

UNIVERSITÉ DU QUÉBEC

MÉMOIRE PRÉSENTÉ À
L'UNIVERSITÉ DU QUÉBEC À TROIS-RIVIÈRES

COMME EXIGENCE PARTIELLE DE
LA MAÎTRISE EN MATHÉMATIQUES ET INFORMATIQUE
APPLIQUÉES

PAR
NICOLAS CLAUDON

CLASSIFICATION AUTOMATIQUE DES DIATOMÉES :
UNE APPROCHE PAR LES MOTIFS DES STRUCTURES INTERNES

JUILLET 2007

Résumé

Les diatomées sont des algues microscopiques vivant dans les cours d'eau, les lacs et les océans. Elles constituent d'excellents bio-indicateurs permettant d'analyser la qualité de leur milieu de vie selon les espèces présentes.

Les différentes espèces de diatomées se caractérisent par des formes et des motifs variés, et ce sont des spécialistes (les *diatomistes*) qui sont aptes à identifier ces espèces. Mais cette identification constitue une tâche difficile et longue. C'est à ce niveau que l'informatique peut venir en aide à la biologie, grâce notamment aux techniques de reconnaissance de formes et de classification automatique.

L'objectif de notre travail consiste donc à classer automatiquement les diatomées. Deux étapes précèdent cette classification : l'extraction de la structure interne des diatomées par une série de traitements des images des diatomées ; l'analyse des caractéristiques géométriques des motifs des structures internes, notamment leurs orientations et leurs fréquences en utilisant une transformée de Fourier fenêtrée.

Par la suite, nous procéderons à l'identification et à la classification automatique des images de diatomées en comparant les caractéristiques issues des analyses des caractéristiques moyennes des espèces du Québec.

Remerciements

Je tiens à remercier mon directeur de maîtrise, le professeur Fathallah Nouboud, pour son aide précieuse et ses conseils, lesquels m'ont orienté dans mes recherches. Je remercie également mon co-directeur, le professeur Alain Chalifour pour ses suggestions et les pistes de recherches suggérées auxquelles je n'aurais jamais pensées. Je remercie particulièrement François Nougrou et Ghassen Ibrahim pour leurs conseils dans la rédaction du présent mémoire, ainsi que pour les discussions que nous avons pu avoir sur le sujet de ce mémoire. Je remercie également le professeur Stéphane Campeau de la section géographie du département des Sciences Humaines de l'UQTR, ainsi que les membres de son équipe, qui nous ont fourni la base de données d'images de diatomées. Enfin, je remercie de tout mon coeur ma famille pour son soutien et sa confiance.

Table des matières

Résumé	ii
Remerciements	iii
Liste des figures	vii
Liste des tableaux	x
1. Une introduction aux diatomées	1
1.1 Présentation et intérêt des diatomées	1
1.2 La morphologie des diatomées	3
1.2.1 Morphologie des valves	4
1.2.2 Le système côtes-stries	7
1.2.3 La problématique de l'identification et de la classifica- tion des diatomées	9
2. Les diatomées et l'analyse d'images par ordinateur	14
2.1 Le schéma général d'analyse	14
2.2 Le prétraitement et la segmentation	15
2.2.1 Le prétraitement	15
2.2.2 La segmentation	16
2.3 Le choix et l'extraction des caractéristiques	18

2.3.1	Analyse des caractéristiques morphologiques	18
2.3.2	Description et extraction des caractéristiques du contour	19
2.3.3	Description des caractéristiques des motifs internes . . .	23
2.4	L'identification et la classification	36
2.4.1	Classification par la distance	37
2.4.2	Les réseaux de neurones	39
2.5	Le projet ADIAC	40
2.5.1	Les méthodes abordées dans le projet ADIAC [9]	41
2.5.2	Les résultats du projet ADIAC	42
2.5.3	L'approche par la structure interne	43
2.6	Objectif et méthodologie	44
3.	Le prétraitement des images	45
3.1	Les images utilisées	45
3.1.1	La qualité des images	45
3.2	Les techniques de prétraitement	49
3.2.1	L'atténuation du bruit	50
3.2.2	Le renforcement des motifs	56
3.3	Schéma global du prétraitement des images	60
4.	Extraction des caractéristiques	62
4.1	Extraction de la structure interne	62
4.1.1	Extraction du masque binaire de l'image	63
4.1.2	Extraction du masque des zones de motifs	65
4.1.3	Recherche d'un raphé	66
4.1.4	Recherche du nodule central	68
4.2	Calcul de l'orientation et de la fréquence des stries	70

4.2.1	Extraction des stries	70
4.2.2	Le calcul des orientations et des fréquences	72
5.	Classification des images	77
5.1	La méthode de classification	77
5.1.1	L'échantillon d'images	77
5.1.2	Création d'un vecteur moyen par classe de diatomées .	77
5.1.3	Préclassement par les données structurelles	79
5.1.4	Le classificateur	80
5.2	Présentation et analyse des résultats	81
6.	Conclusion et perspectives	83
6.1	Les méthodes abordées et leurs résultats	83
6.2	Les contraintes des images analysées	85
6.3	Les perspectives d'amélioration	86
	Annexe - Espèces présentes dans les groupes de référence	87

LISTE DES FIGURES

1.1	<i>Exemples de diatomées.</i>	2
1.2	<i>Schéma du frustule d'une diatomée.</i>	4
1.3	<i>Schéma de l'ornementation d'un frustule.</i>	5
1.4	<i>Exemple d'une pennée avec le détail de ses stries (à gauche) et d'une centrique (à droite).</i>	6
1.5	<i>Exemple de raphidée (a) et d'araphidées (b).</i>	7
1.6	<i>Exemple de stries parallèles (neidium, à gauche) et radiales (actinocyclus, à droite).</i>	9
1.7	<i>Exemple de stries plus ou moins épaisses.</i>	10
1.8	<i>Schéma de reproduction d'une diatomée.</i>	11
1.9	<i>Les différentes tailles et variations morphologiques d'une di- atomée lors de son cycle de vie.</i>	12
1.10	<i>Deux diatomées similaires mais d'espèces différentes.</i>	13
2.1	<i>Étirement d'histogramme par blocs.</i>	16
2.2	<i>Extraction du contour d'une diatomée.</i>	20
2.3	<i>Extraction de segments similaires du contour.</i>	21
2.4	<i>Axes de symétries de différentes diatomées.</i>	22
2.5	<i>Exemple de transformées top-hat (centre) et bottom-hat (droite) d'une diatomée (gauche).</i>	24
2.6	<i>Exemple de transformée de Fourier (spectre d'amplitude) de deux images de diatomées</i>	28
2.7	<i>Transformée de Fourier fenêtrée du détail d'une image.</i>	32
2.8	<i>Calcul de l'orientation et de la fréquence des bandes d'une image.</i>	33

3.1	<i>Exemple avec des interférences dans le fond de l'image.</i>	46
3.2	<i>Version "épurée" de l'image de la figure 3.1</i>	47
3.3	<i>Problèmes de luminosités.</i>	48
3.4	<i>Exemples d'images nettes.</i>	49
3.5	<i>Exemples de bruit sur une image de diatomée : (a) image nette, (b) bruit uniforme, (c) bruit gaussien.</i>	51
3.6	<i>Convolution spatiale d'une image pour un filtre de 3×3 pixels.</i>	52
3.7	<i>Exemple de filtrage médian à l'aide d'une fenêtre 3×3.</i>	53
3.8	<i>Résultat du filtrage médian sur une image de diatomée. À gauche, l'image originale, au centre, le résultat du filtre médian 3×3 et à droite le résultat du filtre médian 5×5.</i>	54
3.9	<i>Représentation d'un filtre gaussien pour $\sigma = 0.25$ et $\mu = (0, 0)$.</i>	55
3.10	<i>Résultat du filtrage gaussien sur une image de diatomée. À gauche, l'image originale, au centre, le résultat du filtre gaussien 3×3 et à droite, le résultat du filtre gaussien 5×5.</i>	56
3.11	<i>Image originale d'une diatomée et son histogramme (haut), l'image transformée par recadrage de son histogramme (bas).</i>	58
3.12	<i>Laplacien de l'image d'une diatomée : image originale (gauche), laplacien 5×5 (centre), laplacien appliqué à l'image originale (droite).</i>	59
3.13	<i>Les étapes du prétraitement.</i>	61
4.1	<i>Schéma de création d'un masque binaire d'une diatomée.</i>	64
4.2	<i>Création d'un masque binaire de la structure interne.</i>	66
4.3	<i>Schéma de vérification de la présence d'un raphé.</i>	68

4.4	<i>Nodule central repéré en gris sur le masque binaire des zones de motifs.</i>	69
4.5	<i>Espèces de diatomées et les vecteurs de leurs structures internes.</i>	71
4.6	<i>Extraction des stries.</i>	74
4.7	<i>Calcul de l'orientation et de la fréquence des stries.</i>	75
4.8	<i>Vecteurs des M caractéristiques des motifs d'un ensemble de N diatomées.</i>	76
5.1	<i>Groupes d'espèces utilisés et leurs structures.</i>	78
5.2	<i>Vecteur moyen des orientations et des fréquences des stries d'une classe d'images.</i>	79
5.3	<i>Classification par distance euclidienne.</i>	81

LISTE DES TABLEAUX

2.1	<i>Quelques caractéristiques calculées avec la matrice de cooccur- rence.</i>	26
5.1	<i>Résultats de la classification pour plusieurs tailles de fenêtres.</i>	82

Chapitre 1

Une introduction aux diatomées

1.1 Présentation et intérêt des diatomées

Les applications de l'analyse d'images et de la reconnaissance de formes sont présentes dans de nombreux domaines, aussi variés que la médecine, l'industrie, l'aéronautique ou encore la biométrie. Elles sont également très présentes en biologie où l'analyse d'images a déjà été utilisée pour la classification taxonomique de grands groupes biologiques comme les bactéries, le plancton, les graines, les pollens, les plantes ou encore les algues. Les diatomées, connues également sous le nom de Bacillariophycées, sont des algues microscopiques unicellulaires de couleur brune, dont les tailles varient de quelques micromètres à plus de 500 micromètres. Elles se développent dans les cours d'eau, les eaux stagnantes et les océans, mais également dans l'air et les sols humides. Les diatomées n'ont besoin que de peu de lumière et d'humidité pour se développer, ce qui explique la diversité des milieux où elles se développent. Leur apparition remonte à l'ère jurassique, et l'on a dénombré à ce jour près de 11 000 espèces différentes de diatomées [1]. Les biologistes estiment que le nombre d'espèces pourrait s'élever à 200 000 espèces sur la planète [2].

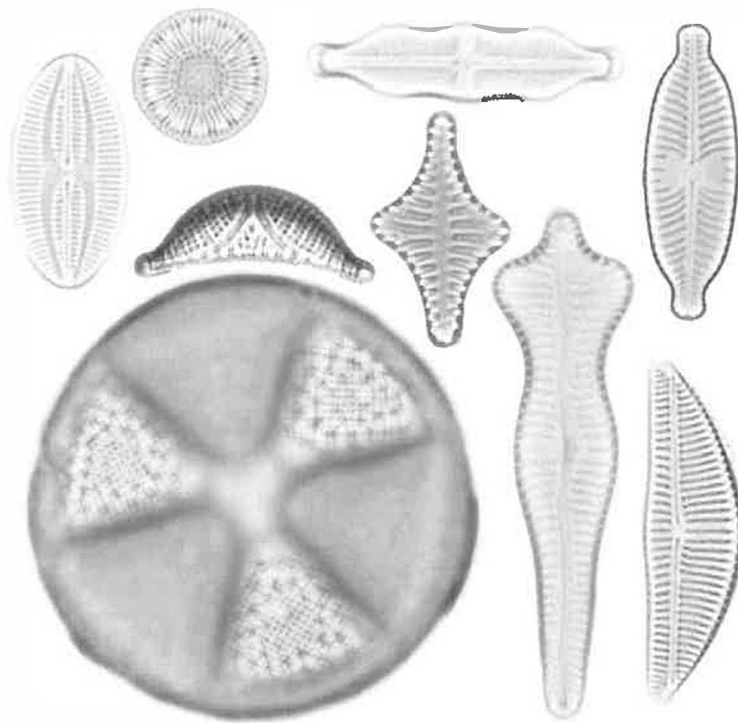


FIG. 1.1 - *Exemples de diatomées.*

Les diatomées possèdent un squelette externe en silice, constitué de deux valves s'emboîtant telle une boîte à chaussures. Ce squelette comporte des motifs tels que des stries, des côtes, des points et des cloisons. De plus, ce squelette peut résister à la dégradation suite à la mort de la diatomée, et ainsi se retrouver dans des sédiments de plusieurs millions d'années. C'est la combinaison de la forme et des motifs du squelette d'une diatomée qui permet de déterminer à quelle espèce elle appartient. Par ailleurs, chaque espèce de diatomées présente des caractéristiques de survie dans des milieux aux conditions spécifiques et précises, ce qui permet aux biologistes d'assimiler les diatomées à des bio-indicateurs écologiques. Elles peuvent ainsi être utilisées dans l'observation et l'analyse de la qualité des écosystèmes, notamment en association avec des paramètres physico-chimiques tels que le pH, la salinité, la température, l'alcalinité ou les variations des niveaux d'eau.

Les spécialistes utilisent les diatomées dans le contrôle de la qualité des milieux, et l'identification à l'espèce s'effectue par une reconnaissance du contour et des structures internes des diatomées.

1.2 La morphologie des diatomées

Le squelette en silice des diatomées est unique dans le domaine de la biologie ; la richesse de ses ornements et de ses formes permettent leur identification [3]. La coque de silice est appelée le *frustule* et est composée de deux parties s'emboîtant (les *valves*), ainsi que de bandes (le *cingulum*)

liant les deux valves. Les valves comportent de fines perforations (les pores ou les *areoles*), lesquelles peuvent constituer des stries et limiter les *côtes*, plus larges.

