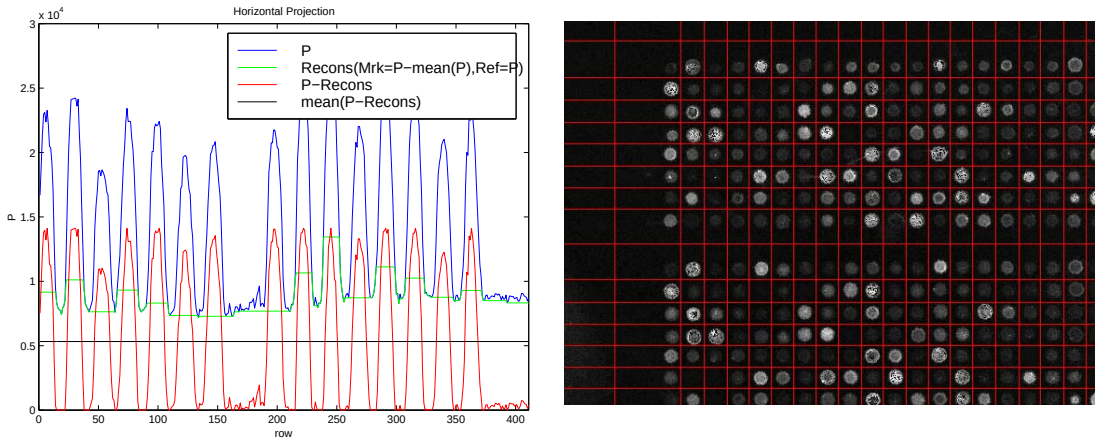


FIG. 8.9 – Des projections à la grille orthogonale des spots : utilisation de la morphologie mathématique unidimensionnelle pour obtenir automatiquement la grille.

Dans la figure 8.9 est montré un exemple du procédé et du résultat. Après différents tests dans notre base de données, le choix de $\alpha = 50\%$ semble être une valeur appropriée. La grille orthogonale, ainsi que les bords de l'image (de la frontière aux premières lignes de la grille), sont utilisées en tant que marqueurs externes dans la segmentation par LPE; l'image binaire correspondante est désignée g_r.

8.4.5 Segmentation morphologique des spots par LPE

L'algorithme de segmentation des spots basé sur la LPE se présente comme suit :

1. Définition de la fonction à inonder : L'image filtrée f' est de nouveau simplifiée par un nivellement $\lambda(f', f_m)$ (le marqueur $f_m = Gauss(f')$ est un filtre gaussien). La nouvelle image est notée f''. Nous avons constaté que pour les images des spots, le gradient externe morphologique $g^+(f'') = \delta_B(f'') - f''$ est la meilleure approche afin de construire la LPE (pour extraire les frontières externes des objets blancs).

2. Obtention des marqueurs : Les marqueurs externes sont la frontière de la grille (marqueur des bords de l'image) ainsi que la grille orthogonale même (marqueurs des régions des spots), i.e. g_r.

   Pour les marqueurs internes, le choix est plus sensible. Dans la théorie, il devrait y avoir un et seulement un maximum associé à chaque spot dans l'image m. Cependant, cette hypothèse ne tient pas compte des structures de bruit de l'image qui pourraient contribuer avec des maxima si leur valeur d'extinction surfacique était égale ou plus grande que le seuil utilisé dans le filtrage $\lambda_s = a_{spot}$. Ces faux marqueurs peuvent être localisés à l'intérieur d'une cellule de la grille au même titre que les vrais marqueurs des spots et par conséquent, la segmentation LPE pourrait rajouter de faux spots additionnels. Afin d'éviter ce genre d'erreurs, nous proposons un algorithme spécifique pour la détermination de marqueurs internes.

   Sur la base d'un traitement individuel de chaque cellule, définies dans la grille orthogonale des spots, le procédé pour déterminer le marqueur de chaque spot i est le suivant :

   (a) Prendre la cellule du spot i (A_i est le nombre de pixels, i.e. l'aire).

   (b) Extraire la région correspondante de l'image à niveaux de gris f' (V_i est l'intégrale de cette région, i.e. le volume).

   (c) Calculer le nombre des maxima à l'intérieur de cette région, $N_{maxima}(i)$, si :
   - $N_{maxima}(i) = 0$: Le spot i est classifié en tant que *spot absent* et aucun marqueur n'est assigné.
   - $N_{maxima}(i) = 1$: Le spot i est classifié en tant que *spot évident* et un marqueur doit être défini.
   - $N_{maxima}(i) > 1$: Le spot i est classifié en tant que *spot vague* et un marqueur doit être défini.

   (d) Pour les cas où $N_{maxima}(i) \geq 1$, le marqueur est calculé comme le centroïde morphologique (à partir d'un pixel dilaté de l'érosion ultime) de la région binaire obtenue par seuillage du spot i ; la valeur du seuil adaptatif est égale a $\mu_i = V_i/A_i$ (valeur moyenne dans la cellule du spot). L'ensemble de tous les marqueurs internes est l'image binaire mki.

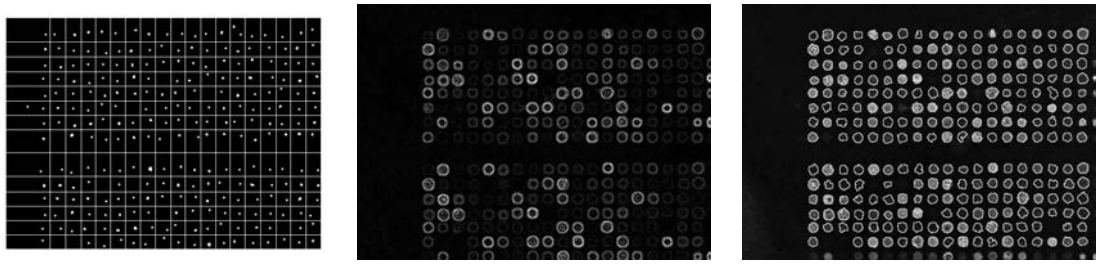
   Les marqueurs globaux à imposer sont définis par l'image binaire $mk = g_r \vee mki$.

3. Détermination des contours : A partir des marqueurs internes et externes mk et du gradient à inonder, $g^+(f'')$, on peut construire la LPE, i.e. $sm = LPE(g^+(f''), mk)$; où le résultat, sm, est constitué des contours des spots détectés.

La figure 8.10 illustre avec un exemple les trois éléments du processus de segmentation. Par la suite nous donnons d'autres exemples de segmentation des spots.

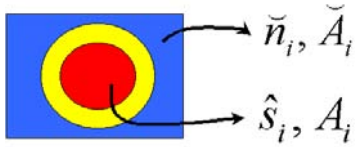
8.4.6 Quantification des spots et extraction de bruit de fond

La partition de l'image associée aux spots, sm, est utilisée sur les images 16-bits initiales, f_{Cy3} et f_{Cy5}, pour la quantification de l'intensité d'hybridation et l'extraction du bruit de fond. Typiquement, la mesure d'intensité est l'intégral du signal dans le spot. Or il y a deux



(a) (b) (c)

FIG. 8.10 – Segmentation morphologique des spots par LPE : (a) Marqueurs initiaux (avant d'établir les marqueurs internes corrects). (b) Gradient externe de l'image filtrée. (c) Contours des spots.



$\breve{A}_i$	Surface de la région d'influence autour du spot
$\breve{n}_i$	Intensité de bruit totale de la région d'influence
A_i	Surface de la région du spot
$\hat{s}_i$	Intensité du spot

FIG. 8.11 – Spot i : Région du spot S_i (en rouge), région de la cellule BS_i (en bleu) et région de sauvegarde (en jaune).

images, et en conséquence, deux mesures de fluorescence associées à chaque spot. Ainsi, le rapport des intensités est interprété comme un rapport des concentrations d'ADN (niveau d'expression génétique) des deux échantillons marqués avec les fluorescences $Cy3$ et $Cy5$. La raison de devoir ajuster l'intensité du spot, en éliminant la contribution du bruit de fond, est motivée par le fait que l'intensité mesurée inclut une contribution non spécifiquement due à l'hybridation, mais à d'autres phénomènes non désirés ; pour une étude approfondie sur ces phénomènes voir [79]. Nous présentons maintenant un modèle très simple d'intensité de spot qui permet d'étudier le problème du bruit, i.e. quantification et extraction.

L'intensité de *signal mesuré* du spot i, $\hat{s}_i$, est défini comme :

$$\hat{s}_i = \sum_{(x,y)\in S_i} \hat{f}(x,y),$$

où $\hat{f}(x,y)$ est l'intensité d'image dans le pixel (x,y) et S_i est la région d'image du spot i définie à partir de la partition. L'intensité mesurée par spot peut être exprimée comme la somme d'une valeur d'intensité de *signal*, s_i, et d'une valeur d'intensité de *bruit de fond*, n_i, i.e.

$$\hat{s}_i = s_i + n_i = s_i + \bar{N}_i A_i,$$

ou

$$s_i = \hat{s}_i - \bar{N}_i A_i,$$

où $\bar{N}_i$ est le *bruit moyen* du spot i et A_i est la *surface* (nombre de pixels) du spot i.

On observe des bruits de fond élevés aussi bien à travers la surface entière de l'image que dans des régions localisées sur celle-ci. La plupart de spots qui produisent une intensité élevée

du signal sont également accompagnés d'une augmentation du bruit de fond ; ainsi, à une activité importante d'hybridation peut s'associer une réaction dans le fond le plus proche. Cependant, on observe également des signaux localement forts qui ne sont pas accompagnés d'un fond élevé. En même temps, l'augmentation du bruit ne suit pas toujours la même loi (phénomènes locaux).

Le contour des spots détectés permet la quantification ou l'extraction du signal des spots. En ce qui concerne le bruit, il y a deux alternatives à étudier. Soit on considère que le bruit de fond est uniforme sur toute la matrice ; soit on constate que le bruit de fond n'est pas uniforme, et donc qu'une évaluation locale de fond est nécessaire. Evidemment, l'approche de *bruit de fond global* est plus simple : on mesure seulement une valeur moyenne de bruit, tandis que pour le modèle de *bruit de fond local* on doit mesurer le bruit dans une région pour chaque spot. Dans [10], et basé sur la théorie de la Géostatistique de Matheron [168], nous avons présenté les résultats d'une étude menée afin de vérifier que seulement l'évaluation locale de fond est valable.

La grille orthogonale des spots fournit une partition alternative de la matrice : la cellule de chaque spot BS_i peut être considérée comme la région d'influence du spot S_i. Ces régions d'influence peuvent être utilisées pour mesurer le bruit local associé à chaque spot. Pourtant, si nous considérons comme fond associé tous les pixels de la cellule qui ne sont pas strictement dans la région du spot, de petites erreurs de segmentation pourraient déformer l'estimation du bruit de fond. Ainsi, afin d'éviter que le signal résiduel du spot fausse le bruit, nous considérons une région de sauvegarde autour du contour du spot, voir figure 8.11. En pratique, cette zone d'enveloppement est obtenue par le résidu d'une dilatation de la région du spot, i.e. $\delta_n(S_i) - S_i$, et le bruit $\check{n}_i$ est estimé dans la région $BS_i - \delta_n(s_i)$ qui a une surface de $\check{A}_i$ pixels. La taille typique pour l'élément structurant de la dilatation est $n = 3$. L'expression finale pour l'intensité de signal est donnée par

$$s_i = \hat{s}_i - n_i = \hat{s}_i - \bar{N}_i A_i = \hat{s}_i - \frac{\check{n}_i}{\check{A}_i} A_i.$$

8.5 Résultats d'une étude comparative

Les algorithmes ont été développés et évalués en utilisant une sélection de biopuces en provenance de trois laboratoires avec des systèmes différents. Nous décrivons maintenant, en nous appuyant en trois biopuces (une de chaque source), une comparaison de l'algorithme présenté vis-à-vis de deux méthodes de lecture largement employées : *ScanAlyze* et *GenePix*.

ScanAlyze, développé par Eisen [82], est un logiciel libre pour l'analyse des images des puces à ADN. Le grillage est un processus manuel : il faut indiquer le nombre de blocs, le nombre de colonnes et de lignes, des espacements entre les spots, le diamètre du spot, etc. Puis, la technique de segmentation consiste en un cercle de taille fixe. Evidemment, la méthode fonctionne bien seulement quand tous les spots sont parfaitement circulaires et ont la même taille. Après segmentation, l'étape de quantification du spot considère comme fond tous les pixels qui ne sont pas dans le masque du spot mais qui sont à l'intérieur d'une zone centrée sur le spot. L'intensité locale de bruit de fond est donnée par la médiane. Comme

nous l'avons précisé précédemment, l'inconvénient de cette approche est que l'évaluation du fond est altérée par des pixels appartenant à la région frontière du spot.

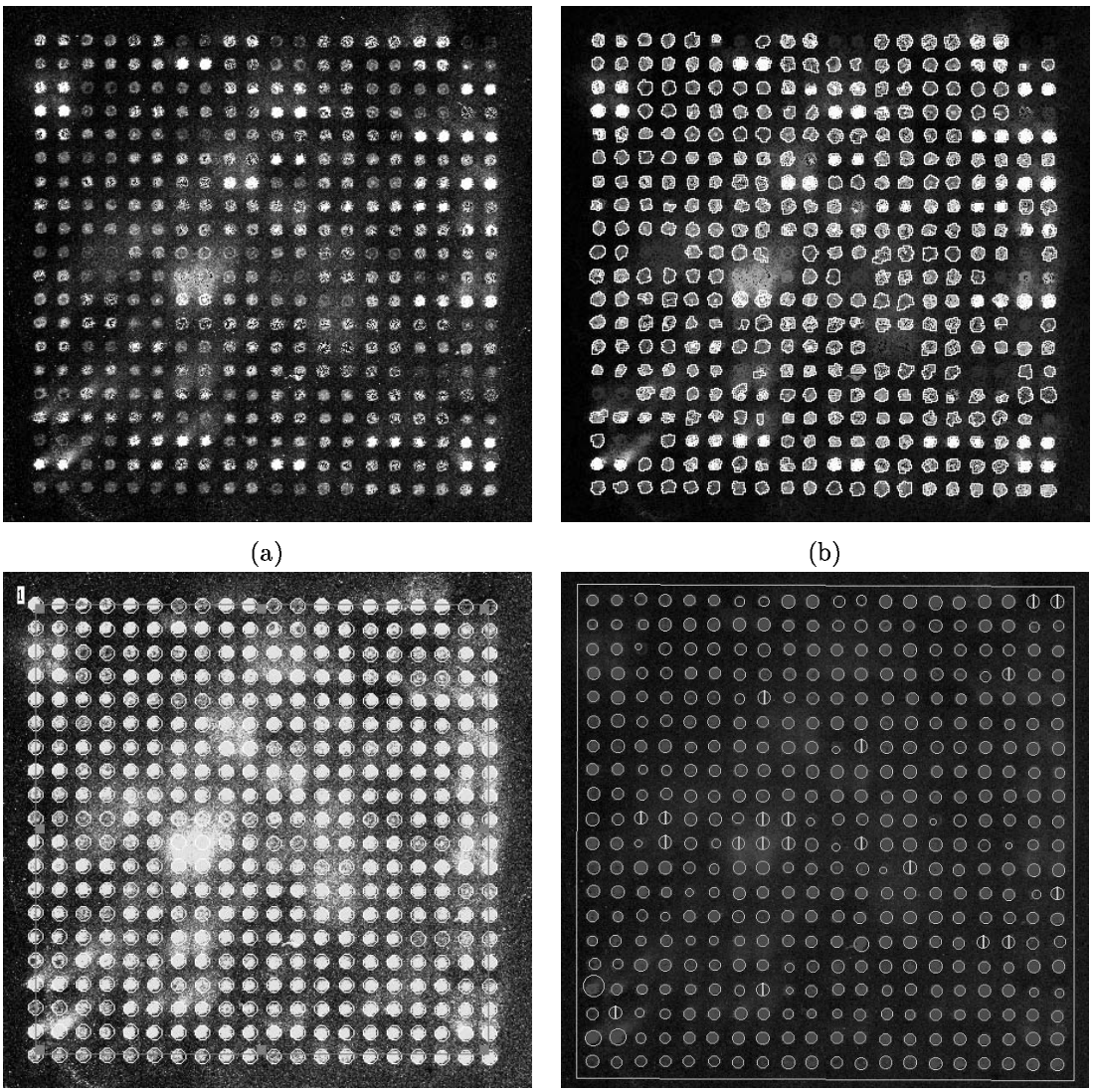
GenePix est un logiciel commercial associé au scanner d'Axon [19]. Ce logiciel est constamment en cours de développement et ses caractéristiques sont relativement satisfaisantes, mais il a besoin d'une importante interaction manuelle avec l'utilisateur. Dans la procédure de grillage, il faut de nouveau assigner un ensemble de paramètres pour les blocs, les lignes et les colonnes. Puis, les blocs peuvent être manuellement déplacés, tournés et déformés pour un meilleur ajustement. Une fois que les grilles sont définies, la technique pour détecter les spots fournit un affinement de l'alignement, suivi d'une segmentation circulaire adaptative : le cercle est adapté au spot en taille et position. Pour l'extraction de l'intensité, la technique est basée sur une évaluation locale du bruit de fond par la médiane d'une région associée à chaque spot : les quatre coins entre les spots voisins (la même technique est mise en application dans le logiciel *Spot* [301]).

Comme nous l'avons déjà dit ci-dessus, notre approche est entièrement automatique et la segmentation des spots est fondée sur une technique adaptative en taille, forme et position.

Les biopuces analysées correspondent à celles représentées dans les figures 8.5 et 8.7(a)-(b), et sont désignées dorénavant "Microarray 3", "Microarray 2" et "Microarray 1", respectivement.

Précédemment, nous avons montré les capacités de notre algorithme pour l'obtention automatique sur ces exemples de la grille orthogonale de la matrice. Maintenant, nous nous concentrons sur un bloc de spots spécifique de chaque matrice pour comparer en détail les résultats de segmentation des spots. Dans les figures 8.12, 8.13 et 8.14 sont inclus les blocs initiaux de spots et les résultats de la segmentation avec les trois méthodes comparées.

D'abord, nous pouvons observer que l'utilisation d'un cercle de taille fixe, tel que c'est le cas pour ScanAlyze, est en général une approche très limitée ; d'ailleurs, l'emplacement manuel sur l'image de la grille de spots n'est pas facile (l'option de l'amélioration est assez aléatoire) et il y a toujours des erreurs. Dans les images de bonne qualité, par exemple le "Microarray 2", les erreurs peuvent être négligeables mais avec des problèmes graves de bruit ou en présence d'une déviation importante dans l'alignement, "Microarray 3", les erreurs peuvent être grandes. Noter que dans l'algorithme de ScanAlyze, tous les spots sont considérées valides et la notion de spot absent doit être envisagée plus tard, dans l'analyse statistique des données. Nous pensons qu'il vaut mieux détecter et marquer les spots absents (pas d'hybridation ou niveau très faible d'hybridation) directement à partir de l'information d'image, en utilisant un critère objectif d'intensité, tel que fait GenePix ou notre propre approche. Comme on peut voir dans les exemples, les résultats fournis par GenePix et notre algorithme sont assez semblables, bien que la technique ici présentée produise généralement plus de spots absents. Ceci est lié au choix de λ_s, c'est-à-dire à la taille du filtrage surfacique. Cependant, comme on peut vérifier dans figure 8.12, la solution proposée par GenePix pour la plupart des spots difficiles est tout à fait douteuse : un spot de diamètre très petit. Ce phénomène est en liaison avec la limitation de GenePix d'utiliser toujours un cercle comme forme pour le spot. La comparaison de la figure 8.13 est très intéressante, puisqu'elle concerne un bloc double de spots qui nous permet d'observer la robustesse de l'algorithme. Les résultats obtenus grâce à GenePix sont assez

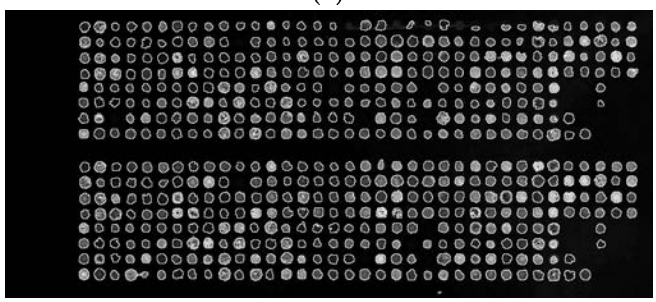


(a) (b)

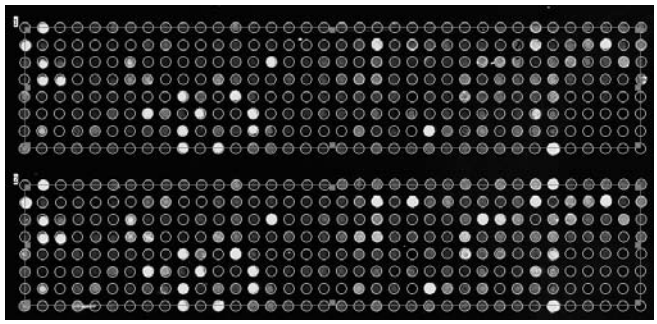
(c) (d)

FIG. 8.12 – Comparaison des algorithmes de segmentation sur le bloc 1 de "Microarray 1" : (a) Image initiale du bloc. (b) Segmentation des spots grâce à l'approche présentée. (c) Segmentation des spots avec ScanAlyze. (d) Segmentation des spots avec GenePix.

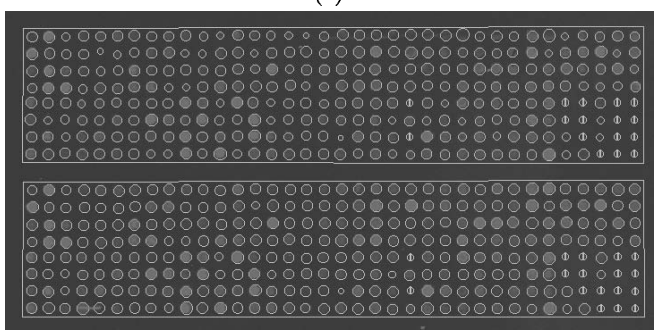
(a)



(b)

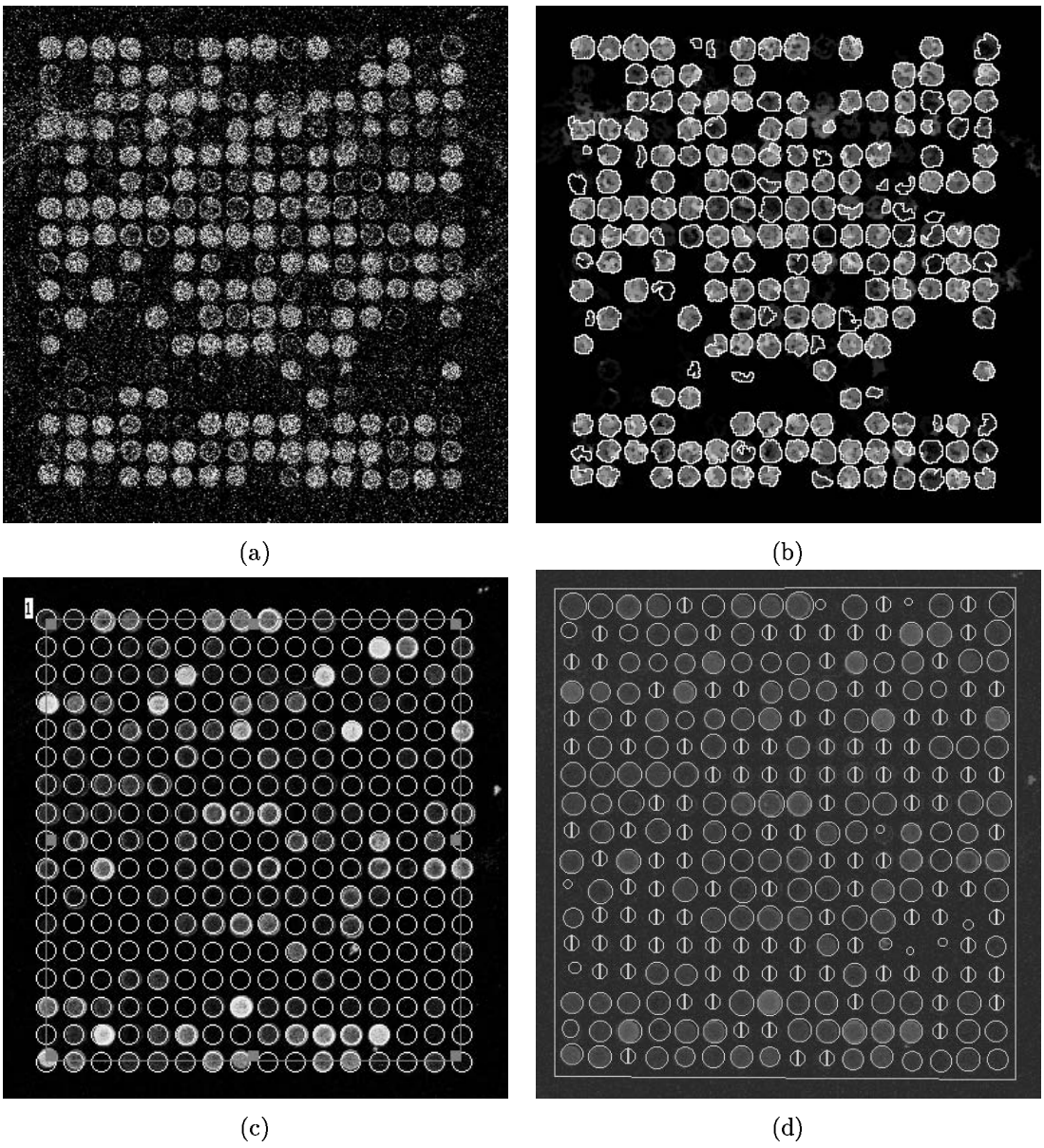


(c)



(d)

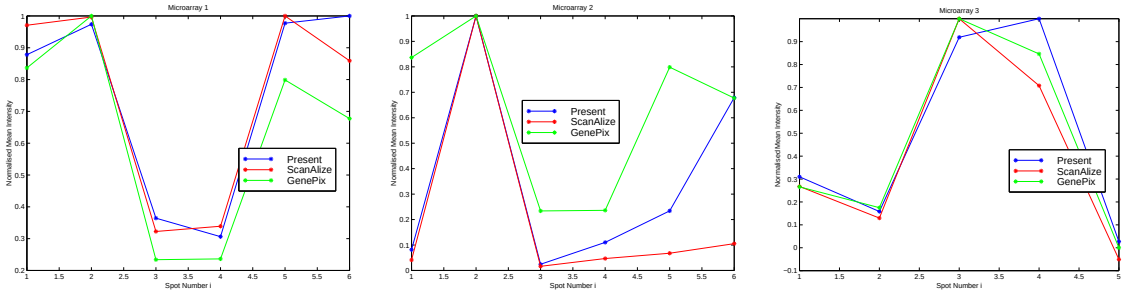
FIG. 8.13 – Comparaison des algorithmes de segmentation sur le bloc 1 (double) de "Microarray 2" : (a) Image initiale du bloc. (b) Segmentation des spots grâce à l'approche présentée. (c) Segmentation des spots avec ScanAlyze. (d) Segmentation des spots avec GenePix.



(a) (b)

(c) (d)

FIG. 8.14 – Comparaison des algorithmes de segmentation sur le bloc 32 de "Microarray 3" : (a) Image initiale du bloc. (b) Segmentation des spots grâce à l'approche présentée. (c) Segmentation des spots avec ScanAlyze. (d) Segmentation des spots avec GenePix.



(a) (b) (c)

FIG. 8.15 – Comparaison des algorithmes de quantification sur les trois exemples (le paramètre représenté est l'intensité après correction du fond pour une seule fluorescence) : (a) six spots de "Microarray 1", (b) six spots de "Microarray 2", (c) cinq spots de "Microarray 3".

bons : les mêmes spots absents sont détectés sur les deux blocs. En utilisant notre approche, les différences se concentrent sur la première ligne de spots car un artefact linéaire important comporte une diminution forte de l'intensité sur le premier bloc et par conséquent, quelques spots absents.

Au vue des résultats, nous pouvons conclure que notre technique est très robuste, car elle produit des résultats satisfaissants même pour des biopuces de très mauvaise qualite, figure 8.14.

Nous montrons également quelques résultats de quantification de spots pour les trois exemples, voir les courbes de la figure 8.15. Les valeurs obtenues grâce à notre approche sont une mesure intermédiaire entre Genepix et ScanAlyze (dans certaines situations, le bruit de fond pourrait être sous-estimé ou sur-estimé).

8.6 Conclusions et perspectives

Nous avons développé une approche automatique et robuste pour la lecture des données des spots de l'image d'une puce à ADN, basée sur la morphologie mathématique. La méthodologie décrite permet de résoudre les principaux problèmes de ces images : variation dans la forme des spots, une intensité de fond globale élevée et variable, des signaux localement faibles, etc. Le fondement pour déterminer les opérateurs morphologiques, choisis dans les différentes étapes d'algorithmes, a été la recherche de précision, indépendamment de la complexité computationnelle. Toutefois, l'utilisation d'implémentations optimales, précédemment développées pour ces opérateurs complexes, rapporte un algorithme relativement rapide. L'autre prémisse que nous nous avions donnée est l'évaluation adaptative des paramètres, afin d'éviter de devoir les fixer manuellement.

La performance, évaluée expérimentalement, de la segmentation des spots prouve que l'utilisation de ces algorithmes est égale ou meilleure que l'utilisation des techniques conventionnelles quasi-manuelles. Néanmoins, il est difficile de donner un rapport de mérite de la qualité de ce genre de techniques. La mise en œuvre réussie suggère que ces techniques peuvent être valables en tant que module de lecture pour un système global et automatique d'analyse

des puces à ADN. L'algorithme est suffisamment général pour être utilisé sans modification sur d'autres technologies de biopuces et de miniaturisation en biologie : puces de tissus, lab-on-chips, etc. Nous étudions actuellement des améliorations dans l'approche visant à mesurer la qualité des différentes étapes. D'autre part, nous travaillons également vers l'usage de méthodes morphologiques qui permettent la normalisation et la quantification des niveaux d'expression différentielle des gènes directement à partir de l'image.

Chapitre 9

Conclusion

Face au problème très large du traitement, de l'analyse et de l'indexation des images couleur, nous avons proposé, tout au long de ce mémoire, de nombreuses méthodes et des algorithmes pour la mise en œuvre d'applications en se fondant sur les opérateurs de la morphologie mathématique. Ce chapitre boucle l'exposition des travaux faits au cours de cette thèse et nous nous proposons à présent de situer les techniques présentées en rappelant leurs caractéristiques principales et nos apports. Au terme du chapitre nous essayons d'établir les perspectives les plus intéressantes de poursuite de ces recherches.

9.1 Apports de cette thèse

Dans cette thèse, un domaine relativement vaste a été couvert. Faisons une brève synthèse de nos apports pour chacun des sujets principaux que nous avons abordés :

- Dans un premier temps, nous avons étudié en détail les représentations des images couleur pour justifier l'intérêt des espaces type HLS. Plus précisément, nous avons démontré grâce aux histogrammes bi-variables luminance/saturation et teinte/saturation que la diversité dans la définition des notions de saturation et de luminance fournit un ensemble de représentations complémentaires. Nous avons à ce sujet proposé une méthode simple de segmentation couleur, par clustering morphologique des histogrammes et combinaison des deux partitions associées. Nous avons ensuite introduit un modèle pour l'extraction de reflets, ombres et dégradés d'une image couleur en étudiant les alignements de l'histogramme luminance/saturation en norme L_1.
- Nous avons donné une extension des opérateurs gradient et des chapeaux haut de forme pour les images couleur, en utilisant les opérateurs scalaires et angulaires classiques pour chacune des composantes de l'espace HLS, et en les combinant intuitivement avec la saturation. Nous avons traité ensuite la généralisation aux images couleur des opérateurs morphologiques érosion/dilatation et leur dérivés dans le cadre des treillis complets totalement ordonnés grâce aux ordres lexicographiques, illustrant avec une série d'études les performances des différentes alternatives. Nous avons apporté une méthode pour construire des ordres vectoriels plus flexibles.