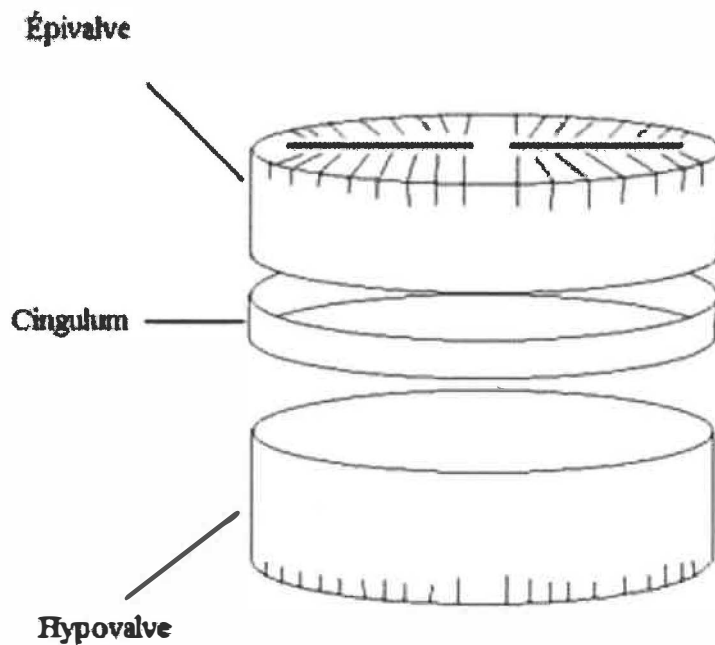


FIG. 1.2 – Schéma du frustule d'une diatomée.

1.2.1 Morphologie des valves

Pour une grande majorité des espèces de diatomées, les valves sont essentiellement composées de côtes en silice, séparées par des rangées de pores. Ces pores permettent le passage de l'eau à travers la cellule, ainsi que la sécrétion de matière organique.

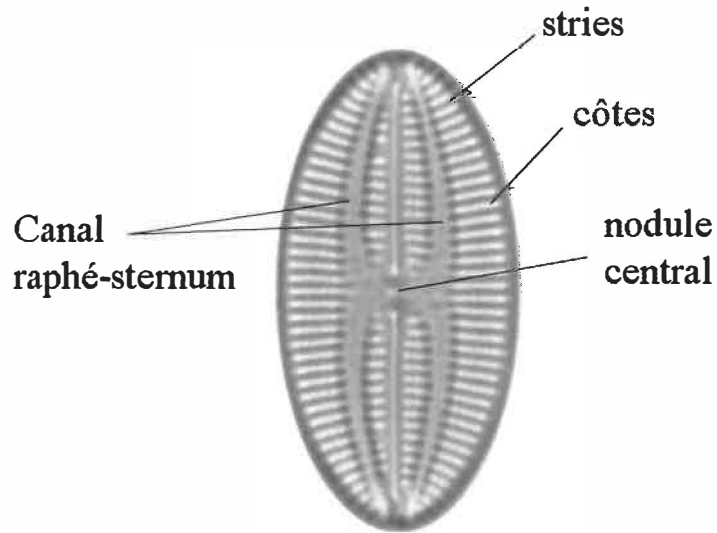


FIG. 1.3 – Schéma de l'ornementation d'un frustule.

Les côtes se rejoignent, partant du bord de la valve jusqu'à un motif central, pour former généralement un anneau de silice, l'*annulus*, ou une bande allongée, le *sternum*. Ce motif central permet de différencier deux grands ordres de diatomées : les *centriques*, qui possèdent un annulus ou un système de bandes radiales, et les *pennées*, qui possèdent un sternum avec des séries de stries et des côtes de chaque côté. Les pennées possèdent généralement des valves allongées et bipolaires, avec une symétrie bilatérale. Les centriques, quant à elles, possèdent plutôt des valves circulaires, elliptiques, allongées, triangulaires ou même polygonales.

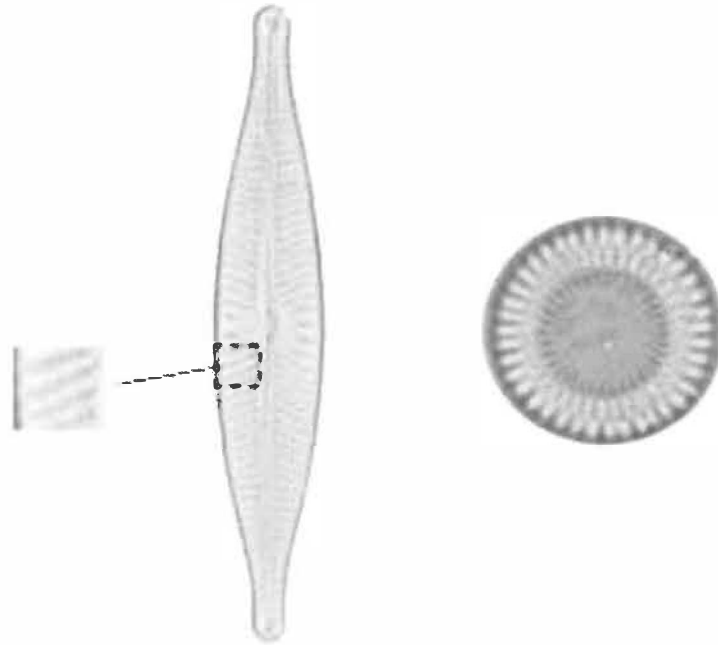


FIG. 1.4 – Exemple d'une pennée avec le détail de ses stries (à gauche) et d'une centrique (à droite).

De plus, pour un large groupe de pennées, le sternum comprend une ou deux fentes formant une structure particulière, le *canal raphé-sternum*. Ce raphé, en forme de tuyau, permet à la diatomée de type raphidé de se mouvoir. Il faut noter que la plupart des centriques et quelques pennées ne possèdent pas de raphé (les *araphidées*). La présence et la forme du raphé, principalement au centre et aux extrémités de la cellule, constitue une autre caractéristique morphologique importante dans l'identification et la classifi-

cation des diatomées.

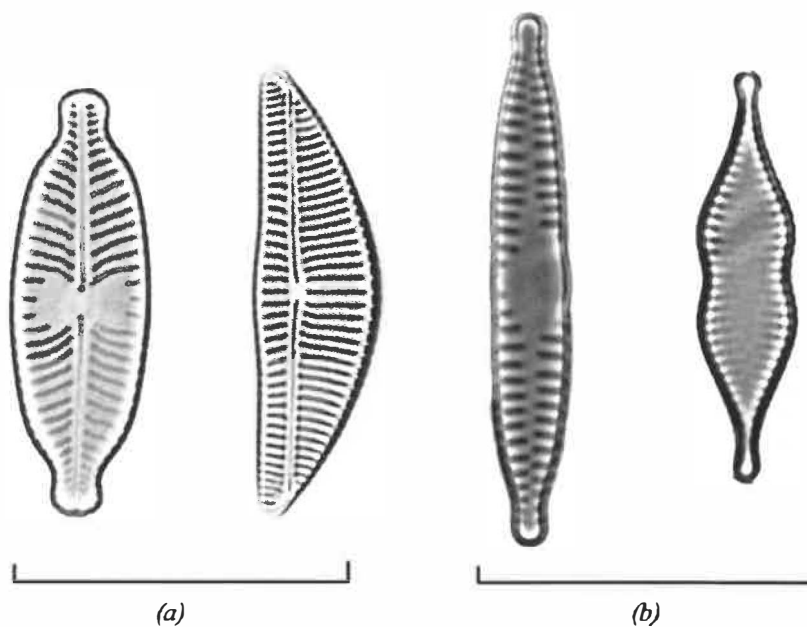


FIG. 1.5 – Exemple de raphidée (a) et d'araphidées (b).

1.2.2 Le système côtes-stries

Les stries présentes sur les valves sont des lignes de pores délimitant les côtes. Les pores, aussi appelés *aréoles*, peuvent être circulaires, elliptiques, rectangulaires ou encore polygonaux. Il existe parfois plusieurs rangées de pores entre les côtes, constituant des séries de deux stries ou plus. Pour quelques espèces de diatomées, la structure et l'espacement de ce système

pores/stries/côtes varient le long des valves, depuis leur centre jusqu'à leurs bords. Les stries peuvent être parallèles ou fortement radiales, tel qu'illustré à la figure 1.6. Plus généralement, la structure formée par les pores, les stries et les côtes varie peu chez les individus d'une même espèce.

De plus, le système côtes/stries remplit habituellement la surface des valves ; les pores et les côtes varient peu en taille et en espacement pour une même espèce, mais leur nombre varie en fonction du cycle de vie étant donné le changement de taille intervenant lors de la reproduction d'une cellule (voir le paragraphe 1.2.3). L'espacement des stries et des pores constitue une caractéristique importante pour l'identification d'une espèce. Cet espacement est calculé en densité linéaire de stries.

La forme du frustule, les pores, les stries, les côtes des valves, la présence et la forme d'un raphé constitueront les principales caractéristiques servant à l'identification des diatomées. En pratique, d'autres facteurs plus complexes peuvent être pris en compte dans l'identification (le cycle de développement du frustule, les méthodes de reproduction sexuelle, les données génétiques, ...), mais l'analyse basée sur les facteurs morphologiques susmentionnés suffisent, la plupart du temps, à l'identification et à la classification des espèces de diatomées. Cela est d'autant plus simple et avantageux que leur observation ne nécessitent qu'un microscope optique.

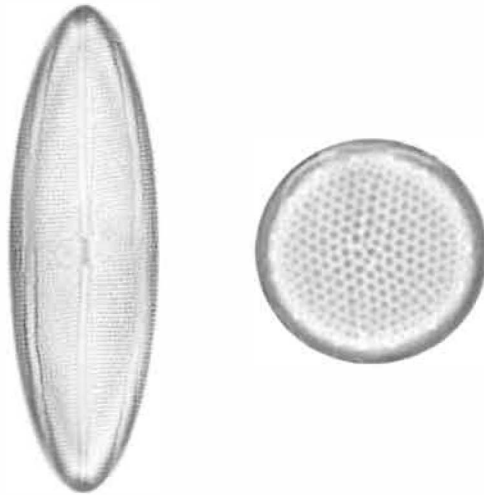


FIG. 1.6 – Exemple de stries parallèles (*neidium*, à gauche) et radiales (*actinocyclus*, à droite).

1.2.3 La problématique de l'identification et de la classification des diatomées

L'analyse d'échantillons s'avère délicate, même pour les spécialistes. En effet, les diatomistes doivent prendre en compte plusieurs phénomènes importants.

- Lors de son cycle de vie, une diatomée se divise pour se reproduire. Les deux nouvelles diatomées sont plus petites et de formes différentes de la précédente, alors qu'elles sont issues d'une même cellule [4] [10].

- Les différences de motifs entre les espèces peuvent être très subtiles et

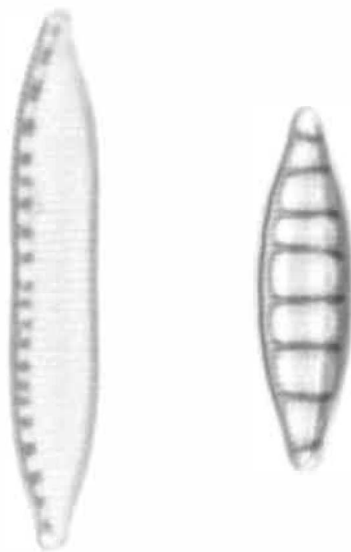


FIG. 1.7 – *Exemple de stries plus ou moins épaisses.*

nécessiter l'œil d'un expert [5]. L'erreur de classification à l'œil nu varie de 20 à 30 % selon les espèces analysées [4].

- le nombre d'espèces connues est très grand (près de 11 000), ce qui complique d'autant le processus d'identification.

Ces difficultés entraînent inévitablement un processus d'analyse long, fastidieux et peu sûr. L'intérêt de l'outil informatique apparaît de façon évidente : la création d'un processus automatisé, rapide et fiable pourrait aider grandement à l'obtention de résultats d'analyse efficaces, avec pour objectif des avancés écologiques potentielles issues de l'analyse des diatomées. Le traite-

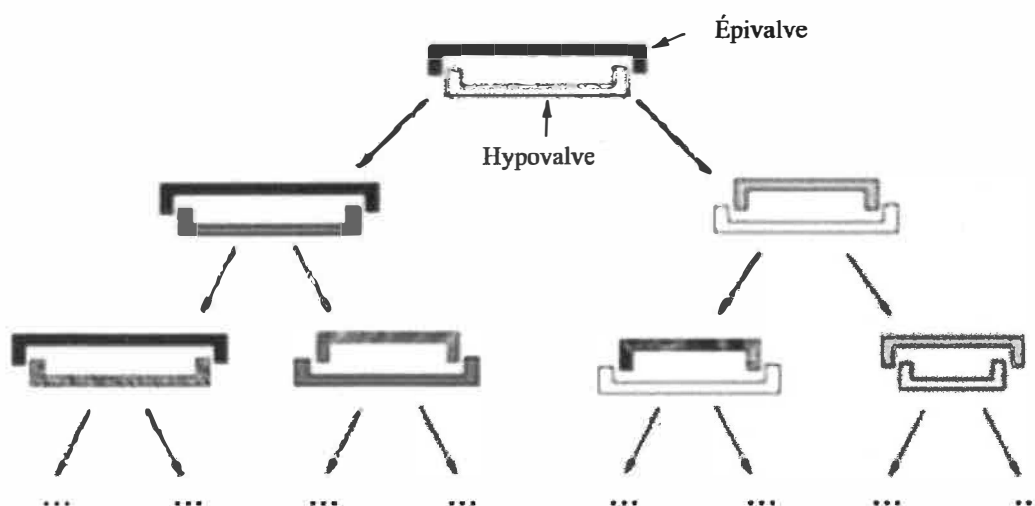


FIG. 1.8 – Schéma de reproduction d'une diatomée.

ment et l'analyse d'images par ordinateur occupent en effet une place importante dans les applications de la biologie. Nous présenterons, dans le présent mémoire, les techniques utilisées dans le domaine du traitement de l'image par ordinateur afin d'identifier et de classer automatiquement, par espèces, des images de diatomées.

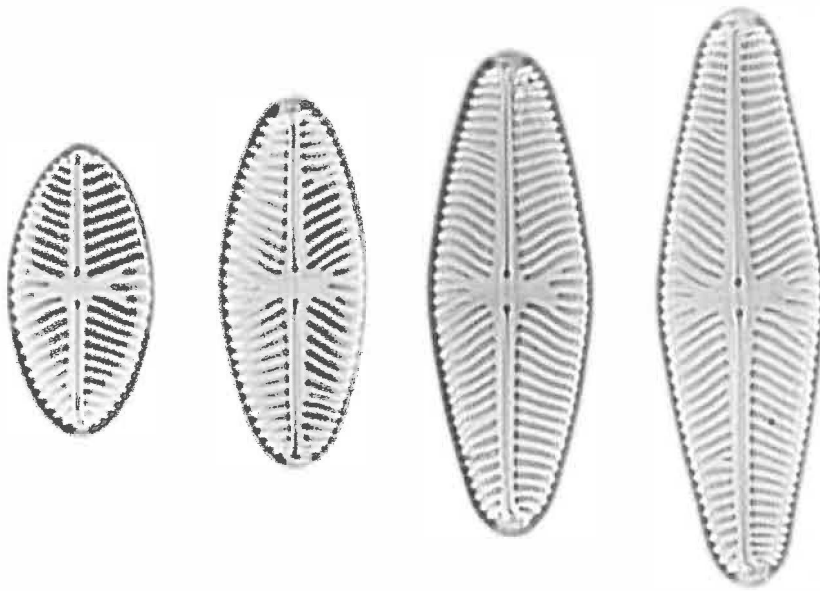


FIG. 1.9 – Les différentes tailles et variations morphologiques d'une diatomée lors de son cycle de vie.

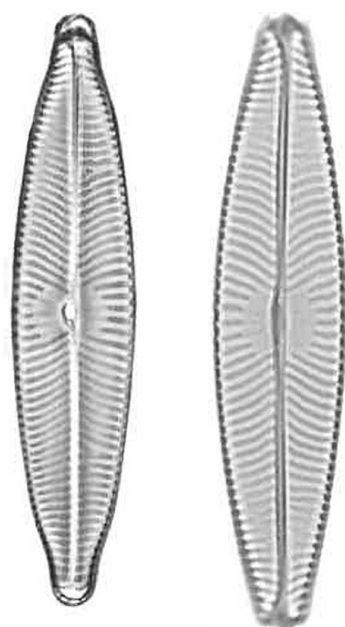


FIG. 1.10 – Deux diatomées similaires mais d'espèces différentes.

Chapitre 2

Les diatomées et l'analyse d'images par ordinateur

2.1 Le schéma général d'analyse

L'identification et la classification des diatomées reposent sur des techniques couramment utilisées pour la reconnaissance des motifs dans une image. Ces techniques constituent l'ensemble des étapes du processus de reconnaissance et d'identification, soit :

- une phase de prétraitement, comprenant notamment l'atténuation du bruit et le réhaussement des contrastes pour faire ressortir les motifs à analyser ;
- la segmentation des différentes régions homogènes de l'image et l'identification des motifs de la structure interne des diatomées ;
- le choix des caractéristiques des motifs à analyser et leur extraction ;
- l'identification et la classification des différentes espèces.

Le présent chapitre expose les différentes techniques qui ont été présentées dans des recherches antérieures afin d'identifier et de classifier des images de diatomées.

2.2 Le prétraitement et la segmentation

2.2.1 Le prétraitement

Dans toutes les études portant sur le sujet, les images de diatomées ont un problème en commun : elles peuvent contenir des micro-organismes et des impuretés présents de façon naturelle dans les échantillons collectés en rivières. Le moyen le plus simple pour repérer et isoler les diatomées est la discrimination de leur contour, utilisant le fait que l'intérieur de leur cellule est transparent et donc de même couleur que le fond de l'image. Dans [11], la discrimination du contour s'effectue par étirement du contraste de l'image par blocs. L'image est divisée en blocs qui sont traités indépendamment, ce qui permet d'éviter les effets de bords et favorise une utilisation réduite de la mémoire informatique lors du traitement. Cet étirement du contraste est effectué par étalement de l'histogramme des niveaux de gris de chaque bloc de l'image, méthode qui sera explicitée au chapitre 3. Pour une classification visant plus spécifiquement l'analyse du contour ([2]), le prétraitement de l'image est effectué après un nettoyage des échantillons par les biologistes. En effet, les matières organiques persistant sur le frustule créent une diffraction lumineuse et laissent un halo autour du contour. Le prétraitement de l'image consiste alors à trouver un seuil par la méthode d'Otsu [21]. Cette méthode définit un critère qui tend à maximiser la variance interclasse des valeurs de niveaux de gris de l'histogramme de l'image. Lorsque le critère est satisfait, on obtient une valeur de niveaux de gris qui sera utilisée comme seuil. Tous les pixels de l'image au-dessus de ce seuil sont alors mis à la valeur du seuil, ce qui

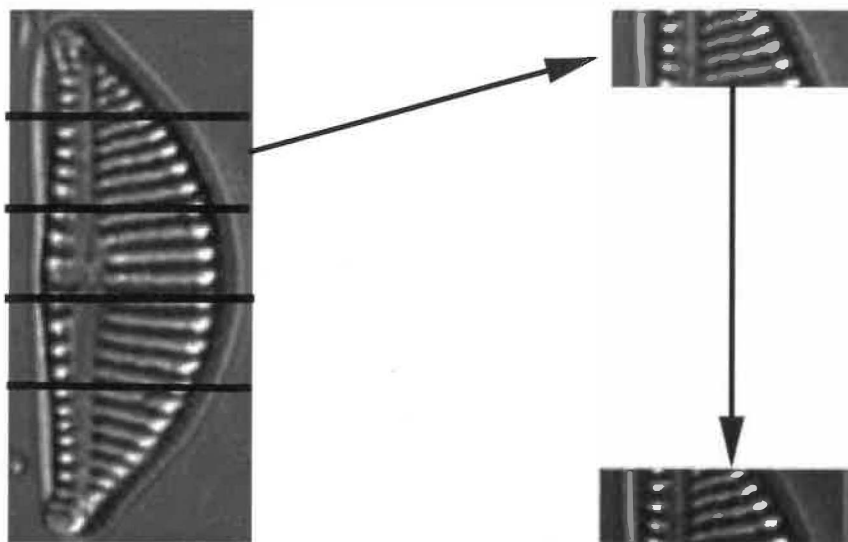


FIG. 2.1 – *Étirement d'histogramme par blocs.*

atténue fortement l'effet de halo. Conséquemment, on effectue un seuillage local et une binarisation, ce qui permet d'extraire l'élément connecté le plus grand et le plus centré dans l'image, lequel est identifié au contour.

2.2.2 La segmentation

L'objectif de la segmentation est de diviser une image originale en plusieurs régions distinctes, dépendamment du degré de corrélation entre les entités du monde réel présentes dans l'image (dans notre cas, les diatomées et les autres corps présents dans les échantillons) et les régions extraites par

cette méthode.

Une difficulté de cette méthode provient du fait qu'elle traite des images numériques, et qu'une image numérique est une projection d'une scène réelle continue sur un plan discret ; il y aura donc présence de bruit et une perte de profondeur, qui feront que cette méthode ne sera applicable que si les objets de l'image diffèrent en couleur ou en texture. De plus, la classification individuelle des points de l'image nécessite que l'on connaisse les attributs représentatifs des régions à segmenter. Il existe trois techniques principales de segmentation :

- le **seuillage**, dont le principe de base est la comparaison d'un attribut calculé en chaque pixel de l'image avec un ou plusieurs seuils afin d'attribuer un pixel à une classe. Cette technique est recommandée pour des images ne possédant pas de texture, et divisées en deux classes, "fond" et "objet". Les diatomées étant transparentes, cette technique ne peut s'appliquer à notre cas ;
- la **segmentation par croissance de régions** consiste à regrouper les pixels adjacents dont les valeurs de niveaux de gris varient de façon négligable, ce qui revient à analyser des zones homogènes de valeurs de niveau de gris dans l'image. Cette technique vise un objectif dual à celui de la détection du contour, puisqu'il s'agit, d'un point de vue topologique, de partitionner l'image analysée en régions connexes. Le concept de régions nous permet de dire que plus une région est grande, plus la connaissance statistique des propriétés de ses points est précise. Il est alors plus facile de décider de l'attribution ou du rejet d'un nou-

veau pixel adjacent à une région. En revanche, le problème demeure le choix du critère d'uniformité d'une région. Le temps de calcul de l'application d'une telle technique est important ;

- la **segmentation multi-résolutions** est basée sur l'inter-dépendance forte entre la résolution des régions et l'estimation de leurs propriétés. En utilisant des résolutions multiples et le concept d'échelles, on peut lier les caractéristiques locales des régions détectées en hautes résolutions aux caractéristiques globales des régions détectées en basse résolution. Cette technique est à utiliser pour des images simples dans un environnement bruité, ou encore pour des images texturées, ce qui n'est pas le cas de nos images.

2.3 Le choix et l'extraction des caractéristiques

2.3.1 Analyse des caractéristiques morphologiques

La reconnaissance des diatomées s'effectue principalement sur des caractéristiques morphologiques : la taille, la description du contour (la reconnaissance de la forme du frustule de la diatomée), les axes de symétries et l'utilisation de certaines caractéristiques de leur ornementation, tels que l'angle et la périodicité des stries, que l'on peut désigner par texture. Il existe plusieurs techniques de reconnaissance de ces caractéristiques, et trois grandes catégories ressortent :

- les méthodes structurelles ;
- les méthodes d'analyse statistique de la répartition des niveaux de gris ;
- les méthodes d'analyse « à base de modèles ».

2.3.2 Description et extraction des caractéristiques du contour

La description du contour est la première étape de la reconnaissance des diatomées, que ce soit par les diatomistes ou encore par un traitement informatique. Il existe de nombreuses méthodes d'identification des diatomées par leur contour. Les groupes de caractéristiques servant à décrire le contour, peuvent être des caractéristiques morphologiques classiques telles que l'analyse des symétries [12], les descripteurs de Fourier [11], l'espace multi-échelles des courbures [5, 10] ou encore l'espace multi-échelles des événements de Gabor [14].

L'approche privilégiée semble être celle qui s'inspire des techniques utilisées par les diatomistes pour analyser les contours du frustule par leur courbure. En extrayant les segments convexes et concaves du contour par l'identification des points d'inflexion et une analyse des symétries, on peut déduire des caractéristiques globales, basées sur la moyenne, le maximum et le minimum des longueurs et des courbures de ces segments. On arrive alors à classifier différentes formes de diatomées.

Dans [4], une fois la localisation du contour de la diatomée effectuée, on régularise la localisation et l'orientation générale du contour, c'est-à-dire l'axe

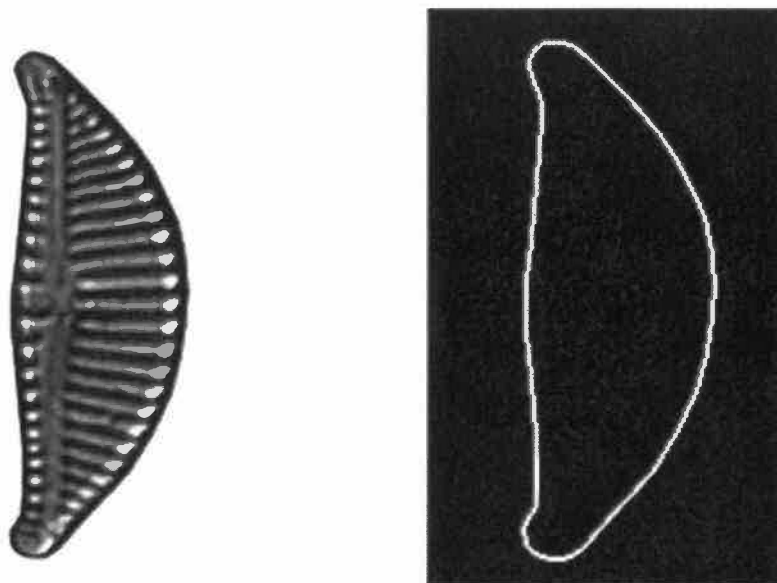


FIG. 2.2 – *Extraction du contour d'une diatomée.*

principal de la région identifiée comme étant une diatomée. On construit le **vecteur de proportion du contour** qui correspond à la distance médiane de la courbure du contour entre les points de part et d'autre des extrémités de la diatomée. Ce vecteur est comparé aux vecteurs de référence disponibles dans une base de données afin de procéder à l'identification.

Une autre méthode ([2], [12]), également basée sur l'extraction du contour et l'analyse de la forme de la diatomée, permet d'étiqueter les éléments connectés de l'image et de détecter les formes des diatomées dans l'image par l'algorithme de Canny. Les valves sont divisées en **centriques** (circulaire, triangulaire, carré, en pointe avec des sommets arrondis) ou en **elliptiques**

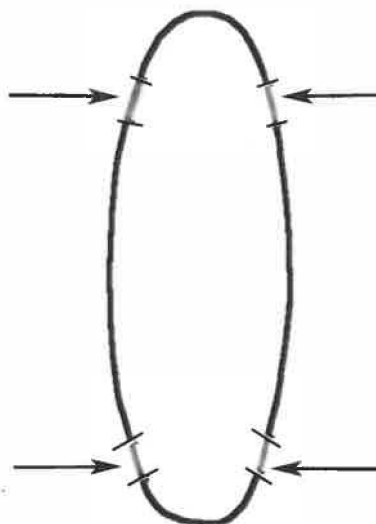


FIG. 2.3 – *Extraction de segments similaires du contour.*

(avec des symétries ou asymétries caractéristiques) et extraites par reconnaissance des ellipses dans le contour. Les centres et les axes de symétrie sont identifiés à partir d'une représentation unidimensionnelle des extrémités de la diatomée. Après avoir calculé le centre de gravité du contour, on discrétise le contour dans le sens horaire selon un angle constant $\Delta\alpha$. On obtient une liste des distances entre le centre de gravité de la diatomée et les points discrétisés de son contour. Cette liste de distances permet la localisation des axes et des centres de symétrie du contour grâce aux formules présentées dans [12].