- Nous avons catalogué et mis en place des algorithmes pour la segmentation couleur qui consistent fondamentalement en l'application d'une connexion morphologique aux composantes luminance et teinte pour combiner de nouveau les deux partitions obtenues à l'aide de la saturation. Nous avons introduit une méthode inédite pour la simplification morphologique des images couleur qui est basée sur l'application d'un nivellement couleur à chaque région significative, en s'adaptant à la nature de la région (chromatique ou achromatique), et qui a besoin évidemment d'une segmentation préalable de l'image.
- Nous avons éclairé l'intérêt des granulométries morphologiques pour la caractérisation de la forme, de la texture et de l'organisation des entités microscopiques. Quelques alternatives de calcul des granulométries sur les images couleur ont été comparées. Nous avons aussi comparé la performance de différents histogrammes et distances entre eux pour décrire la couleur et nous avons proposé plusieurs techniques pour combiner l'information fournie par les granulométries et par les histogrammes couleur.
- Dans le cadre d'un projet industriel, nous avons abordé la mise en œuvre d'une application de plate-forme d'analyse d'images couleur de l'hématologie cellulaire. Nos apports ici comportent des algorithmes originaux pour la détection de la zone de bonne lecture d'un frottis sanguin, pour la segmentation des images couleur du sang, pour la classification des leucocytes, pour la description et la classification des lymphocytes.
- Un autre apport important a consisté dans le développement d'une approche automatique et efficace pour la lecture des spots dans les images des puces à ADN. Nous avons montré la performance et la robustesse des algorithmes présentés.
- Finalement nous avons montré d'une manière didactique, avec une série d'etudes appliquées, l'utilité des opérateurs de la morphologie mathématique pour l'étude des structures dans des images de la microscopie biomédicale.

9.2 Perspectives

Différents résultats de cette thèse permettent d'envisager la poursuite des travaux de recherche consacrés d'un coté à des points particuliers d'amélioration de nos algorithmes et d'un autre coté à des perspectives dans un cadre plus général. Soyons précis.

- A partir de la méthode de simplification morphologique présentée, on pourrait envisager des améliorations pour développer une stratégie de simplification couleur orientée vers le contenu de l'image. Par exemple, en plus de segmenter les régions homogènes, il faudrait détecter les détails très significatifs (en utilisant la dynamique ou des chapeaux haut de forme sur les différentes composantes couleur) qui doivent se réincorporer à l'image après lissage des textures par nivellement couleur régional. De même, on pourrait penser à travailler dans une structure hiérarchisée, où le nivellement sera plus sévère selon l'importance de la région dans la pyramide. Nous pensons aussi qu'étant donné que le but est d'aboutir à des simplifications perceptiblement satisfaisantes, il serait intéressant de mener des expériences d'évaluation subjective sur une base d'images représentatives pour établir le bon choix de paramètres.
- Un certain nombre d'algorithmes hiérarchiques de segmentation d'images couleur sur la

base d'une représentation HLS ont été introduits. Typiquement, chaque partition obtenue correspond à un critère connectif. Nous avons présenté des méthodes pour combiner différentes partitions d'une même image. Il serait fort intéressant de les approfondir sur d'autres techniques de fusion de partitions. Ainsi, nous avons vu que la connexion par sauts et la connexion par zones quasi-plates fournissent des composantes connexes associées aux régions significatives de l'image et nous avons vu aussi que la LPE sur un gradient couleur reste l'une des méthodes les plus robustes pour définir les contours entre les régions. Il semble en conséquence logique de construire des hiérarchies en se fondant sur la LPE du gradient et en utilisant comme marqueurs les hiérarchies selon une autre connexion (en éliminant les zones de transition, qui comme nous l'avons montré, correspondent à des composantes connexes de taille relativement petite et une valeur de gradient fort).

Nous croyons aussi qu'il serait possible de définir une stratégie de segmentation des objets d'une image couleur qui soit robuste face aux problèmes d'illumination, tels que les ombres et reflets. Evidemment, les possibilités offertes par le modèle des alignements dans l'histogramme luminance/saturation peut permettre de détecter ces phénomènes et mérite d'être étudié plus en profondeur. Il reste cependant du travail à faire pour établir une méthode robuste de détection des alignements ainsi que pour corriger leur effet sur l'image couleur.

- Nous avons travaillé avec un ensemble assez important de descripteurs pour la forme, la texture et la couleur des objets d'une image que nous avons utilisés pour des applications bien spécifiques de microscopie biomédicale. Une possible valorisation passerait par incorporer toutes ces méthodes de description morphologique dans un moteur de recherche par le contenu similaire ou d'appariement par l'exemple, certainement avec une bonne interface utilisateur qui pourrait incorporer des outils de segmentation, de définition de zone d'intérêt, d'annotation textuelle, etc.

  Aujourd'hui, la plupart des laboratoires de biomédecine disposent de bases de données de dossiers d'images cytologiques et histologiques numériques indexées avec des mots clés. Il serait intéressant d'explorer plus en profondeur les possibilités d'application de techniques qui combinent la recherche par mots clés et par descripteurs morphologiques. Ceci permettrait une meilleure exploitation des bases de données dans des études épidémiologiques, de diagnostic comparé, de suivi des pathologies dans le temps, etc.
- Enfin, un dernier axe naturel de poursuite qu'il nous paraît important d'aborder, et qui, en fait, est le sujet d'un nouveau projet en cours, est celui de la description et de la classification des hématies et des inclusions parasitaires associées. De cette manière, la lecture morphologique des images de frottis de sang périphérique serait relativement complète.
- En outre, la méthodologie que nous avons développée pour l'aide au télédiagnostic en hématologie cellulaire est tout-à-fait généralisable à d'autres domaines d'automatisation en microscopie biomédicale ; nous pensons par exemple à la cytologie cancéreuse. La détection de la zone de bonne lecture de lame permet la production des images reproductibles et représentatives de l'échantillon biologique ainsi qu'un contrôle de qua-

lité des protocoles de préparation et coloration. La segmentation et la description des entités morphologiques présentes dans les images fournit des mesures quantitatives objectives et plus précises que celles faites à l'œil. Et tout ceci donne la possibilité non pas seulement d'avancer vers des systèmes automatiques mais aussi de faciliter le dialogue et le consensus entre experts, ainsi que l'enseignement des disciplines morphologiques.

- L'architecture générale que nous avons proposée et mise en œuvre pour l'analyse des puces à ADN semble être tout-à-fait pertinente pour être incorporée dans un logiciel de routine pour la lecture des biopuces ; plusieurs collaborations ont été entreprises à ce sujet. D'autre part, l'algorithmique proposé peut certainement être le point de départ à l'introduction des nouvelles applications pour la lecture d'autres techniques de miniaturisation et de parallélisme en biologie : puces à protéines, puces à cellules, puces à tissus, etc... De plus, les techniques de filtrage et de segmentation des images couleur développées pourraient être incorporées dans les systèmes de mesure sur des matrices bio où la couleur joue un rôle important.

Bien entendu, cette liste de suites possibles de ce travail est non exhaustive et bon nombre d'extensions supplémentaires peuvent certainement être imaginées.

Si l'application de la morphologie mathématique aux images couleur reste encore un domaine ouvert qui est loin d'être résolu, nous espérons que l'ensemble des algorithmes qui ont été développés au cours de cette thèse auront permis d'avancer vers un corpus méthodologique plus évolué et plus robuste.

Annexe A

Introduction à la morphologie mathématique

A.1 Introduction

La morphologie mathématique est une technique non-linéaire de traitement du signal initiée dans les années 60 à partir des travaux de G. Matheron [167, 168] et J. Serra [238, 239] à l'Ecole des Mines de Paris. Aujourd'hui, la morphologie mathématique est considérée comme une des branches plus importantes du traitement numérique de l'image avec des opérateurs capables de réaliser de taches très sophistiquées sur des images binaires, à niveaux de gris, couleur, images 3D et séquences de vidéo, etc.

D'un point de vue théorique, le cadre axiomatique de la morphologie mathématique correspond initialement à une approche ensembliste (continuation des travaux sur l'addition et la soustraction de Minkowski [188, 189] et sur la géométrie intégrale de Hadwiger [106, 107]) très bien adaptée aux images binaires, qui a été ensuite généralisée aux fonctions numériques (images à niveaux de gris) en ayant recours à différentes approches, telles que la transformation "umbra" ou la décomposition par coupes des niveaux. Cependant, c'est au début des années 80 que Matheron et Serra ont proposé la formulation définitive de la morphologie mathématique dans le cadre algébrique des treillis complets (voir l'ouvrage de Birkhoff [38] sur les treillis).

La particularité de la morphologie mathématique par rapport à d'autres approches a été son développement théorique en parallèle à la mise en œuvre d'applications et de réalisations industrielles. Ce lien étroit entre théorie et pratique a permis d'aboutir très vite à un corpus méthodologique très puissant pour traiter et analyser des images en science des matériaux [135], en microscopie quantitative [173], en imagerie médicale [101, 278], en reconnaissance automatique de formes [218, 109], en indexation d'information multimédia [166, 75, 77, 104, 305], etc. Le développement d'algorithmes rapides et efficaces pour la mise en œuvre des opérateurs morphologiques a été très important ; dans ce volet algorithmique il faut citer notamment les contributions de Vincent [285, 286, 287] et Meyer [178].

Dans ce chapitre d'annexe, nous allons rappeler certaines notions de base de la morphologie mathématique, en illustrant les définitions mathématiques avec des exemples tirés de l'imagerie microscopique en biologie et biotechnologie. Le but de ce rappel est double : d'une part, cela nous permettra de rappeler le vocabulaire et les définitions des opérateurs utilisés dans la thèse ; et d'autre part, nous allons montrer quelques études développées dans le cadre de cette thèse sur l'application de la morphologie mathématique à la biomédecine et la biotechnologie, notamment pour la quantification de la réorganisation in vitro de cellules endothéliales [11] et la quantification de la calcification sur des sections de l'aorte [12].

Le lecteur intéressé pourra se reporter aux ouvrages de référence en morphologie mathématique : les livres de G. Matheron [167, 168], ceux de J. Serra [238, 239] ainsi que d'autres livres : Coster et Chermant [69], Heijmans [122], Soille [261]. Par son caractère précis et didactique, nous recommandons spécialement le texte du cours de Serra [249].

A.2 Notions élémentaires

Tout d'abord nous introduisons quelques définitions et notions essentielles à la morphologie mathématique.

A.2.1 Treillis et morphologie mathématique

La structure fondamentale en morphologie mathématique est le treillis complet et les lois premières sont le supremum et l'infimum,

Définition 12 (Treillis complet) *Un treillis complet $\mathcal{L}$ est un ensemble avec une relation d'ordre partiel $\leq$ ($x \leq x$, $x \leq y, y \leq x \Rightarrow x = y$, $x \leq y, y \leq z \Rightarrow x \leq z$, $x, y, z \in \mathcal{L}$) telle que pour tout sous-ensemble $\mathcal{K}$ fini ou non il existe un infimum (plus grand minorant) $\wedge\mathcal{K}$, et un supremum (plus petit majorant) $\vee\mathcal{K}$; où $\mathcal{K} = \{X_i, i \in I\}$, l'infimum et le supremum sont donnés par $\wedge X_i$ et $\vee X_i$ respectivement.*

Les opérateurs morphologiques agissent sur des ensembles en morphologie binaire et sur des fonctions en morphologique numérique. Nous allons présenter donc les treillis correspondant à ces deux types d'images,

Définition 13 (Treillis des parties d'un ensemble) *Soit E un ensemble arbitraire non vide. L'ensemble $\mathcal{P}(E)$ de tous les sous-ensembles de E, dont l'ordre est défini par la relation d'inclusion $\subseteq$, est un treillis complet pour les opérations $\cup$ (union) et $\cap$ (intersection). De plus, pour chaque élément $X \in \mathcal{P}(E)$ il existe un unique $X^C \in \mathcal{P}(E)$, nommé le complément de X, tel que $X \cap X^C = \emptyset$ et $X \cup X^C = E$.*

L'ensemble des réels $\overline{\mathbf{R}} = \mathbf{R} \cup \{-\infty, +\infty\}$ est un treillis complet. De même pour l'ensemble des entiers $\overline{\mathbf{Z}} = \mathbf{Z} \cup \{-\infty, +\infty\}$.

Définition 14 (Treillis des fonctions numériques) *Etant donnés E un espace arbitraire et $\mathcal{T}$ désignant $\overline{\mathbf{R}}$, $\overline{\mathbf{Z}}$ ou une de leurs parties fermées, les fonctions $\mathcal{F} = \{f : E \to \mathcal{T}\}$ forment à leur tour un treillis, noté $\mathcal{T}^E$ ou $\mathcal{F}(E, \mathcal{T})$, pour l'ordre suivant $\forall f, g \in \mathcal{F}, f \leq g \Leftrightarrow \forall x \in E, f(x) \leq g(x)$; et où le supremum et l'infimum dérivent des* sup *et* inf *numériques, i.e. $f = \vee f_i \Leftrightarrow f(x) = \sup f_i(x)$ et $f' = \wedge f_i \Leftrightarrow f'(x) = \inf f_i(x)$, $\forall x \in E$.*

Nous pouvons voir dans le chapitre 4 que cette démarche s'étend directement aux produits de treillis de type $\mathcal{T}$, c'est-à-dire aux fonctions multivariées (images couleur).

La notion de partition d'un ensemble est aussi très utilisée en morphologie mathématique,

Définition 15 (Partition) *Soit E un ensemble arbitraire. On appelle partition de l'espace E toute application $D : E \to \mathcal{P}(E)$ telle que : (i) $\forall x \in E, x \in D(x)$ et (ii) $\forall x, y \in E, D(x) = D(y)$ ou $D(x) \cap D(y) = \emptyset$. $D(x)$ se nomme la classe de la partition qui contient x.*

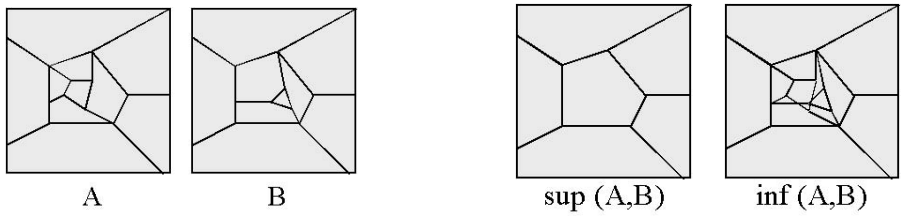


FIG. A.1 – Exemples de supremum et d'infimum des deux partitions A et B.

Sur l'ensemble des partitions d'un espace arbitraire E, nous pouvons définir la relation d'ordre suivante : une partition A est plus petite qu'une partition B, $A \leq B$, quand chaque classe de la partition A est incluse dans une classe de B. A partir de cet ordre, on peut définir le treillis des partitions de la manière suivante :

Définition 16 (Treillis des partitions) *Pour l'ensemble arbitraire E, les partitions $D : E \to \mathcal{P}(E)$ forment un treillis complet $\mathcal{D}$, où le plus grand élément de $\mathcal{D}$ est E lui même, et le plus petit celui qui pulvérise E en la totalité de ses points. Etant donnée la famille de partitions indexées $\{\mathcal{D}_i, i \in I\}$, l'application $\mathcal{D} : E \to \mathcal{P}(E)$ définie à partir de ses classes $D(x) = \wedge\{D_i(x), i \in I\}$ génère une partition où $\forall x \in E$, $D(x)$ est le plus grand élément de $\mathcal{P}(E)$ qui est contenu dans chaque $D_i(x)$. Par conséquent $\mathcal{D}$ est l'*inf *des $\mathcal{D}_i$. L'expression du* sup, *$\mathcal{D} = \vee\mathcal{D}_i$, signifie que $\forall x \in E, \forall i \in I$, la classe $D_i(x)$ est le plus petit ensemble qui est l'union des classes $D_i(y), y \in E$, voir figure A.1.*

A.2.2 Considérations pratiques

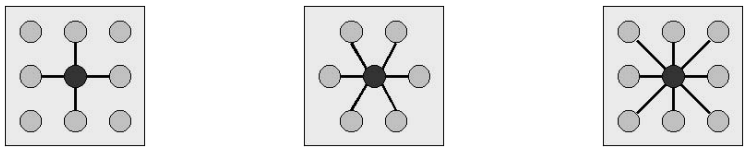
En pratique, les transformations s'appliquent sur des images dans un domaine fini D du plan discret $E = D \subset \mathbf{Z}^2$, domaine le plus généralement rectangulaire (tableau de données). Une image numérique sera à valeurs dans $\mathbf{Z}$, i.e. $\mathcal{T} = \{t_{min}, t_{min}+1, \cdots, t_{max}\}$, où typiquement $t_{min} = 0$ et $t_{max} = 255$ pour les images à niveaux de gris (8 bits, $2^8 = 256$) ; ou $t_{min} = 0$ et $t_{max} = 1$ pour les images binaires (0 pour le fond et 1 pour la forme).

Considérons une fonction numérique $f \in \mathcal{F}$, la *coupe de f au niveau $h \in \mathcal{T}$* est un ensemble $X_h(f)$ tel que

$$X_h(f) = \{x \in D : f(x) \geq h\}, \tag{A.1}$$

et de la même manière, nous pouvons définir l'ensemble $Z_h(f)$:

$$Z_h(f) = \{x \in D : f(x) \leq h\}.$$



(a) (b) (c)

FIG. A.2 – Types de connexité pour les images numériques $2D$: (a) 4-connexité, (b) 6-connexité (c) 8-connexité.

Ces deux ensembles sont évidemment complémentaires,

$$X_h = Z_{h+1}^C.$$

Ainsi, toute fonction numérique f peut être considérée comme une pile d'ensembles décroissants. Chaque ensemble est la section du sous-graphe de f par le plan de cote h. La fonction peut être reconstruite à partir des ensembles, i.e.

$$f(x) = \sup\{h : x \in X_h(f)\}. \tag{A.2}$$

On travaille sur une grille ou trame permettant de définir des relations de voisinage entre les points ou pixels d'une image. L'image peut être considérée comme un graphe $G = \{V_G, A_G\}$ ensemble de couples de pixels : $V_G \in \mathbf{Z} \times \mathbf{Z}$ correspond aux coordonnées de chacun des pixels dans la grille, tandis que les arêtes $A_G \in \mathbf{Z}^2$ donnent les relations de voisinage. Ainsi, nous pouvons introduire la notion de voisinage d'un point p dans la grille V_G comme l'ensemble de pixels qui sont directement connectés à lui,

$$\forall\, p,\ q \in V_G,\ \ \text{p et q sont voisins} \Leftrightarrow (p,q) \in A_G,$$

où la paire ordonnée (p, q) est l'arête qui relie les points p et q. On suppose toujours qu'un pixel n'est pas son propre voisin et que la relation de voisinage est symétrique. *Le voisinage du pixel* p, $N_G(p)$, définit un sous ensemble de V_G de taille quelconque, tel que

$$\forall\, p \in V_G,\ \ N_G(p) = \{\, q \in V_G, (p,q) \in A_G\}.$$

Une notion équivalente au voisinage des pixels est celle de connexité des pixels sur la grille numérique. En pratique, les relations de connexité les plus utilisées dans $\mathbf{Z}^2$ sont l'hexagonale (6 voisins sur la trame par nœud) ou la carrée (4 ou 8 voisins sur la trame par nœud), voir figure A.2. La trame hexagonale est certainement préférée du point de vue algorithmique pour ses bonnes propriétés de symétrie (même connexité définie pour la forme et le fond), tandis que la trame carrée à 4 ou 8 connexités est plus appropriée car elle correspond à la position des capteurs des caméras numériques [104]. Tous les algorithmes et résultats de cette thèse ont été réalisés sur la trame carrée. Toutefois, les opérateurs décrits sont valides pour tout autre voisinage. La définition de voisinage et connexité pour les images $3D$ est relativement plus compliquée, voir [249].

A.2.3 Propriétés de base des transformations morphologiques

En général, les transformations morphologiques sont dotées de propriétés importantes relatives aux opérations sur les treillis. Nous allons présenter ces propriétés pour les treillis $\mathcal{P}(E)$ et $\mathcal{F}(E,\mathcal{T})$,

- **Croissance** : Une transformation ψ est dite croissante si et seulement si elle préserve l'ordre :

$$\forall X, Y \in \mathcal{P}(E), X \subseteq Y \Rightarrow \psi(X) \subseteq \psi(Y), \quad ou \quad \forall f, g \in \mathcal{F}, f \leq g \Rightarrow \psi(f) \leq \psi(g).$$

  Dans le cas contraire ($X \subseteq Y \Rightarrow \psi(X) \supseteq \psi(Y)$, ou $f \geq g \Rightarrow \psi(f) \leq \psi(g)$), la transformation ψ est dite décroissante. La préservation de l'ordre dans les opérateurs (i.e. opérateurs croissants) est une caractéristique fondamentale des transformations morphologiques premières. Elle assure que l'ordre, structure de base du treillis, est conservé lors d'un filtrage morphologique.
- **Extensivité** : Une transformation ψ est dite extensive si et seulement si son résultat est toujours plus grand que l'original :

$$\forall X \in \mathcal{P}(E), X \subseteq \psi(X), \quad ou \quad \forall f \in \mathcal{F}, f \leq \psi(f).$$

  Dans le cas contraire ($X \supseteq \psi(X)$, ou $f \geq \psi(f)$), la transformation ψ est dite anti-extensive.
- **Idempotence** : Une transformation est dite idempotente lorsqu'elle est invariante par itération :

$$\psi(\psi) = \psi \circ \psi = \psi.$$

- **Dualité** : Deux transformations ψ_1 et ψ_2 sont duales si et seulement si appliquer l'une revient à appliquer l'autre sur le complémentaire (symétrie ou négation pour les fonctions) de l'initial puis à complémenter le résultat final :

$$\forall X \in \mathcal{P}(E), \psi_1(X) = [\psi_2(X^C)]^C, \quad ou \quad \forall f \in \mathcal{F}, \psi_1(f) = -(\psi_2(-f)).$$

  En fait, la dualité fondamentale entre le sup et l'inf se transmet à tous les outils de la morphologie mathématique. En général, les transformations vont par paires qui se correspondent par dualité. On trouve aussi des opérateurs autoduaux, i.e. $\psi(X) = [\psi(X)]^C$.

A.2.4 Résidu

La notion de **résidu** en morphologie fait référence à la différence pixel à pixel entre deux transformations (ou plus). Soit $X \in \mathcal{P}(E)$ un ensemble (ou $f \in \mathcal{F}$ une fonction) et soit ψ une transformation anti-extensive, le résidu est l'ensemble $X \setminus \psi(X)$ (la fonction $f - \psi(f)$). Si la transformation ψ est extensive, le résidu sera $\psi(X) \setminus X$ (ou $\psi(f) - f$). Les résidus d'une transformation croissante ne sont pas croissants. Dans le cas des fonctions numériques on ne peut donc pas les calculer en traitant chaque coupe séparément. La correspondance entre les résidus de deux fonctions $f, g \in \mathcal{F}$ et l'ensemble de leurs sections est la suivante $X_h(f-g) = \cup_{k \geq 0}[X_{h+k}(f) \setminus X_{k+1}(f)]$.

A.2.5 Seuillage

Le seuillage peut être considéré comme une transformation qui permet passer d'une image à niveaux de gris à une image binaire,

Définition 17 (Seuillage) *Soit $f : E \subset \mathbf{Z}^2 \to \mathcal{T} = \{t_{min}, t_{min}+1, \cdots, t_{max}\}$ une fonction numérique, la transformation seuillage entre les niveaux u_1 et u_2 (typiquement $u_1 = t_{min}$ ou $u_2 = t_{max}$), nommée $T_{[u_1,u_2]}(f)$ ($T : \mathcal{F} \to \mathcal{P}(E)$), fournit une image binaire $X \in \mathcal{P}(E)$ telle que pour chaque pixel $x \in E$ la valeur binaire est donnée par :*

$$X(x) = T_{[u_1,u_2]}(f(x)) = \begin{cases} 1 & si\ u_1 \leq f(x) \leq u_2 \\ 0 & sinon \end{cases} \tag{A.3}$$

Le choix de $[u_1, u_2]$ est déterminé par l'ensemble des niveaux de gris associés aux objets d'intérêt de l'image f. Il s'agit d'un problème fondamental dans le traitement d'image.

A.3 Erosion et dilatation

Tout opérateur morphologique est basé sur la comparaison de l'ensemble (ou fonction) à traiter avec un autre ensemble (ou fonction), appelé **élément structurant**, de taille et de forme choisies par rapport au résultat de l'opération recherchée. Il faut donner le centre de l'élément structurant, c'est-à-dire que l'on repère un point particulier quelconque.

Etant donnés les ensembles $X, Y \in \mathcal{P}(E)$, *l'addition et la soustraction de Minkowski* sont définies respectivement comme :

$$X \oplus Y = \{x + y : x \in X, y \in Y\},$$

$$X \ominus Y = \{h : y + h \in X, \forall y \in Y\}.$$

A remarquer que $X \oplus Y = Y \oplus X$. Si l'on fixe un des ensembles $B \in \mathcal{P}(E)$ et on l'appelle élément structurant, les deux opérateurs de base, sur lesquels la majorité des autres outils morphologiques reposent, ont alors la définition suivante :

Définition 18 (Dilatation binaire) *La dilatation de X par l'élément structurant B, notée $\delta_B(X)$, est l'ensemble de points $x \in E$ pour lesquels le translaté de B en x coupe X :*

$$\delta_B(X) = X \oplus B = \bigcup_{b \in B} X_b = \{x \in E : \breve{B}_x \cap X \neq \emptyset\}, \tag{A.4}$$

où $X_y = \{x + y : x \in X\}$ est le translaté de l'ensemble X selon le vecteur y; $\breve{B} = -B = \{-x : x \in B\}$ est le transposé de B par rapport à l'origine ou centre. Un élément structurant est symétrique quand il est égal à son transposé, i.e. $B = \breve{B}$.

Définition 19 (Erosion binaire) *L'érosion de X par l'élément structurant B, notée $\varepsilon_B(X)$, est l'ensemble des points $x \in E$ pour lesquels le translaté de B en x est inclus dans X :*

$$\varepsilon_B(X) = X \ominus B = \bigcap_{b \in \breve{B}} X_b = \{x \in E : B_x \subseteq X\}. \tag{A.5}$$

La propriété fondamentale de l'opérateur dilatation est qu'il commute avec l'union :

$$\left(\bigcup_{i\in I} X_i\right) \oplus B = \bigcup_{i\in I}(X_i \oplus B),$$

pour $X_i \in \mathcal{P}(E), i \in I$. Par dualité, l'érosion commute avec l'intersection :

$$\left(\bigcap_{i\in I} X_i\right) \ominus B = \bigcap_{i\in I}(X_i \ominus B).$$

Il y a beaucoup à dire sur d'autres propriétés de l'érosion et de la dilatation. Nous ne retenons ici que les principales :

- Erosion et dilatation sont deux transformations duales,

  $$\forall X, Y, B \in \mathcal{P}(E), (X \oplus \check{B})^C = X^C \ominus B \;\; et \;\; (X \ominus B)^C = X^C \oplus \check{B},$$

  et aussi, elles sont duales par adjonction, i.e. $\forall X, Y, B \in \mathcal{P}(E)$,

  $$Y \oplus B \subseteq X \Leftrightarrow Y \subseteq X \ominus B. \tag{A.6}$$

  Inversement si un couple (δ, ε) d'opérateurs verifie la relation d'equivalence (A.6), alors δ est une dilatation et ε l'érosion duale par adjonction.
- L'érosion et la dilatation sont invariantes par translation,

  $$\forall X, Y, B \in \mathcal{P}(E), (X \ominus B)_h = X_h \ominus B \;\; et \;\; (X \oplus B)_h = X_h \oplus B.$$

- L'érosion et la dilatation sont des opérateurs croissants,

  $$\forall X, Y, B \in \mathcal{P}(E), X \subseteq Y \Rightarrow X \ominus B \subseteq Y \ominus B \;\; et \;\; X \oplus B \subseteq Y \oplus B$$

  De plus, érosion et dilatation ne sont pas idempotentes.
- En général, l'érosion et la dilatation sont irréversibles, i.e. perte d'information.
- On a les équivalences suivantes,

  $$\forall X, Y, B_1, B_2 \in \mathcal{P}(E), (X \ominus B_1) \ominus B_2 = X \ominus (B_1 \oplus B_2) \;\; et \;\; (X \oplus B_1) \oplus B_2 = X \oplus (B_1 \oplus B_2)$$

  Si dans l'espace discret $\mathbf{Z}^2$, nB désigne l'homothétique du rapport n de l'élément structurant B, la loi de semi-groupe : $nB \oplus mB = (n+m)B$ est vérifiée si et seulement si B est compact convexe. Si, de plus, B est plan et symétrique, il se décompose en produit de dilatations selon des segments, voir figure A.3.

En pratique, on utilise le plus souvent des éléments structurants symétriques, compacts et convexes. La dilatation (l'érosion) d'un ensemble X par l'élément structurant convexe nB se ramène donc à n dilatations (érosions) par l'élément structurant B, i.e. l'itération agit comme facteur d'homothétie. Cela permet aussi de définir dans un contexte dit d'analyse multi-échelle la dilatation (l'érosion) de taille n,

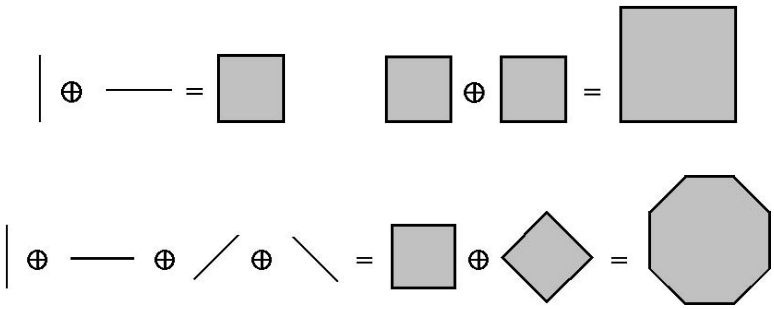


FIG. A.3 – Décomposition d'éléments structurants sur la trame carrée. L'octogone est très souvent utilisé comme une approximation "isotrope" au cercle.

Définition 20 (Dilatation/érosion binaire multi-échelle) *Etant donné un élément structurant B de base, la dilatation (ou l'érosion) multi-échelle de taille n, $n \geq 0$, est donnée par l'expression suivante :*

$$[\delta_B(X)]^n = (((X \oplus B) \oplus B) \cdots \oplus B)_{(n \ fois)}, \tag{A.7}$$

(ou $[\varepsilon_B(X)]^n = (((X \ominus B) \ominus B) \cdots \ominus B)_{(n \ fois)}$).