L'analyse par des **opérateurs morphologiques** peut également être utilisée pour extraire les caractéristiques des contours ([13], [15]). Dès que le contour est discriminé par un lissage gaussien et une différentiation de ses di-

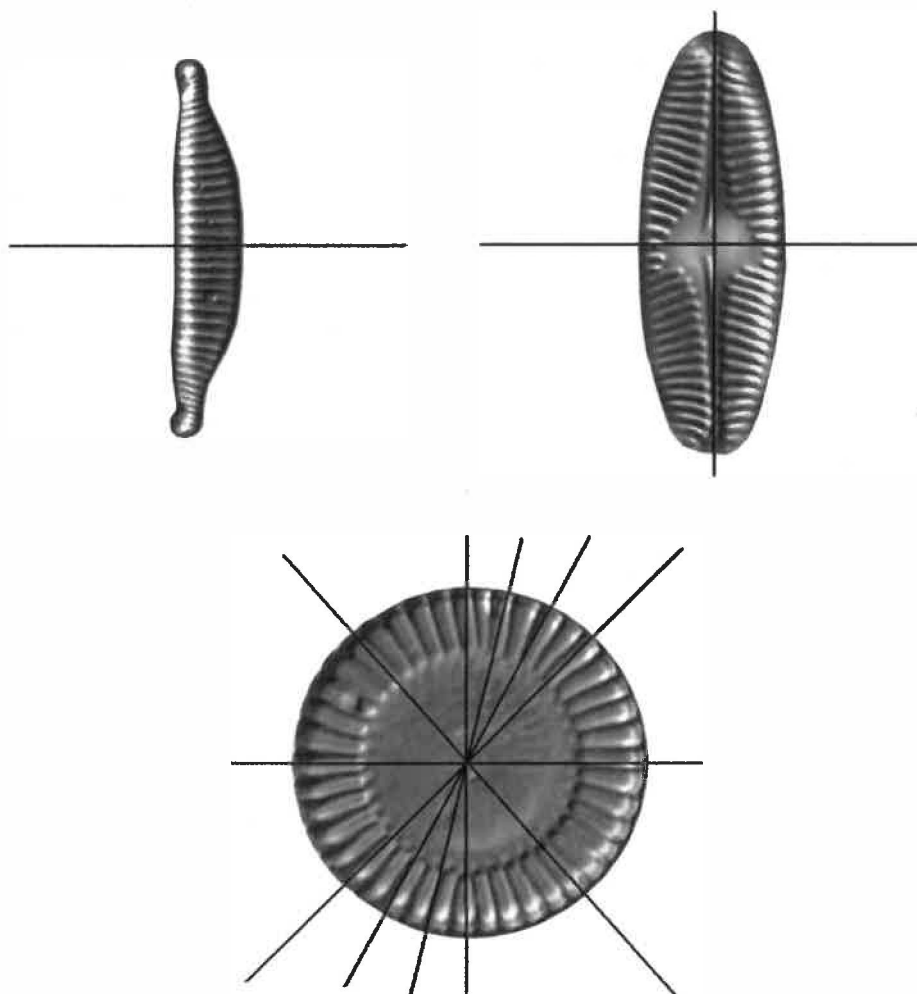


FIG. 2.4 – *Axes de symétries de différentes diatomées.*

rections, des opérateurs morphologiques *bottom-hat* et *top-hat* (avec élément structurant à taille croissante) permettent d'extraire des caractéristiques locales de la courbure. La transformée *top-hat* est le résultat de la différence entre un signal d'origine (l'image) et l'ouverture morphologique du signal.

La transformée *bottom-hat* est l'opération complémentaire, soit la différence entre le signal et la fermeture morphologique du signal. La figure 2.5 illustre ces transformées sur une diatomée avec un noyau structurant circulaire de 5×5 pixels. L'augmentation de la taille de l'élément structurant de chaque opérateur permet l'extraction des pics du signal (les contours) pour le top-hat et des vallées (les zones uniformes) pour le bottom-hat. L'intérêt de cette méthode est que les caractéristiques extraites sont indépendantes de la position du contour dans l'image. L'extraction en elle-même ne requiert aucun paramètre et est rapide d'exécution. Les caractéristiques extraites permettent d'identifier les zones concaves et convexes du contour.

2.3.3 Description des caractéristiques des motifs internes

L'identification de la structure interne des diatomées, formée de motifs plus ou moins réguliers tels que des lignes ou des pores, constitue la seconde étape de la reconnaissance des différentes espèces de diatomées. La périodicité et l'angle des motifs ont une grande influence sur la classification des espèces de diatomées.

Il faut se rappeler que la structure interne peut changer au fil de l'évolution d'une diatomée. Il est nécessaire d'avoir une base d'images de référence suffisamment complète afin de pouvoir analyser ces motifs.

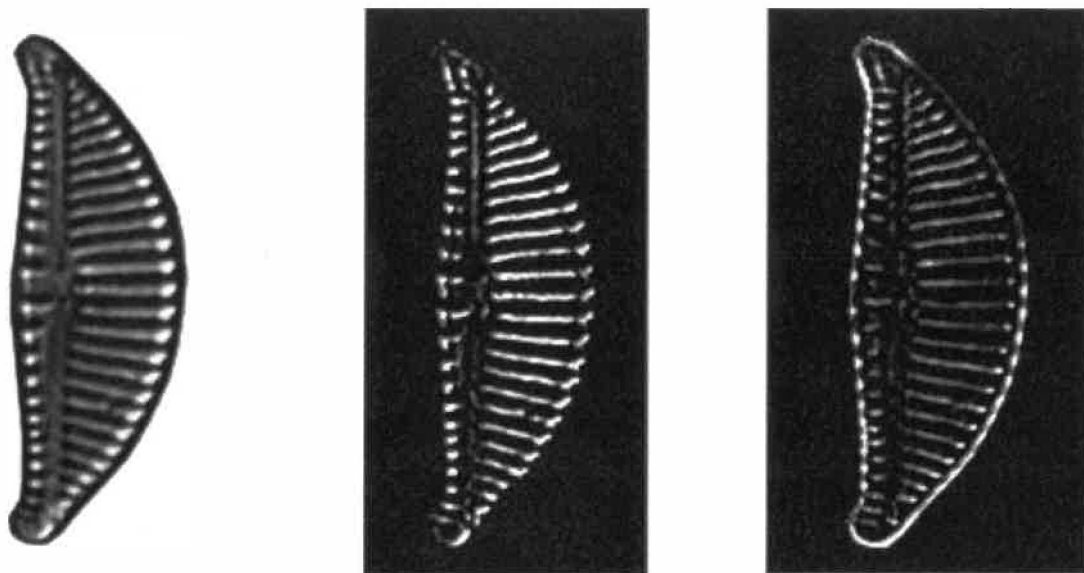


FIG. 2.5 – Exemple de transformées top-hat (centre) et bottom-hat (droite) d'une diatomée (gauche).

Analyse statistique

En analyse de texture, les techniques les plus fréquemment utilisées sont celles utilisant les propriétés statistiques des objets de l'image. L'analyse statistique de la texture repose sur trois étapes :

- l'extraction des caractéristiques statistiques,
- la sélection des caractéristiques les plus significatives,
- la classification.

Les méthodes les plus fréquentes en analyse statistique sont celles de la matrice de cooccurrence et les caractéristiques dans le domaine des fréquences, issues de l'analyse spectrale de l'image. Ces méthodes sont implémentées avec plusieurs angles de rotation de l'image afin d'obtenir une analyse indépendante des angles des motifs analysés.

Matrice de cooccurrence

La matrice de cooccurrence des niveaux de gris est une des méthodes les plus anciennes d'analyse statistique des textures d'une image. Les entrées de cette matrice sont les probabilités de cooccurrence des valeurs de niveaux de gris a et b pour tout couple de pixels de l'image. Chaque couple de pixels est séparés par une distance euclidienne d donnée et un angle Φ donné (Φ est défini par rapport à l'axe horizontal de l'image). La somme pondérée des entrées de la matrice permet d'extraire des caractéristiques, dont les principales sont énumérées dans le tableau 2.1.

Dans ces formules, on utilise les déviations moyennes et standards suivantes :

$$\begin{aligned}\mu_x &= \sum_a a \sum_b P_{\Phi,d}(a, b), \\ \mu_y &= \sum_b b \sum_a P_{\Phi,d}(a, b), \\ \sigma_x &= \sum_a (a - \mu_x)^2 \sum_b P_{\Phi,d}(a, b), \\ \sigma_y &= \sum_b (b - \mu_x)^2 \sum_a P_{\Phi,d}(a, b),\end{aligned}$$

où $P_{\Phi,d}(a, b)$ est l'entrée dans la matrice de cooccurrence P pour les valeurs de niveau de gris a et b pour tout couple de pixels de l'image.

Énergie	$\sum_{a,b} P_{\Phi,d}^2(a,b)$
Entropie	$\sum_{a,b} P_{\Phi,d}(a,b) \log_2 P_{\Phi,d}(a,b)$
Probabilité maximum	$\max_{a,b} P_{\Phi,d}(a,b)$
Contraste (avec $\kappa = 2$ et $\lambda = 1$ en général)	$\sum_{a,b} a-b ^\kappa P_{\Phi,d}^\lambda(a,b)$
Moment de la différence inverse	$\sum_{a,b; a \neq b} \frac{P_{\Phi,d}^\lambda(a,b)}{ a-b ^\kappa}$
Corrélation	$\frac{\sum_{a,b} [(a \cdot b) P_{\Phi,d}(a,b)] - \mu_x \mu_y}{\sigma_x \sigma_y}$
...	...

TAB. 2.1 – *Quelques caractéristiques calculées avec la matrice de cooccurrence.*

Ces caractéristiques servent de critères pour la classification des textures de l'image. Dans [14], cette technique a été utilisée pour extraire 13 caractéristiques de texture décrivant la morphologie des motifs présents sur le frustule de diatomées. Les images de diatomées ont été divisées en zones et ces caractéristiques ont été calculées pour chacune de ces zones. Elles ont ensuite été insérées dans un vecteur de caractéristiques qui a été comparé à d'autres vecteurs de référence. Les distances utilisées et les résultats de l'application de cette technique sont présentés à la section 2.4.1.

Analyse spectrale par la transformée de Fourier

L'analyse spectrale d'une image par la transformée de Fourier est utilisée afin d'obtenir une représentation de l'image dans le domaine des fréquences. En effet, l'image peut être considérée comme un signal discret à deux dimensions. La transformée de Fourier bidimensionnelle permet alors d'analyser les

composantes fréquentielles du signal de l'image en le décomposant en séries de sinus et cosinus. Pour un signal continu $f(x, y)$, on obtient la transformée $F(u, v)$, avec u et v les fréquences spatiales, selon la formule suivante :

$$F(u, v) = \int_{-\infty}^{+\infty} \int_{-\infty}^{+\infty} f(x, y) e^{-j2\pi(ux+vy)} dx dy, \quad (2.1)$$

où $j = \sqrt{-1}$. L'intérêt de cette transformée est qu'elle est inversible, ce qui permet d'appliquer certaines opérations algébriques dans le domaine des fréquences ainsi que la transformée inverse F^{-1} afin de récupérer le signal original,

$$f(x, y) = F^{-1}(u, v). \quad (2.2)$$

En pratique, étant donné la nature discrète de nos images, nous calculons la transformée de Fourier discrète bidimensionnelle de l'image et son spectre d'amplitude (le module de la transformée de Fourier discrète). Puisque la transformée de Fourier 2D comporte des valeurs imaginaires, et afin d'analyser les informations dans le domaine des fréquences, on utilise les valeurs réelles du spectre d'amplitude. Si nous avons une image de taille $N \times M$, notée $i(x, y)$ avec $x = 0, \dots, (N - 1)$ et $y = 0, \dots, (M - 1)$, alors sa transformée de Fourier $I(u, v)$ est

$$I(u, v) = \frac{1}{MN} \sum_{x=0}^{M-1} \sum_{y=0}^{N-1} i(x, y) e^{-j \cdot 2 \cdot \pi \left(\frac{ux}{M} + \frac{vy}{N} \right)}, \quad (2.3)$$

pour $\frac{M}{2} \leq u \leq \frac{M}{2} - 1$ et $\frac{N}{2} \leq v \leq \frac{N}{2} - 1$. Le spectre d'amplitude est

$$A(u, v) = \log(1 + |I(u, v)|). \quad (2.4)$$

Le logarithme du spectre d'amplitude est calculé afin d'obtenir une meilleure

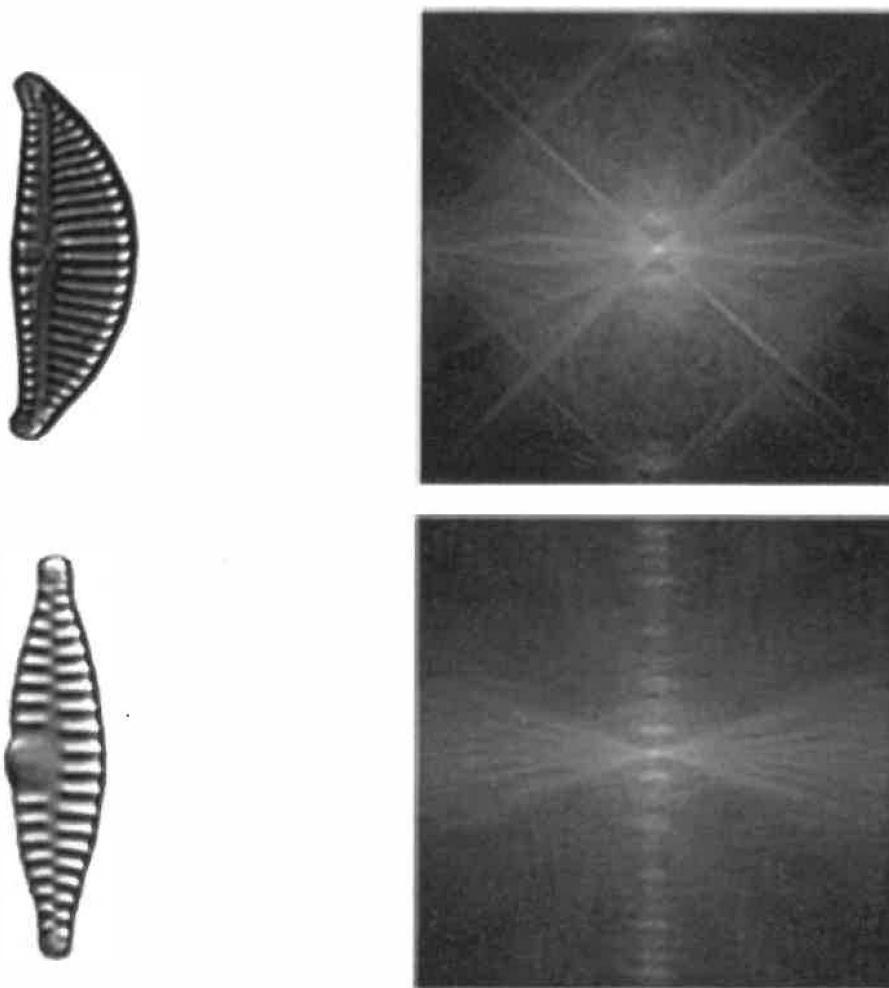


FIG. 2.6 – Exemple de transformée de Fourier (spectre d'amplitude) de deux images de diatomées

représentation visuelle. La valeur centrée $A(0,0)$ est ignorée, car cette valeur correspond à la composante continue de la décomposition en fréquences du signal, soit la valeur moyenne des niveaux de gris de l'image.

La transformée de l'image permet d'agir directement et de façon sélective sur les fréquences de l'image, que ce soit pour les basses, les hautes fréquences, celles ayant une direction particulière, etc. Les opérations de filtrage sont notamment très utilisées dans le domaine fréquentiel, tels que les filtres passe-haut, passe-bas, passe-bande, ... (ce qui paraît logique, étant donné leur nature fréquentielle). À partir de cette représentation fréquentielle, on peut extraire des caractéristiques de directionnalité et de qualité de la texture selon le rayon et l'angle du spectre d'amplitude ou de **puissance** (le carré du spectre d'amplitude) de l'image. De plus, le spectre de puissance est invariant en translation.

En calculant l'énergie présente en certains points du spectre de puissance, on peut également déduire des caractéristiques de finesse, de grossièreté ou détecter des directions privilégiées de la texture. Le problème est que ces calculs de caractéristiques sont sensibles à l'échelle et à l'orientation de l'image traitée. De plus, la transformée de Fourier ne fournit des informations que pour des signaux stationnaires, c'est-à-dire dont la fréquence ne varie pas le long de l'image. Or, pour une image de diatomées, les motifs analysés varient selon leur position, et la transformée de Fourier ne peut fournir d'information de nature spatiale sur ces motifs. Cette information peut être importante quand il s'agit de signaux non stationnaires (ce qui est le cas pour des scènes naturelles). Pour ces raisons, nous utiliserons plutôt la transformée de Fourier fenêtrée.

Analyse par la transformée de Fourier fenêtrée

Les motifs d'une diatomée peuvent être décrits comme un système de textures orientées, ayant des orientations et des fréquences locales de stries variant progressivement dans l'image. Ce système peut être assimilé à un signal bidimensionnel non-linéaire, puisqu'il varie dans l'image. Il faut donc analyser ce signal à la fois en dimension fréquentielle et en dimension spatiale.

Le principe de la transformée de Fourier fenêtrée est basé sur une de fenêtre coulissante parcourant l'image. Dans le cas de données continues, le signal original est multiplié localement par un signal non-nul dans une fenêtre se déplaçant le long du signal original. Dans cette fenêtre, le signal est considéré comme stationnaire. Pour un signal unidimensionnel $x(t)$ et une fonction de fenêtrage $w(t)$ (en général, on utilise une fenêtre de Hann, de Hamming ou une gaussienne centrée en 0). On définit, respectivement, les transformées de Fourier fenêtrées continue (2.5) et discrète (2.6) comme suit ;

$$X(\tau, \omega) = \int_{-\infty}^{\infty} x(t)w^*(t - \tau)e^{-j\omega t} dt, \quad (2.5)$$

$$X(m, \omega) = \sum_{n=-\infty}^{\infty} x(n)w^*(n - m)e^{-jn\omega}. \quad (2.6)$$

où τ est la position spatiale continue de la fenêtre $w(t)$, m est la position spatiale de la fenêtre dans le domaine discret, ω est la fréquence et $x(t)$ est le signal original.

La transformée de Fourier est calculée à différents intervalles du signal, ce qui conduit à une représentation temps-fréquence du signal unidimensionnel. Pour une image, le principe est le même. On fait coulisser une fenêtre 2D

de taille fixe le long de l'image, laquelle est convoluée à l'image originale et on calcule sa transformée de Fourier. Un exemple de l'image résultante est illustré à la figure 2.7 ; le détail d'une image (a et b) est convolué avec une fenêtre de Hamming (c). On calcule la transformée de Fourier du résultat de cette multiplication (d), ce qui produit le résultat final en (e).

La transformée de Fourier fenêtrée permet d'obtenir des informations locales quant à l'orientation et la fréquence du signal. Elle permet donc d'obtenir des informations non seulement de nature fréquentielle mais également temporelle dans le cas unidimensionnel, d'où son autre appellation de *transformée de Fourier à court terme*. Pour une image, l'information sera donc fréquentielle et spatiale. L'orientation et la fréquence peuvent se calculer à partir des maxima du spectre d'amplitude. En effet, puisque nous avons éliminé la composante constante du signal, le seuillage binaire de la transformée de Fourier fera apparaître deux pics symétriques par rapport à l'origine. Ces deux pics correspondent à la fréquence des bandes de l'image (voir figure 2.8). On peut alors calculer la fréquence des bandes à partir de la distance d de ces pics à l'origine, et l'orientation α des bandes à partir de l'angle formé entre l'axe des abscisses et la position des pics.

L'analyse par transformée de Fourier fenêtrée n'est pas sans inconvénient. L'image étant de nature discrète, la subdivision de l'image en fenêtres peut entraîner des chevauchements ou encore des coupures faussant l'analyse des zones analysées. De plus, la mesure de l'orientation et de la fréquence des motifs est surtout efficace pour des textures artificielles. Cette mesure est moins fiable lorsqu'on analyse des textures naturelles comme les stries de diatomées.

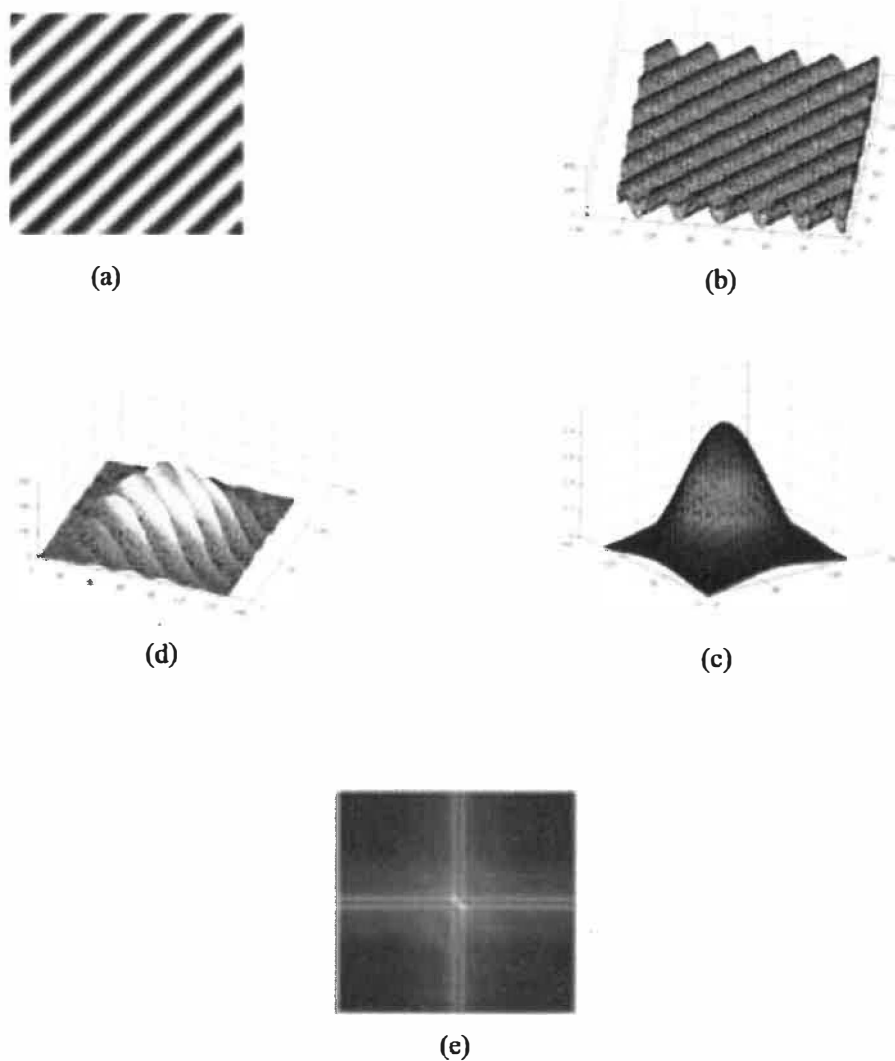


FIG. 2.7 – Transformée de Fourier fenêtrée du détail d'une image.

Dans [16], une autre technique, basée également sur la transformée de Fourier fenêtrée, est utilisée pour l'analyse des motifs que constituent les empreintes

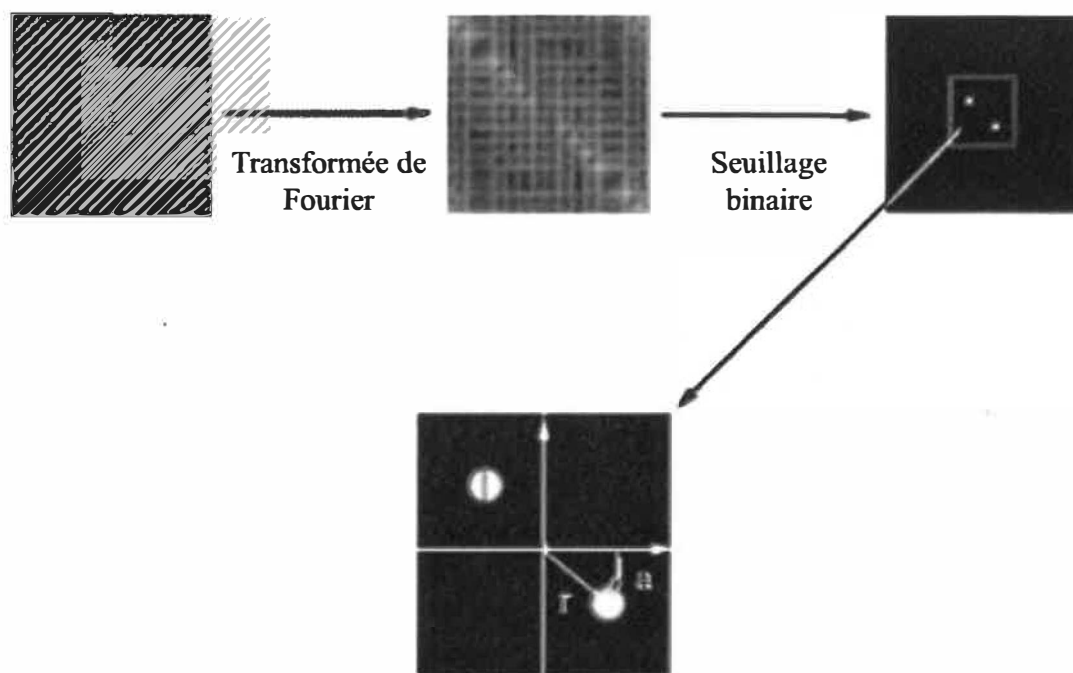


FIG. 2.8 – Calcul de l'orientation et de la fréquence des bandes d'une image.

digitales. Dans cette application, la fenêtre utilisée est d'une forme particulière qui préserve la continuité des crêtes constituant les empreintes. Le plus intéressant est la manière dont sont calculées l'orientation et la fréquence dans la fenêtre. On utilise une approche probabiliste visant l'approximation des valeurs moyennes de l'orientation et de la fréquence dans la fenêtre. Dans [16], les crêtes des empreintes digitales sont traitées comme des ondes, avec une fréquence et une orientation ; la transformée de Fourier correspond à une distribution de ces ondes. On considère la transformée de Fourier fenêtrée en coordonnées polaires $TFF(r, \theta)$, et le spectre d'amplitude est représenté par la fonction de densité de probabilité conjointe $p(r, \theta)$. Les fonctions de

densités marginales $p(r)$ et $p(\theta)$ sont respectivement la densité angulaire et la densité fréquentielle du signal original. Ces fonctions sont définies comme suit :

$$p(r, \theta) = \frac{|TFF(r, \theta)|^2}{\int_r \int_\theta |TFF(r, \theta)|^2}, \quad (2.7)$$

$$p(r) = \int_\theta p(r, \theta) d\theta, \quad (2.8)$$

$$p(\theta) = \int_r p(r, \theta) dr. \quad (2.9)$$

On peut déduire que les estimations, statistiquement optimales, de l'orientation moyenne $E\{\theta\}$ et la fréquence moyenne $E\{r\}$ dans la fenêtre sont ;

$$E\{\theta\} = \frac{1}{2} \arctan \frac{\int_\theta p(\theta) \sin 2\theta d\theta}{\int_\theta p(\theta) \cos 2\theta d\theta}, \quad (2.10)$$

$$E\{r\} = \int_r p(r) r dr. \quad (2.11)$$

On obtient les fréquences et les orientations moyennes des stries, localisées dans l'image, qui permettent de décrire les motifs analysés. Cette approche conduit à une carte des orientations et des fréquences des motifs, lesquelles peuvent constituer des caractéristiques suffisantes pour la discrimination de textures selon leur motif.