Théorème 2 (Compact convexe - G. Matheron) *La dilatation multi-échelle $[\delta_B(X)]^n$ equivaut à la dilation $X \oplus nB$, où nB est l'homothétique de B de facteur n, si et seulement si B est un compact convexe (résultat dual pour l'érosion).*

Dans le cas numérique des fonctions $f \in \mathcal{F}$, nous n'allons considérer que le cas le plus simple où l'élément structurant $B \in \mathcal{P}(E)$ est plan. Les éléments structurants plans peuvent être considérés comme une fonction constante et égale à zéro sur un support égal à l'ensemble. Leur définitions reviennent donc à une extension de la dilatation et de l'érosion binaire pour chaque section, équation A.1. Ainsi, la dilation est donnée par la formule suivante :

Définition 21 (Dilatation numérique) *La dilatation de la fonction f par l'élément structurant B, notée $\delta_B(f)$, est la fonction qui donne à tout pixel $x \in D$ la valeur maximale de l'image f dans la fenêtre d'observation définie par B :*

$$\delta_B(f)(x) = (f \oplus B)(x) = \sup\{f(x-y), y \in B\}. \tag{A.8}$$

Et de la même manière, on a :

Définition 22 (Erosion numérique) *L'érosion de la fonction f par l'élément structurant B, notée $\delta_B(f)$, est la fonction qui donne à tout pixel $x \in D$ la valeur minimale de l'image f dans la fenêtre d'observation définie par B :*

$$\varepsilon_B(f)(x) = (f \ominus B)(x) = \inf\{f(x-y), y \in B\}. \tag{A.9}$$

Toutes les propriétés de la dilatation et l'érosion binaires sur $\mathcal{P}(E)$ sont également valides pour les équivalentes dans le treillis des fonctions numériques $\mathcal{F}$, par des éléments structurants plans ou non. L'utilisation d'éléments structurants plans fournit d'autres avantages spécifiques, comme par exemple, la commutation avec les anamorphoses (des transformations continues et strictement croissantes) [240].

A.3.1 Des résidus : les gradients morphologiques

Les gradients permettent d'extraire les zones de variation d'intensité des fonctions. Les valeurs de fort gradient correspondent aux zones de forte transition et coïncident généralement avec les contours des objets : information très utile pour les problèmes de segmentation. A partir de la dilatation et de l'érosion morphologique, on définit les gradients morphologiques comme des résidus de ces transformations [220]. Le module du gradient d'une fonction f peut être défini dans le cas continu par $\bigtriangledown f^+ = \lim_{\lambda \to 0} \frac{(f \oplus \lambda B) - f}{\lambda}$ (ou $\bigtriangledown f^- = \lim_{\lambda \to 0} \frac{f - (f \ominus \lambda B)}{\lambda}$), où B est le disque unitaire centré dans l'origine. Dans le cas discret, il est possible de définir ainsi un gradient par érosion et un gradient par dilatation :

$$g^+(f) = \delta_B(f) - f, \tag{A.10}$$

$$g^-(f) = f - \varepsilon_B(f). \tag{A.11}$$

Ces deux gradients non symétriques sont également appelés **gradient interne** et **gradient externe** respectivement. Puis, le **gradient morphologique symétrique** ou gradient de Beucher est défini comme le résidu de la dilatation et de l'érosion :

$$g(f) = \delta_B(f) - \varepsilon_B(f). \tag{A.12}$$

On pourrait obtenir un autre gradient en prenant l'expression suivante :

$$\hat{g}(f) = \sup(g^+(f), g^-(f)). \tag{A.13}$$

L'opérateur $\inf(g^+(f), g^-(f))$ permet de filtrer certains types de bruit, mais il ne peut pas être utilisé comme détecteur de transitions. Enfin, il est possible d'introduire le **laplacien morphologique** (passages par zéro) comme le résidu obtenu avec comme primitives les gradients par dilatation et par érosion :

$$l(f) = g^+(f) - g^-(f). \tag{A.14}$$

Pour ce dernier cas, le résultat est une fonction avec des valeurs positives et négatives et par conséquent la différence est avec "signe". La figure A.4 illustre l'application des gradients présentés. Le choix entre un gradient ou un autre dépendra de la nature des objets à extraire, e.g. le gradient externe appliqué sur une structure mince et foncée produit une frontière mince, tandis que le gradient interne fournira une frontière double.

A.3.2 Le squelette morphologique

Le squelette d'un ensemble est une notion géométrique classique (voir les travaux de Blum [39]) et il existe une vaste littérature d'algorithmes de squelettisation [176, 120]. Intuitivement, le squelette s'interprète comme une sorte de ligne médiane de l'ensemble. Nous

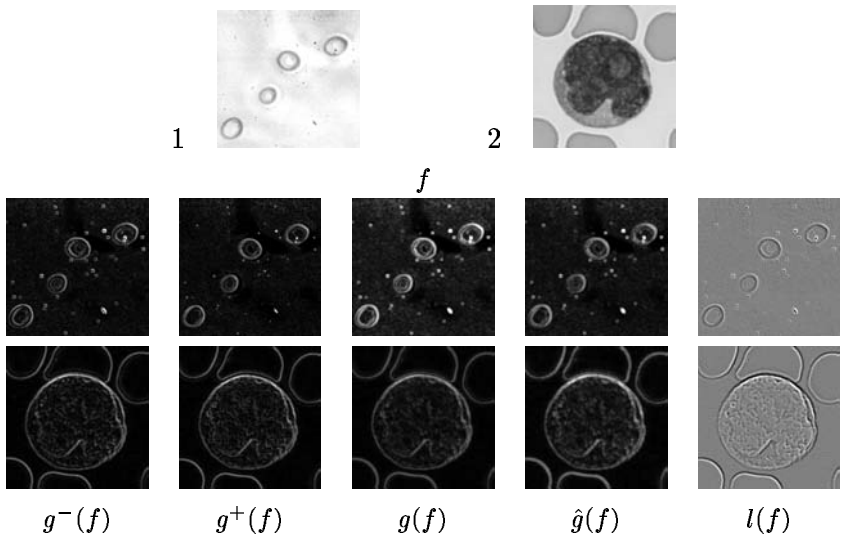


FIG. A.4 – Gradients morphologiques sur deux images de la cytologie quantitative. A partir de l'image initiale f, le gradient interne $g^-(f)$ rehausse les contours internes des objets clairs et le gradient externe $g^+(f)$ extrait les contours externes des objets clairs (tous les deux sont utilisés lorsqu'on cherche à obtenir des contours minces). Le gradient symétrique morphologique $g(f)$ représente un bon équilibre lorsqu'il faut extraire les contours des objets clairs et foncés. Le gradient $\hat{g}(f)$ n'est pas utilisé en pratique parce qu'il crée des contours doubles. La laplacien $l(f)$ permet de détecter les zones sans transition abruptes. Pour l'image 1, le gradient $g^+(f)$ aboutit à un meilleur résultat ; pour l'image 2 on pourrait choisir $g^+(f)$ ou $g(f)$.

nous limiterons ici à rappeler quelques idées sur le lien entre le squelette et la morphologie mathématique.

Le squelette d'un ensemble $X \in \mathcal{P}(E)$ est défini à partir de la notion de boule maximale, dont la définition formelle est la suivante.

Définition 23 (Boule maximale) *Une boule $\delta_n(x)$ de taille n et de centre $x \in X$ est maximale vis-à-vis de l'ensemble X s'il n'existe aucune autre boule $\delta_k(y)$ (aucun autre indice k et aucun autre centre y) tels que : $\delta_n(x) \subseteq \delta_k(y) \subseteq X, k \geq n$. En pratique, les boules maximales doivent toucher la frontière de X en au moins deux points.*

On peut alors définir le squelette,

Définition 24 (Squelette) *Le squelette d'un ensemble $X \in \mathcal{P}(E)$ selon une famille de boules $\{\delta_i\}$ est le lieu géométrique des centres de toutes ses boules maximales.*

Si on travaille dans un espace discret, la boule digitale sera par exemple un carré de taille n. Il y a un algorithme morphologique très simple pour calculer le squelette [147] :

Définition 25 (Squelette de Lantuéjoul) *Soit $\{\varepsilon_i\}$ une famille d'érosions, dites élémentaires, par des éléments structurants convexes indexés par $i \in N$, et soit δ la dilatation adjointe unitaire de l'érosion unitaire ε, le squelette est le résidu entre les familles $\{\varepsilon_i\}$ et $\{(\delta\varepsilon)\varepsilon_i\}$, i.e.*

$$S(X) = \bigcup_{i=0}^{\infty} [\varepsilon_i(X) \backslash (\delta\varepsilon)(\varepsilon_i(X)] \tag{A.15}$$

(On verra dans la section suivante que $\delta\varepsilon$ est une transformation qu'on appelle ouverture).

La fonction $q_X : S(X) \rightarrow \mathbf{Z}^+$ possédant le squelette comme support et qui donne pour chaque point x le rayon de la boule maximale comme valeur s'appelle fonction d'extinction :

$$q_X(x) = n, \delta_n(x) \ \ boule \ \ maximale.$$

Ce squelette est d'épaisseur faible et de plus, il est anti-extensif, idempotent et réversible. Cependant, le squelette de Lantuéjoul n'est pas une transformation continue (une petite variation de l'ensemble initial peut conduire à des squelettes très différents) et d'autre part, ce squelette ne préserve pas la connexité et l'homotopie.

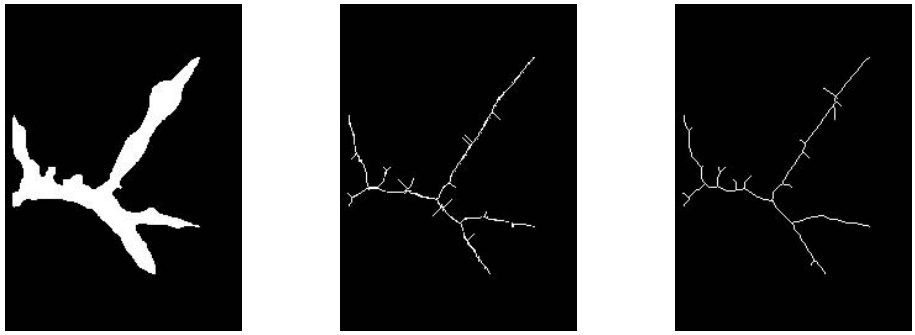
Les amincissements sont une autre famille de transformations morphologiques qui permettent d'aboutir sur des squelettes homotopiques. Plus précisément, il faut d'abord définir la transformation par tout ou rien,

Définition 26 (Transformation par tout ou rien) *La transformation par tout ou rien $\eta_T(X)$ (ou $X \otimes T$) d'un ensemble $X \in \mathcal{P}(E)$ généralise à la fois l'érosion ε et la dilatation δ, en mettant en jeu un couple d'éléments structurants d'intersection vide, $T = \{T', T''\}$ $(T', T'' \in \mathcal{P}(E))$:*

$$\eta_T(X) = \{z \in E : T''_z \subseteq X^c; T'_z \subseteq X\} = \varepsilon_{T'}(X) \cap \varepsilon_{T''}(X^c). \tag{A.16}$$

Cette transformation peut être utilisée pour extraire des informations spécifiques sur la géométrie d'une image. η_T est une transformation qui n'est pas croissante.

Alors, on arrive à l'amincissement,



(a) (b) (c)

FIG. A.5 – Squelettes morphologiques : (a) Ensemble initial, (b) Squelette de Lantuéjoul, (c) Squelette par amincissement en 8-connexité. Remarquer que le squelette (b) n'est pas homotopique. Toutefois, aucun des deux n'est robuste (apparition de nombreuses ramifications non significatives).

Définition 27 (Amincissement) *Etant donné un couple d'éléments structurants* $T = \{T', T''\}$, *l'amincissement* θ_T *d'un ensemble* $X \in \mathcal{P}(E)$ *est le résidu entre* X *et sa transformation par tout ou rien* $\eta_T(X)$ *:*

$$\theta_T(X) = X \backslash \eta_T(X) = X \backslash [\varepsilon_{T'}(X) \cap \varepsilon_{T''}(X^c)]. \tag{A.17}$$

Un amincissement est homotopique s'il utilise un élément structurant T qui préserve l'homotopie. Les amincissements sont souvent utilisés de manière séquentielle, jusqu'à idempotence [225, 134]. Avec cette méthode on arrive à des squelettes homotopiques. Dans la figure A.5 on peut observer la différence entre le squelette obtenu par la formule de Lantuéjoul et celui par amincissement en utilisant la 8-connexité.

A.3.3 Fonction distance

En morphologie mathématique, la fonction distance sert de transition entre les ensembles et les fonctions. On rappelle qu'une fonction $f : E \times E \to \mathbf{R}^+$ est une *métrique ou distance* si $\forall x, y, z \in E$ les trois propriétés suivantes se vérifient : (1) $d(x, y) = 0 \Leftrightarrow x = y$, (2) $d(x, y) = d(y, x)$ et (3) $d(x, z) \leq d(x, y) + d(y, z)$ (inégalité triangulaire). Si d est une métrique dans l'espace E, on dit que (E, d) est un *espace métrique.*

La *boule de rayon* r *et centrée sur* x est donnée par l'expression suivante : $B(x, r) = \{y \in E : d(x, y) \leq r\}$.

On peut définir aussi la distance d'un point à un ensemble :

Définition 28 (Distance d'un point à un ensemble) *Soient* x *et* X *un point et un ensemble du plan* $\mathbf{R}^2$ *(ou* $\mathbf{Z}^2$*). On appelle distance de* x *à l'ensemble* X *le nombre positif*

$$d(x, X) = \inf\{d(x, y), y \in X\},$$

où d *est une distance définie sur* $\mathbf{R}^2$.

On pourrait prendre pour d la distance euclidienne, ou étant donné qu'on travaille avec des applications sur $\mathbf{Z}^2$, des distances digitales. Quand se décrit le plan, à X fixé, on obtient la fonction distance,

Définition 29 (Fonction distance) *Soit E un ensemble et soit $\mathcal{F}(E)$ la classe de toutes les fonctions numériques sur E. La transformation $d_X(x) : \mathcal{P}(E) \rightarrow \mathcal{F}(E)$ qui associée à chaque point x de l'ensemble $X \in E$ sa distance au complémentaire X^C, i.e.*

$$d_X(x) = d(x, X^C) \tag{A.18}$$

est appelée fonction distance.

La fonction distance synthétise toute l'information contenue dans les érosions successives de l'ensemble X. On peut associer donc à chaque X le sous-ensemble X_n constitué des points qui sont à une distance supérieure à n de sa frontière. Quand n augmente, les sous-ensembles sont inclus les uns dans les autres. Ils peuvent être interprétés comme les sections horizontales d'une fonction distance, valant n en x si x est à une distance n de la frontière.

Comme la distance est caractérisée par les disques $\{\delta_n\}$ de taille n, les sous-ensembles X_n sont le résultat des érosions à l'aide de cette famille de disques. Plus précisément, l'on a :

$$\begin{array}{ll} i) & n \geq m \Rightarrow \delta_n \geq \delta_m \\ ii) & \delta_n \delta_m \leq \delta_{n+m};\ n, m \geq 0 \\ iii) & \wedge\{\delta_n, n \geq 0\} = X \\ iv) & x \subseteq \delta(y) \Leftrightarrow y \subseteq \delta(x) \end{array}$$

Inversement, toute famille de dilatations $\{\delta_n\}$ qui possède ces quatre propriétés définit une distance d par la relation :

$$d(x, y) = \inf\{n : x \in \delta_n(y);\ y \in \delta_n(x)\},$$

$\delta_n(y)$ est alors la boule de centre y et de rayon n, $B(y, n)$.

En plus de pouvoir utiliser la fonction distance pour calculer rapidement des érosions successives d'un ensemble (il faut rappeler qu'il y a des algorithmes optimaux très efficients et rapides pour le calcul de la fonction distance [287]), les applications de la fonction distance sont multiples. Nous allons en décrire postérieurement quelques-unes.

A.4 Ouverture et fermeture

L'érosion n'a pas d'inverse, c'est-à-dire que plusieurs ensembles différents peuvent avoir le même érodé. Néanmoins, entre tous les inverses possibles, il en existe un plus petit qu'on peut obtenir en composant l'érosion par la dilatation adjointe. De manière duale, on peut prendre la dilatation suivie de l'érosion adjointe au sens de la relation d'equivalence (A.6). A partir de la combinaison d'une érosion et d'une dilatation on obtient deux nouveaux opérateurs morphologiques :

Définition 30 (Ouverture par adjonction) *L'ouverture de l'ensemble X (de la fonction f) par l'élément structurant B, notée γ_B (ou $X \circ B$ pour les ensembles), est définie par l'opération suivante,*

$$\gamma_B(X) = X \circ B = \delta_B(\varepsilon_B(X)) \;\; et \;\; \gamma_B(f) = \delta_B(\varepsilon_B(f)). \tag{A.19}$$

Dans son interprétation géométrique, l'ouverture est la réunion des éléments structurants $B(x)$ inclus dans l'ensemble X : $X \circ B = \bigcup\{B_z : z \in D \;\; et \;\; B_z \subseteq X\}$.

Définition 31 (Fermeture par adjonction) *La fermeture de l'ensemble X (de la fonction f) par l'élément structurant B, notée φ_B (ou $X \bullet B$ pour les ensembles), est définie par l'opération suivante,*

$$\varphi_B(X) = X \bullet B = \varepsilon_B(\delta_B(X)) \;\; et \;\; \varphi_B(f) = \varepsilon_B(\delta_B(f)). \tag{A.20}$$

La fermeture s'interprète comme le complémentaire du domaine balayé par l'élément structurant $\breve{B}$ lorsque celui-ci ne rencontre pas l'ensemble initial : $X \bullet B = \{z \in D : z \in \breve{B}_y \Rightarrow \breve{B}_y \cap X \neq \emptyset\}$.

Evidemment, l'ouverture et la fermeture sont des opérations duales,

$$(\gamma_B(X))^C = \varphi_B(X^C) \;\; et \;\; (\varphi_B(X))^C = \gamma_B(X^C).$$

Les ouvertures et fermetures par adjonction sont aussi appelées morphologiques ou structurelles. Ces opérateurs, tout comme la dilatation et l'érosion, n'ont pas d'inverse. Dans le cas binaire, ces transformations ont tendance à lisser les contours des particules : l'ouverture en supprimant les caps, la fermeture en comblant les golfes. L'ouverture et la fermeture ne sont pas des transformations homotopiques : l'ouverture peut déconnecter les ensembles (créer plusieurs particules connexes à partir d'une seule) ou éliminer des petits ensembles (éliminer des particules connexes). Au contraire, la fermeture peut boucher des petits lacs (éliminer des pores) et relier des ensembles proches (réduire les composantes connexes). L'ouverture et la fermeture par adjonction créent une fonction plus simple que la fonction initiale, en filtrant celle-ci de manière non-linéaire. Voir sur l'exemple de la figure A.6 les effets sur des images réelles.

Les propriétés principales des ouvertures et des fermetures sont,

- L'ouverture et la fermeture par adjonction sont croissantes comme produits d'opérations croissantes,

$$\forall X, Y, B \in \mathcal{P}(E), X \subseteq Y \Rightarrow X \circ B \subseteq Y \circ B \;\; et \;\; X \bullet B \subseteq Y \bullet B.$$

- L'ouverture est une opération anti-extensive et la fermeture une opération extensive,

$$\forall X, B \in \mathcal{P}(E), X \circ B \subseteq X \;\; et \;\; X \subseteq X \bullet B.$$

- L'ouverture et la fermeture sont des transformations idempotentes,

$$\forall X, B \in \mathcal{P}(E), (X \circ B) \circ B) = X \circ B \;\; et \;\; (X \bullet B) \bullet B) = X \bullet B.$$

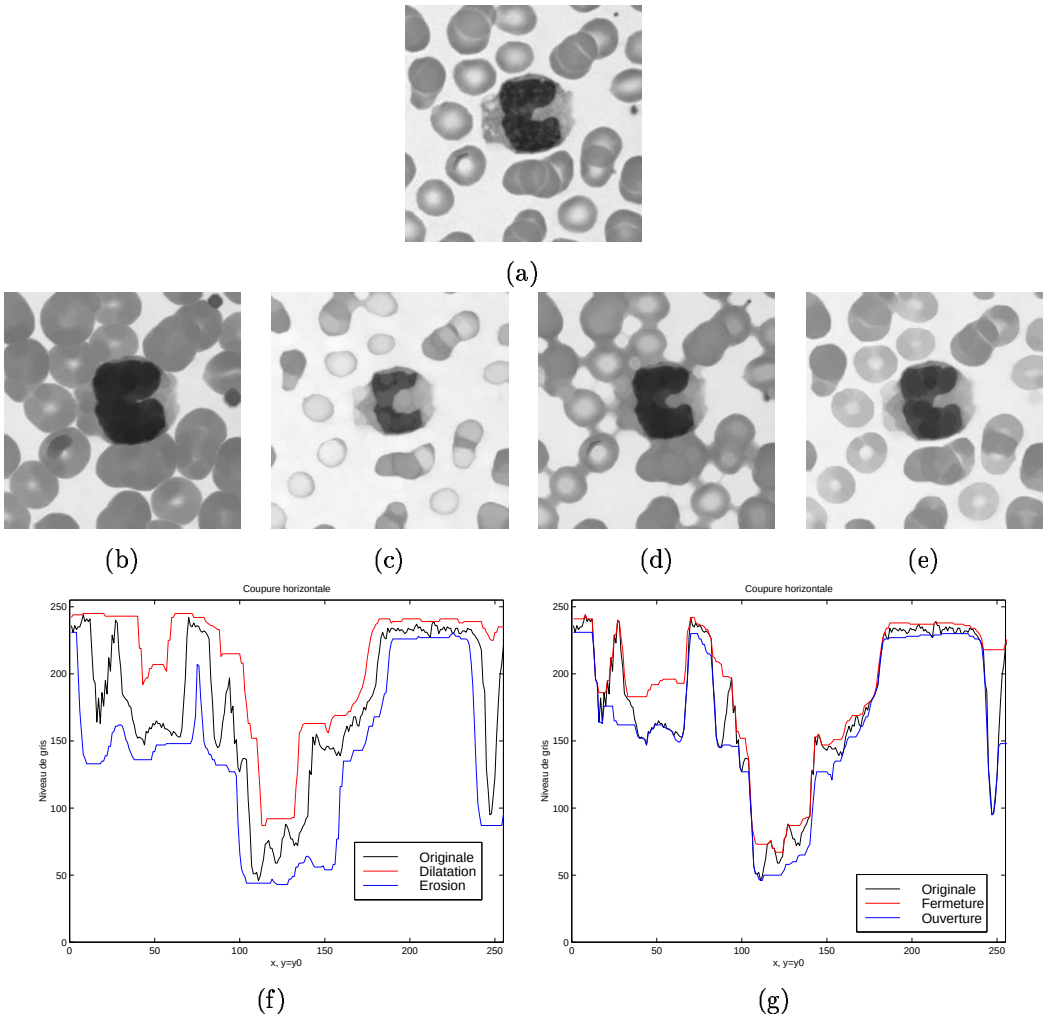


FIG. A.6 – Exemple des effets de l'érosion/dilatation et de l'ouverture/fermeture sur une image à niveaux de gris d'un frottis sanguin : (a) image originale f, (b) érosion $\varepsilon_{nB}(f)$, (c) dilatation $\delta_{nB}(f)$, (d) ouverture $\gamma_{nB}(f)$ et (e) fermeture $\varphi_{nB}(f)$. Pour les quatre cas, B est un octogone de taille $n = 10$. Les figures (f) et (g) correspondent à une coupure horizontale sur les images (qui passe sur la petite cellule noire à droite de l'image f). On peux constater que l'érosion rétrécit les pics et les lignes de crête. Les pics plus étroits que l'élément structurant disparaissent. Parallèlement, elle élargit les vallées et les minima. La dilatation produit les effets duaux. L'ouverture, située en dessous de la fonction initiale, élimine les pics positifs qui sont plus étroits que l'élément structurant. La fermeture produit les effets duaux.

A.4.1 Ouvertures et fermetures algébriques

Les trois propriétés fondamentales des ouvertures $\delta\varepsilon$ et des fermetures $\varepsilon\delta$ par adjonction sont aussi bien les axiomes d'une définition plus générale de la notion d'ouverture et fermeture :

Définition 32 (Ouverture et fermeture algébrique) *Dans un treillis complet $\mathcal{L}$, toute transformation croissante, anti-extensive et idempotente définit une ouverture (algébrique) ; et toute transformation croissante, extensive et idempotente définit une fermeture (algébrique).*

Quelques résultats théoriques importants lient les ouvertures (et fermetures) algébriques aux ouvertures (et fermetures) par adjonction. Cependant, ici nous nous limiterons à quelques exemples d'ouvertures qui peuvent être très utiles en pratique.

Suprema d'ouvertures et infima de fermetures

Tout supremum d'ouvertures est une ouverture. Tout infimum de fermetures est une fermeture. L'exemple classique d'application est l'usage du supremum d'ouvertures par des segments dans plusieurs directions du plan qui permet de trier les objets par leur longueur et non par la taille de leur cercle inscrit. Nous allons illustrer ci-dessous l'application de ce type d'ouvertures linéaires.

Ouverture triviale

L'ouverture triviale vise à extraire les parties d'un ensemble selon un critère donné. On dit qu'un critère T est croissant quand pour tout ensemble $X \in \mathcal{P}(E)$:

$$\begin{cases} X \text{ satisfait } T \text{ et } Y \geq X & \Rightarrow Y \text{ satisfait } T \\ X \text{ ne satisfait pas } T \text{ et } Y \leq X & \Rightarrow Y \text{ ne satisfait pas } T \end{cases}$$

Définition 33 (Ouverture triviale) *Etant donné un critère croissant T dans le treillis $\mathcal{P}(E)$, l'opérateur*

$$\gamma_T(X) = \begin{cases} X & \text{si } X \text{ satisfait } T, \\ \emptyset & \text{sinon,} \end{cases} \tag{A.21}$$

(avec $\gamma_T(\emptyset = \emptyset)$ est une ouverture appelée ouverture triviale associée au critère T.

On reviendra à la notion d'ouverture triviale, comme point de départ pour définir d'autres ouvertures.

Autres ouvertures

Il y a dans la littérature beaucoup d'ouvertures qui ont été proposées. Après d'introduire la géodésie, nous rappellerons les ouvertures de type connexe qui sont très puissantes pour le filtrage morphologique. Dans tout ce qui suit, nous allons noter par γ_n (respectivement φ_n) une ouverture (une fermeture) algébrique de taille n.

A.4.2 Des résidus : les chapeaux haut de forme

La notion de chapeau haut de forme (ou *top-hat*), qui s'applique essentiellement aux fonctions, correspond à un résidu destiné à éliminer les variations lentes sur une image, en amplifiant les contrastes. Plus précisément,

Définition 34 (Chapeau haut de forme blanc) *On appelle chapeau haut de forme blanc le résidu entre l'identité (image initiale) et une ouverture γ_n,*

$$\rho_n^+(f) = f - \gamma_n(f). \tag{A.22}$$

Définition 35 (Chapeau haut de forme noir) *On définit le chapeau haut de forme noir ou chapeau haut de forme dual comme le résidu entre une fermeture φ_n et l'identité,*

$$\rho_n^-(f) = \varphi_n(f) - f. \tag{A.23}$$

Le chapeau haut de forme est idempotent et si l'image originale est positive, le chapeau haut de forme devient anti-extensif. Le chapeau haut de forme blanc permet d'extraire ce que l'ouverture à fait disparaître, c'est-à-dire les structures claires contrastées vis-à-vis de l'environnement (pics du signal). Le chapeau haut de forme noir détecte les structures sombres de l'image (vallées du signal).

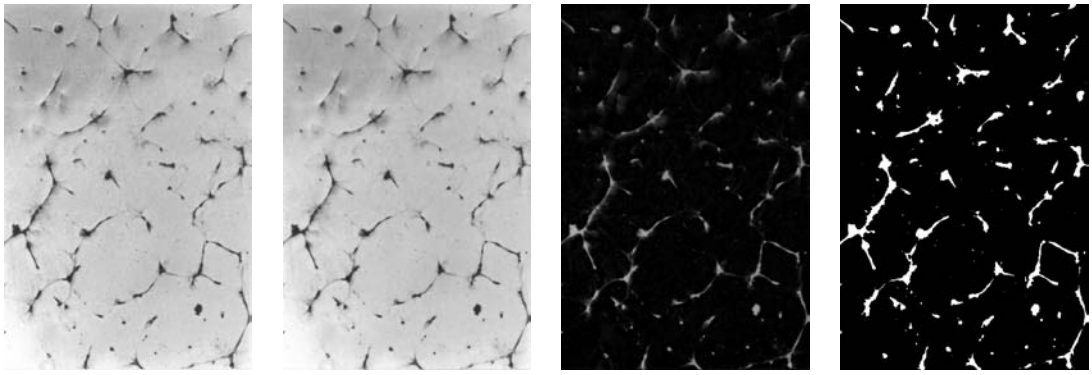
Exemple d'application

Depuis son introduction [172], le chapeau haut de forme est devenu l'un des opérateurs les plus populaires de la morphologie mathématique, et plus particulierement lorsqu'on travaille avec des images de la microscopie quantitative. En effet, le chapeau haut de forme permet d'extraire les objets sur un fond variable comme c'est le cas des images microscopiques où l'illumination n'est pas uniforme (effet de "shading"). La figure A.4.2 illustre un bon exemple.

Le seul paramètre est la taille de l'élément structurant de l'ouverture ou la fermeture. Celui-ci correspond à la taille de la structure la plus grande qu'on doit rehausser. Des nombreux travaux ont montré que le choix le plus pratique est de prendre un facteur de sûreté, par exemple, deux fois la taille de la structure la plus grande retrouvée expérimentalement. Le chapeau haut de forme blanc rehausse les pics mais n'élimine pas forcément le bruit sur les pics et surtout, la présence de vallées qui peuvent "déconnecter" les structures qui appartiennent au même pic. La solution passe par appliquer prealablement une fermeture et donc, prendre le résidu de l'opérateur $\varphi(f) - \gamma\varphi(f)$ (dans [227] il est proposé d'utiliser l'opérateur $f - \{\gamma\varphi(f) \wedge f\}$, qui est connu comme l'*extension du chapeau haut de forme*). Grâce au chapeau haut de forme, le seuillage pour obtenir un masque binaire des structures est relativement facile.

A.5 Filtres morphologiques

La notion de filtrage d'une image est normalement associée à l'action d'éliminer les caractéristiques indésirables et qui pourraient empêcher la visualisation ou l'analyse de l'image.



(a) (b) (c) (d)

FIG. A.7 – Exemple d'application du chapeau haut de forme sur une image de cellules endothéliales : (a) image originale f, (b) ouverture de taille 4 pour supprimer les petites particules claires sur les cellules, $\gamma_4(f)$, (c) résidu d'une fermeture de taille 20 pour extraire les tubes, $\rho^-_{20}(f) = \varphi_{20}\gamma_4(f) - \gamma_4(f)$, (d) image binaire après seuillage, $X = T_{[40,255]}(\rho^-_{20}(f))$. Pour l'ouverture et la fermeture l'élément structurant est un octogone.

Plus précisément, le but du filtrage est d'extraire le bruit introduit lors de l'acquisition, transmission, compression, etc., ou bien d'enlever les détails non-significatifs pour réduire la complexité, ou bien de rehausser les structures les plus importantes. Toutefois, le bruit ou les structures recherchées se traduisent sur les images par certains patrons, aléatoires ou structurés ; ce qui implique le besoin d'utiliser des filtres adaptés à ces patrons.

En traitement du signal classique, la notion de filtre est très générale et peut être associée soit à la réponse impulsionnelle d'un filtre numérique soit à une opération moins précise qui produit une modification de la fonction d'entrée. En morphologie mathématique, la définition est très précise et fait référence à deux propriétés très importantes commentées auparavant,

Définition 36 (Filtre morphologique) *Un filtre morphologique est une transformation ψ croissante et idempotente :*

$$\forall f, g \in \mathcal{F}, f \leq g \Rightarrow \psi(f) \leq \psi(g),$$
$$\forall f \in \mathcal{F}, \psi(f) = \psi(\psi(f)).$$

Par conséquent, l'ouverture et la fermeture sont deux filtres morphologiques (mais pas l'érosion et la dilatation puisqu'ils ne sont pas idempotents). D'une manière générale, à partir de fermetures et d'ouvertures, on peut construire des filtres morphologiques de deux façons différentes : par composition ou par combinaisons de sup et inf. La théorie du filtrage morphologique est très large et élaborée. Nous rappellerons ici les résultats les plus intéressants sans entrer dans l'étude des propriétés des filtres présentés.

A.5.1 Filtres alternés séquentiels

A partir de deux filtres ordonnés $\zeta \geq \psi$, on peut construire quelques filtres par composition,

Théorème 3 (Filtres Alternés - G. Matheron) *Soient ζ et ψ deux filtres tels que $\zeta \geq \psi$, on aura,*

- *Les transformations $\zeta\psi$,$\psi\zeta$,$\zeta\psi\zeta$,$\psi\zeta\psi$, croissantes et idempotentes sont des filtres morphologiques.*
- *$\psi \leq \psi\zeta\psi \leq \zeta\psi, \psi\zeta \leq \zeta\psi\zeta \leq \zeta$.*
- *$\zeta\psi\zeta$ est le plus petit filtre plus grand que $\zeta\psi \vee \psi\zeta$ et $\psi\zeta\psi$ est le plus grand filtre plus petit que $\zeta\psi \wedge \psi\zeta$.*
- *$\zeta\psi\zeta = \psi\zeta \Leftrightarrow \psi\zeta\psi = \zeta\psi \Leftrightarrow \psi\zeta \geq \zeta\psi$.*

Les deux primitives qu'on utilise le plus souvent pour composer sont une ouverture $\psi = \gamma$ et une fermeture $\zeta = \varphi$. La composition de plus de trois opérateurs ne donne pas un nouveau filtre. Pour créer de nouveaux filtres, on peut composer non plus deux filtres mais deux familles d'opérateurs. On arrive donc à la définition des Filtres Alternés Séquentiels (ou FAS),

Théorème 4 (Filtres Alternés Séquentiels - J. Serra) *Considérons les deux familles $\{\zeta_i, i \in I\}$ de sous-potentes et $\{\psi_i, i \in I\}$ de sur-potentes telles que :*

$$\left.\begin{array}{l} \{\psi_i\} \text{ décroît selon l'index } i, \\ \{\zeta_i\} \text{ croît selon l'index } i, \\ \psi_1 < \zeta_1, \end{array}\right\} \Leftrightarrow \cdots \psi_i < \cdots < \psi_2 < \psi_1 < \zeta_1 < \zeta_2 < \cdots \zeta_i < \cdots,$$

alors les produits de compositions suivants :

$$\begin{array}{l} N_i = \zeta_i\psi_i \cdots \zeta_2\psi_2\zeta_1\psi_1, \\ M_i = \psi_i\zeta_i \cdots \psi_2\zeta_2\psi_1, \zeta_1 \end{array} \tag{A.24}$$

sont des filtres morphologiques, dits alternés séquentiels.

En général, les familles des base, $\{\zeta_i\}$ et $\{\psi_i\}$, sont deux granulométries (ouvertures et fermetures). Même si les FAS ne sont pas autoduaux, leurs effets symétriques sur les pics et les vallées (structures sombres et claires) de l'image constituent une propriété très importante.

A.5.2 Centre et contraste morphologiques

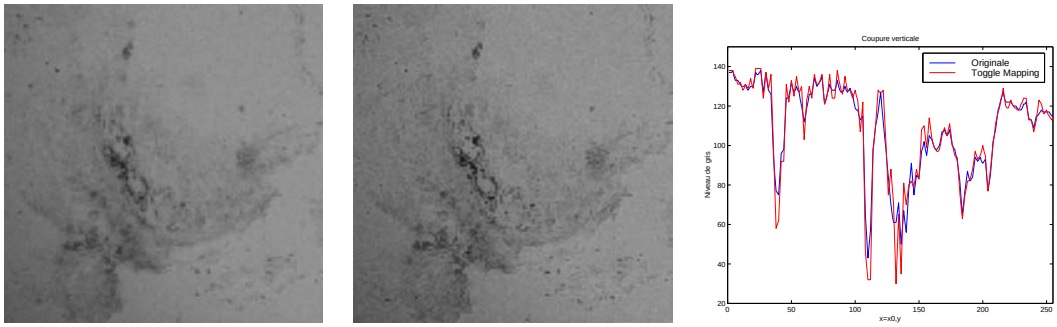
L'autre famille de filtres morphologiques qu'on peut construire est obtenue par combinaison des sorties de plusieurs opérateurs (traitement en parallèle).

Nous allons tout d'abord présenter une transformation qui permet la création de filtres autoduaux (des effets similaires au filtre médian).

Définition 37 (Centre Morphologique) *Etant donné une famille de transformations $\{\psi_i, i \in I\}$, le centre morphologique de la fonction $f \in \mathcal{F}(E, \mathcal{T})$ relative à cette famille se définit comme :*

$$\beta(f) = [f \vee (\wedge\{\psi_i\})] \wedge (\vee\{\psi_i\}),$$

c'est-à-dire que pour un point $x \in E$, si tous les $\{\psi_i(x)\}$ sont plus grands que $f(x)$, le centre est la plus petite des valeurs ; si tous les $\{\psi_i(x)\}$ sont plus petits que $f(x)$, le centre est la plus grande des valeurs ; sinon, le centre est la valeur originale $f(x)$.



(a) (b) (c)

FIG. A.8 – Exemple d'application du contraste morphologique pour rehausser les calcifications sur l'image d'une section de tissu de l'aorte : (a) image originale, f, (b) image contrastée, $\kappa(f)$, (c) coupure verticale sur les images (qui passe sur plusieurs calcifications). On peut constater que les pics négatifs associés aux calcifications ont été contrastés.

Si l'on se limite à deux transformations de la fonction initiale, ψ_1 et ψ_2, le centre prend pour chaque point la valeur qui est au milieu de $\psi_1(x)$, $\psi_2(x)$ et $f(x)$. On ne peut pas utiliser une ouverture et une fermeture comme transformations de base puisque dans ce cas-là, $\beta(f) = f$.

Le problème avec cette transformation est qu'en général, le centre n'est pas idempotent. Or, pour toute ouverture γ et toute fermeture φ duales, l'itération idempotente α du centre entre $\gamma\varphi\gamma$ et $\varphi\gamma\varphi$, i.e. $\alpha = \beta^n = [(f \vee \gamma\varphi\gamma) \wedge (\varphi\gamma\varphi)]^n$, est un filtre autodual et sa convergence est monotone.

L'autre transformation intéressante qu'on voudrait rappeler est une sorte d'anti-centre morphologique qui appartient à la famille de transformations dites *toggle mappings*. Cet opérateur est utilisé pour augmenter le contraste des structures d'une image,

Définition 38 (Contraste Morphologique) *Etant données une ouverture γ (ou une autre transformation anti-extensive), une fermeture φ (ou une autre transformation extensive) et la fonction originale $f \in \mathcal{F}(E, \mathcal{T})$, le résultat de l'opérateur de contraste pour chaque point $x \in E$, $\kappa(f)(x)$, est la valeur de la transformation la plus proche de $f(x)$, i.e.*

$$\kappa(f)(x) = \begin{cases} \gamma(f(x)) & if \quad (\varphi(f(x)) - f(x)) > (f(x) - \gamma(f(x))) \\ \varphi(f(x)) & if \quad (\varphi(f(x)) - f(x)) < (f(x) - \gamma(f(x))) \\ f(x) & if \quad (\varphi(f(x)) - f(x)) = (f(x) - \gamma(f(x))) \end{cases} \tag{A.25}$$

On pourrait travailler aussi avec une érosion et une dilatation, mais l'avantage d'utiliser une ouverture et une fermeture est que le contraste est idempotent (mais pas croissant).

Exemple d'application

La figure A.8 montre un exemple de l'intérêt de l'opérateur de contraste pour rehausser les objets d'une image microscopique légèrement hors du champ et donc il est difficile d'identifier les structures de petite taille. Après cette amélioration de l'image, le chapeau haut de forme noir permet l'extraction des structures rehaussées.

A.6 Notion de connexion

La notion de connexion a fait l'objet d'importants travaux théoriques récents. Notamment les contributions de Serra [241, 242, 243], Ronse [223, 224] et Braga-Neto et Goutsias [44, 45]. Nous allons suivre le raisonnement présenté par Serra dans [250] pour arriver au concept de connexion.

En mathématiques, la connexité est une notion ensembliste de nature topologique, qui s'exprime de deux façons. D'une manière générale, on dit qu'un ensemble est connexe quand on ne peut pas le partitionner en deux régions non vides. Toutefois, par sa généralité même, elle ne peux pas tirer avantage de la régularité de certains contextes, comme l'espace euclidien. C'est ici qu'apparaît la connexité par arcs, selon laquelle un ensemble A est connexe, lorsque pour toute paire de points $a, b \in A$, on peut trouver une application continue ψ de $[0,1]$ dans A telle que $\psi(0) = a$ et $\psi(1) = b$. Cette connexité est plus restrictive que la première ; cependant dans $\mathbf{R}^n$, les deux notions coïncident pour les ensembles ouverts. Dans le cas discret, les connexités digitales transposent la démarche euclidienne par arcs, en introduisant des arcs élémentaires entre points voisins (ce qui correspond au concept de voisinage à 4 ou 8 connexités de la trame carrée qu'on avait introduit au début de ce chapitre).

L'une et l'autre définition conduisant à la propriété suivante, qui est très riche de sens. Si l'on prend une famille d'ensembles connexes qui possèdent au moins un point en commun, alors leur réunion est elle aussi connexe :

$$\{A_i \text{ connexes}\} \text{ et } \{\cap A_i \neq \emptyset\} \Rightarrow \{\cup A_i \text{ connexe}\}. \tag{A.26}$$

Cependant, la définition de connexité topologique n'est guère pratique qu'en traitement des images binaires. En effet, les objets d'étude ne sont pas toujours des ensembles, mais surtout des fonctions numériques ou vectorielles. De plus, une bonne définition de la connexité devrait être plus opératoire et généralisable. Cette critique et d'autres sont à l'origine de la notion de connexion proposée par Serra [239], ch.2 :

Définition 39 (Connexion) *Soit E un espace arbitraire. On appelle classe connexe, ou connexion $\mathcal{C}$ toute famille dans $\mathcal{P}(E)$ telle que*
i) $\emptyset \in \mathcal{C}$ et quel que soit $x \in E$, $\{x\} \in \mathcal{C}$
ii) pour toute famille $\{C_i\}$ dans $\mathcal{C}$, $\cap C_i \neq \emptyset$ entraîne $\cup C_i \in \mathcal{C}$.

où $\{x\}$ désigne un singleton, i.e. un élément ponctuel de $\mathcal{P}(E)$. Un espace topologique donné induisait une connexité unique, alors qu'on trouvera en général une infinité de connexions dans $\mathcal{P}(E)$.

Etant donné un ensemble $A \in \mathcal{P}(E)$ et un point $x \in A$, l'axiome (ii) suggère de prêter une attention particulière à la réunion, elle-même connexe, de toutes les composantes connexes contenant x et incluses dans A :

$$\gamma_x(A) = \cup\{C; C \in \mathcal{C}, x \in C \subseteq A\}. \tag{A.27}$$

Le théorème de l'ouverture connexe ponctuelle, que nous citons maintenant, relie cette expression à des modes opératoires reposant sur des ouvertures, c'est-à-dire à des opérations γ sur $\mathcal{P}(E)$ qui sont croissantes, idempotentes et anti-extensives :

Théorème 5 (Ouverture connexe ponctuelle - J. Serra) *La donnée d'une connexion $\mathcal{C}$ sur $\mathcal{P}(E)$ est équivalente à une famille $\{\gamma_x, x \in E\}$ d'ouvertures de $\mathcal{P}(E)$ dans lui-même telle que*
iii) pour tout $x \in E$, on ait $\gamma(\{x\}) = \{x\}$
iv) pour tout $A \subseteq E$, $x, y \in E$, $\gamma_x(A)$ et $\gamma_y(A)$ sont égaux ou disjoints
v) pour tout $A \subseteq E$, et tout $x \in E$, si $x \notin A \Rightarrow \gamma_x(A) = \emptyset$

La proposition dit que si l'on pointe un point x dans un ensemble A, il existe une opération capable d'extraire la composante connexe de A en x (ou si $x \notin A$, l'ensemble), et que inversement si une opération de pointage vérifie les conditions du théorème, alors l'image de $\mathcal{P}(E)$ par les γ_x est une connexion.

Voici deux propriétés de base des connexions, qui éclairent leur intérêt dans une théorie de la segmentation (voir le chapitre 4).

Treillis des connexions : L'ensemble de toutes les connexions sur $\mathcal{P}(E)$ est stable pour l'intersection ; c'est même un treillis complet dans lequel le supremum de la famille $\{C_i, i \in I\}$ est la plus petite connexion contenant $\cup C_i$ [241].

Croissance Si $\mathcal{C}$ et $\mathcal{C}'$ sont deux connexions sur $\mathcal{P}(E)$, avec $\mathcal{C} \subseteq \mathcal{C}'$, alors toute $\mathcal{C}'$-composante de A est le supremum des $\mathcal{C}$-composantes de A qu'elle majore [239], ch.2.

Le concept de connexion qui a été présenté ici dans le cadre ensembliste, le plus simple, a été étendu aux treillis complets, ce qui inclut les fonctions et les partitions [241].

Comme nous l'avons vu, les habituelles connexités par arcs, digitales ou euclidiennes sont des connexions au sens de la définition de connexion présentée. En voici deux autres, simples et qui illustrent bien la théorie précédente.

Connexion par dilatation

Partons d'un espace $\mathcal{P}(E)$ muni déjà d'une connexion $\mathcal{C}$ et considérons une dilatation extensive $\delta : \mathcal{P}(E) \to \mathcal{P}(E)$ qui préserve $\mathcal{C}$, i.e. $\delta(\mathcal{C}) \subseteq \mathcal{C}$. L'image inverse $\mathcal{C}' = \delta^{-1}(\mathcal{C})$ de $\mathcal{C}$ par δ constitue alors une seconde connexion, plus riche que $\mathcal{C}$, i.e. $\mathcal{C}' \supseteq \mathcal{C}$. Les $\mathcal{C}$-composantes de $\delta(A)$, pour tout ensemble $A \in \mathcal{P}(E)$, sont exactement les images selon δ des $\mathcal{C}'$-composantes de A. Ainsi, si nous dénotons par γ_x l'ouverture connexe associée, et par ν_x celle associée à $\mathcal{C}'$, il vient

$$\nu_x(A) = \begin{cases} \gamma_x \delta(A) \cap A & \text{si } x \in A \\ \emptyset & \text{sinon} \end{cases}$$

Si, dans le plan euclidien ou digital, l'on prend par exemple pour $\mathcal{C}$ la connexion par arcs et pour δ la dilatation par un disque de rayon r, les ouvertures ν_x caractérisent les groupes d'objets dont l'infimum des distances des points est $\leq r$. A contrario, la même démarche permet aussi d'extraire les composantes connexes isolées dans un ensemble A, puisque pour elles, on a $\nu_x(A) = \gamma_x(A)$.

De la même manière, on peut définir une connexion par fermeture, à partir d'une fermeture $\varphi : \mathcal{P}(E) \to \mathcal{P}(E)$ qui préserve la connexion $\mathcal{C}$ et de nouveau, l'image inverse $\mathcal{C}'$ de $\mathcal{C}$ selon φ est à son tour une connexion sur $\mathcal{P}(E)$ plus riche que $\mathcal{C}$. Dans le chapitre 6 on trouve

un exemple d'usage de cette transformation pour étudier le groupement d'une population d'objets (agrégation cellulaire).

Connexion induite par une partition

Lorsqu'on regarde la définition de partition, on constate que cette notion entretient avec la notion de connexion des rapports assez étroits : toute connexion partitionne tous les ensembles A qu'on lui soumet, et entre autres si A est l'espace entier E, elle constitue une partition de E. En fait, on a même le résultat plus fort suivant [248] :

Proposition 4 (Partition maximale) *Les ouvertures $\{\gamma_x\}$ de la connexion $\mathcal{C}$ partitionnent tout ensemble $A \subseteq E$ en le plus petit nombre possible de composantes appartenant à la classe $\mathcal{C}$, et cette décomposition est croissante en ce que si $A \subseteq B$, alors toute composante connexe de A est incluse dans une composante connexe de B.*

Considérons une partition D fixée, et un point $x \in E$. L'opération qui, à tout $A \subseteq E$, fait correspondre

$$\gamma_x(A) = \begin{cases} D(x) \cap A & \text{si } x \in A \\ \emptyset & \text{sinon} \end{cases}$$

est manifestement une ouverture, et quand x varie les $\gamma_x(A)$ et $\gamma_y(A)$ sont identiques ou disjoints puisqu'ils correspondent à des classes de partitions. La classe

$$\mathcal{C} = \{\gamma_x(A), x \in E, A \in \mathcal{P}(E)\},$$

est alors une connexion. On notera que $\mathcal{C}$ brise les composantes connexes habituelles et regroupe les morceaux, quand ils sont dans une même classe $D(x)$. Si E est doté d'une connexion préalable $\mathcal{C}'$, comme la connexion par arcs usuelle, alors les éléments de $\mathcal{C} \wedge \mathcal{C}'$ sont les composantes connexes au sens de $\mathcal{C}'$ des intersections $A \cap D(x)$. Cette connexion est constamment impliquée dans les opérations de segmentation.

A.7 Géodésie et transformations par reconstruction

La notion de géodésie est d'une importance capitale en morphologie mathématique : actuellement, tous les opérateurs les plus évolués et les plus puissants sont fondés sur la géodésie. Le point d'entrée à la géodésie est la notion de distance géodésique, mais avant cela, on a besoin d'introduire ce qu'on entend par chemin :

Définition 40 (Chemin) *Un chemin C de longueur $l(C) = n$ et d'extrémités les points p et q (ou $C_{p,q}$) dans la trame V_G est un $(n+1)$-uplet $(p_0, p_1, \cdots, p_n)$ de pixels tels que :*

$$\begin{gathered} p_0 = p \ \ et \ \ p_n = q \\ \forall i \in [1, n], p_i \in N_G(p_{n-1}). \end{gathered} \tag{A.28}$$

Définition 41 (Distance géodésique) *Soit X un ensemble de $\mathbf{Z}^2$. La distance géodésique entre deux points p et q à l'intérieur de l'ensemble X ($p, q \in X$) est la longueur du plus court chemin $C_{p,q}$ entre p et q restant à l'intérieur de X, i.e.*

$$d_X^g(p, q) = \inf\{l(C_{p,q})\}. \tag{A.29}$$

On considère par définition que cette distance vaut $+\infty$ s'il n'existe aucun chemin entre p et q à l'intérieur de X.

La boule géodésique de rayon $n \in \mathbf{Z}^+$ et centre dans le point $p \in X$ est l'ensemble $B_X(p,n)$ définie par : $B_X(p,n) = \{p' \in X, d_X(p',p) \leq n\}$.

Intuitivement, on peut interpréter que lorsque n augmente, les boules progressent comme le front d'une onde émise depuis p dans l'environnement de X. Cette idée de front d'onde est à la base d'une méthode de description de formes binaires que nous avons présenté dans le chapitre 6.

Les transformations géodésiques binaires vont mettre en jeu deux ensembles $X, Y \in \mathcal{P}(E)$: l'ensemble Y est appelé *marqueur géodésique* et l'ensemble X *masque géodésique*. D'autre part, dans l'érosion et la dilatation géodésiques, on considère uniquement la partie de l'élément structurant à l'intérieur du masque.

Définition 42 (Dilatation géodésique binaire) *Soit $X \subset \mathbf{Z}^2$ un ensemble discret de $\mathbf{Z}^2$ et $Y \subseteq X$. La dilatation géodésique de taille $n \geq 0$ de Y dans X est l'ensemble de pixels de X dont la distance géodésique à Y est plus petite ou égale à n :*

$$\delta_X^n(Y) = \{p \in X : d_X(p,Y) \leq n\}.$$

Il est possible aussi d'exprimer la dilatation géodésique en terme de boules géodésiques :

$$\delta_X^n(Y) = \bigcup \{B_X(y,n), y \in Y\}. \tag{A.30}$$

Il faut remarquer que la distance géodésique entre deux pixels à l'intérieur d'un masque dépend du type de connexité utilisée. Evidemment, les dilatations géodésiques sont des transformations extensives, i.e. $Y \subseteq \delta_X^n(Y)$; mais, les dilatations géodésiques ne sont pas invariantes par translation.

Une autre manière de définir la dilatation géodésique consiste à considérer uniquement la partie de l'élément structurant à l'intérieur du masque dans l'itération d'une dilatation géodésique élémentaire :

$$\delta_X^n(Y) = \delta_X^1 \delta_X^1 \cdots \delta_X^1(Y)_{(n \ \ fois)}, \tag{A.31}$$

et la dilatation géodésique unitaire est définie par :

$$\delta_X^1(Y) = (Y \oplus B) \cap X. \tag{A.32}$$

Cette expression est seulement valable lorsque $Y \oplus B$ est une dilatation élémentaire, sinon on parlerait de dilatation conditionnelle de l'ensemble Y dans X [289].

Toute boule étant symétrique, les dualités par adjonction et pour le complément sont les mêmes. Ceci permet de définir l'érosion géodésique comme la transformation duale.

Définition 43 (Erosion géodésique binaire) *Soit $X \subset \mathbf{Z}^2$ un ensemble discret de $\mathbf{Z}^2$ et $Y \subseteq X$. L'érosion géodésique de taille n de Y dans l'ensemble de référence X est donné par :*

$$\varepsilon_X^n(Y) = X \setminus \delta_X^n(X \setminus Y) \tag{A.33}$$

où $\setminus$ désigne la différence suivante : $X \setminus Y = X \cap Y^C$.

La généralisation de la géodésie aux images numériques est directe à partir du principe de superposition de coupes [289].

Définition 44 (Dilatation géodésique numérique) *Soit $f \in \mathcal{F}(E,T)$ une fonction numérique sous le masque géodésique $g \in \mathcal{F}(E,T)$ $(g \geq f)$, la dilatation géodésique de taille n est définie par :*

$$\delta_g^n(f) = \delta_g^1 \delta_g^1 \cdots \delta_g^1(f)_{(n \ fois)}, \tag{A.34}$$

où la dilatation géodésique unitaire est donné par :

$$\delta_g^1(f) = \delta_B(f) \wedge g. \tag{A.35}$$

De nouveau, l'érosion géodésique est définie de manière duale.

L'application première de la dilatation géodésique est l'opération dite de reconstruction, qui permet d'extraire complètement des objets marqués sans modifier leur forme. Dans le cas numérique, l'image f marque les structures ou régions à reconstruire (à préserver).

Définition 45 (Reconstruction binaire) *La reconstruction de l'ensemble X à partir de $Y \subseteq X$ est obtenue par itération de la dilatation géodésique élémentaire de Y dans X jusqu'à l'idempotence :*

$$\delta_X^{rec}(Y) = \delta_X^{\infty}(Y) = \delta_X^n(Y), \ \ \delta_X^n(Y) = \delta_X^{n+1}(Y). \tag{A.36}$$

Définition 46 (Reconstruction numérique) *La reconstruction de la fonction g à partir de $f \leq g$ est obtenue par itération de la dilatation géodésique élémentaire de f dans g jusqu'à l'idempotence :*

$$\delta_g^{rec}(f) = \delta_g^{\infty}(f) = \delta_g^n(f), \ \ \delta_g^n(f) = \delta_g^{n+1}(f). \tag{A.37}$$

La reconstruction duale ε^{rec} est définie avec des érosions géodésiques jusqu'à l'idempotence.

A.7.1 Ouverture et fermeture par reconstruction

Les transformations par reconstruction sont définies par composition d'une transformation morphologique et de la reconstruction géodésique, soit par dilatation géodésique dans le cas d'une transformation anti-extensive, soit par érosion géodésique dans le cas d'une transformation extensive. Le grand avantage de ces transformations est son comportement vis-à-vis des composantes connexes dans des images binaires ou des zones plates des images numériques (traitement des extrema et préservation des contours). Nous allons donner ici une définition très générale de l'ouverture par reconstruction.

Définition 47 (Ouverture par reconstruction) *Soit γ_n une ouverture quelconque de taille n. L'ouverture par reconstruction qui lui est associée est définie par :*

$$\gamma_n^{rec}(f) = \delta_f^{rec}(\gamma_n(f)) = \delta_f^{rec}(\varepsilon_n(f)). \tag{A.38}$$

Définition 48 (Fermeture par reconstruction) *Soit φ_n une fermeture quelconque de taille n. La fermeture par reconstruction qui lui est associée est définie par :*

$$\varphi_n^{rec}(f) = \varepsilon_f^{rec}(\varphi_n(f)) = \varepsilon_f^{rec}(\delta_n(f)). \tag{A.39}$$

ε_n et δ_n sont l'érosion et la dilatation associées à γ_n et φ_n respectivement.

Dans le cas binaire $\gamma_n^{rec}(X) = \delta_X^{rec}(\gamma_n(X))$, le résultat est constitué des composantes connexes de X qui contiennent au moins un point de l'ensemble $\gamma_n(X)$. Interprétation duale pour la fermeture par reconstruction. Ceci est le principe du filtrage par érosion (ouverture)-reconstruction. Pour le cas numérique, en plus de l'érosion-reconstruction qui ne modifie pas les contours des structures qui ne sont pas éliminées, nous allons présenter quelques ouvertures par reconstruction sur des fonctions qui ont des interprétations différentes selon le critère utilisé.

D'une manière générale, on a :

$$\forall X \in \mathcal{P}(E), \forall n \geq 0, \gamma_n(X) \subseteq \gamma_n^{rec}(X) \subseteq X,$$
$$\forall f \in \mathcal{F}(E, \mathcal{T}), \forall n \geq 0, 0 \leq \gamma_n(f) \leq \gamma_n^{rec}(f) \leq f.$$

Les transformations par reconstruction sont donc des filtres connexes, dans le sens suivant : nous supposons ici $\mathcal{P}(E)$ muni de la connexion $\mathcal{C}$ fixée. Les deux familles de composantes connexes de l'ensemble A (les "grains") et de A^C (les "pores") partitionnent l'espace E. On dit d'une opération ψ sur $\mathcal{P}(E)$ qu'elle est connexe lorsque la partition associée à $\psi(A)$ est plus grossière que celle associée à A, i.e. quand toute classe de $\psi(A)$ est la réunion de classes de A [229]. Ainsi, prendre le complément d'un ensemble, supprimer certains de ses grains, ou encore combler certains pores, constituent autant d'opérateurs connexes. Ces idées sont généralisables aux fonctions numériques. D'autres travaux théoriques récents ont été menés pour établir les liens entre géodésie et connexions [224].

A.8 Nivellements

Les filtres connexes dérivent des ouvertures par reconstruction. Les nivellements ont été introduits par Meyer [181, 182, 186, 187], comme opérateurs connexes agissant sur les fonctions numériques digitales et définies sur $\mathbf{R}^2$ muni d'une connexité par arcs. La théorie a été développée aussi par Matheron [169], qui a proposé une généralisation à un espace arbitraire (sans une connexion *a priori*), et par Serra [242] qui les ré-interprète comme des operateurs binaires dans le cadre d'un espace E quelconque muni de la connexion $\mathcal{C}$ pour ensuite les étendre aux fonctions numériques.

Nous présentons dans cette section quelques résultats sur cette classe de filtres morphologiques qui devient de plus en plus importante dans les applications de segmentation [104][305] ; car les nivellements vont simplifier les images sans déformer ni déplacer les contours des objets.

A.8.1 Formulation en terme de voisinage

Pour cette formulation, nous avons suivi le raisonnement de [305]. Etant donnée une fonction numérique $f \in \mathcal{F}(E, \mathcal{T})$, nous noterons ici par f_s la valeur de la fonction f au point $s \in E$. Quelques définitions préalables sont nécessaires :

Définition 49 (Zone plate) *Deux points $x, y \in E$ appartiennent à la même zone plate d'une fonction f si et seulement s'il existe un chemin de points $(p_1, p_2, \cdots, p_n)$ tel que $p_1 = x$ et $p_n = y$ et, pour tout i, $(p_i, p_{i+1}) \in I$ sont voisins et $f_{p_i} = f_{p_{i+1}}$.*

Notons qu'il n'y a pas de restriction sur la taille minimale ni maximale des zones plates (elles peuvent être constituées d'un seul point). Notons aussi que l'ensemble des zones plates d'une image constitue une partition du support de cette image puisque tout point de l'image appartient à une et une seule zone plate. En opposition avec les zones plates nous définissons les zones de transition,

Définition 50 (Zone de transition) *Deux points voisins (p, q) forment une transition s'ils n'appartiennent pas à la même zone plate, i.e. $f_p > f_q$ ou $f_p < f_q$.*

Ceci nous permet de définir un opérateur connexe ψ associé à une certaine connexion de la manière suivante :

Définition 51 (Opérateur connexe) *Un opérateur connexe ψ transforme une fonction f en une fonction $g = \psi(f)$ de façon que $\forall(p, q)$ voisins on ait $f_p = f_q \Rightarrow g_p = g_q$*

C'est-à-dire qu'à toute zone plate dans f correspond forcément une zone plate dans g et par conséquent g a, au plus, le même nombre de zones plates que f ; et à toute transition dans g doit correspondre une transition dans f. Un opérateur connexe agit donc par fusion des zones plates de la fonction de départ. Nous pouvons introduire maintenant les nivellements :

Définition 52 (Sous-nivellement) *Une fonction g est un sous-nivellement d'une fonction f si et seulement si pour toute paire de points voisins p et q :*

$$g_p > g_q \Rightarrow g_q \geq f_q$$

Définition 53 (Sur-nivellement) *Une fonction g est un sur-nivellement d'une fonction f si et seulement si pour toute paire de points voisins p et q :*

$$g_p > g_q \Rightarrow g_p \leq f_p$$

Définition 54 (Nivellement) *Une fonction g est un nivellement d'une fonction f si et seulement si elle est un sous- et un sur-nivellement de f :*

$$g_p > g_q \Rightarrow f_p \geq g_p > g_q \geq f_q$$

Les nivellements agissent en imposant deux conditions supplémentaires à la condition de connexité : (1) la réduction de la dynamique de transitions à la sortie (c'est-à-dire que pour chacune des transitions de la fonction g, la transition correspondante sur f a une amplitude égale ou plus grande que celle de g) ; (2) le couplage du sens de variation des transitions (ainsi, une transition de haut en bas sur la fonction g correspondra forcément à une transition de haut en bas sur f, et vice versa).

Etant donnée une fonction f, dite fonction *référence*, et une fonction quelconque g qu'on appelle *marqueur*, il existe des algorithmes permettant de transformer la fonction marqueur g en un nivellement $g' = \lambda(f, g)$ de f. On obtient le sous- ou sur-nivellement de f à partir d'un marqueur g par itération jusqu'à idempotence des algorithmes suivants, où δ et ε sont respectivement la dilatation et l'érosion morphologiques unitaires :

1. Sous-nivellement, niv^{δ} : pour tout pixel p, si $g_p < f_p$, alors $g'_p = f_p \wedge (\delta g)_p$.

2. Sur-nivellement, niv^{ε} : pour tout pixel p, si $g_p > f_p$, alors $g'_p = f_p \vee (\varepsilon g)_p$.

En appliquant le sous-nivellement quand $g < f$ et le sur-nivellement quand $g > f$ on obtient un algorithme parallèle autodual des nivellements qui consiste à itérer jusqu'à idempotence la transformation élémentaire $g' = (f \wedge \delta g) \vee \varepsilon g$. Les nivellements peuvent être programmés de façon plus efficace, voir [104].

Le choix de la fonction marqueur g détermine le degré de simplification obtenu. Ainsi, des simplifications plus ou moins fortes peuvent être obtenues en choisissant des marqueurs plus ou moins "éloignés" de la fonction de référence f.