Néanmoins, il ne faut pas oublier l'importance de la fenêtre utilisée lors de la transformée de Fourier fenêtrée. En effet, on utilise généralement des fenêtres de Hamming, de Hann ou une gaussienne. Les caractéristiques calculées dépendent de la nature et de la forme de la fenêtre.

De plus, les calculs des caractéristiques de fréquence et des orientations sont sensibles à l'échelle et à l'orientation de l'image. Dans [17], on propose une représentation spacio-fréquentielle locale des textures d'une image par un histogramme considéré comme une caractéristique statistique pour la classification des textures. Cet histogramme correspond à une distribution marginale des réponses de banques de filtres, avec des fréquences et des orientations prédéfinies. Cette représentation encode implicitement la structure de l'image à travers une étape de filtrage. L'image est donc transformée en des vecteurs de caractéristiques suite à l'application d'une série de filtres non-linéaires et de lissage, car les réponses des filtres ne sont pas homogènes, même dans une région de texture homogène. Une autre approche est l'étude multi-résolutions de l'image dans le domaine fréquentiel, soit la transformée de Fourier multi-résolutions qui est une généralisation des transformées en ondelettes de Gabor [14, 18, 19].

Analyse par la transformée de Gabor

Les filtres de Gabor constituent une méthode de traitement fenêtré du signal, soit une sous-classe des filtres par fenêtre de Fourier. L'application de plusieurs filtres sinusoidaux module une fenêtre de forme gaussienne de variance σ , et ils permettent l'extraction des informations sur les fréquences spatiales locales du signal représentant l'image et fournissent des caractéristiques structurelles de l'image. Un exemple de filtre de Gabor est donné par la for-

mule

$$g(t, \sigma, \omega) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma} e^{-\frac{t^2}{2\sigma^2}} e^{j\omega t}}, \quad (2.12)$$

où $j = \sqrt{-1}$, σ est la variance de la fenêtre gaussienne et ω est la fréquence de la sinusoïde modulant la fenêtre gaussienne.

Le principal intérêt de ces filtres est qu'ils sont invariants en rotation et en translation ; ils sont également très peu sensibles au bruit gaussien. L'utilisation du spectre de puissance de Fourier du signal filtré permet des mesures de directionnalité et de rugosité des textures.

Dans [14], on découpe l'image en zones avec une grille. Cela permet de calculer des caractéristiques pour chaque zone de la grille. Ces caractéristiques sont issues du filtrage de Gabor des zones de l'image. On obtient un graphe où chaque nœud correspond à un vecteur de caractéristiques de la sous-région de la texture analysée dans la zone correspondante, ce qui permet une invariance en échelle par la variation de la position des nœuds. Le principal problème des filtres de Gabor est le choix du nombre et de la taille des fenêtres des filtres de Gabor utilisés.

2.4 L'identification et la classification

Il existe plusieurs méthodes de classification visant la reconnaissance des diatomées. On utilise un classificateur qui assignera chaque objet (diatomée) à une classe (espèce), par l'entremise d'une fonction discriminante des

différentes classes.

2.4.1 Classification par la distance

Les classificateurs par la distance s'appuient sur le calcul de la distance entre le vecteur moyen des caractéristiques des classes connues et le vecteur des caractéristiques calculé pour l'objet analysé. L'objet est assigné à la classe dont la distance est minimale. Les différents classificateurs par distance se distinguent par leur fonction discriminante.

Dans [5], on utilise un classificateur euclidien, le plus simple des classificateurs. Sa fonction discriminante est la distance euclidienne entre le vecteur des caractéristiques de l'objet analysé et le vecteur moyen des classes. Les auteurs analysent la courbure du contour de deux ensembles d'images : 120 images de *Sellaphora pupula*, comprenant 6 sous-ensembles ayant des morphologies proches, et 181 images de 37 types divers aux formes variées. Pour le premier ensemble, avec un vecteur de 4 caractéristiques, la classification par distance euclidienne donne un taux de réussite de 100 % pour le groupe test et de 97.5 % pour le groupe d'apprentissage. Quant au deuxième ensemble, avec un vecteur de 10 caractéristiques (différentes de celles utilisées pour le premier ensemble), on obtient une classification correcte à 89.5%. Le classificateur de Bayes [10] est également appelé "classificateur optimal" car il minimise la probabilité d'erreur de classification. Ce classificateur est basé

sur la règle de Bayes :

$$p(X) = \sum_{i=1}^C p(X|\omega_i)p(\omega_i), \quad (2.13)$$

où $p(X|\omega_i)$ est la densité de probabilité d'observer X étant donné la classe ω_i , $p(\omega_i)$ est la probabilité *a priori* d'avoir la classe ω_i , $p(\omega_i|X)$ est la probabilité *a posteriori* que la classe correcte soit ω_i quand on observe X , et $p(\omega_i|X) = \frac{p(\omega_i)p(X|\omega_i)}{p(X)}$.

Le principal inconvénient de ce classificateur est qu'il est rarement possible de calculer exactement les probabilités *a posteriori*. Les résultats de [10] sont néanmoins intéressants car avec un échantillon test de 20 spécimens couvrant tout le cycle de vie de l'espèce *Navicula reinhardtii*, et un ensemble test de 60 espèces contenant chacune 20 spécimens à plusieurs étapes de leur cycle de vie, le taux de bonne classification est de 93.3% pour un vecteur de 2 caractéristiques et de 100% pour 4 caractéristiques.

On peut également calculer des mesures de distance particulières. Par exemple, dans [4] on calcule la distance médiane entre le vecteur de contour d'une diatomée et ceux dans la base de données de référence, avec une tolérance d'erreur donnée. Des 4 images à analyser, dont 3 de la même espèce, on extrait des vecteurs de 200 caractéristiques de contour à comparer pour chaque image. Les 4 images sont correctement classées.

Dans [14], on découpe l'image en zones avec une grille de dimension fixe. Dans ces zones, on calcule des caractéristiques issues de transformée de Ga-

bor et de la matrice de cooccurrence des niveaux de gris. On associe à chaque zone le nœud d'un graphe. On introduit une distance variable entre les nœuds du graphe de l'image et ceux dans la base de référence. On utilise la technique du Leave-One-Out (chacune des images est utilisée pour la phase de test et les autres dans la phase d'apprentissage) sur 38 espèces de diatomées, comprenant chacune 3 à 6 images par espèce. L'utilisation des caractéristiques issues d'une analyse combinant la transformée de Gabor et la matrice de cooccurrence des niveaux de gris permet d'atteindre un taux de succès de 98%.

2.4.2 Les réseaux de neurones

Une autre technique de classification très utilisée est celle des réseaux de neurones. Un neurone, équivalent à un processeur élémentaire, calcule la somme pondérée des signaux qui lui sont soumis, Cette somme est comparée à un seuil et à un paramètre pour calculer la sortie du neurone. Dans [11], on utilise un classificateur LVQ (*Learning vector Quantization*), dont le principe inclut un apprentissage supervisé. Des vecteurs de caractéristiques sont soumis à un réseau multi-couches de neurones. Le réseau réajuste les vecteurs des poids associés aux nœuds du réseau de manière à minimiser le taux global de classification. Les caractéristiques retenues pour plusieurs espèces de diatomées sont le maximum du spectre de puissance, l'énergie totale et la bande-passante regroupant 95% de l'intensité du spectre de puissance. Pour l'ensemble des nœuds du réseau, l'entraînement s'effectue par un apprentissage non-supervisé avec un seul neurone actif à la fois. La couche cachée

utilise un algorithme non-supervisé permettant le regroupement en classes des vecteurs caractéristiques. La couche visible utilise quand à elle un algorithme supervisé, où l'utilisateur est informé de la classe retenue pour chaque image analysée. Le nombre de neurones dans chacune des couches dépend du nombre d'espèces à classer. Le taux de classification obtenu est de 100%.

2.5 Le projet ADIAC

Le projet ADIAC (*Automatic Diatom Identification and Classification*) a été initié par le programme européen MAST (*MARine and Science Technology*). Lancé en mai 1998, ce projet s'est étalé sur 3 années et regroupait des spécialistes de plusieurs disciplines telles que la biologie, la vision et les mathématiques. Le projet ADIAC visait la recherche et le développement d'algorithmes d'identification et de classification des espèces de diatomées [6]. Ses objectifs étaient multiples : en premier lieu, ce projet visait à automatiser le processus d'acquisition des images et d'identification des diatomées, processus laborieux et répétitif. À cette fin, une base de données de quelques 3400 images prétraitées a été mise à la disposition de tous sur Internet [7], permettant ainsi à la communauté scientifique de tester les méthodes proposées durant le projet et le développement de nouvelles méthodes. Ensuite, ce projet devait faciliter la tâche des experts qui, confrontés à des milliers d'espèces différentes, connaissent des difficultés quant à leur identification sur des bases purement morphologiques. Pour cela, les méthodes utilisées dans ce projet devaient utiliser des techniques connues en traitement d'image et

en reconnaissance de formes, ainsi que des techniques nouvelles et spécifiques à l'étude des images de diatomées. Ces méthodes devaient suffire à décrire entièrement les images de diatomées, prenant en compte à la fois la forme du contour et les motifs de l'ornementation de la coque des diatomées. De plus, les paramètres de ces méthodes devaient être à la fois limités en nombre et assurer la fiabilité du processus d'identification. Il faut comprendre que ces deux points sont les sources d'une grande perte de temps dans le travail d'analyse des biologistes, ainsi que les causes d'un taux d'erreur d'identification important, pouvant atteindre une moyenne proche de 37% [8].

2.5.1 Les méthodes abordées dans le projet ADIAC [9]

Dans le cadre du projet ADIAC, des techniques conventionnelles d'identification ont été utilisées à partir de caractéristiques géométriques telles que la forme du contour, les classes de symétrie, des descripteurs de forme (rectangulaire, circulaire ou ellipsoïdale), la longueur, la largeur, la taille, les descripteurs de Fourier, etc. De plus, des méthodes plus spécifiques aux diatomées ont également été utilisées : l'analyse de la courbure de segments convexes ou concaves du contour, la description de la forme du contour par les polynômes de Legendre associés à la transformée de Gabor. D'autres caractéristiques des motifs ont également été analysées : la densité des motifs, leur orientation, la fréquence horizontale ou encore la largeur de l'aire axiale de l'ornementation des espèces analysées. Cependant, les caractéristiques issues de l'analyse des motifs ont été exclusivement associées à celles produites à partir de l'analyse de la forme du contour, donnant ainsi de bons résultats

(dépassant les 90% de classification correcte pour un ensemble de 1009 images de diatomées de 48 genres différents). Les classificateurs variaient selon les techniques d'extraction des caractéristiques utilisées, comprenant des arbres et des forêts de décisions, ainsi que des classificateurs de Bayes ou encore du plus proche voisin.

2.5.2 Les résultats du projet ADIAC

Au terme de la durée de ce projet précurseur, les résultats obtenus se sont montrés très satisfaisants, donnant des taux de bonne classification supérieurs à 96 % en utilisant l'ensemble des méthodes abordées, et surpassant même les résultats des experts humains. Néanmoins, ADIAC demeurait un projet pilote. En effet, des problèmes issus des particularités de certaines espèces n'ont pu être résolus et l'élaboration d'un produit logiciel fini, spécifique à l'étude des diatomées, n'a pu aboutir. L'étendue de ce domaine est en effet trop vaste pour un projet de seulement 3 années. De plus, les images utilisées pour les tests d'identification et de classification ne regroupaient au maximum que 48 genres différents de diatomées, chaque genre comptant 20 images pour l'apprentissage des classificateurs utilisés. Les résultats de ce projet ne pouvaient donc être généralisables, les performances des techniques utilisées n'ayant pu être testées sur d'autres genres potentiellement plus complexes.

2.5.3 L'approche par la structure interne

Nous avons pu constater que les caractéristiques morphologiques permettant l'identification et la classification des diatomées étaient :

- la forme et les facteurs de taille du contour du frustule,
- l'organisation et la densité du système côtes/stries,
- l'espacement et la structure des pores,
- la présence éventuelle d'un raphé ou d'un motif central particulier.

Nous pouvons constater que 3 de ces 4 points visent la structure des motifs présents sur les valves des diatomées. L'ornementation est donc une caractéristique majeure de l'identification et de la classification des espèces de diatomées. L'ornementation peut dès lors être considérée comme une texture particulière à analyser, ce qui est un sujet de prédilection de la vision par ordinateur. Les principales approches visant l'identification et la classification des diatomées ayant été jusqu'à maintenant centrées sur la forme du contour, nous nous proposons dans le présent mémoire d'exposer les résultats de nos recherches sur l'analyse exclusive de la morphologie de motifs. Comme ceux-ci ne sont pas forcément réguliers sur toute la surface de la valve analysée, ils nécessitent des techniques permettant de rapporter l'information morphologique de ces structures à un niveau local.

2.6 Objectif et méthodologie

L'intérêt des spécialistes en analyse automatique d'images pour les diatomées a débuté dans les années 1970-1980. Malheureusement, cet intérêt n'a donné que peu de résultats significatifs sur la recherche dans ce domaine, notamment à cause d'un matériel trop coûteux et trop spécialisé à l'époque [6]. Néanmoins, de nombreuses méthodes ont pu être expérimentées et pu ainsi démontrer leur efficacité en ce qui concerne l'analyse de la forme des contours des diatomées. Certaines de ces méthodes sont considérées comme étant assez puissantes (polynômes de Legendre, coefficients de Fourier), d'autres méthodes sont plus classiques (régularité du contour, symétrie). Combinées à une analyse statistique multivariée (par exemple l'analyse en composantes principales), ces méthodes constituent un puissant outil pour l'identification des espèces de diatomées et permettre de résoudre le problème particulier de la variation des formes d'une même espèce au cours de son cycle de vie.