A.8.2 Nivellements ensemblistes et extension aux fonctions

Deux ensembles A et M de $\mathcal{P}(E)$ sont adjacents lorsqu'ils sont disjoints, et qu'on peut trouver une composante connexe dans A et une autre dans M dont la réunion est connexe. Quand deux ensembles sont soit sécants, soit adjacents, nous dirons qu'ils se touchent, ce qui se note $A \| M$ ("A touche M").

Considérons alors l'ouverture par reconstruction formée de tous les grains de A qui touchent un marqueur donné M

$$\gamma_M(A) = \cup\{\gamma_x(A), x \in E, \gamma_x(A) \| M\}. \tag{A.40}$$

La fermeture duale $\varphi_M(A)$ est le complément de la réunion des pores de A qui touchent M. Dans la suite, c'est la fermeture $\varphi_{M^C}(A)$ qui intervient, c'est-à-dire, la réunion de A et de ses pores ne touchant pas M^C. Il vient alors le théorème suivant [242] :

Théorème 6 (Nivellement ensembliste - J. Serra) *Etant donné un marqueur $M \subseteq E$, les deux opérations γ_M et φ_{M^C} commutent. Si l'on appelle nivellement leur produit λ_M, on a*

$$\lambda_M = \gamma_M \varphi_{M^C} = \varphi_{M^C} \gamma_M. \tag{A.41}$$

Plusieurs propriétés dérivent de ce résultat. Tout d'abord, le nivellement λ_M est un filtre morphologique (croissant et idempotent) sur $\mathcal{P}(E)$. De plus, sa robustesse assez exceptionnelle s'exprime par la relation

$$\begin{array}{c} A, B \subseteq E, \lambda_M(A) \cap A \subseteq \lambda_M(B) \subseteq \lambda_M(A) \cup A \\ \Rightarrow \lambda_M(A) = \lambda_M(B) \end{array}$$

Les petites variations ne perturbent pas le nivellement λ_M : on dit qu'il est un filtre fort.

Si maintenant on rend variable le paramètre M, et l'on considère la double application $(A, M) \to \lambda(A, M)$ de $\mathcal{P}(E) \times \mathcal{P}(E)$ dans $\mathcal{P}(E)$, alors le nivellement λ est une opération croissante et *auto-duale*, i.e. $\lambda(A^C, M^C) = [\lambda(A, M)]^C$.

Enfin, on peut fixer l'ensemble A étudié et laisser variable le marqueur M, notant cette fois λ_A l'application de $\mathcal{P}(E)$ dans lui-même qui en résulte. Il convient ici d'introduire l'ordre de l'activité pour les ensembles [169], noté $\preceq$ et associé à tout paramètre ensembliste A par les relations

$$M_1, M_2 \subseteq E, \quad \begin{array}{c} M_1 \cap A \subseteq M_2 \cap A \\ M_1 \cap A^C \subseteq M_2 \cap A^C \end{array} \quad \Leftrightarrow M_1 \preceq_A M_2$$

Vis-à-vis de l'activité des marqueurs M, les nivellements λ_A forment un *semi-groupe granulométrique*

$$M_1 \preceq_A M_2 \Rightarrow \lambda_{\lambda_A(M_1)}(M_2) = \lambda_{\lambda_A(M_2)}(M_1) = \lambda_A(M_2).$$

Ce dernier résultat est fort utile en pratique, car il permet de doser l'action des marqueurs : il signifie qu'on peut implémenter directement un marqueur très actif, ou, indifféremment, l'atteindre par une série d'étapes intermédiaires. On dispose d'une *pyramide* de transformations.

L'extension des nivellements aux fonctions numériques va de soi avec l'aide de la pile de seuils : algorithmiquement, en remplaçant les unions et intersections des formules binaires par des sup et des inf. Les nivellements numériques ainsi créés continuent de vérifier les trois propriétés fondamentales énoncées plus haut, à savoir la définition d'un nivellement comme le produit commutatif d'une ouverture et une fermeture par reconstruction, l'auto-dualité (si le marqueur est autodual, le nivellement est autodual) et la structure pyramidale de semi-groupe granulométrique.

Dans ce qui suit, nous allons noter par $\lambda(f, g)$ le nivellement de la fonction référence f par la fonction marqueur g.

Exemple d'application

Classiquement, les FAS sont très utiles pour réduire le bruit et conduire de manière progressive à une bonne estimation du signal sous-jacent. Une autre application du même principe est la décomposition pyramidale des structures d'une image. De plus, les FAS constituent de très bons marqueurs pour les nivellements. On peut voir dans la figure A.9 un nivellement progressif d'image texturée.

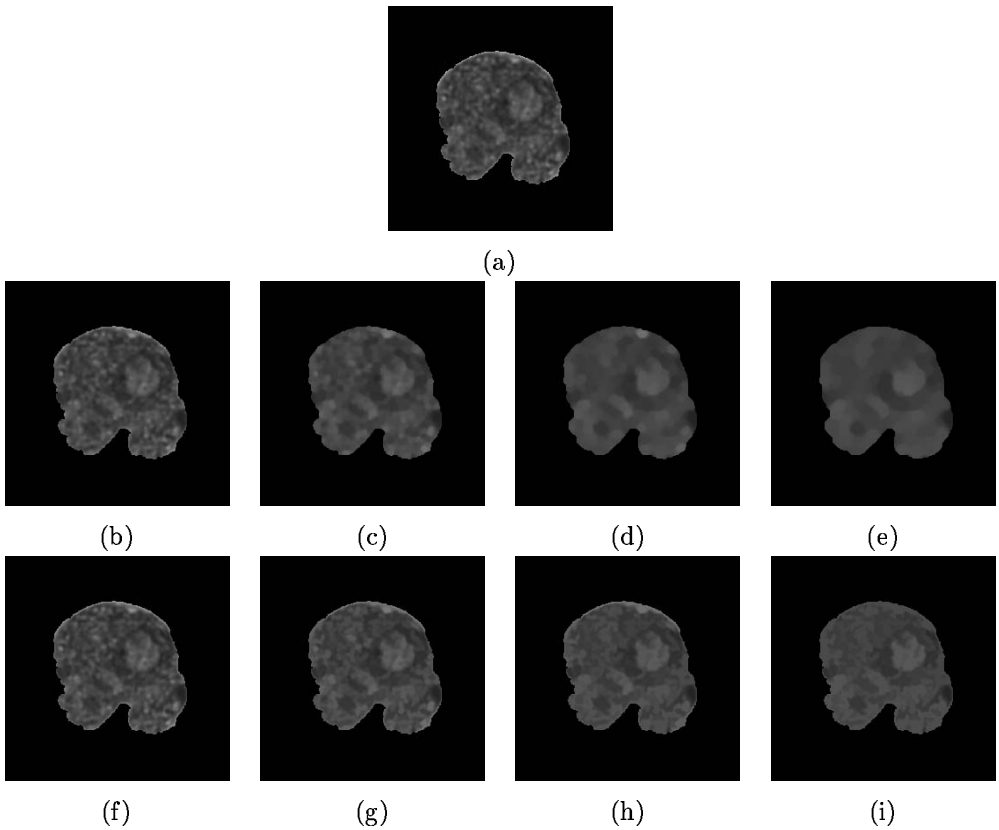


FIG. A.9 – Exemple d'application d'une pyramide de nivellements sur l'image d'un noyau de lymphocyte, ce qui permet la décomposition multi-échelle de la structure de la chromatine, en préservant les contours à chaque niveau. Les marqueurs utilisés sont une famille de filtres alternés séquentiels de taille n, commençant par une ouverture, $(FAS_n^{\varphi\gamma} = \varphi_n\gamma_n \cdots \varphi_2\gamma_2\varphi_1\gamma_1)$: (a) image originale f, (b) $FAS_3^{\varphi\gamma}(f)$, (c) $FAS_5^{\varphi\gamma}(f)$, (d) $FAS_7^{\varphi\gamma}(f)$, (e) $FAS_9^{\varphi\gamma}(f)$, (f) $\lambda(f, FAS_3^{\varphi\gamma}(f))$, échelle 3, (g) $\lambda(f, FAS_5^{\varphi\gamma}(f))$, échelle 5, (h) $\lambda(f, FAS_7^{\varphi\gamma}(f))$, échelle 7, (i) $\lambda(f, FAS_9^{\varphi\gamma}(f))$, échelle 9.

A.9 Autres transformations géodésiques intéressantes

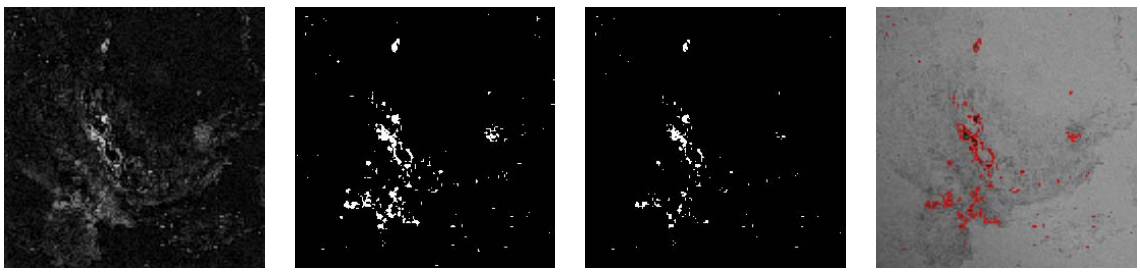
Dans cette section nous allons présenter quelques exemples de transformations morphologiques basées sur la reconstruction géodésique qui sont d'une utilité pratique très importante.

Seuillage par hystérésis

Une application simple et utile de la reconstruction géodésique est le seuillage par hystérésis. La transformation chapeau haut de forme finit dans la plupart des cas par un seuillage et le problème de toute méthode de seuillage est le choix du seuil ou de l'intervalle de seuillage $[u_1, u_2]$. Sauf pour des images très simples, dans l'image seuillée il y aura des faux positifs et des faux négatifs. Dans cette discussion on considérera que sur l'image à seuiller les structures d'intérêt sont positives sur un fond sombre. Si l'on prend par exemple un seuil élevé u_{high} (intervalle étroit), il y aura dans $X_{narrow} = T_{[u_{high},255]}$ très peu de faux positifs, mais beaucoup de faux négatifs, tandis qu'avec une valeur de seuil basse u_{low} (intervalle large), il y aura dans $X_{wide} = T_{[u_{low},255]}$ très peu de faux négatifs, mais beaucoup de faux positifs. On peut dire que l'ensemble X_{narrow} est associé à une partie des objets à extraire, tandis que X_{wide} est associé d'une part, à la partie la plus large des objets à extraire et d'autre part, aux structures artefacts. Le principe du seuillage par hystérésis ou double seuillage est de reconstruire X_{wide} avec X_{narrow} comme marqueur pour obtenir l'image binaire X :

$$X = T^{hyst}_{[u_{low}<>u_{high},255]} = \delta^{rec}_{X_{narrow}}(X_{wide}). \tag{A.42}$$

Le résultat du double seuillage est généralement meilleur que celui d'un simple seuillage ; de plus, le choix des seuils est aussi moins critique. La figure A.10 montre un exemple de double seuillage pour extraire les structures après un résidu chapeau haut de forme.



(a) (b) (c) (d)

FIG. A.10 – Exemple d'application du seuillage par hystérésis pour extraire les calcifications sur l'image chapeau haut de forme de l'image A.8(b) : (a) résidu d'une fermeture avec un octogone de taille 25, $\breve{f}$, (b) image binaire après seuillage base, $X_{40} = T_{[40,255]}(\breve{f})$, (c) image binaire après seuillage élevé, $X_{60} = T_{[60,255]}(\breve{f})$, (d) en rouge, superposition sur l'image initiale des contours de l'image binaire $X = T^{hyst}_{[40<>60,255]}$.

Bouchage des trous

L'algorithme de bouchage des trous d'une image $X \in \mathcal{P}(E)$ vise à utiliser la reconstruction géodésique en prenant comme marqueur les bords du champ de l'image X_δ. Plus précisément, on reconstruit le négatif de l'image initiale :

$$\psi^{ch}(X) = [\delta^{rec}_{X^C}(X_\delta)]^C. \tag{A.43}$$

On notera que les trous qui coupent les bords de l'image ne sont pas bouchés. On peut définir un opérateur dual ψ^{ch*}, qui revient à prendre le négatif de l'image initiale et puis, le négatif du résultat de l'opérateur ψ^{ch}, i.e $\psi^{ch*} = [\psi^{ch}(X^C)]^C$.

Cette méthode permet aussi de calculer très efficacement le nombre d'Euler-Poincaré d'une image binaire, i.e. le nombre de ses composantes connexes diminué du nombre de trous.

L'algorithme défini initialement pour les images binaires est aussi valide pour les images à niveaux de gris $f \in \mathcal{F}(T, E)$. La notion de "trou numérique" correspond à une zone de l'image entourée d'un niveau de gris plus élevé. Voir un exemple dans la figure A.11.

Elimination des grains touchant les bords

Un algorithme similaire nous permet de définir un opérateur d'élimination des grains touchant les bords d'une image binaire $X \in \mathcal{P}(E)$. L'idée est de prendre la différence ensembliste entre X et la reconstruction de X avec le bord du champ X_δ, i.e.

$$\psi^{kb}(X) = X \setminus \delta^{rec}_X(X_\delta). \tag{A.44}$$

De nouveau, cet algorithme est valable pour les fonctions numériques, figure A.11, avec une interprétation à niveaux de gris de la notion de particule touchant les bords.

A.10 Maxima et minima régionaux

Le graphe d'une fonction numérique $f \in \mathcal{F}$ peut être considéré comme un relief topographique. Les structures claires de l'image correspondent aux pics du relief et les structures sombres aux vallées. Les maxima régionaux de f sont les sommets de la surface topographique : ils marquent donc les structures claires de l'image. Les minima régionaux sont situés au fond des vallées et marquent les structures sombres de l'image. Soyons précis.

Définition 55 (Plateau) *Le plateau d'une fonction $f \in \mathcal{F}(E, \mathcal{T})$ au point $x \in E$ noté $Plt_x(f)$ est la plus large composante connexe de f contenant x et d'altitude constante égale à $f(x)$, i.e.*

$$Plt_x(f) = \gamma_x(\{y \in E, f(y) = f(x)\}).$$

Evidemment, les zones plates et les plateaux d'une fonction sont le même concept. On distingue trois types de plateaux : les maxima régionaux, les minima régionaux et les plateaux non-extrema.

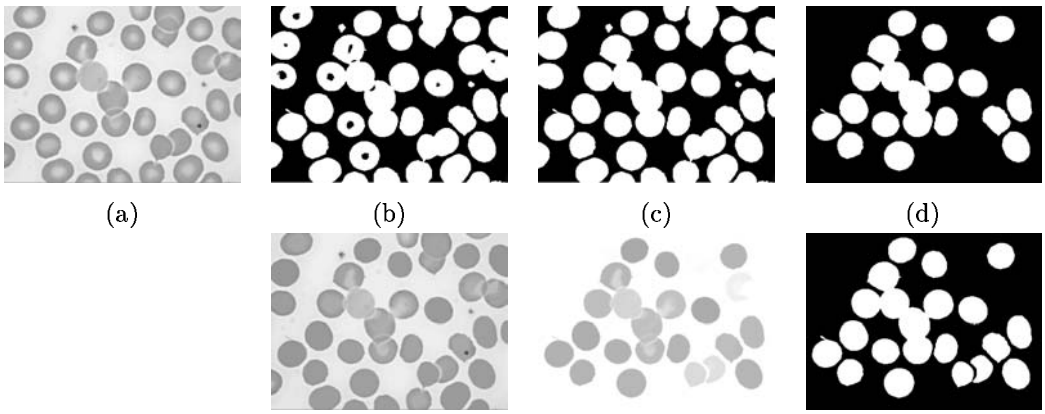


FIG. A.11 – Exemple d'application des opérateurs "Bouchage des trous" et "Elimination des grains touchant les bords" sur une image de l'hématologie cellulaire. Comparaison des effets sur une image binaire et sur l'image numérique de départ : (a) image initiale, f, (b) image binaire après seuillage, $X = T_{[0,214]}(f)$, (c) bouchage des trous binaire, $X_1 = \psi^{ch}(X)$, (d) élimination des grains des bords (avant, une ouverture par reconstruction permet d'éliminer les petites cellules), $X_2 = \psi^{kb}(X_1)$, (e) bouchage des trous dual à niveaux de gris, $f_1 = \psi^{ch*}(f)$, (f) élimination des grains des bords duale à niveaux de gris (avant, une fermeture par reconstruction permet d'éliminer les petites cellules), $f_2 = \psi^{kb}(f_1)$, (g) image binaire après seuillage, $X^* = T_{[0,214]}(f_2)$. Evidemment, dans ce cas-là le résultat est meilleur en travaillant en binaire mais ce n'est pas toujours vrai.

Définition 56 (Maxima et minima régionaux) *Un maximum (respectivement minimum) régional M d'une image f est un plateau sans voisin plus haut (respectivement sans voisin plus bas).*

Les notions de maximum et de minimum régionaux ne sont pas locales : dans le cas général, on ne peut pas décider si un pixel p appartient à un extremum simplement en examinant les pixels voisins de p. Il faut parcourir l'ensemble du plateau contenant p. Un algorithme très efficace pour le calcul des maxima et minima régionaux est fondé sur la reconstruction géodésique [34]. Dans tout ce qui suit, $\mathcal{M}ax(f) \in \mathcal{P}(E)$ (respectivement $\mathcal{M}in(f) \in \mathcal{P}(E)$) notera l'ensemble des maxima régionaux (respectivement minima régionaux) de la fonction f, i.e. l'union des composantes connexes associées. Pour extraire les maxima régionaux de f, il suffit d'effectuer une reconstruction par dilatation géodésique de $(f-1)$ sous f, de soustraire le résultat de f et de considérer les ensembles connexes de pixels strictement positifs :

$$\mathcal{M}ax(f) = X_1(f - \delta^{rec}(f, f-1)). \tag{A.45}$$

L'extraction des minima régionaux de f relève du procédé dual :

$$\mathcal{M}in(f) = X_1(\varepsilon^{rec}(f, f+1) - f). \tag{A.46}$$

Les extrema d'une image numérique sont très bien adaptés pour marquer les structures sombres et claires d'une image. Théoriquement, on pourrait penser que les plateaux non-extrema peuvent correspondre à des régions d'intérêt dans l'image qui échapperaient à l'analyse. Or la plupart des images réelles sont bruitées et ce problème ne se pose pas : chaque région d'intérêt est marquée par au moins un extremum régional. Par contre, le problème inverse apparaît : celui du sur-nombre d'extrema régionaux dans l'image. En effet, la notion d'extrema est très sensible au bruit. Une solution à ce problème consiste à filtrer l'image de sorte à éliminer les structures (et les extrema correspondants) non significatifs [278].

Une autre manière d'aborder le problème d'un trop grand nombre d'extrema est l'idée des $h-$extrema et qui consiste à reconstruire la fonction f par dilatation géodésique de la même fonction translatée $(f-h)$, voir Grimaud [101, 102]. Il s'agit donc d'une modification de la définition algorithmique des extrema :

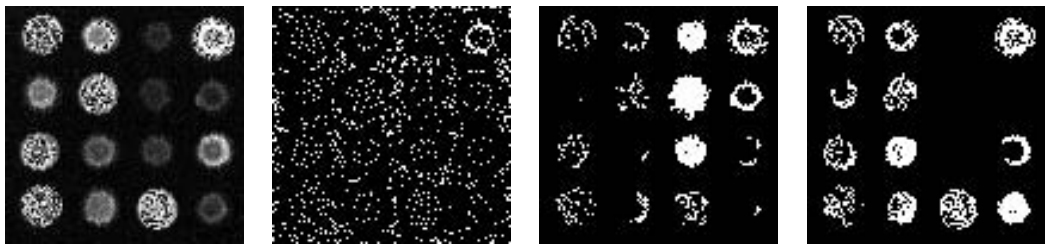
Définition 57 (h-maxima) *Les $h-$maxima d'une fonction numérique f sont les composantes connexes de l'ensemble $\mathcal{M}ax_h(f)$ défini par :*

$$\mathcal{M}ax_h(f) = X_1(f - \delta^{rec}(f, f-h)). \tag{A.47}$$

La définition duale est valable pour les $h-$minima. Plus h augmente plus les extrema extraits sont étendus et seuls les extrema à fort contraste persistent, voir l'exemple de la figure A.12. L'opération géodésique $\delta^{rec}(f, f-h)$ est appelée parfois une *$h-$reconstruction.*

A.11 Dynamique et ouverture de contraste

Le concept de dynamique a été introduit par Grimaud [101, 102] et permet de valuer les extrema d'une image numérique selon leur contraste, ou, plus exactement, selon le contraste des structures qu'ils marquent.



(a) (b) (c) (d)

FIG. A.12 – Maxima régionaux d'une fonction numérique : (a) image originale f, (b) $\mathcal{M}ax(f)$, (c) $\mathcal{M}ax_h(f)$ avec $h = 50$, (d) $\mathcal{M}ax_h(f)$ avec $h = 100$.

Soit M un maximum régional d'altitude h. La dynamique de M se définit en considérant l'ensemble des chemins $(p_0, p_1, \cdots, p_n)$ vérifiant : $p_0 \in M$ et $f(p_n) > f(p_0)$, c'est-à-dire les chemins liant M à un point de plus haute altitude. Parmi l'ensemble de tous les chemins satisfaisant cette condition, on choisit celui de plus faible dénivelée, c'est-à-dire tel que la quantité $\inf\{f(x), x \in (p_0, p_1, \cdots, p_n)\}$ soit maximale.

Définition 58 (Dynamique) *La dynamique d'un maximum régional M d'une image numérique f est la dénivellation minimale à franchir quand, partant de M on cherche à atteindre un point de plus haute altitude, i.e.*

$$dyn(M) = f(M) - \sup\{\inf\{f(x), x \in (p_0, p_1, \cdots, p_n), p_0 \in M, f(p_n) > f(p_0)\}\} \qquad (A.48)$$

La distribution en dynamique des extrema d'une image numérique est donc une caractérisation du contraste des structures ou régions présentes. La sélection des régions significatives en termes de contraste peut alors s'effectuer par un simple seuillage des valeurs de dynamique des extrema. On peut même définir une ouverture de contraste.

Définition 59 (Ouverture de contraste) *Soit f une fonction numérique et soit $\mathcal{M}ax(f, \lambda)$ l'ensemble des maxima présentant une dynamique plus grande que λ. On définit la fonction marqueur suivante :*

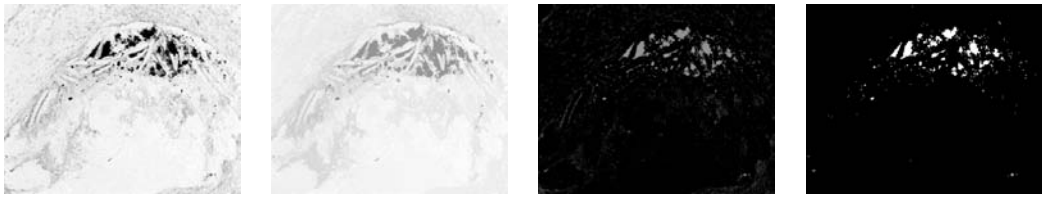
$$f'(x) = \begin{cases} f(x) & si\ x \in \mathcal{M}ax(f, \lambda) \\ 0 & sinon \end{cases}$$

Nous appelons filtrage en dynamique selon les maxima de niveau λ ou ouverture de contraste de paramètre $\lambda \geq 0$ la fonction $\gamma_\lambda^{dyn}(f)$ obtenue par :

$$\gamma_\lambda^{dyn}(f) = \delta^{rec}(f, f')$$

Evidemment, on peut définir comme toujours les transformations duales : dynamique d'un minimum et fermeture de contraste, φ_λ^{dyn}. Il existe une relation liant étroitement la dynamique et les $h-$extrema.

Théorème 7 (Dynamique et $h-$extrema - M. Grimaud) *Les maxima de dynamique supérieure ou égale à h sont les seuls points d'altitude égale à h dans la fonction $(f - \delta^{rec}(f, f - h))$.*



(a) (b) (c) (d)

FIG. A.13 – Exemple d'application de la dynamique pour extraire les structures les plus contrastées, indépendamment de leur taille ou forme : (a) image originale f, (b) fermeture de contraste de taille $\lambda = 150$, $\varphi_\lambda^{dyn}(f)$, (c) résidu (chapeau haut de forme dual) $\rho^- = \varphi_\lambda^{dyn}(f) - f$, (d) image binaire après seuillage, $X = T_{[100,255]}(\rho^-)$.

Ce théorème exprime que, pour extraire les maxima de f de dynamique supérieure ou égale à h, il suffit de calculer $(f - \delta^{rec}(f, f-h))$ puis de seuiller le résultat au niveau h :

$$\forall M \in \mathcal{M}ax(f),\ dyn(M) = \sup\{h \geq 0, M \cap X_h(f - \delta^{rec}(f, f-h) \neq \emptyset)\} \tag{A.49}$$

La dynamique peut donc être vue comme une mesure de la persistance des structures de l'image quand on applique des filtres de contraste de plus en plus sélectifs.

Exemple d'application

Une caractéristique importante de l'ouverture de contraste est de ne tenir compte d'aucun critère spatial des structures (forme, taille, etc.). Cette transformation sera utile lorsqu'on cherche à extraire des structures de taille et de forme très variables, voir l'exemple des structures calcifiées de la figure A.13.

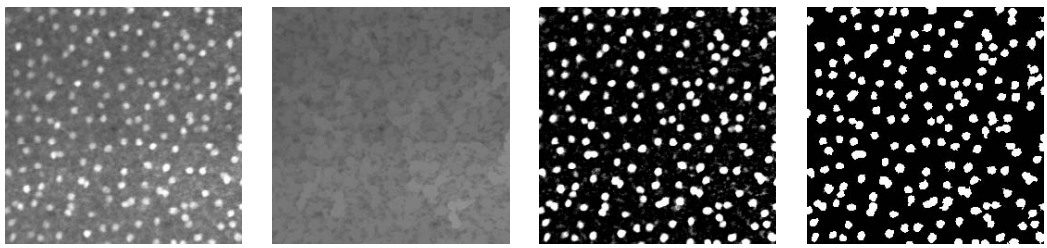
A.12 Surface et ouverture surfacique

On rappelle que l'ouverture connexe ponctuelle $\gamma_x(X)$ d'un ensemble $X \in \mathcal{P}(E)$ dans le point $x \in E$ est la composante connexe de X qui contient x si $x \in X$ et $\emptyset$ sinon. On peut définir aussi la notion de *surface ou aire de l'ensemble* X, $Surf(X)$, comme la mesure discrète de Lebesgue (i.e. le nombre de pixels appartenant à X). L'ouverture surfacique ou aréolaire binaire et numérique sont des opérateurs connexes qui ont été introduits par Vincent [288, 290].

Définition 60 (Ouverture surfacique binaire) *Soit $X \in \mathcal{P}(E)$ et le paramètre de taille $\lambda \geq 0$. L'ouverture surfacique de taille λ est donnée par*

$$\gamma_\lambda^a(X) = \{x \in X, \mathrm{Surf}(\gamma_x(X)) \geq \lambda\}. \tag{A.50}$$

L'ouverture surfacique binaire consiste donc à extraire d'une image binaire les composantes connexes de surface supérieure à une valeur donnée. C'est-à-dire que si $\{X_i\}_{i \in I}$ dénote les



(a) (b) (c) (d)

FIG. A.14 – Exemple d'application de l'ouverture surfacique pour extraire des structures de la même taille : (a) image originale f, (b) fermeture surfacique de taille $\lambda = 300$, $\varphi^a_\lambda(f)$, (c) résidu (chapeau haut de forme dual) $\rho^- = \varphi^a_\lambda(f) - f$, (d) image binaire après seuillage, $X = T_{[100,255]}(\rho^-)$.

composantes connexes de X, $\gamma^a_\lambda(X)$ est l'union des X_i's avec une surface plus grande ou égale à λ, i.e.

$$\gamma^a_\lambda(X) = \bigcup\{X_i, i \in I, \mathrm{Surf}(X_i) \geq \lambda\}.$$

On définit l'ouverture surfacique numérique en appliquant la transformation binaire à chaque composante connexe des seuils successifs de f.

Définition 61 (Ouverture surfacique numérique) *L'ouverture surfacique d'une image numérique f de taille λ est définie par :*

$$\gamma^a_\lambda(f)(x) = \sup\{h \leq f(x), \mathrm{Surf}(\gamma_x(X_h(f))) \geq \lambda\}. \tag{A.51}$$

La définition duale de la fermeture surfacique va de soi, i.e. $\varphi^a_\lambda(f) = -[\gamma^a_\lambda(-f)]$.

L'ouverture surfacique peut être vue comme une transformation avec un élément structurant plan qui adapte localement sa forme aux structures de l'image. Vincent [290] a aussi montré la relation liant cette ouverture par reconstruction aux ouvertures morphologiques classiques définies à partir d'éléments structurants fixes : une ouverture surfacique de taille λ est égale à un supremum des ouvertures morphologiques définies à partir d'éléments structurants connexes de surface supérieure ou égale à λ. Le calcul le plus efficace des ouvertures surfaciques est basé sur un processus de simulation de l'inondation de l'image [288, 290].

Exemple d'application

L'ouverture surfacique est un opérateur connexe avec tous les avantages que ceci implique (e.g. préservation des contours des objets) très intéressant pour extraire des structures de la même taille, indépendamment de leur forme ou contraste, voir l'exemple de la figure A.14.

A.13 Valeurs d'extinction

Les valeurs d'extinction ont été introduites par Vachier et Meyer [278, 279] comme une généralisation de la notion de dynamique de Grimaud.

Les valeurs d'extinction d'une fonction numérique f se définissent par rapport à une famille d'opérateurs connexes extensifs (respectivement antiextensifs) dépendant d'un paramètre positif λ. De tels opérateurs produisent des versions de la fonction f avec de moins en moins de minima (respectivement maxima) régionaux pour des valeurs de λ croissants. La valeur d'extinction d'un minimum (respectivement maximum) est alors la valeur maximale de λ pour laquelle le minimum (respectivement maximum) n'a pas encore disparu. Il s'agit donc d'une mesure de la persistance d'un maximum ou minimum vis-à-vis d'une certaine transformation.

Définition 62 (Valeur d'extinction d'un maximum régional) *Soit M un maximum régional d'une fonction numérique f, et $\Psi = (\psi_\lambda)_{\lambda \geq 0}$ une famille décroissante de transformations connexes anti-extensives. La valeur d'extinction de M par rapport à Ψ, notée $\mathcal{E}_\Psi(M)$ est la valeur maximale λ telle que M reste maximum régional de $\psi_\lambda(f)$:*

$$\mathcal{E}_\Psi(M) = \sup\{\lambda \geq 0, \forall \mu \leq \lambda, M \subset \mathcal{M}ax(\psi_\mu(f))\}$$

Définition 63 (Fonction d'extinction d'une famille numérique) *Soit f une fonction numérique et $\Psi = (\psi_\lambda)_{\lambda \geq 0}$ une famille décroissante de transformations connexes anti-extensives. La fonction d'extinction de f respectivement à Ψ, notée $\mathcal{F}^{\mathcal{E}}_\Psi(f)$ associe à chaque maximum régional de f sa valeur d'extinction par rapport à Ψ :*

$$\forall x \in E, \mathcal{F}^{\mathcal{E}}_\Psi(f)(x) = \begin{cases} \mathcal{E}_\Psi(M) & si\ \exists M \in \mathcal{M}ax(f), x \in M \\ -\infty & sinon \end{cases}$$

On définit de manière duale les valeurs d'extinction des minima régionaux d'une image numérique à partir d'une famille de transformations anti-extensives.

Les valeurs d'extinction produisent une hiérarchisation des extrema de l'image selon leur persistance face à l'opérateur $\Psi_\lambda(f)$. Le choix de la famille d'opérateurs $\Psi_\lambda(f)$ détermine ainsi cette hiérarchisation.

La définition algorithmique des fonctions d'extinction est basée sur la notion d'arbre de fusion des extrema, programmé à l'aide de files d'attente hiérarchiques.

Considérons les fonctions d'extinction associées à trois transformations morphologiques simples : dynamique, ouverture surfacique et arasement volumique, étudiés par Vachier et Meyer [278, 279].

A.13.1 Fonction d'extinction par dynamique

Nous avons vu qu'un lien étroit existe entre la dynamique et une famille de transformations morphologiques agissant selon un critère de contraste : les $h-$reconstructions. La famille pyramidale $(\delta^{rec}(f, f-h))_{h \geq 0}$ satisfait l'ensemble des conditions imposées pour définir une fonction d'extinction. La valeur d'extinction d'un maximum régional M d'une fonction f par rapport à la famille $(\delta^{rec}(f, f-h))_{h \geq 0}$, notée $\mathcal{E}^{dyn}(M)$, est alors définie par :

$$\forall M \in \mathcal{M}ax(f),\ \mathcal{E}^{dyn}(M) = \sup\{h \geq 0, \forall t \leq h, M \cap \mathcal{M}ax(\delta^{rec}(f, f-t)) \neq \emptyset\} \qquad \text{(A.52)}$$

Il est possible de montrer que la dynamique correspond, à une constante près, aux valeurs d'extinction associées à la famille $(\delta^{rec}(f, f-h))_{h \geq 0}$:

$$\forall M \in \mathcal{M}ax(f),\ \mathcal{E}^{dyn}(M) = dyn(M) - 1 \tag{A.53}$$

La dynamique apparaît donc comme une fonction d'extinction particulière associée à des filtres morphologiques de contraste. Elle correspond à une mesure de persistance des structures de l'image quand on applique des filtres morphologiques de contraste de plus en plus sévères.

A.13.2 Fonction d'extinction surfacique

On appelle valeurs d'extinction surfaciques les valeurs d'extinction associées aux ouvertures et aux fermetures surfaciques. Elles sont notées $\mathcal{E}^a$. Ces valeurs correspondent à la persistance des structures de l'image lorsqu'on applique des ouvertures ou des fermetures surfaciques de taille croissante :

$$\forall M \in \mathcal{M}ax(f),\ \mathcal{E}^a(M) = \sup\{\lambda \geq 0, M \cap \mathcal{M}ax(\gamma^a_\lambda(f)) \neq \emptyset\} \tag{A.54}$$

A.13.3 Arasement volumique et fonction d'extinction volumique

La transformation $\delta^{rec}(f, f-\lambda)$ élimine les dômes de l'image (i.e. les structures claires de l'image) de hauteur inférieure à λ; les autres sont arasés sur une hauteur *lambda*. La transformation γ^a_λ élimine les dômes de l'image de surface inférieure à λ; les autres sont arasés. Vachier et Meyer [278] ont proposé une nouvelle transformation agissant sur les dômes de l'image selon leur volume, c'est-à-dire conciliant les critères de taille et de hauteur. On définit l'arasement volumique comme une érosion associée à un élément structurant non plan de volume donné λ déformable capable d'adapter localement sa forme aux structures de l'image.

Définition 64 (Arasement volumique) *Soit f une fonction numérique. L'arasement volumique de taille $\lambda \geq 0$ de f, notée $a^v_\lambda(f)$ est défini par :*

$$a^v_\lambda(f)(x) = \sup\{s \leq f(x), Vol^s_x \geq \lambda\}, \tag{A.55}$$

où

$$Vol^s_x(f) = \sum_{y \in \gamma_x(X_s(f))} (f(y) - s).$$

$a^v_\lambda(f)$ élimine les dômes de l'image de volume strictement inférieur à λ; les autres sont arasés.

On définit de manière duale une transformation agissant sur les structures sombres de l'image f qu'on pourrait appeler *remblaiement volumique*, noté $r^v_\lambda(f)$,

$$r^v_\lambda(f)(x) = -a^v_\lambda(-f)(x) = \inf\{s \geq f(x), (s - f(y)) \geq \lambda\}. \tag{A.56}$$

La transformation a^v_λ n'est pas une érosion car elle ne commute pas avec l'inf, elle n'est pas non plus une ouverture puisqu'elle n'est pas idempotente. Parmi les propriétés qu'elle vérifie il faut citer notamment qu'elle est connexe, anti-extensive, croissante et décroissante vis-à-vis de λ. Avec ces propriétés on peut lui associer une fonction d'extinction qu'on appelle

(a) (b) (c)

FIG. A.15 – Exemple d'application des valeurs d'extinction par contraste pour identifier la région claire la plus contrastée : (a) image originale f (qui correspond à l'image (i) de la figure A.15), (b) valeurs d'extinction par contraste, $\mathcal{E}^{dyn}(f)$, c'est-à-dire les maxima avec leur dynamique associée, (c) filtrage par reconstruction en utilisant comme marqueur le maximum le plus contrasté.

fonction d'extinction volumique et qui associe à tout maximum M d'une image f une valeur d'extinction volumique définie par :

$$\forall M \in \mathcal{M}ax(f),\ \mathcal{E}^v(M) = \sup\{\lambda \geq 0, \forall \mu \leq \lambda, M \cap \mathcal{M}ax(a^v_\mu(f)) \neq \emptyset\} \tag{A.57}$$

Exemple d'application

La notion de fonction d'extinction constitue une très belle généralisation de la notion de dynamique des extrema pour la hiérarchisation des structures d'une image numérique (des extrema qui marquent les structures) selon les trois critères morphologiques les plus intuitifs : le contraste, la surface et le volume. Etant donné qu'il s'agit des opérateurs connexes ils agissent sur l'image en fusionnant leurs zones plates et en préservant les contours.

L'apport le plus significatif de ces transformations est leur capacité à systématiser et à automatiser la mise au point des algorithmes. En effet, les fonctions d'extinction peuvent être utilisées pour sélectionner les régions pertinentes d'une image et sont donc de grand intérêt dans les applications de filtrage et surtout de segmentation d'image (pour extraire les marqueurs des régions avant le calcul de la LPE). Par un simple seuillage de la fonction d'extinction, il est possible d'extraire des marqueurs des régions les plus significatives de l'image en termes de contraste, surface ou volume.

Dans la figure A.15 est montré un exemple de filtrage par contraste, en utilisant le maxima le plus contrasté pour identifier une certaine région. Nous utiliserons aussi les valeurs d'extinction pour l'extraction de marqueurs dans la segmentation morphologique dans de nombreux exemples de cette thèse.

A.14 Ouverture par attributs

La démarche qui consiste à extraire les composantes connexes d'un ensemble $X \in \mathcal{P}(E)$ à l'aide de l'ouverture connexe ponctuelle γ_x, $x \in E$ peut être combinée avec l'ouverture triviale

selon un critère croissant T, notée γ_T, pour extraire les composantes connexes d'un ensemble qui vérifient le critère T. Ceci constitue donc une généralisation des opérateurs connexes que nous avons vus précédemment. Nous présentons dans cette section le travail de Breen et Jones [46] pour définir les ouvertures par attribut.

Définition 65 (Ouverture par attribut) *Soient $X \in \mathcal{P}(E)$ un ensemble et T un critère croissant. L'ouverture par attribut γ^T de l'ensemble X est défini par :*

$$\gamma^T(X) = \bigcup_{x \in X} \gamma_T(\gamma_x(X)). \tag{A.58}$$

L'ouverture par attribut $\gamma^T(X)$ préserve seulement les composantes connexes de X qui vérifient le critère T et cette ouverture connexe est équivalente à l'application de l'ouverture triviale γ_T à toutes composantes connexes de X. Evidemment, et à la différence de l'ouverture connexe ponctuelle, l'ouverture par attribut est invariante par translation. Un exemple d'ouverture par attribut est l'ouverture surfacique où $T = Surf$.

Il y a d'autres critères géométriques croissants qui peuvent être utilisés pour définir des ouvertures : (1) la longueur de la diagonale du rectangle minimal qui entoure la région connexe, (2) le rayon, diamètre ou surface du plus grand cercle contenu dans la région connexe (au plus grand carré, etc. noter que celui-ci est le critère utilisé dans les ouvertures par reconstruction), (3) le rayon, diamètre ou surface du plus petit cercle qui contient la région connexe, (4) le périmètre ou la surface de l'enveloppe convexe de la région connexe, etc.

Il y a néanmoins beaucoup de critères très intéressants pour la sélection de particules qui ne sont pas croissants. Par exemple : (1) la distance géodésique maximale de la région connexe, (2) la longueur du squelette minimal, (3) les axes major et mineur de l'ellipse adaptée à la région connexe, (4) des paramètres de forme : circularité, convexité, excentricité, etc. Le problème d'un point de vue théorique est qu'une transformation selon un attribut décroissant n'est pas une ouverture. En fait, étant donné qu'elle vérifie les propriétés d'anti-extensivité et d'idempotence, cette transformation peut être considérée comme un amincissement. Si on définit comme amincissement trivial selon le critère T (croissant ou décroissant) d'un ensemble $X \in \mathcal{P}(E)$: $\vartheta_T(X) = X$ si X satisfait T ou $\vartheta_T(X) = \emptyset$ sinon ; nous pouvons définir l'amincissement par attribut :

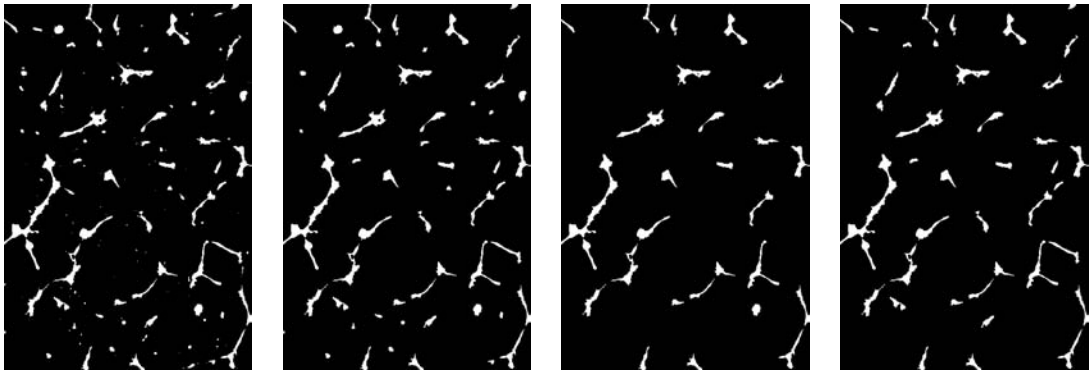
Définition 66 (Amincissement par attribut) *Soient $X \in \mathcal{P}(E)$ un ensemble et T un critère quelconque. L'amincissement par attribut ϑ^T de l'ensemble X est défini par :*

$$\vartheta^T(X) = \bigcup_{x \in X} \vartheta_T(\gamma_x(X)). \tag{A.59}$$

Breen et Jones [46] ont proposé aussi une généralisation des ouvertures/amincissements par attribut aux images numériques ainsi qu'un algorithme efficient pour leur mise en œuvre ; et tout ceci comme une généralisation de l'ouverture surfacique de Vincent [290].

Exemple d'application

L'intérêt des ouvertures par attribut est justement de fournir un cadre algorithmique général et efficace pour l'application d'un grand nombre de critères géométriques de filtrage



(a) (b) (c) (d)

FIG. A.16 – Exemple d'application des ouvertures connexes pour séparer dans le réseau des cellules endothéliales les amas cellulaires (structures circulaires) et les structures tubulaires (structures allongées) : (a) image originale X (voir figure A.4.2), (b) reconstruction par une ouverture circulaire de taille 5, $X_1 = \gamma_5^{rec}(X)$, qui élimine les particules les plus petites, (c) reconstruction par le supremum de quatre ouvertures linéaires de taille 20, $X_2 = \gamma_{20}^{0^o}(X_1) \vee \gamma_{20}^{45^o}(X_1) \vee \gamma_{20}^{90^o}(X_1) \vee \gamma_{20}^{315^o}(X_1)$, (d) application d'un critère décroissant d'élongation ($FF = P^2/4\pi A$, où P est le périmètre et A est l'aire), $X_3 = \vartheta^{FF>1.5} X_1$. On peut constater que l'usage de l'ouverture linéaire produit des erreurs dues au fait que des agrégats circulaires de grande taille peuvent contenir aussi des segments longs et d'autre part, qu'il n'y a que quatre directions utilisées et par conséquent des tubes dans d'autres directions peuvent ne pas être reconstruits. En revanche, la sélection des particules selon un critère d'élongation aboutit à une classification satisfaisante.

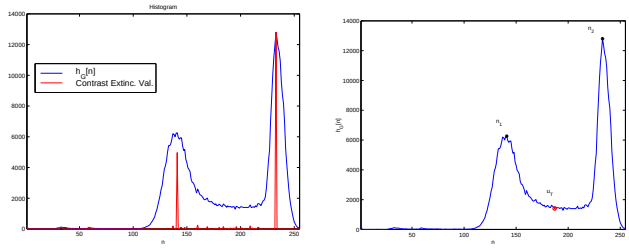
des structures d'une image. L'exemple binaire très simple de la figure A.16 montre l'usage d'un critère de forme décroissant pour le filtrage des composantes connexes.

A.15 Seuillage morphologique

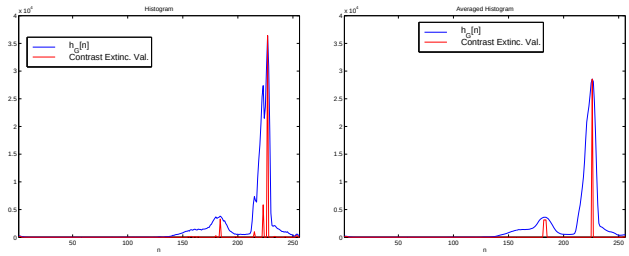
Une application directe et simple de la notion de dynamique des maxima est l'étude d'un cas unidimensionnel : l'histogramme d'une image. L'histogramme d'une image numérique f est un résumé de la distribution des niveaux de gris. On va le noter $h_f[n]$, où n est le niveau de gris ($t_{min} \leq n \leq t_{max}$). La plupart des méthodes de seuillage automatique sont fondées sur une classification des données de l'histogramme pour séparer les modes de celui-ci, voir [90] et [98]. C'est-à-dire que pour le cas d'un histogramme bi-modal, il faut trouver les valeurs centrales des modes n_1 et n_2, et ensuite définir la valeur optimale pour les séparer u_T. Loin d'être un problème complètement résolu, différentes méthodes continuent à être proposées [60].

Nous proposons une nouvelle technique de seuillage morphologique qui combine la sélection classique de la valeur de seuil par minimisation de la somme des variances des modes avec une définition par dynamique des valeurs centrales des modes qui accélère la convergence vers u_T. L'algorithme consiste en trois étapes (voir la figure A.17) :

Lissage de l'histogramme : Pour obtenir un histogramme lissé, $\hat{h}_f[n]$, nous utilisons une



(a)



(b)

FIG. A.17 – Histogrammes et seuillage optimal : (a) A gauche, histogramme et valeurs d'extinction par contraste des maxima ; à droite, les deux pics de plus forte dynamique (ou les deux maxima les plus représentatifs) n_1 et n_2, et valeur de seuil optimale u_T. (b) A gauche, histogramme et valeurs d'extinction par contraste des maxima ; à droite, histogramme lissé et nouvelles valeurs d'extinction.

moyenne glissante : la valeur de chaque n et moyennée avec ses voisines (typiquement la taille de la fenêtre est $N = 5$). Deux raisons principales justifient ce filtrage préalable (exemple de la figure A.17(b)). D'une part, après filtrage le nombre de maxima est réduit et le calcul de la fonction d'extinction sera donc plus rapide ; et d'autre part, l'application de la moyenne stabilise et rehausse les modes de l'histogramme pour éviter que dans des situations extrêmes, un mode secondaire puisse avoir un contraste significatif.

Maxima de l'histogramme : Nous devons calculer les valeurs d'extinction par contraste des maxima. Puis, nous pouvons sélectionner les deux pics de plus fort dynamique, c'est-à-dire les deux maxima les plus représentatifs (cette idée avait déjà été proposée par Soille [260]).

Critère de variance : En appliquant un test statistique, nous pouvons obtenir la meilleure partition de l'histogramme u_T par rapport au critère de variance suivant C,

$$C = \min_{u_T}\{\sum_{n=t_{min}}^{u_T}(n-n_1)^2\hat{h}_f[n] + \sum_{n=u_T}^{t_{max}}(n-n_2)^2\hat{h}_f[n]\}$$

Cette démarche est naturellement généralisable aux histogrammes avec plus de deux modes.

A.16 La Ligne de Partage des Eaux

Nous avons montré par de nombreux exemples la segmentation des objets sur des images relativement simples, grâce à des transformations telles que le chapeau haut de forme, le seuillage, etc. Lorsqu'on travaille sur des images plus complexes, ce type d'approches n'est plus valable.

En morphologie mathématique, la méthode la plus classique et puissante de segmentation est basée sur la transformation Ligne de Partage des Eaux (LPE), calculée sur l'image gradient à partir des marqueurs des régions à extraire. Dans cette section nous rappelons brièvement le principe de cet outil de segmentation.

La ligne de partage des eaux, comme son nom le laisse imaginer, trouve son origine dans une interprétation topographique de l'image. La LPE a été introduite et formalisée par Lantuejoul et Beucher [146, 33, 34, 35], avec des contributions très importantes de Meyer et Beucher sur la notion de marqueurs [177] ainsi que sur son implémentation par files d'attente hiérarchiques [178], puis des approches hiérarchiques multi-échelle à base de graphes [180, 183, 184]. L'algorithme original a été amélioré par Vincent et Soille [286].

A.16.1 Définition de la LPE

La notion de LPE est étroitement liée à celle de minimum régional et de bassin versant. Considérons le relief de la fonction numérique g sous la pluie. Soit M un minimum régional de g. Le bassin versant associé à M, noté $BV(M)$, est l'ensemble des points x tels qu'une goutte d'eau tombant en x rejoint finalement le fond de la vallée associée à M. La notion de BV permet d'associer à chaque minimum régional une portion de l'image : la vallée qui lui correspond. L'ensemble des bassins versants associés à chaque minimum régional définit une partition de l'image. Une autre manière d'interpréter la LPE. Imaginons que de l'eau jaillisse de chaque minimum régional et que la surface soit inondée à partir de ces sources. Progressivement, le niveau de l'eau s'élève. Pour empêcher le mélange des eaux venant de minima différents, on crée un barrage élémentaire en chaque point de contact. A la fin, ne restent que les digues achevées, entourées de l'eau : c'est la LPE. Dans ce qui suit, on notera par $LPE(g)$ la LPE de la fonction g.

Il faut noter que le résultat de la LPE est un ensemble de zones disjointes, partitionnant l'espace de définition de l'image. C'est-à-dire que la LPE fournit une *partition*.

La LPE est généralement calculée non pas sur l'image originale mais sur son gradient. De cette manière, la LPE correspond aux points crête du gradient autour des minima, c'est-à-dire aux lieux de forte transition d'intensité de la fonction initiale. Evidemment, les zones de forte transition sont associées aux frontières ou contours des régions homogènes de l'image.

Par définition, le nombre de régions est égal au nombre de minima régionaux de l'image gradient, et ceci correspond au nombre de plateaux de l'image originale. Etant donné que pour les images réelles il y a un grand nombre de minima présents sur son gradient, l'effet est une sur-segmentation. Pour prévenir ce problème, l'idée consiste à calculer la LPE à partir d'un nombre moins important de minima, associés aux régions les plus importantes. En pratique, on entend par marqueurs la fonction $mrk(x)$, où $mrk(x) = 0$ si x appartient aux marqueurs et

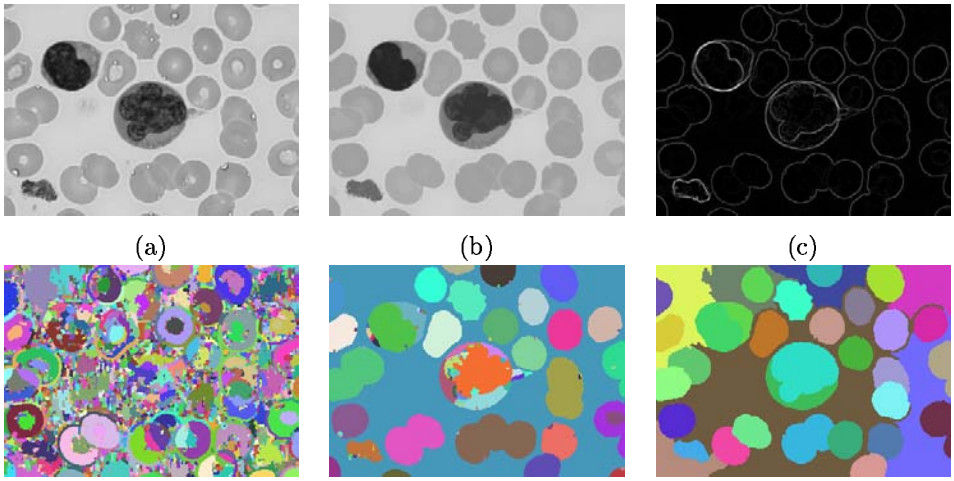


FIG. A.18 – Segmentation d'une image de sang par LPE : (a) image originale f, (b) image simplifiée avec un nivellement, $f' = \lambda(f, FAS_{20}^{\varphi\gamma}(f))$, (c) gradient morphologique, $g = \delta_B(f') - \varepsilon_B(f')$, (d) LPE obtenue directement à partir du gradient (les marqueurs sont tous les minima), $LPE(g)$, (e) LPE en prenant comme marqueurs les minima avec un contraste plus grand que 15, $LPE(g, mrq_1)$, (d) LPE en choisissant comme marqueurs les minima avec une surface plus grande que 2000, $LPE(g, mrq_2)$.

$mrk(x) = \infty$ sinon, c'est-à-dire un ensemble de composantes connexes (les minima de mrk), permettant de localiser les régions qui doivent être segmentées. Une manière de contrôler le résultat de la segmentation est de modifier les minima de l'image sur laquelle on calcule la LPE, c'est-à-dire d'imposer les minima de mrk comme seuls minima de l'image g. Pour mener à bien le "marquage", l'algorithme connu comme modification homotopique est fondé sur une reconstruction géodésique :

$$g' = \varepsilon^{rec}((g \wedge mrk), mrk).$$

On peut calculer alors la LPE sur la nouvelle fonction g' dans laquelle il y aura un bassin versant associé à chaque marqueur-minimum. Le nombre de régions obtenu est exactement égal au nombre de marqueurs. La modification de l'homotopie du gradient pour imposer les marqueurs peut être intégrée dans l'algorithme de calcul de la LPE. En effet, la définition algorithmique utilisée en pratique permet une inondation du relief en utilisant comme sources des marqueurs quelconques. On peut noter cette transformation par $LPE(g, mrk)$.

A.16.2 Simplification de l'image par nivellement

Une méthode pour faciliter le choix des marqueurs et le calcul de la LPE consiste à simplifier l'image initiale, avant de calculer le gradient. Ainsi, on doit éliminer les contours superflus pour éviter que leur lignes de crête dans l'image gradient faussent la segmentation, en renforçant les contours des régions d'intérêt. La solution la plus intéressante est le filtrage de l'image initiale avec un filtre de type connexe. Etant donné, de plus, qu'on cherche à agir

sur les structures claires et sombres en même temps, la famille d'opérateurs la plus adaptée est les nivellements.

La figure A.18 montre un exemple de segmentation d'une image de l'hématologie cellulaire avec la LPE. L'image initiale (a) a été simplifiée par nivellement pour obtenir l'image (b), à partir de laquelle on a obtenu le gradient morphologique, puis l'on a appliqué la transformation LPE. On constate très clairement que malgré la simplification, l'image a été sur-segmentée.

La simplification des images par nivellement, comme étape préalable pour la segmentation, est devenue un atout indispensable dans la mise en œuvre des applications morphologiques [104, 305].

A.16.3 Extraction de marqueurs à l'aide des fonctions d'extinction

Le choix "automatique" des marqueurs pertinents pour la LPE est sans doute l'étape la plus difficile dans la chaîne de segmentation. On dispose généralement d'informations permettant de caractériser les régions d'intérêt : leur contraste, taille, forme, couleur, etc. Extraire des marqueurs pour les régions consiste donc à appliquer l'ensemble de ces informations.

Les marqueurs sont des minima, par conséquent, le calcul des fonctions d'extinction des minima permet de sélectionner les minima les plus significatifs selon un critère morphologique donné, par simple seuillage des valeurs d'extinction. Voici donc que les valeurs d'extinction constituent l'approche idéale pour la segmentation morphologique des fonctions numériques. Toutefois, il faut tenir compte d'un certain nombre de questions en ce qui concerne l'application des fonctions d'extinction sur une fonction de type gradient (pour une étude détaillée, nous invitons le lecteur à consulter les thèses de Grimaud [101] et de Vachier [278]).

La dynamique est très fragile lorsqu'elle est calculée sur une image gradient : des variations locales d'intensité, au niveau des lignes de crête du gradient, peuvent modifier radicalement les valeurs de dynamique. Voir le résultat pour l'exemple de la figure A.18(e).

Les valeurs d'extinction surfaciques calculées sur l'image gradient sont également une mesure de la surface des régions de l'image : contrairement à la dynamique, dans le cas des valeurs d'extinction surfaciques, il n'y a pas de différence d'interprétation entre la mesure calculée sur l'image originale et celle calculée sur l'image gradient, même si ces mesures peuvent être différentes. Pour l'exemple en cours, le résultat des cellules est plus intéressant, même s'il n'est pas parfait : les minima associés aux morceaux des cellules ont été propagés pour segmenter le fond en plusieurs régions. Toutefois, nous avons développé un algorithme spécifique pour la segmentation des images des cellules du sang, fondamentale pour l'étude de ces entités cellulaires, voir chapitre 7.

Les fonctions d'extinction volumique sont aussi très utiles pour la segmentation. D'autres exemples sont donnés dans le chapitre 4.

A.17 Applications de la fonction distance avec la LPE

Nous avons déjà parlé de la fonction distance et de l'intérêt de celle-ci pour passer des ensembles aux fonctions numériques. Dans cette section nous décrivons deux applications classiques de la LPE sur la fonction distance pour la séparation et l'interpolation de certaines

structures binaires. Avant d'entrer dans la description des applications de la fonction distance, disons quelques mots de son calcul.

Lorsqu'on travaille en maille carrée, nous pouvons utiliser la 4-connexité ou la 8-connexité. Cependant, ces deux distances canoniques de la trame carrée induisent une anisotropie très importante dans les algorithmes à base de fonction distance (l'idéal serait d'avoir une fonction distance euclidienne). On obtient néanmoins facilement une distance plus proche de la distance euclidienne grâce à la propriété d'associativité de la dilatation. En alternant dilatation par la boule unité de la 4-connexité et celle de la 8-connexité, on obtient une dilatation par une boule octogonale de taille croissante. Précisons un peu l'importance du choix de la distance discrète [163]. Soit B_4 (respectivement B_8) la boule unité de la 4-connexité (respectivement 8-connexité) et soit la distance correspondante donnée par

$$d_{connex}(x,y) = \min\{n, y \in \{x\} \oplus nB_{connex}\},$$

$connex = 4$ ou 8. Si $d(x,y)$ désigne la distance euclidienne entre les points x et y, on a les inégalités suivantes :

$$d(x,y) \leq d_4(x,y) \leq \sqrt{2}d(x,y),$$
$$d_8(x,y) \leq d(x,y) \leq \sqrt{2}d_8(x,y).$$

La distance octogonale est définie par :

$$d_{oct}(x,y) = \min\{n, y \in \{x\} \oplus \lceil n/2 \rceil B_8 \oplus \lfloor n/2 \rfloor B_4\}.$$

Cette fois on a l'inégalité suivante :

$$d_{oct}(x,y) \leq d(x,y) \leq \sqrt{5}/2 d_{oct}(x,y).$$

La mise en œuvre de la distance octogonale peut être faite de façon efficace sur la base d'un algorithme type FIFO [285, 287].

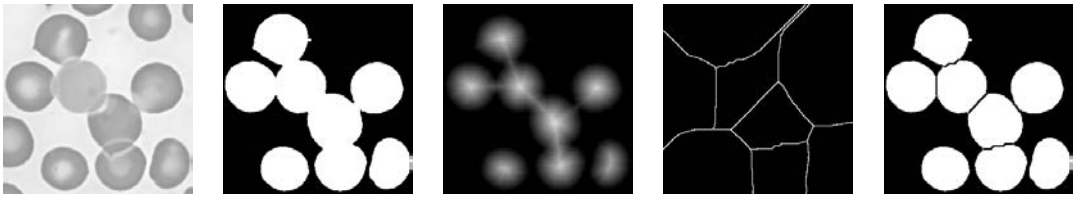
Dans le chapitre 6 nous avons aussi utilisé la fonction distance octogonale pour étudier la forme des structures ramifiées à l'aide de la notion de front d'onde morphologique.

Décrivons les deux applications de la fonction distance avec la LPE.

A.17.1 Séparation de grains superposés

Le premier exemple est celui de la segmentation d'objets relativement convexes et plus ou moins imbriqués [34], voir les globules rouges de la figure A.19. Ce type de superposition de structures se rencontre assez souvent en analyse d'image microscopique. Face à ce genre de situations il faut tenter de séparer les objets (pour ensuite, les compter ou calculer leur taille). La méthode classique est basée sur la LPE de la fonction distance de l'ensemble à segmenter (l'image à niveaux de gris ne fournit pas d'information additionnelle). Quant aux marqueurs des particules, ce sont les maxima de la fonction distance. En fait, il faut l'appliquer sur le négatif de la fonction distance de manière que les centres des objets correspondent aux minima (inondation classique).

Evidemment, la nature des marqueurs et de l'isotropie de la fonction distance conditionnent la qualité du résultat obtenu. Souvent, il faut filtrer légèrement la fonction distance



(a) (b) (c) (d) (e)

FIG. A.19 – Exemple d'application de la fonction distance pour la séparation de globules rouges superposés : (a) image originale f, (b) masque binaire des cellules pertinentes, $X = \psi(f)$, (c) fonction distance de l'ensemble X, $g(x) = dist_X(x)$, (d) LPE obtenue à partir du négatif de g, $Y = LPE(g^C)$, (e) individualisation des cellules, $X_1 = X \setminus Y$.

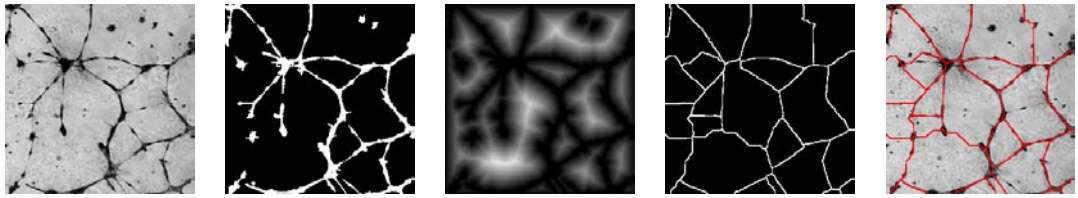
avant de calculer la LPE pour éviter que des maxima non significatifs (qui ne correspondent pas au centre d'une particule) puissent sur-segmenter. Pour l'exemple de la figure A.19 nous avons appliqué une ouverture par reconstruction. Cette segmentation est adéquate si les particules sont suffisamment circulaires et pas trop imbriquées. Si ce n'est pas les cas, d'autres marqueurs peuvent être utilisés, telles les bissectrices conditionnelles [173] ou bien un seuillage de la fonction d'extinction du squelette [268].