Cependant, un point demeure problématique : toutes ces études n'ont porté que sur l'analyse de la forme du contour d'un nombre limité d'espèces, ce qui réduit grandement l'impact des résultats face au grand nombre d'espèces de diatomées connues à ce jour. C'est ainsi qu'est né le projet ADIAC. L'approche que nous avons retenue est décrite dans le chapitre suivant.

Chapitre 3

Le prétraitement des images

3.1 Les images utilisées

3.1.1 La qualité des images

La bonne qualité des images est un élément essentiel d'une bonne analyse. Dans le cadre de notre projet, nous disposons d'un ensemble de 2500 images en niveaux de gris, dont la valeur est comprise entre 0 - noir - et 255 - blanc, représentant 52 espèces différentes de diatomées. Ces images ont été prises à partir d'échantillons prélevés dans le cadre d'un projet à la section de géographie du département des Sciences Humaines de l'Université du Québec à Trois-Rivières sous la supervision du professeur Stéphane Campeau. Néanmoins, le mode d'acquisition conduit à certaines difficultés quant à leur analyse.

Le fond de l'image

Certaines perturbations sont inhérentes à ce type d'image, notamment la présence d'interférences dans le fond des images (figure 3.1.). Ces in-

terférences peuvent provenir de la présence d'autres organismes, de poussières ou encore conséquents d'un réglage inadéquat de l'éclairage sous le microscope binoculaire.

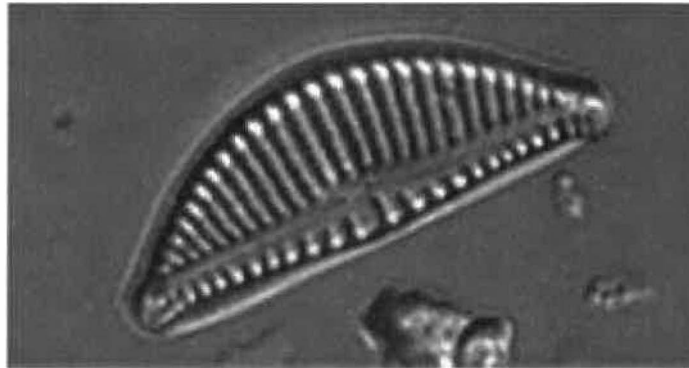


FIG. 3.1 – *Exemple avec des interférences dans le fond de l'image.*

La présence d'interférences n'est pas forcément un problème dans le cas d'une observation à l'œil nu, mais elle peut le devenir lorsqu'il s'agit d'analyser automatiquement l'image. En effet, une solution logicielle ne fera pas la distinction entre ces interférences et les diatomées que nous voulons analyser, ce qui peut fausser la phase d'extraction des structures d'intérêt. Conséquemment, on doit isoler la diatomée du fond de l'image.

L'orientation des images

L'orientation de la diatomée peut également fausser l'interprétation lors de l'analyse. Puisque nous nous intéressons à l'orientation des motifs de la structure interne des diatomées, il faut normaliser l'orientation générale de

chaque diatomée afin de pouvoir en extraire des caractéristiques discriminantes.

La phase d'extraction des diatomées a du fond de la scène été effectuée "à la main" à l'aide d'un logiciel standard de dessin. Par ailleurs, l'étape de normalisation, soit l'orientation verticale selon le plus grand axe des diatomées, a été réalisée à l'aide d'un programme en C++. Le but de notre recherche n'était pas de trouver un moyen d'extraire la diatomée de l'image et de les réorienter, mais bien de nous concentrer sur l'analyse des motifs de la structure interne et la classification des espèces.



FIG. 3.2 – Version "épurée" de l'image de la figure 3.1

Luminosité et contraste

D'autres problèmes peuvent également apparaître suite à l'acquisition de l'image sous microscope binoculaire. Certaines images possèdent une luminosité inégalement répartie sur l'image, créant ainsi un déséquilibre dans la répartition des niveaux de gris de la diatomée. Lors de l'extraction des motifs de la structure interne, ceux-ci peuvent être tronqués et donc fausser l'analyse. Nous avons choisi les images les plus nettes et les moins susceptibles d'entraîner des erreurs lors de l'extraction des motifs des structures internes.

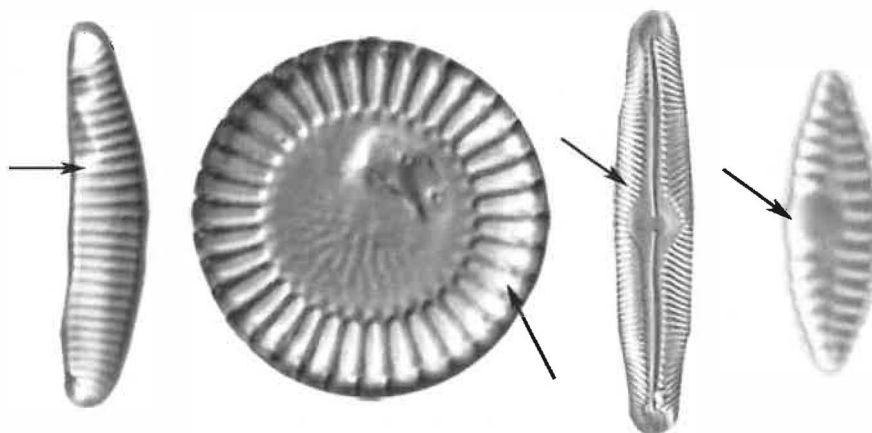


FIG. 3.3 – *Problèmes de luminosités.*

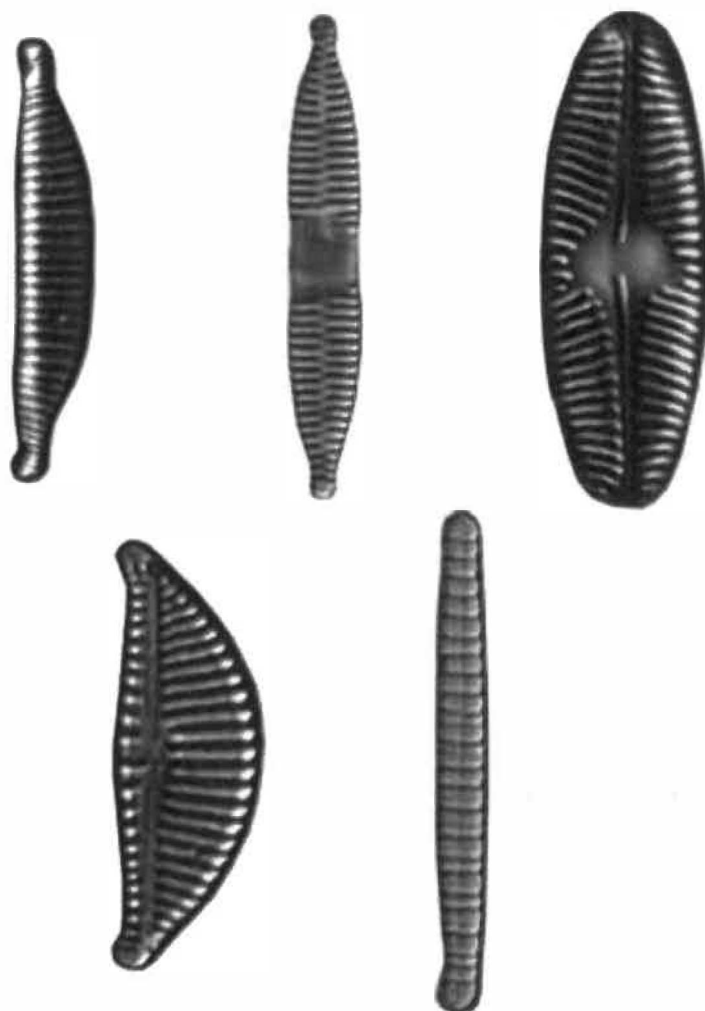


FIG. 3.4 – Exemples d'images nettes.

3.2 Les techniques de prétraitement

Suite au "nettoyage" du fond des images de diatomées, il nous faut traiter les imperfections présentes sur la diatomée et faire ressortir les structures qui

nous intéressent. À cette fin, deux étapes sont nécessaires : l'atténuation du bruit et l'accentuation des motifs de la structure interne.

3.2.1 L'atténuation du bruit

Les images de diatomées peuvent subir des dégradations, présence de *bruit*, pouvant provenir de diverses sources. Le bruitage peut être lié au contexte de l'acquisition, à l'échantillonnage numérique de l'image. Par exemple si l'image possède un niveau de détail plus fin que la fréquence d'échantillonnage, ou encore être causé par les capteurs optiques et électroniques utilisés lors de l'acquisition de l'image. Des altérations peuvent provenir d'une sur-illumination ou d'une sous-illumination résultant d'un éclairage inadéquat, ou encore être due à un flou causé par une mauvaise mise au point. Ces bruits peuvent être décrits comme des variations isolées de pixels, non-corrélées entre elles dans leur répartition spatiale [20]. Plus généralement, le bruit présent dans une image peut être décrit comme de brusques variations des niveaux de gris dans des régions normalement homogènes. Il existe plusieurs techniques permettant de réduire le bruit.

Nous utilisons une méthode locale, utilisant l'information de chaque pixel, ainsi que celle contenue sur les pixels voisins du pixel traité ; plus spécifiquement, nous utilisons un filtre opérant par convolution spatiale.

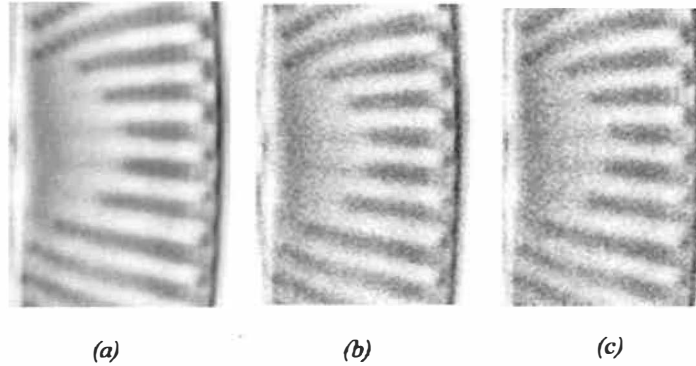


FIG. 3.5 – Exemples de bruit sur une image de diatomée : (a) image nette, (b) bruit uniforme, (c) bruit gaussien.

Le filtrage par convolution spatiale

Une image peut être une matrice de taille $N \times M$ (où N est sa hauteur et M est sa largeur), avec des valeurs de niveaux de gris dans chacune de ses entrées. Dans le processus de convolution, on applique une fenêtre sur cette matrice, suivant le schéma de la figure 3.6. Cette fenêtre est de taille variable et généralement carrée. La nouvelle valeur $P(i, j)$ du pixel (i, j) est calculée par la formule suivante ;

$$P(i, j) = \sum_{i=-\frac{T}{2}}^{\frac{T}{2}} \sum_{j=-\frac{T}{2}}^{\frac{T}{2}} a(i, j) \cdot n(x+i, y+j), \forall (x, y) \in \{0..M-1, 0..N-1\}, \quad (3.1)$$

où $a(i, j)$ est le coefficient de pondération de chaque pixel (i, j) du voisinage du pixel traité, $n(x+i, y+j)$ est la valeur du niveau de gris du pixel $(x+i, y+j)$ et T est la taille de la fenêtre de convolution ($T = 3$ dans la figure 3.6).

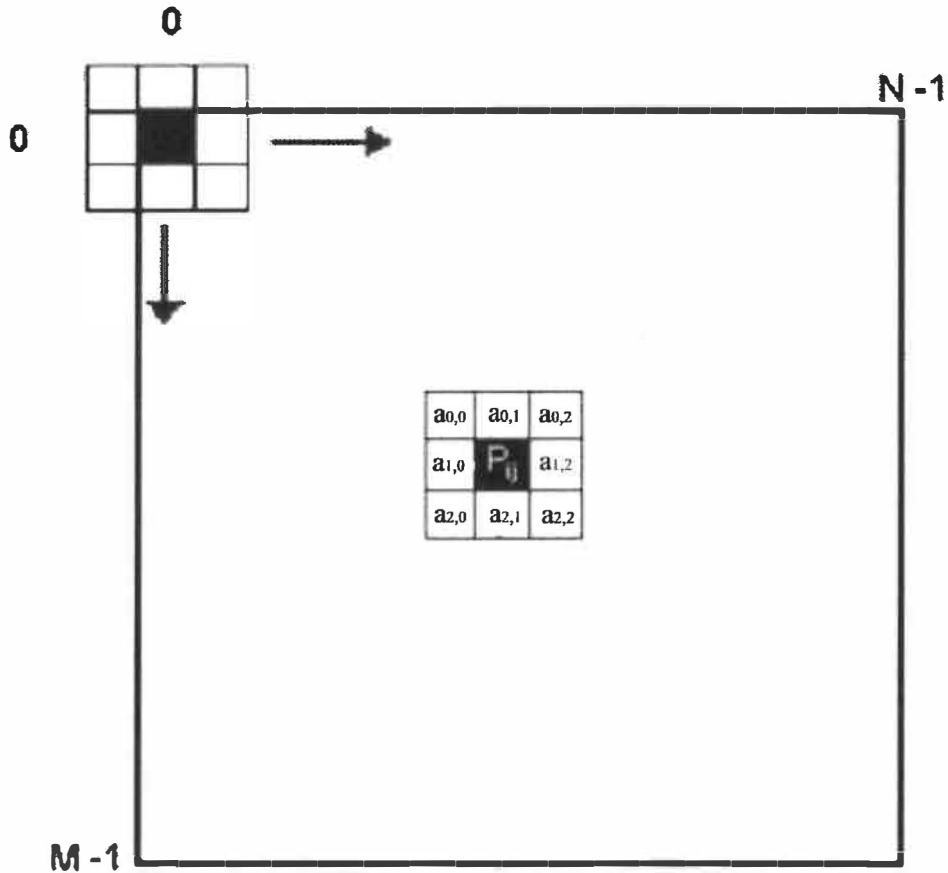


FIG. 3.6 – Convolution spatiale d'une image pour un filtre de 3×3 pixels.