A.17.2 Interpolation d'un réseau tubulaire

On observe sur l'image (a) de la figure A.20 une population de cellules endothéliales qui ont la tendance plus ou moins marquée à s'organiser en structures polygonales qui aboutissent sur un réseau. Cette organisation géométrique dans un réseau qui divise l'espace (partition de l'espace) est très intéressante pour connaître les phénomènes biologiques/physiques impliqués dans le processus d'angiogenèse [171]. Par exemple, on pourrait être intéressé par l'état de formation du réseau, ou par le nombre et la surface moyenne des polygones, etc. Par conséquent, il est très important de pouvoir prévoir quelle aurait été l'évolution naturelle des structures cellulaires dans le cas où le réseau aurait continué à se former et aussi quel est l'état actuel (après fixation de la culture cellulaire) par rapport à celui-là. Du point de vue de la morphologie mathématique, on pourrait considérer cela comme une interpolation des structures.

La fonction distance combinée avec la LPE peut être utilisée pour arriver à interpoler les structures de ce type. Ce deuxième cas peut être considéré comme le problème dual de celui de la séparation des objets imbriqués. Cette approche a été appliquée d'une façon satisfaisante pour l'extraction des structures 3D dans la mousse de polyuréthane [56] ou pour l'interpolation des vaisseaux dans l'arbre vasculaire de la rétine [304].

Après extraction, les structures sont à niveau positif et le fond est à niveau zéro ; si on prend le négatif, les structures sont à zéro et le fond est positif. On peut maintenant obtenir la fonction distance. Les maxima (pics positifs) de la fonction distance sont les centres des polygones (les régions entre les tubes) et les minima sont associés aux structures tubulaires. Il faut de nouveau filtrer la fonction distance pour éviter une sur-segmentation ultérieure. Cette fois-ci, le filtrage utilisé est une $h-$reconstruction : de la valeur de h dépendront les



(a) (b) (c) (d) (e)

FIG. A.20 – Exemple d'application de la fonction distance pour l'interpolation du réseau de cellules endothéliales : (a) image originale f, (b) masque binaire des cellules pertinentes, $X = \psi(f)$, (c) fonction distance du négatif de l'ensemble X, $g(x) = dist_{X^C}(x)$, (d) LPE obtenue à partir du négatif de g, $Y = LPE(g^C)$, (e) superposition du réseau obtenu sur l'image originale.

maxima de la fonction distance, et ces maxima sont très importants comme marqueurs pour la LPE qui interpole les structures. On voudrait un maximum/marqueur pour chaque polygone. Nous avons trouvé qu'avec $h = 5$ les résultats sont satisfaisants. La LPE du négatif de la fonction distance filtrée fournit un moyen de décider si un début d'arête de la structure doit être prolongé pour se fusionner avec un autre voisin : si cette arête crée un minimum de la distance, c'est-à-dire si elle a tendance à se rapprocher d'autres arêtes, et si la zone d'influence de ce minimum se limite au niveau de l'arête, alors l'arête sera prolongée. Avec cette méthode, on trouve principalement deux types d'erreurs. D'une part, des segments qui ne sont pas bien repérés (faux négatifs), ou bien parce qu'ils sont très faiblement contrastés et qu'on n'a pas réussi à les extraire ; ou bien parce que le filtrage par reconstruction de la fonction distance a supprimé leur contribution. Dans les deux cas, les problèmes sont très difficiles à résoudre sans introduire des faux positifs. D'autre part, on trouve des segments tracés de douteuse correspondance avec l'évolution prévisible du réseau en reliant des cellules plus ou moins isolées (faux positifs). Ceci est donné par l'algorithme de la LPE qui cherche à définir les contours (lignes de crête) qui séparent au mieux les minima, même si parfois sont des erreurs. De nouveau, ceci est difficile à résoudre sans introduire de faux négatifs avec un filtrage plus fort. Comme conclusion, on peut dire qu'il faut toujours trouver un équilibre entre les deux types d'erreurs.

A.18 Conclusions

Dans ce chapitre d'annexe nous avons décrit les fondements de la morphologie mathématique. Notre démarche visait à résumer les résultats les plus pratiques sans entrer dans le fondements théoriques qui les ont motivés. Toutefois, le lecteur intéressé pourra consulter les références citées pour les approfondir. Nous avons illustré les définitions des opérateurs classiques avec un certain nombre d'exemples de la microscopie biomédicale. Venons-en à quelques remarques finales de caractère général.

L'usage et l'apprentissage de la morphologie mathématique est relativement simple grâce à la conception hiérarchique de ses opérateurs, permettant de construire les plus complexes à

partir des plus simples, en les combinant en série, parallèle, etc. Ajoutons à ceci l'interprétation géométrique très intuitive des opérateurs et des effets.

Le choix judicieux d'une transformation morphologique adaptée à une tâche concrète nécessite une connaissance *a priori* de cette tâche. C'est-à-dire que de la même manière que dans le filtrage linéaire nous devons définir la réponse impulsionelle du filtre par rapport à l'effet recherché, en morphologie mathématique nous devons choisir l'opérateur ainsi que l'élément structurant pour établir ce que l'on désire éliminer.

La plupart des transformations que nous avons évoquées pour des fonctions bi-dimensionnelles discrètes sont valables pour des signaux continus et/ou multidimensionnels.

La morphologie mathématique est une technique relativement jeune, très puissante pour le traitement et pour l'analyse d'images. Elle est déjà devenue incontournable pour le développement d'un grand nombre de systèmes automatiques.

Bibliographie

[1] Albiol, A., Torres, L. et Delp, E.J. An unsupervised color image segmentation algorithm for face dectection applications. *Proceedings of the IEEE International Conference on Image Processing (ICIP'01),* Tessaloniki, Greece, 2 :681–684, 2001.

[2] Androutsos, D., Plataniotis, K.N., Venetsanopoulos, A.N. A novel vector-based approach to color image retrieval using a vector angular-based distance measure. *Computer Vision and Image Understanding,* 75 : 46–58, 1999.

[3] Angulo, J. et Serra, J. Morphological spectrum applied to genome arrays quantification. *Rapport Technique CMM-Ecole des Mines de Paris, N-49/01/MM*, May 2001.

[4] Angulo, J. et Serra, J. Morphological color size distributions for image classification and retrieval. Dans *Proc. of Advanced Concepts for Intelligent Vision Systems (ACIVS'2002),* 46–53, Ghent, Belgium, September 2002.

[5] Angulo, J. Colour segmentation using bivariate histograms in 3D-polar colour spaces. *Rapport Technique CMM-Ecole des Mines de Paris, N-03/03/MM*, Janvier 2003.

[6] Angulo, J. et Serra, J. Histogrammes luminance/saturation pour les images couleurs en représentation par norme L_1. *Rapport Technique CMM-Ecole des Mines de Paris, N-01/03/MM*, Mars 2003.

[7] Angulo, J. et Flandrin, G. Automated detection of working area of peripheral blood smears using mathematical morphology. *Analytical Cellular Pathology,* 25(1) : 37–49, 2003.

[8] Angulo, J. et Flandrin, G. Microscopic image analysis using mathematical morphology : Application to haematological cytology. Dans (A. Mendez-Vilas Ed.) *Science, Technology and Education of Microscopy : an Overview,* Vol. 1, 304–312, FORMATEX Eds., Badajoz, Spain, 2003.

[9] Angulo, J. et Serra, J. Automatic analysis of DNA microarray images using mathematical morphology. *Bioinformatics,* 19(5) : 553–562, 2003.

[10] Angulo, J. et Serra, J. A mathematical morphology contribution to the analysis of DNA microarray images. Dans (V. Capasso Ed.) *Mathematical Modelling & Computing in Biology and Medicine,* 3–9, Società Editrice Esculapio, Bologna-Italy, 2003.

[11] Angulo, J., Nguyen-Khoa, T., Massy, Z. A., Drüeke T. et Serra, J. Morphological quantification of aortic calcification from low magnification images. *Image Analysis and Stereology,* 22 : 81–89, 2003.

[12] Angulo, J. et Matou, S. Mathematical morphology applied to the analysis of *in vitro* endothelial cell networks. *Submitted,* 2003.

[13] Angulo, J. et Serra, J. Morphological coding of color images by vector connected filters. Dans *Proc. of 7th International Symposium on Signal Processing and Its Applications (ISSPA'03),* IEEE, Vol. I, 69–72, Paris, July 2003.

[14] Angulo, J. et Serra J. Color segmentation by ordered mergings. Dans *Proc. of IEEE International Conference on Image Processing (ICIP'03),* IEEE, Vol. 2, 125–128, Barcelona, Spain, September 2003.

[15] Angulo, J. et Serra J. Mathematical Morphology in Color Spaces Applied to the Analysis of Cartographic Images. Dans *Proc. of International Workshop Semantic Processing of Spatial Data (GEOPRO'03),* 9 p., Mexico City, Mexico, November 2003.

[16] Aksoy, S. et Haralick, R.M. Using texture in image similarity and retrieval. Dans (Pietikainen and Bunke eds.) *Texture Analysis in Machine Vision,* World Scientific, 2000.

[17] Astola, J, Haavisto, P. et Nuevo, Y. Vector Median Filters. Dans *Proc. of the IEEE,* 78(4) : 678–689, 1990.

[18] Aubert, A., Jeulin, D. et Hashimoto, R. Surface texture classification from morphological transformations. Dans *Mathematical Morphology and its Applications to Image and Signal Processing, Proc. ISMM'00,* pp. 253–262, Kluwer, Boston, 2000.

[19] Axon Instruments, Inc. *GenePix Pro 4.0.* `http://www.axon.com/`, Documentation, 2002.

[20] Bacus, J.W. et Gose, E.E. Leukocyte pattern recognition. *IEEE Trans. Syst. Man Cybern.,* 2 : 513–526, 1972.

[21] Baeg, S., Batman, S., Dougherty, E.R., Kamat, V.G., Kehtarnavaz, N., Kim, S., Popov, A., Sivakumuar, K. et Shah, R. Unsupervised morphological granulometric texture segmentation of digital mammograms. *Journal of Electronic Imaging,* 8 : 65–75, 1999.

[22] Balagurunathan, Y., Dougherty, E.R., Franciskovic-Bilinski, S., Bilinski, H. et Vdovic, N. Morphological granulometric analysis of sediment images. *Image Analysis and Stereology,* 20 : 87–99, 2001.

[23] Ball, P.J., Valk, P. van der, Kurver, P.H.J., Lindemann, J. et Meijer, C.J.L.M. Large cell lymphoma. Differential diagnosis of centroblastic and B-immunoblastic subtypes by morphometry on cytologic preparations. *Cancer,* 55 :486–492, 1985.

[24] Barnett, V. The ordering of multivariate data. *J. Statist. Soc. America A,* 139(3) : 318–354, 1976.

[25] Bassett, D.E., Eisen, M. B. et Boguski M.S. Gene expression informatics -it's all in your mine. *Nature Genetics,* 21 (supplement) : 51–55, 1999.

[26] Batman, S. et Dougherty, E.R. Size distributions for multivariate morphological granulometries : Texture classification and statistical propeties. *Optical Engineering,* 36 : 1518–1529, 1997.

[27] Beksaç, M., Beksaç, M.S., Tipi, V.B., Duru, H.A., Karakas, M.U. et Nur Çakar, A. An artificial intelligent diagnostic system on differential recognition of hematopoietic cells from microscope images. *Cytometry,* 30 : 145–150, 1997.

[28] Benattar, L. et Flandrin, G. Morphometry and Quality Control for a May-Grünwald Giemsa stained preparation. A 40 centers cooperative study. *Leukemia and Lymphoma,* 33 : 587–589, 1999.

[29] Benattar, L. et Flandrin, G. Comparison of the classical manual pushed wedge films, with an improved automated method for making blood smears. *Hematology and Cell Therapy,* 41 : 1–5, 1999.

[30] Benattar, L. et Flandrin, G. Morphometric and Colorimetric Analysis of Peripheral Blood Smears Lymphocytes in B-Cell Disorders : Proposal for a Scoring System. *Leukemia and Lymphoma,* 42 : 29–40, 2001.

[31] Bennett, J.M., Catovsky, D., Daniel, M-T., Flandrin, G., Galton, D.A.G., Gralnick, H.R et Sultan, C. Proposal for the classification of chronic (mature) B and T lymphoid leukaemias. *Journal of Clinical Pathology,* 42 : 567–584, 1989.

[32] Bergmann, M., Heyn, H., Müller-Hermelink, H.-K., Harms, H. et Aus, H.M. Automated recognition of cell images in high grade malignant lymphoma and reactive follicular hyperplasia. *Analytical Cellular Pathology,* 2 : 83–95, 1990.

[33] Beucher, S. et Lantuéjoul, C. Use of watersheds in contour detection. *Proc. Int. Workshop on image processing, real-time edge and motion detection-estimation,* 17–21, 1979.

[34] Beucher, S. *Segmentation d'images et morphologie mathématique.* Thèse doctorale, Centre de Morphologie Mathématique, Ecole des Mines, Paris, 1990.

[35] Beucher, S. et Meyer, F. The Morphological Approach to Segmentation : The Watershed Transformation. Dans *Mathematical Morphology in Image Processing,* E. Dougherty Ed., Marcel-Dekker, New York, 433–481, 1992.

[36] Beucher, S. Watershed, hierarchical segmentation and waterfall algorithm. Dans (Serra and Soille Eds.), *Mathematical Morphology and its Applications to Image and Signal Processing,* Kluwer, 69–76, 1994.

[37] Beucher, S. Sets, Partitions and Functions Interpolations. Dans *Mathematical Morphology and its Applications to Image and Signal Processing,* H.J.A.M. Heijmans and J. Roedink Eds, Kluwer, 1998.

[38] Birkhoff, G. *Lattice theory.* American Mathematical Society, Providence, 1984.

[39] Blum, H. A transformation for extracting new descriptors of shape. Dans *Models for the Perception of Speech and Visual Form,* W. Wathen-Dunn, MIT Press, Cambridge, 362–380, 1967.

[40] Bonet, J.D., Viola, P. et III, J.F. Flexible Histograms : A Multiresolution Target Discrimination Model. *Proceedings of SPIE,* Vol. 3370, 1998.

[41] Borst H., Abmayr W., Gais P.A Thresholding Method for Automatic Cell Image Segmentation. *The Journal of Histochemistry and Cytochemistry,* 27 : 180–187, 1979.

[42] Boudry, C., Coster, M. , Chermant, L., Herlin, P. et Chermant, J.-L. Convex Hulls in $\mathbf{Z}^2$: Application to cell sorting. *Acta Stereologica,* 18(3) :427–434, 1999.

[43] Bowtell, D.D.L. Options available -from start to finish- for obtaining expression data by microarray. *Nature Genetics*, 21 (supplement) : 25–32, 1999.

[44] Braga Neto, U.M. et Goutsias, J. Connectivity on Complete Lattices : New Results. *Computer Vision and Image Understanding,* 85 : 22–53, 2002.

[45] Braga Neto, U.M. et Goutsias, J. A Theoretical Tour of Connectivity in Image Processing and Analysis. *Journal of Mathematical Imaging and Vision,* 2003.

[46] Breen, E.J. et Jones, R. Attribute Openings, Thinnings, and Granulometries. *Computer Vision and Image Understanding,* 64(3) : 377–3889, 1996.

[47] Brenner J. F., Lester J. M. et Selles W. D. Scene segmentation in automated histopathology : Techniques evolved from cytology automation. *Pattern Recognition,* 13 :3–16, 1981.

[48] Brice, C.R. et Fenema, C.L. Scene analysis using regions. *Artifical intelligence,* 1 : 205–226, 1970.

[49] Brown, P.O. et Botstein, D. Exploring the New World of the genome with DNA microarrays. *Nature Genetics*, 21 (supplement) : 33–37, 1999.

[50] Buchsbaum, G. et Gottschalk, A. Trichromacy, opponent colors coding and optimum color information transmission in the retina. *Proceedings of the royal society of London B,* 220(1218), 89–113, 1983.

[51] Buhler, J., Ideker, T. et Haynor, D. Dapple : Improved Techniques for Finding Spots on DNA Microarrays. *UW CSE Technical Report UWTR 2000-08-05*, 12 pp, 2000.

[52] Cardei V.C., Funt, B. et Barnard, K. White point estimation for uncalibrated Images. *IS&T/SID's 7th Color imaging conference,* 97–100, 1999.

[53] Carron, T. *Segmentations d'images couleur dans la base Teinte Luminance Saturation : approche numérique et symbolique.* Thèse de doctorat, Université de Savoie, 1995.

[54] Celnek, M. A color clustering technique for image segmentation. *Computer Vision, Graphics and Image Processing,* 52 : 145–170, 1990.

[55] Celnek, M. Analysis of color images of natural scenes. *Journal of Electronic Imaging,* 4(4) : 382–396, 1995.

[56] Cenens, J., Huis, R., Chauvaux, B., Dereppe, J. M., Gratin, C. et Meyer, F. 3D Cellular Structure characterization of flexible polyurethane foam. Dans *V. Kumar and K. A. Seeler (eds), Cellular and Microcellular Materials,* pp. 29–44, 1994.

[57] Chamba, M. *Analyse et traitement de données chromatiques d'images numérisées à haute résolution. Application à la restauration numérique des couleurs des films cinématographiques.* Thèse doctorale, Laboratoire d'Informatique et d'Imagerie Industrielle, Université de La Rochelle, 2001.

[58] Chanussot, J. et Lambert, P. Total ordering based on space filling curves for multivalued morphology. Dans *Proceedings of the International Symposium on Mathematical Morphology (ISMM'98),* 51–58, 1998.

[59] Chanussot, J. *Approches vectorielles ou marginales pour le traitement d'images multi-composantes.* Thèse de doctorat, Université de Savoie, 1998.

[60] Chin Lin, K. Fast image thresholding by finding the zero(s) of the first derivative of between-class variance. *Machine Vision and Applications,* 13 : 254–262, 2003.

[61] Chen, Y., Dougherty, E.R. et Bittner, M.L. Ratio-based decisions and the quantitative analysis of cDNA microarray images. *Journal of Biomedical Optics*, 2 : 364–374, 1997.

[62] Cheng, H.D., Jiang, X.H., Sun, Y. et Wang, J. Color image segmentation : advances and prospects. *Pattern Recognition,* 34 : 2259–2281, 2001.

[63] Commission Internationale de l'Eclairage. *Proceedings of the International Congress on Illumination.* Cambridge University Press, Cambridge, 1931.

[64] Commission Internationale de l'Eclairage. Colorimetry, Second Edition. *CIE Publication No. 15.2,* Vienna, 1986.

[65] Commission Internationale de l'Eclairage. The CIE Interim Colour Appearance Model CIECAM's. *CIE Publication No. 131,* Vienna, 1998.

[66] Cieplinski, L. MPEG-7 Color Descriptors and Their Applications. Dans (W. Skarbek Ed.)*Lecture Notes in Computer Science, Proc. of CAIP 2001,* LNCS 2124 : 11–372, 2001.

[67] Comaniciu D., P. Meer et D. J. Foran. Image-guided decision support system for pathology. *Machine Vision and Applications,* 11 : 213–224, 1999.

[68] Comer, M.L. et Delp, E.J. Morphological operations for colour image processing. *Journal of Electronic Imaging,* 8(3) : 279–289, 1999.

[69] Coster, M. et Chermant, J.L. *Precis d'analyse d'images,* 2ème. Edition. Les Presses du CNRS, 1989.

[70] Crespo, J. *Morphological Connected Filters and Intra-Region Smoothing for Image Segmentation.* Ph.D. Thesis, School of Electrical Engineering, Georgia Institute of Technology, 1993.

[71] Crespo, J. et Schafer R.W. The flat zone approach and color images. Dans (Serra and Soille Eds.), *Mathematical Morphology and its Applications to Image and Signal Processing,* Kluwer, 85–92, 1994.

[72] Crespo, J., Schafer R.W., Serra, J., Gratin, C. et Meyer, F. The flat zone approach : a general low-level region merging segmentation method. *Signal Processing,* 62(1) : 37–60, 1997.

[73] D'Arena, G., Keating, M.J. et Carotenuto, M. Chronic Lymphoproliferative Disorders : An Integrated Point of View for the Differential Diagnosis. *Leukemia and Lymphoma,* 36 : 225–237, 2000.

[74] Dawson, A.E., Cibas, E.S., Bacus, J.W. et Weinberg, D.S. Chromatin Texture Measurement by Markovian Analysis. Use of Nuclear Models to Define and Select Texture Features. *Analytical and Quantitative Cytology and Histology,* 15 : 227–235, 1993.

[75] Decencière, E. *Restauration automatique de films anciens.* Thèse doctorale, Centre de Morphologie Mathématique, Ecole des Mines, Paris, 1997.

[76] Demarty, C.-H.,Beucher, S. Color segmentation algorithm using an HLS transformation. Dans (Heijmans and Roerdink Eds.), *Mathematical Morphology and its Applications to Image and Signal Processing,* Kluwer, 231–238, 1998.

[77] Demarty, C.-H. *Segmentation et structuration d'un document vidéo pour la caractérisation et l'indexation de son contenu sémantique : Application aux journaux télévisés.* Thèse doctorale, Centre de Morphologie Mathématique, Ecole des Mines, Paris, 2000.

[78] Di Ruberto, C., Dempster, A., Khan, S. et Jarra, B. Segmentation of Blood Image Using Morphological Operators. Dans *Proc. 15th International Conference on Pattern Recognition,* 401–404, Barcelona, Spain, 2000.

[79] Doel, L.R. van den. *Quantitative Microscopic Techniques for Monitoring Dynamic Processes in Microarrays.* PhD thesis, Delft University of Technology, 2002.

[80] Duda, R.O. et Hart, P.E. *Pattern Classification and Scene Analysis.* Wiley-Interscience, New York, 1973.

[81] Eisen, M.B. and Brown, P.O. DNA Arrays for Analysis of Gene Expression. *Methods Enzymol.*, 303 : 179–205, 1999.

[82] Eisen, M.B. *ScanAlyze.* `http://rana.lbl.gov/EisenSoftware.htm`, Software and Documentation, 1999.

[83] Fairchild, M.D. *Color appearance models.* Addison-Wesley, 1997.

[84] Faugeras, O.D. Digital Image Processing within the framework of a Human Visual Model. *IEEE Transactions on Acoustic, Speech and Signal Processing,* 27(7), 380–393, 1979.

[85] Fisher, N.I. *Statistical Analysis of Circular Data.* Cambridge University Press, 1993.

[86] Flandrin, G. Image Bank, diagnostic codification and telediagnosis in hematology. *Leukemia and Lymphoma,* 25 : 97–109, 1997.

[87] Flicker, M. *et al.* The QBIC project : Querying images by content using color, texture and shape. Dans *SPIE Storage and Retrieval of Image and Video Databases,* pp. 173–181, 1993.

[88] Foran, D. J., Comaniciu, D., Meer, P. et Goodell, L.A. Computer-Assisted Discrimination Among Malignant Lymphomas and Leukemia Using Immunophenotyping, Intelligent Image Repositories, and Telemicroscopy. *IEEE Trans. on Information Technology in Biomedicine,* 4(4) : 265–273, 2000.

[89] Fricout, G., Jeulin, D., Cullen-McEwen, L.A., Harper, I.S. et Bertram, J.F. 3D-Skeletonization of ureteric trees in developing kidneys. Dans (H. Talbot and R. Beare Eds.) *Mathematical Morphology, Proc. of ISMM'02,* Sydney, Australia, April 2002, CSIRO Publishing.

[90] Fu, K. S. et Mui, J. K. A survey on image segmentation. *Pattern Recognition,* 13 :, 3–16, 1981.

[91] Fukunaga, K. *Introduction to Statistical Pattern Recognition,* 2nd Ed. Academic Press, New York, 1990.

[92] Garbay, C. Image Structure Representation and Processing : A Discussion of Some Segmentation Methods in Cytology. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence,* PAMI-8 : 140–146, 1986.

[93] Garrido, L., Salembier, P. et Garcia, D. Extensive operators in partition lattices for image sequence analysis. *Signal Processing,* 66(2) : 157–180, 1998.

[94] Gershon, R. et Jepson, A.D. The computation of color constant descriptors in chromatic images. *Color Research and Application,* 14(6), 325–334, 1989.

[95] Geusebroek, J.M. *Color and Geometrical Structure in Image.* PhD thesis, University of Amsterdam, 2000.

[96] Gevers, T. et Smeulders, A.W.M. PicToSeek : Combining Color and Shape Invariant Features for image Retrieval. *IEEE Transactions on Image Processing,* 9(1), 2000.

[97] Giménez-Mas, J.A., Sanz-Moncasi, M.P., Remón, L., Gambó, P. et Gallego-Calvo, M.P. Automated Textural Analysis of Nuclear Chroamtin. A Mathematical Morphology Approach. *Analytical and Quantitative Cytology and Histology,* 17 : 39–47, 1995.

[98] Glasbey, C. A. An Analysis of Histogram-Based Thresholding Algorithms. *CVGIP : Graph. Mod. Image Process.,* 55 : 532–537, 1993.

[99] Gonzalez, R.C. et Woods, R.E. *Digital Image Processing.* Prentice Hall, 1992.

[100] Goutsias, J., Heijmans, H.J.A.M. et Sivakumar, K. Morphological Operators for Image Sequences. *Computer Vision and Image Understanding,* 62(3) : 326–346, 1995.

[101] Grimaud, M. *La géodésie numérique en morphologie mathématique. Application à la detection automatique de microcalcifications en mammographie numérique.* Thèse doctorale, Centre de Morphologie Mathématique, Ecole des Mines, Paris, 1991.

[102] Grimaud, M. A new measure of contrast : the dynamics. Dans *Image Algebra and Morphological Image Processing III,* SPIE Vol. 1769, 292–305, 1992.

[103] Gomila, C. et Meyer, F. Levelings in Vector Spaces. Dans *Proc. of IEEE Conference on Image Processing,* Kobe, Japan, October 24-28, 1999.

[104] Gomila, C. *Mise en Correspondance de Partitions en vue du Suivi d'Objets.* Thèse doctorale, Centre de Morphologie Mathématique, Ecole des Mines, Paris, 2001.

[105] Gong, Y. et Sakauchi, M. Detection of regions matching specified chromatic features. *Computer Vision and Image Understanding,* 61(2), 263–269, 1995.

[106] Hadwiger, H. *Vorlesungen über Inhalt, Oberfläche und Isoperimetrie.* Springer, 1957.

[107] Hadwiger, H. Normale körper im euclidischen raum und ihre topologishen und metrischen eigenschaften. *Math. Zeitschr.* 71 : 124–149, 1959.

[108] Hafner, J., Sawhney, H.S., Equitz, W., Flicker, M. et Niblack, W. Efficient Color Histogram Indexing for Quadratic Form Distance Functions. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence,* 17(7), 1995.

[109] Hanbury, A. *Morphologie Mathématique sur le Cercle Unité avec applications aux teintes et aux textures orientées.* Thèse doctorale, Centre de Morphologie Mathématique, Ecole des Mines, Paris, 2002.

[110] Hanbury A. et Serra, J. Mathematical morphology in the L*a*b* colour space. *Rapport Technique CMM-Ecole des Mines de Paris, N-36/01/MM*, 2001.

[111] Hanbury, A. Mathematical morphology in the HLS colour space. Dans *Proc. 12th BMVC, British Machine Vision Conference,* Manchester, pp. II-451-460, 2001.

[112] Hanbury, A. et Serra, J. Morphological Operators on the Unit Circle. *IEEE Transactions on Image Processing,* 10(12) : 1842–1850, 2001.

[113] Hanbury, A. et Serra, J. Mathematical Morphology in the CIELAB Space. *Image Analysis and Stereology,* 21(3), 201–206, 2002.

[114] Hanbury, A. The taming of the Hue, Saturation and Brightness Colour Space. *Rapport Technique CMM-Ecole des Mines de Paris, N-18/02/MM*, Juin 2002.

[115] Hanbury. A. et Serra, J. A 3D-polar coordinate colour representation suitable for image analysis. *Rapport Technique CMM-Ecole des Mines de Paris, N-37/02/MM* (Soumis pour publication à Journal of Visual Communication and Image Representation), Novembre 2002.

[116] Hanbury. A. Circular Statistics Applied to Colour Images. Dans *Proc.of 8th Computer Vision Winter Workshop,* Valtice, Czech Republic, 2003.

[117] Haralick, R.M. Statistical and structural approaches to texture. *Proc. of IEEE,* 67(5) : 768–804, 1979.

[118] Haus, H.M., Harms, H., Ter Meulen, V. et Gunzer, U. Statistical evaluation of computer extracted blood cell features for screening populations to detect leukemias. Dans (Devjver and J. Kittler Eds.) *Pattern Recognition Theory and Applications,* Spring-Verlag Berling, Heidelberg, 1987.

[119] Haussmann, G. et Liedtke, C.E. A Region Extraction Approach to Blood Smear Segmentation. *Compututer Vision, Graphics, and Image Processing,* 25 : 133–150, 1984.

[120] Heijmans, H.J.A.M. Mathematical Morphology as a Tool for Shape Description. Dans *Workshop Shape in Picture,* Driebergen, The Netherlands, September 1992.

[121] Hegde, P., Qi, R., Abernathy, K., Gay, C., Dharap, S., Gaspard, R., Earle-Hughes, J., Snesrud, E., Lee, N. et Quackenbush, J.A. Concise Guide to cDNA Microarray Analysis. *Biotechniques*, 29 : 548–562, 2002.

[122] Heijmans, H.J.A.M. *Morphological Image Operators.* Academic Press, Boston, 1994.

[123] Hemon, D., Bourgeois, C.A. et Bouteille, M. Analysis of the spatial organization of the cell : a statistical method for revealing the non-random location of an organelle. *Journal of Microscopy,* 121(1) : 29–37, 1981.

[124] Hirata JR, R., Barrera, J., Hashimoto, R.F. et Dantas, D.O. (2001) Microarray Gridding by Mathematical Morphology. Dans *Proc. SIBGRAPI, International Symposium on Computer Graphics, Image Processing and Vision 2001*, Florianopolis, IEEE Computer Society, pp. 112–119, 2001.

[125] Hu, M.K. Visual Pattern Recognition by Moment Invariants. *IEEE Trans. Inf. Theory,* Vol. IT-8 : 179–187, 1962.

[126] Hurvich, L.M. et Jameson, D. Some quantitative aspects of opponent colours theory : II Brightness saturation and hue in normal and dichromatic vision. *Journal of the Optical Society of America,* 45, 602–616, 1955.

[127] Idris, F. et Panchanathan, S. Image and video indexing using vector quantization. *Machine Vision and Applications*, 10 : 43–50, 1997.

[128] Illingworth, J. et Kittler, J. A Survey of the Hough Transform. *Computer Vision, Graphics, and Image Processing,* 44 : 87–116, 1988.

[129] Ingram, M., Norgren, P.E. et Preston, K. Automatic differentiation of white blood cells. Dans *Image Processing in Biological Science,* Univ. of Calif. Press, pp. 97–117, 1968.

[130] ITU. Basic parameter values for the HDTV standard for the studio and for international programme exchange. *ITU-R Recommendation BT.709,* Geneva, 1990.

[131] Iwanowski, M. et Serra, J. Morphological interpolation and color images. Dans *Proceedings of ICIAP'99,* Venice, Italy, 1999.

[132] Jain, A.K. et Vailaya, A. Image Retrieval using Color and Shape. *Pattern Recognition*, 29(8), 1996.

[133] Jain, A.K., Duin, R.P.W. et Mao, J. Statistical Pattern Recognition : A review. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence,* 22(1) : 4–37, 2000.

[134] Jang, B.K. et Chin, R.T. Analysis of thinning algorithms using mathematical morphology. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence,* 12(6) : 541–551, 1990.

[135] Jeulin, D. *Modèles morphologiques de structures aléatoires et de changement d'échelle.* Thèse Doctorat ès Sciences Physiques, Université Caen, 1991.

[136] Juan, J., Sigaux, F. et Flandrin, G. Automated Classification of Lymphoid Cells. *Analytical and Quantitative Cytology and Histology,* 7 : 38–46, 1985.

[137] Kelly, P.M. et Cannon, T.M. CANDID : Comparison algorithm for navigating digital image databases. Dans *Proc. of 7th International Working Conference on Scientific and Statistical Database Management*, pp. 252–258, 1994.

[138] Khalil, M.I. et Bayoumi, M.M. Invariant 2D object recognition using the wavelet modulus maxima. *Pattern Recognition Letters,* 21 : 863–872, 2000.

[139] Kim, C. et Rosenfeld, A. Digital straight lines and convexity of digital regions. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence,* 4(2) : 149–153, 1982.

[140] Klinker, G.J. *A Physical Approach to Color Image Understanding.* A.K. Peteres, 1993.

[141] Klossa J., G. Flandrin et J. Hemet. Teleslide : better slide representativeness for digital diagnostic microscopy applications. Dans *Proc. of the 6th Congress of the European Group of Telepathology,* Heracliton Crete, Greece, September 2002.

[142] Kohonen, T. *Self-Organizing Maps.* Springer Verlag, Berlin, 1995.

[143] Köppen, M., Nowack, Ch. Et Rösel, G. Fuzzy-Subsethood based Color Image Processing. Dans *The 11th Scandinavian Conference on Image Analysis (SCIA'99),* Kangerlussnaq, Greenland, Vol. 1, 195–202, 1999.

[144] Kunt, M., Granlund, G. et Kocher, M. *Traitement numérique d'images.* Presses Polytechniques et Universitaires Romandes, 1993.

[145] Lafon, D. et Ramananantoandro, T. Color images. *Image Analysis and Stereology,* 21(Suppl 1) : 61–74, 2002.

[146] Lantuéjoul, C. et Digabel, H. Iterative algorithms. *Proc. of 2nd European Symposium on Quantitative Analysis of Microstructures in Material Sciences, Biology and Medecine,* 39–49, 1977.

[147] Lantuéjoul, C. *La squelettisation et son application aux mesures topologiques des mosaïques polycristallines.* Thèse doctorale, Centre de Morphologie Mathématique, Ecole des Mines, Paris, 1978.

[148] Lantuejoul, C. et Maisonneuve, F. Geodesic methods in quantitative image analysis. *Pattern Recognition,* 17(2) : 177–187, 1984.

[149] Lennie, P. et D'Zumura, M. Mechanisms of color vision. *Critical Reviews in Neurobiology,* 3(4), 333–400, 1988.

[150] Lesty, C., Raphael, M., Nonnenmacher, L., Leblond-Missenard, V., Delcour, A., Homond, A. et Binet, J.L. An application of mathematical morphology to analysis of the size and shape of nuclei in tissue sections of non-Hodgkin's lymphoma. *Cytometry,* 7 : 117–131, 1986.

[151] Lesty, C., Raphael, M., Chleq, C. et Binet, J.L. Nucleolar Topography of Nuclei in Histologic Sections. *Analytical and Quantitative Cytology and Histology,* 12 : 242–250, 1989.

[152] Levkovitz, H. et Herman G.T. GLHS : A Generalized Lightness, Hue and Saturation Color Model. *Graphical Models and Image Processing,* 55(4), 271–285, 1993.

[153] Lezoray, O. *Segmentation d'images couleur par morphologie mathématique et classification de données par réseaux de neurones : application à la classification de cellules en cytologie des séreuses.* Thèse doctorale, UFR de Sciences, Université de Caen/Basse-Normandie, 2000.

[154] Lezoray, O., Cardot H. Cooperation of color pixel classification schemes and color watershed : a study for microscopical images. *IEEE Trans. on Image Processing,* 11(7) : 783-789, 2002.

[155] Li, Y. Reforming the Theory of Invariant Moments for Pattern Recognition. *Pattern Recognition,* 25(7) : 723–730, 1992.

[156] Lin, S., Bing Kang, S. *et al.* Diffuse specular Separation and Depth Recvery from Image Sequences. In : A. Heyden, G. Sparr, M. Nielsen P. Johansen (eds), *Computer Vision-ECCV. Lecture notes in Computer Science,* Vol. 2352, Springer Verlag, 2002.

[157] Litovitz, T.L. et Lutzner, M.A. Quantitative measurements of blood lymphocytes from patients with chronic lymphocytic leukemia and Sezary syndrom. *J. Natl. Cancer Inst.,* 53 : 75–77, 1974.

[158] Louverdis, G., Vardavoulia, M.I., Andradis, I. et Tsalides, Ph. A new approach to morphological color image processing. *Pattern Recognition,* 35 : 1733–1741, 2002.

[159] Mahy, M., Van Mellaert, B., Van Eycken, L. et Oosterlinck, A. The influence of uniform color spaces on color image processing : A comparative study of cielab, cieluv and atd. *Journal of Imaging Technology,* 17 : 232–243, 1991.

[160] Mahy, M., Van Eycken, L. et Oosterlinck, A. Evaluation of uniform color spaces developed after the adoption of CIELAB and CIELUV. *Color Research and Applications,* 19(2) : 105–121, 1994.

[161] Maloney, L.T. et Wandell, B.A. Color constancy : a method for recovering surface spectral reflectance. *Journal of the Optical Society of America A,* 3(1), 29–33, 1986.

[162] Manjunath, B.S., Sikora, T. et Salembier, P. (Eds.) *Introduction to MPEG-7 : Multimedia Content Description Language.* John Wiley, 2001.

[163] Manzanera, A. *Vision artificielle rétinienne.* Thèse doctorale, Ecole Nationale Supérieure des Télécommunications, Paris, 2000.

[164] Maragos, P. Pattern spectrum and multiscale shape representation. *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence,* PAMI-11 : 701–716, 1989.

[165] Marcotegui, B. Segmentation algorithm by multicriteria region merging. Dans (Maragos, Schafer and Butt Eds.), *Mathematical Morphology and its Applications to Image and Signal Processing, ISMM'96,* Kluwer, 1996.

[166] Marcotegui, B. *Segmentation de séquences d'images en vue du codage.* Thèse doctorale, Centre de Morphologie Mathématique, Ecole des Mines, Paris, 1996.

[167] Matheron, G. *Elements pour une théorie des milieux poreux.* Masson, Paris, 1967.

[168] Matheron, G. *Random Sets and Integral Integral Geometry.* Wiley, New York, 1975.

[169] Matheron, G. Les nivellements. *Rapport Technique CMM-Ecole des Mines de Paris, N-07/97/MM,* Février 1997.

[170] Mattie M.E., Staib, L., Stratmann, E., Tagare, H.D., Duncan, J. et Miller, P.L. PathMaster : Content-based Cell Image Retrieval Using Automated Feature Extraction. *Journal of the American Medical Informatics Association,* 7(4) : 404–415, 2000.

[171] Matou, S., Helley, D., Chabut, D., Bros, A. et Fischer, A.-M. Effect of fucoidan on fibroblast growth factor-2-induced angiogenesis in vitro. *Thrombosis Research,* 106 : 213–221, 2002.

[172] Meyer, F. Constrast features extraction. Dans *Quantitative Analysis of Microstructures in Materials Science, Biology and Medecine*, Chermant, J.L. Ed., Riederer Verlag, pp. 374–380, 1977.

[173] Meyer, F. *Cytologie quantitative et morphologie mathématique.* Thèse doctorale, Centre de Morphologie Mathématique, Ecole des Mines, Paris, 1979.

[174] Meyer, F. Quantitative analysis of the chromatin of lymphocytes : An essay on comparative structuralism. *Blood Cells*, 6 : 159–172, 1980.

[175] Meyer F. Automatic Screening of Cytological Specimens. *Computer Vision, Graphics, and Image Processing,* 35 : 356–369, 1986.

[176] Meyer, F. Skeletons and perceptual graphs. *Signal Processing,* 16 : 335–363, 1989.

[177] Meyer, F. et Beucher, S. Morphological segmentation. *Journal of Visual Communication and Image Representation,* 1(1) : 21–45, 1990.

[178] Meyer, F. Un algorithme optimal de ligne de partage des eaux. Dans *Proceedings 8ème Congrès AFCET,* 447–457, Lyon-Villeurbanne, France, 1991.

[179] Meyer, F. Color image segmentation. Dans *Proceedings of 4th Conf. Image Processing and Applications,* 53–56, Maastrich, Pays Bas, 1992.

[180] Meyer, F. Minimum spanning forests for morphological segmentation. Dans (Serra and Soille Eds.), *Mathematical Morphology and its Applications to Image and Signal Processing,* Kluwer, 77–84, 1994.

[181] Meyer, F. From connected operators to levelings. Dans (Heijmans and Roerdink Eds.), *Mathematical Morphology and its Applications to Image and Signal Processing,* Kluwer, 191–199, 1998.

[182] Meyer, F. The levelings. Dans (Heijmans and Roerdink Eds.), *Mathematical Morphology and its Applications to Image and Signal Processing,* Kluwer, 199–206, 1998.

[183] Meyer, F. Morphological multiscale and interactive segmentation. Dans *Proceedings of IEEE-EURASIP Workshop on Non-Linear Signal and Image Processing (NSIP'99),* Antalya, Turkie, 1999.

[184] Meyer, F. Flooding and segmentation. Dans (Goutsias, Vincent et Bloomberg Eds.), *Mathematical Morphology and its Applications to Image Processing, Proc. ISMM'00,* Kluwer, 189–198, 2000.

[185] Meyer, F. Vectorial levelings and flattenings. In : (Goutsias, Vincent et Bloomberg Eds.), *Mathematical Morphology and its Applications to Image Processing, Proc. ISMM'00,* Kluwer, 51–60, 2000.

[186] Meyer, F. et Maragos, P. Nonlinear scale-space representation with morphological levelings. *Journal of Visual Communication and Image Representation,* 11, 245–265, 2000.

[187] Meyer, F. Alpha-Beta flat zones, levelings and flattenings. In : (Talbot et Beare Eds.), *Mathematical Morphology VI, Proc. ISMM'02,* Ed. CSIRO, 47–68, 2002.

[188] Minkowsky, H. Allgemeine lehrs atze uber konvexe polyeder. *Nachr. Ges. Wiss. Gottingen,* 198–219, 1897.

[189] Minkowsky, H. uber die begriffe l ange, oberfl ache und volumen. *Jahresbericht der Deutschen Mathematiker Vereinigung,* 9 : 115–121, 1901.

[190] Mojsilovic, A. et Soljanin, E. Quantization of Color Spaces and Processing of Color Images by Fibonacci Lattices. Dans *Human Vision and Electronic Imaging V,* Vol. SPIE 3959, 345–355, 2000.

[191] Moragas, A., García-Bonafé, M., de Torres, I. et Sans, M. Textural analysis of lymphoid cells in serous effusions : A mathematical morphologic approach. *Analytical Quantitative Cytology and Histology*, 15 : 165–171, 1993.

[192] Morenas, M. C. *Propagation de la lumière à travers les siècles.* Editions de l'Institut de Recherche sur l'Enseignement des Sciences Physiques et de la Technologie - Université de Clermont II, 1984.

[193] Moreso, F., Serón, D., Vitriá, J., Grinyó, J.M., Colomé-Serra, F.M., Parés, N. et Serra, J. Quantification of interstitial chronic renal damage by means of texture analysis. *Kidney International,* 46 : 1721–1727, 1994.

[194] Munsell, A.H. *A Grammar of Color.* Van Nostrand-Reinhold, New York, 1969.

[195] Nastar, C. Indexation d'Images par le Contenu : un État de l'Art. Dans *3èmes Journées d'etudes et d'echanges "Compression et Representation des Signaux Audiovisuell",* Issy-les-Moulineaux, France, 1997.

[196] Nastar et al., C. Efficient Query Refinement for Image Retrieval. *Proc. of CVPR'98*, Santa Barbara, California, 1998.

[197] Ortiz, F., Torres, F., Gil, P., Pomares, J., Puente, S. et Candelas, F. Vectorial Ordering by Distance for HSI Mathematical Morphology. Dans *Proc. of the IX Spanish Symposium on Pattern Recognition and Image Analysis,* Vol II, p. 379-384, Benicàssim (Castellón), Spain, 2001.

[198] Ortiz, F., Torres, F., Angulo, J. et Puente, S. Comparative study of vectorial morphological operations in different color spaces. Dans *Proc. of Intelligent Robots and Computer Vision XX : Algorithms, Techniques, and Active Vision,* SPIE Vol. 4572, p. 259-268, Boston, Massachusetts, USA, November 2001.

[199] Ortiz, F., Torres, F., De Juan, E. et Cuenca, N. Colour Mathematical Morphology For Neural Image Analysis. *Real-Time Imaging,* 8 : 455–465, 2002.

[200] Ortiz, F. *Procesamiento Morfológico de Imágenes en Color. Aplicación a la Reconstrucción Geodésica.* Thèse doctorale, Universidad de Alicante, España, 2002.

[201] Ohta, Y-I., Kanade, T. et Sakai, T. Color Information for regions segmentation. *Computer Graphics and Image Processing,* 13 : 222–241, 1980.

[202] Pauli, H. Proposed extension to the CIE recommendation on uniform color spaces, color difference equations and metric color terms. *Journal of the Optical Society of America,* 66(8), 866–867, 1975.

[203] Pelstring, R.J. et Swerdlow, S.H. Improved nuclear contour indices for lymphoid morphometry *Analytical and Quantitative Cytology and Histology,* 9 : 469–468, 1987.

[204] Pentland, A. *et al.* Photobook : Content-based manipulation of image databases. Dans *SPIE Storage and Retrieval of Image and Video Databases II,* pp. 34–47, 1994.

[205] Persoon, E. et Fu, K.S. Shape Discrimination Using Fourier Descriptors. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence,* 8(3) : 388–397, 1986.

[206] Petters II, R.A. Mathematical morphology for angle-valued images. Dans *Non-Linear Image Processing VIII,* Vol. SPIE 3026, 1997.

[207] Petrou, M., Shafarenko, L. et Kittler, J. Histogram-based segmentation in a perceptually uniform color space. *IEEE Transactions on Image Processing,* 7(9) : 1354–1358, 1998.

[208] Pitas, I. et Tsakalides, P. Multivariate Ordering in Color Image Filtering. *IEEE Transactions on Circuits and Systems for Video Technology,* 1(3), 247–259, 1991.

[209] Pointer, M.R. The gamut of real surface colours. *Color Research and Applications,* 5(3) : 145–155,1980.

[210] Poirier, J. et Ribadeau Dumas, J.L. *Histologie.* Ed. Masson 4e édition, 1993.

[211] Poirson, A.B. et Wandell B.A. The appearance of colored patterns : Pattern-color separability. *Journal of the Optical Society of America A,* 10, 2458–2471, 1993.

[212] Poynton, C.A. *Frequently Asked Questions about Color.* http ://www.inforamp.net/∼poynton, 1995.

[213] Pratt, W.K. *Digital Image Processing.* John Wiley & Sons, New-York, 1978.

[214] Prewitt, J.M.S. Parametric and non-parametric recognition by computer : an application to leukocyte image analysis. *Computers,* 12 : 285, 1972.

[215] Raghed, H., Hancock E. Separating Lambertian and Specular Reflectance Components using Iterated Conditional Modes. *Proc. of the British machine Vision Conference (BMCV)*, Manchester, 2001.

[216] Reed, T. et du Buf, J. A review of recent texture segmentation and feature extraction techniques. *Computer Vision, Graphics, and Image Processing,* 57(3) : 359–372, 1993.

[217] Reinhardt, F. et Soeder, H. *Atlas des Mathématiques.* Librairie Générale Française, Paris, 1997.

[218] Risson, V. *Application de la morphologie mathématique à l'analyse des conditions d'éclairage des images couleur.* Thèse doctorale, Centre de Morphologie Mathématique, Ecole des Mines, Paris, 2001.

[219] Ripley, B. D. *Pattern Recognition and Neural Networks.* Cambridge University Press, Cambridge, 1996.

[220] Rivest, J.F., Soille, P. et Beucher, S. Morphological gradients. *Journal of Electronic Imaging,* 2(4) : 326–336, 1993.

[221] Roland, Y., Bezy-Wendling, J., Gestin, H., Bruno, A., Duvauferrier, R., Morcet, N., Collorec, R. et Coatrieux, J. L. Analyse de texture en imagerie médicale. Revue de la littérature. *Annales de Radiologie,* 385(6) : 315—347, 1995.

[222] Ronse, C. Why mathematical morphology needs complete lattices. *Signal Processing,* 21(2) : 129–154, 1990.

[223] Ronse, C. Set theoretical algebaic approaches to connectivity in continuous or digital spaces. *Journal of Mathematical Imaging and Vision,* 8 : 41–58, 1998.

[224] Ronse, C. et Serra, J. Geodesy and connectivity in lattices. *Fundamenta Informaticae,* 46 : 349-395, 2001.

[225] Rosenfeld, A. Connectivity in digital pictures. *Journal of the Assoc. for Comp. Mach.,* 17 : 146–160, 1970.

[226] Saarinen, K. Watershed in color image segmentation. Dans *IEEE Workshop on Non Linear Signal and Image Processing,* 14–17, 1995.

[227] Salembier, P. *Multiscale image analysis and modelling using rank order based filters : application to defect detection.* Ph.D. Thesis, EPFL, Lausanne, 1991.

[228] Salembier, P. et Serra, J. Morphological multiscale image segmentation. *SPIE Visual Communications and Image Processing,* 620–631, 1992.

[229] Salembier, P. et Serra, J. Flat Zones Filtering, Connected Operators, and Filters by Reconstruction. *IEEE Trans. on Image Processing,* 4(8) : 1153–1160, 1995.

[230] Salembier, P., Torres, L., Meyer, F. et Chuang, G. Region-Based Video Coding Using Mathematical Morphology. *Proceeding of the IEEE,* 83(6) : 843–856, 1995.

[231] Salembier, P. et Marqués, F. Region-based representations of image and video : Segmentation tools for multimedia services. *IEEE Trans. on Circuits for Video Technology,* 9(8) : 1147–1167, 1999.

[232] Salembier, P. et Garrido, L. Binary partition tree as an efficient representation for image processing, segmentation and information retrieval. *IEEE Trans. on Image Processing,* 9(4) : 561–576, 2000.

[233] Sang, H.P., Il, D.Y. et Sang, U.L. Color image segmentation based on 3D clustering : morphological approach. *Pattern Recognition,* 31(8) :1061–1076, 1998.

[234] Sangwine, S.J. et Horne, R.E.N. *The colour image processing handbook.* Chapman & Hall, 1998.

[235] Sati, M. et Laroye, G.J. A Simple Algorithm for Measuring the Cocavity/Convexity Ratio and Lobe Counting of a Closed Curve. *Analytical and Quantitative Cytology and Histology,* 16(4) : 269–283, 1993.

[236] Schalkoff, R. *Pattern Recognition : Statistical, Structural and Neural Approaches.* John Wiley and Sons, New York, 1992.

[237] Schettini, R. A segmentation algorithm for color images. *Pattern Recognition Letters,* 14 : 449–506, 1993.

[238] Serra, J. *Image Analysis and Mathematical Morphology,* Vol. I. Academic Press, London, 1982.

[239] Serra, J. *Image Analysis and Mathematical Morphology : Theoretical Advances,* Vol II. Academic Press, London, 1988.

[240] Serra, J. Anamorphoses and Function Lattices (Multivalued Morphology). Dans *Mathematical Morphology in Image Processing,* E. Dougherty, Marcel-Dekker, 483–523, 1992.

[241] Serra, J. Connectivity on complete lattices. *Journal of Mathematical Imaging and Vision,* 9 : 81–96, 1998.

[242] Serra, J. Set connections and discrete filtering. *Lecture notes in Computer Science,* Vol. 1658, G. Bertrand, M. Couperie, L. Perroton (Eds.), 191–206, Springer, 1999.

[243] Serra, J. Connectivity for sets and functions. *Fundamenta Informaticae,* 41 : 147–186, 2000.

[244] Serra, J. Morphological descriptions using three-dimensional wavefronts. *Image Analysis and Stereology,* 21 : 13–21, 2002.

[245] Serra, J. Connection, Image Segmentation and Filtering. Dans *Proc. CIC'02,* Mexico DF, November 2002.

[246] Serra, J. Espaces couleur et traitement d'images. *Rapport Technique CMM-Ecole des Mines de Paris, N-34/02/MM,* Octobre 2002.

[247] Serra, J. Espaces couleur adaptés au traitement d'image. *Rapport Technique CMM-Ecole des Mines de Paris, C-03/03/MM,* Mars 2003.

[248] Serra, J. A Lattice Approach to Segmentation. *Rapport Technique CMM-Ecole des Mines de Paris, N-06/03/MM,* Août 2003.

[249] Serra, J. *Course on Morphological Operators.* Cahiers du Centre de Morphologie Mathématique, No. 11, 2003.

[250] Serra, J. Connexions et segmentation d'image. *Traitement du signal,* 2003.

[251] Shafarenko, L. et Petrou, M. Automatic watershed segmentation of randomly textured color images. *IEEE Trans. on Image Processing,* 6 : 1530–1543, 1997.

[252] Shafer, S.A. Using color to separate reflection components from a color image. *Color Research and Applications,* 10(4) : 210–218, 1985.

[253] Sharma, G. et Trussel, J.H. Digital Color Imaging. *IEEE Trans. on Image Processing,* 6(7) : 901–932, 1997.

[254] Shih, T.Y. The reversibility of six geometric color spaces. *Photogrammetric Engineering & Remote Sensing,* 61(10) : 1223–1232, 1995.

[255] Sivakumar, K. et Goutsias, J. Discrete morphological size distributions and densities : estimation techniques and application. *Journal of Electronic Imaging,* 6 : 31–53, 1997.

[256] Smith, A.R. Color gammet transform pairs. *Computer Graphics,* 12(3) : 12–19, 1978.

[257] Smith, J.R. *Integrated Spatial and Feature Image Systems : Retrieval, Analysis and Compresion.* Ph. D. Thesis, Columbia University, USA, 1997.

[258] Smolle, J. Optimization of Linear Combination for Segmentation in Red-Green-Blue Images. *Analytical and Quantitative Cytology and Hystology,* 18(4), 323–329, 1996.

[259] Soille, P. Spatial distributions from contour lines : an efficient methodology based on distance transformations. *Journal of Visual Communication and Image Representation,* 2(2) : 138–150, 1991.

[260] Soille, P. Morphological partitioning of multispectral images. *Journal of Electronic Imaging,* 5 : 252–265, 1996.

[261] Soille, P. *Morphological image analysis.* Springer-Verlag, Berlin Heidelberg, 1999.

[262] Soille, P. et Hugues, T. Directional Morphological Filtering. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence,* 23(11) : 1313–1329, 2001.

[263] Song, X., Abu-Mostafa, Y., Sill, J. et Kasdam, H. Incorporating contextual information into white blood cell image recognition. Dans *Advances in Neural Information Processing Systems,* MIT Press, 1997.

[264] Stevens, M.W., Fazzalari, N.L. et Crisp, D.J. Quantitation of nuclear shape in non-Hodgkin's lymphoma. *Analytical and Quantitative Cytology and Histology,* 9 : 459–468, 1987.

[265] Stricker, M. et Orengo, M. Similarity of color images. *Storage and Retrieval for Image and Video Databases III,* Vol. SPIE 2420, 1995.

[266] Swain M.J. et Ballard, D.H. Color indexing. *International Journal of Computer Vision,* 7 : 11–32, 1991.

[267] Tagare, H.D., Jaffe, C.C. et Duncan, J. Medical Image Databases : A Content-based Retrieval Approach. *Journal of the American Medical Informatics Association,* 4(3) : 184–198, 1997.

[268] Talbot, H. et Terol Villalobos, I. Binary image segmentation using weighted skeletons. Dans *Image Algebra and Morphological Image Processing III,* SPIE Vol. 1769, 393–403, 1992.

[269] Talbot, H., Evans, C. et Jones, R. Complete ordering and multivariate mathematical morphology : Algorithms and applications. Dans *Proceedings of the International Symposium on Mathematical Morphology (ISMM'98),* 27–34, 1998.

[270] Theera-Umpon, N. et Gader, P.D. Counting white blood cells using morphological granulometries. *Journal of Electronic Imaging,* 9 : 170–177, 2000.

[271] Tominaga, S. Color classification of natural color images. *Color research and application,* 19(4) : 277–285, 1992.

[272] Torres, F., Angulo J. et Ortiz, F. Automatic detection of specular reflectance in colour images using the MS diagram. Dans (Petkov et Westenberg Ed.) *Computer Analysis of Images and Patterns (Proceedings CAIP 2003),* Lecture Notes in Computer Science, Vol. 2756, 132–139, 2003.

[273] Tremeau, A. *Contribution des modèles de la perception visuelle à l'analyse d'images couleur.* Thèse doctorale, Université de Saint-Etienne, 1993.

[274] Tremeau, A. et Borel, N. A region growing and merging algorithm to color segmentation. *Pattern Recognition,* 30(7) : 1191–1203, 1997.

[275] Tremeau, A. *Analyse d'images couleur : des pixels à la scène.* Habilitation à Diriger des Recherches, Université de Saint-Etienne, 1998.

[276] Tremeau, A. et Colantoni, P. Regions adjacency graph applied to color image segmentation. *IEEE Trans. Image Process.,* 9(4) : 735–744, 2000.

[277] Hunziker, O., Schulz, U., Walliser, Ch. et Serra, J. Morphometric analysis of neurons in different depths of the cat's brain cortex after hypoxia. Dans *Proceedings of the 4th International Congress for Stereology,* Gaithersburg, 1975.

[278] Vachier, C. *Extraction de caractéristiques, segmentation d'image et morphologie mathématique.* Thèse doctorale, Centre de Morphologie Mathématique, Ecole des Mines, Paris, 1995.

[279] Vachier, C. et Meyer, F. Extinction value : a new measurement of persistence. Dans *1995 IEEE Workshop on Nonlinear Signal and Image Processing,* Neos Marmaras, Greece, 254–257, 1995.

[280] Van de Wouwer, G., Weyn, B., Scheunders, P., Jacob, W., Van Marck, E. et Van Dyck, D. Wavelets as chromatin texture descriptors for the automated identification of neoplastic nuclei. *Journal of Microscopy,* 197 : 25–35, 2000.

[281] Van Osta, P., Geysebroek, J.M., Ver Donck, K., Bols, L., Geysen, J. et ter Haar Romeny, B.M. The principles of scale space applied to structure and colour in light microscopy. *Proceedings of the Royal Microscopical Society,* 37(7), 161–166, 2002.

[282] Vardavoulia, M.I, Andreadis, I. et Tsalides, Ph. A new vector median filter for colour image processing. *Pattern Recognition Letters,* 22(6-7) : 675–689, 2001.

[283] Vesanen, P., Tiainen, M. et Yli-Harja, O. On Calibration-Free Methods in Segmentation of cDNA Microarray Images. Dans *IS&T/SPIE Symposium Image Processing : Algorithms and Systems. Proceedings of SPIE Vol. 4667,* 12 pp, 2002.

[284] Vienot, F. Colorimétrie et image couleur. *Ecole de Printemps - Images Numériques Couleur, Université de Bourgogne (18-21 mars 2003),* 40–49, Editions Laboratoire LE2I, Dijon, 2003.

[285] Vincent, L. *Algorithmes morphologiques à base de file d'attente et de lacets.* Thèse doctorale, Centre de Morphologie Mathématique, Ecole des Mines, Paris, 1990.

[286] Vincent, L. et Soille, P. Watersheds in digital spaces : An efficient algorithm based on immersion simulations. *Pattern Analysis and Machine Intelligence,* 13(6) : 583–598, 1991.

[287] Vincent, L. Morphological algorithms. Dans *Mathematical Morphology in Image Processing,* E. Dougherty, Marcel-Dekker, New York, 225–288, 1992.

[288] Vincent, L. Morphological area openings and closings for grayscale images. Dans *Proc. NATO Shape in Picture Workshop,* Driebergen, The Netherlands, Springer-Verlag, 1992.

[289] Vincent, L. Morphological Grayscale Reconstruction in Image Analysis : Applications and Efficient Algorithms. *IEEE Transactions on Image Processing,* 2(2) : 176–201, 1993.

[290] Vincent, L. Grayscale area openings and closings, their efficient implementation and applications. Dans (J. Serra and P. Salembier Ed.) *Mathematical Morphology and its Applications to Signal Processing, Proceedings,* UPC Publications, 22–27, 1993.

[291] Vincent, L. Fast grayscale granulometry algorithms. Dans *Mathematical Morphology and its Applications to Image and Signal Processing, Proc. ISMM'94,* 265–272, Kluwer, 1994.

[292] Vincent, L. Local grayscale granulometries based on opening trees. Dans *Mathematical Morphology and its Applications to Image and Signal Processing, Proc. ISMM'96,* 273–280, Kluwer, 1996.

[293] Watson, A. A new method of classification for Landsat data using the watershed algorithm. *Pattern Recognition Letters,* 6 : 15–20, 1987.

[294] Weeks, A.R. et Sartor, L.J. Color morphological operators using conditional and reduced ordering. Dans *Proceedings of the SPIE Conference on Applications of Digital Image Processing XXII,* Vol. SPIE 3808, 358–366, 1999.

[295] Wermser D., Haussmann G. et Liedtke C.-E. Segmentation of Blood Smears by Hierarchical Thresholding. *Compututer Vision, Graphics, and Image Processing,* 25 : 151–168, 1984.

[296] Wied, G.L. et Bahr, G.F. (Editors) *Automated Cell Identification and Cell Sorting.* Academic Press, New York and London, 1970.

[297] Wilson, S.S. Theory of matrix morphology. *IEEE Transaction on Pattern Analysis and Machine Intelligence,* 14 : 636–652, 1992.

[298] World Health Organization (Edited by E. S. Jaffe, N. L. Harris, H. Stein and J. W. Vardiman). *Pathology and Genetics of Tumours of Haematopoietic and Lymphoid Tissues.* IARC Press, Lyon, France, 2001.

[299] Wolf, G., Beil, M. et Guski, H. Chromatin Structure Analysis Based on a Hierarchic Texture Model. *Analytical and Quantitative Cytology and Histology,* 17 : 25–34, 1995.

[300] Wysecki, G. et Stiles, W.S. *Color Science : Concepts and Methods, Quantitative Data and Formulae,* 2nd edition. John Wiley & Sons, New-York, 1982.

[301] Yang, Y.H., Buckley, M.J., Dudoit, S. and Speed, T.P. Comparison of methods for image analysis on cDNA microarray data. *Journal of Computational and Graphical Statistics*, 11 : 108–136, 2002.

[302] Young, I.T. The classification of white blood cells. *IEEE Trans. Biomed. Eng.,* 19 : 291–298, 1972.

[303] Young, I.T., Verbeek, P.W. et Mayall, B.H. Characterization of Chromatin Distribution in Cell Nuclei. *Cytometry,* 7 : 467–474, 1986.

[304] Zana, F. *Une approche morphologique pour les detections et bayesienne pour le recalage d'images multimodales : application aux images retiniennes.* Thèse doctorale, Centre de Morphologie Mathématique, Ecole des Mines, Paris, 1999.

[305] Zanoguera, F. *Segmentation interactive d'images fixes et de séquences vidéo basée sur des hiérarchies de partitions.* Thèse doctorale, Centre de Morphologie Mathématique, Ecole des Mines, Paris, 2001.

[306] Zanoguera, F. et Meyer, F. On the implementation of non-separable vector levelings. Dans (H. Talbot and R. Beare Eds.) *Mathematical Morphology, Proc. of ISMM'02*, Sydney, Australia, April 2002, CSIRO Publishing.

[307] Zhang, C. et Wang, P. A new method of color image segmentation based on intensity and hue clustering. Dans *Proceedings of the 15th ICPR,* Vol. 3, 617–620, Barcelona, 2000.

[308] Zhenjiang, M. Zernike moment-based image shape analysis and its applications. *Pattern Recognition Letters,* 21 : 169–177, 2000.