Une convolution permet de calculer la valeur de niveau de gris du pixel analysé en fonction de la pondération des valeurs de ses pixels voisins. La pondération dépend de la transformation appliquée à l'image. Afin d'atténuer le bruit présent dans l'image, nous utilisons deux techniques courantes et reconnues pour leur efficacité, le filtrage médian et le filtrage gaussien. Ces

deux filtrages effectués par une convolution correspondent à des filtres passe-bas du signal 2D de l'image, les brusques variations constituant le bruit peuvent être considérées comme les parties de haute-fréquence du signal. Les filtres passe-bas auront comme effet de "lisser" le signal de l'image, et d'atténuer les valeurs des hautes fréquences (le bruit).

Le filtre médian

Le filtre médian est un filtre non-linéaire permettant de trouver un compromis entre l'atténuation du bruit et la conservation des détails de l'image. Son principe d'application est basé sur la notion statistique de médiane. Ce

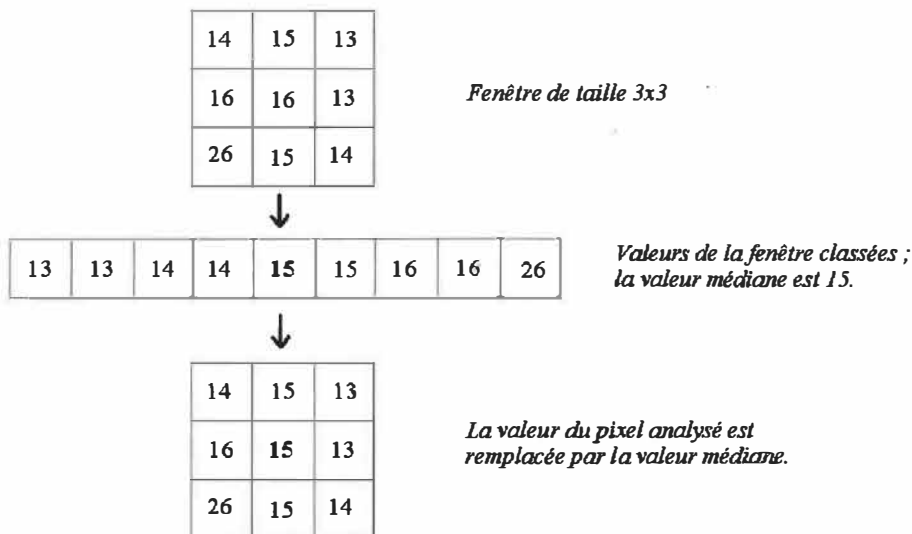


FIG. 3.7 – Exemple de filtrage médian à l'aide d'une fenêtre 3×3 .

Le filtre remplace la valeur d'un pixel par la médiane des valeurs des pixels de son voisinage. L'intérêt principal de ce filtre est qu'il conserve les motifs plus grand que la taille du filtre tout en atténuant le bruit et il élimine les détails plus fins. Le filtre médian conduit à l'homogénéisation et la segmentation des motifs les plus intéressants pour notre analyse. Le résultat de l'application de ce filtre est illustré aux figures 3.7 et 3.8.



FIG. 3.8 – Résultat du filtrage médian sur une image de diatomée. À gauche, l'image originale, au centre, le résultat du filtre médian 3×3 et à droite le résultat du filtre médian 5×5 .

Le filtre gaussien

Puisqu'on ignore le type de bruit présent dans l'image, c'est-à-dire le type d'interaction entre les pixels, l'hypothèse la plus simple est de supposer que

l'interaction entre les pixels suivra une loi moyenne, donc une loi gaussienne. Afin d'atténuer ce bruit, on utilise un filtre passe-bas de forme gaussienne (voir figure 3.9, avec $G(x, y) = \frac{1}{2\pi\sigma^2} e^{-\frac{x^2+y^2}{2\sigma^2}}$ la formule du filtre gaussien, et σ la variance de la gaussienne).

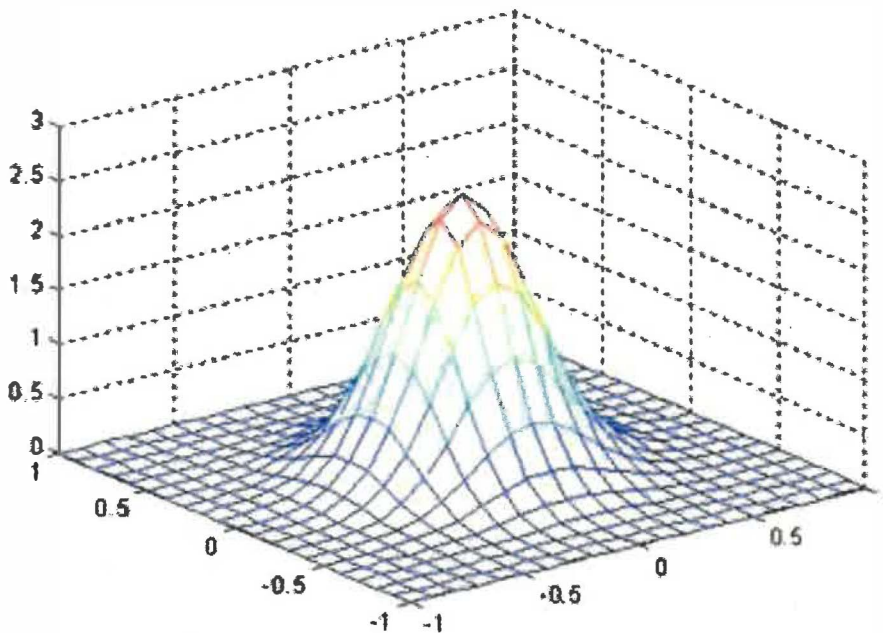


FIG. 3.9 – Représentation d'un filtre gaussien pour $\sigma = 0.25$ et $\mu = (0, 0)$.

Étant donné que le filtrage par convolution se fait sur des valeurs discrètes, les valeurs de pondération du filtre sont approximées. Dans la pratique, nous utilisons une valeur de déviation standard σ égale à 0.25 pour une fenêtre de taille 3×3 . La figure 3.10 illustre un exemple de résultat obtenu par un filtrage gaussien d'une image de diatomée.



FIG. 3.10 – *Résultat du filtrage gaussien sur une image de diatomée. À gauche, l'image originale, au centre, le résultat du filtre gaussien 3×3 et à droite, le résultat du filtre gaussien 5×5 .*

3.2.2 Le renforcement des motifs

Suite à l'application des filtres décrits précédemment, l'image est moins bruitée. Cependant, le filtrage gaussien entraîne une diminution de la finesse des détails des motifs à analyser. En effet, l'inconvénient de ce filtre est qu'il introduit un flou en lissant les bords des régions homogènes. La séparation de ces régions est donc moins nette et, dans notre cas, les motifs de la structure interne des diatomées sont moins facilement détectables.

Afin de mieux différencier les régions homogènes de l'image, et notamment la finesse des détails, il faut augmenter le contraste des niveaux de gris.

Modification de l'histogramme des niveaux de gris

L'histogramme des niveaux de gris des pixels d'une image permet de visualiser la fréquence d'apparition des niveaux de gris de l'image. La modification de l'histogramme d'une image peut apporter des améliorations quant au contraste et à la luminosité en modifiant la fréquence des pixels trop foncés ou trop clairs. Parmi les différentes modifications possibles, le recadrage permet d'augmenter les contrastes entre les régions homogènes de l'image. Cette opération étend la dynamique de l'histogramme (c'est-à-dire l'étendue des valeurs prises par les pixels de l'image), ce qui permet de mieux séparer les régions homogènes (voir la figure 3.11). Le principal intérêt de cette transformation est de faire ressortir les régions claires et les régions sombres, ce qui permet de mieux faire ressortir les motifs à extraire, ces motifs étant alors plus facilement détectables.

Le laplacien

Afin de faire ressortir les motifs de la structure interne des diatomées, la détection de leur contour est un moyen sûr de les localiser globalement dans l'image. À cette fin, nous recherchons les zones de l'image où il y a une forte variation des valeurs de niveau de gris, c'est-à-dire des zones de hautes

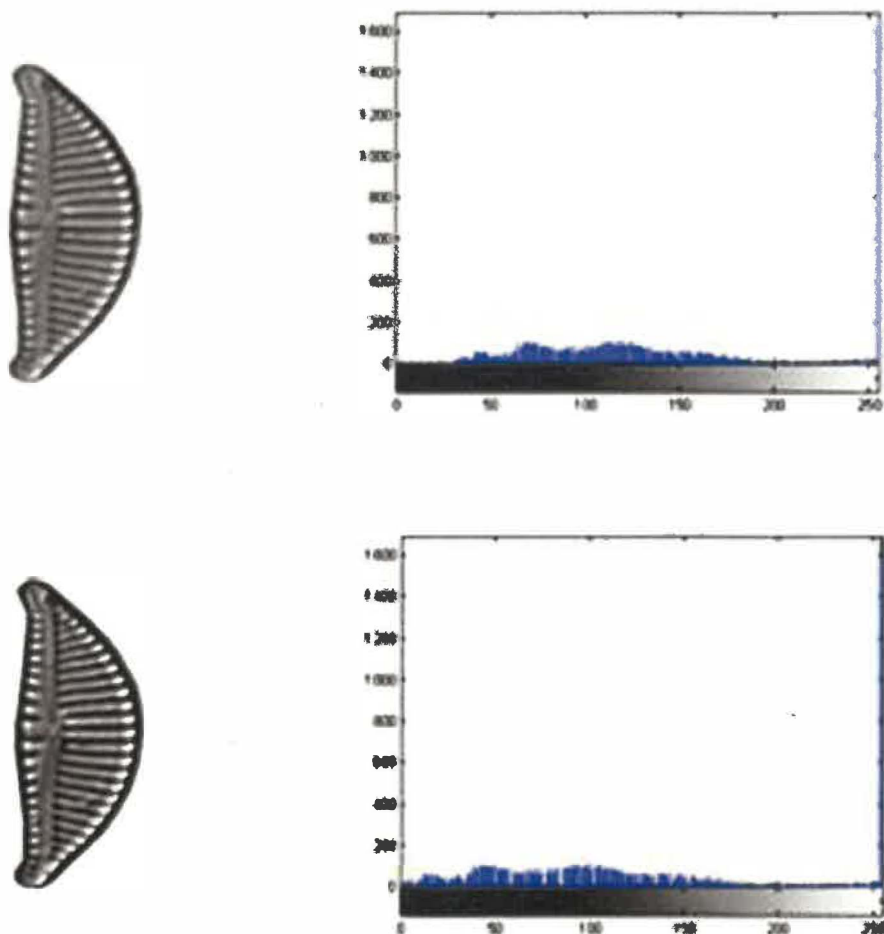


FIG. 3.11 – Image originale d'une diatomée et son histogramme (haut), l'image transformée par recadrage de son histogramme (bas).

fréquences. Cette variation forte correspond au passage à 0 de la dérivée seconde au voisinage d'un pixel. En fait, on doit calculer les quatre dérivées partielles d'ordre 2. Nous utiliserons le laplacien pour calculer les dérivées

partielles secondes principales des pixels (x, y) de l'image I selon la formule suivante ;

$$\nabla^2 I(x, y) = \frac{\partial^2}{\partial x^2} I(x, y) + \frac{\partial^2}{\partial y^2} I(x, y).$$

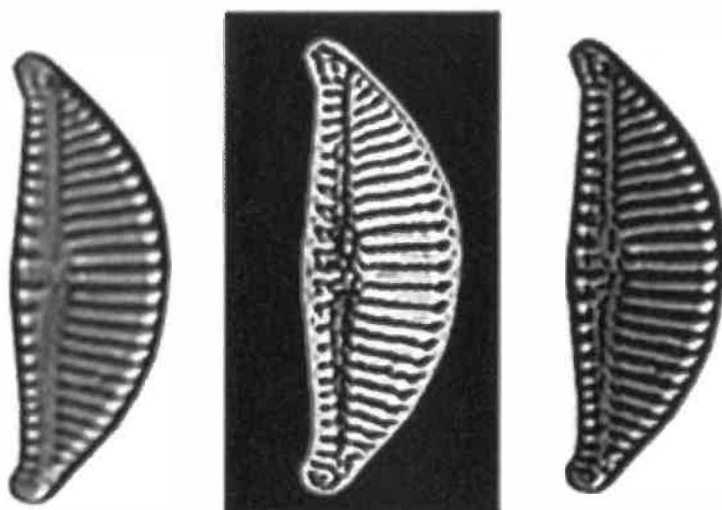


FIG. 3.12 – Laplacien de l'image d'une diatomée : image originale (gauche), laplacien 5×5 (centre), laplacien appliqué à l'image originale (droite).

Cet opérateur permet de faire ressortir les contours et d'éliminer les régions homogènes. Il joue donc le rôle de filtre passe-haut. Pour faire ressortir les contours des motifs de l'image, on additionne le résultat de l'application de cet opérateur à l'image originale.

L'intérêt de cet opérateur est qu'il agit de façon similaire au système visuel

humain pour détecter les contours [21].

3.3 Schéma global du prétraitement des images

En résumé, le prétraitement des images à analyser est donc constitué des trois étapes suivantes :

- le "nettoyage" des images, visant l'élimination du fond pour isoler les diatomées et standardisation de l'orientation,
- l'atténuation du bruit grâce au filtrage passe-bas par convolution des filtres médian et gaussien,
- l'accentuation des motifs et du contraste par recadrage de l'histogramme des images et le filtrage passe-haut suite à l'application du laplacien.

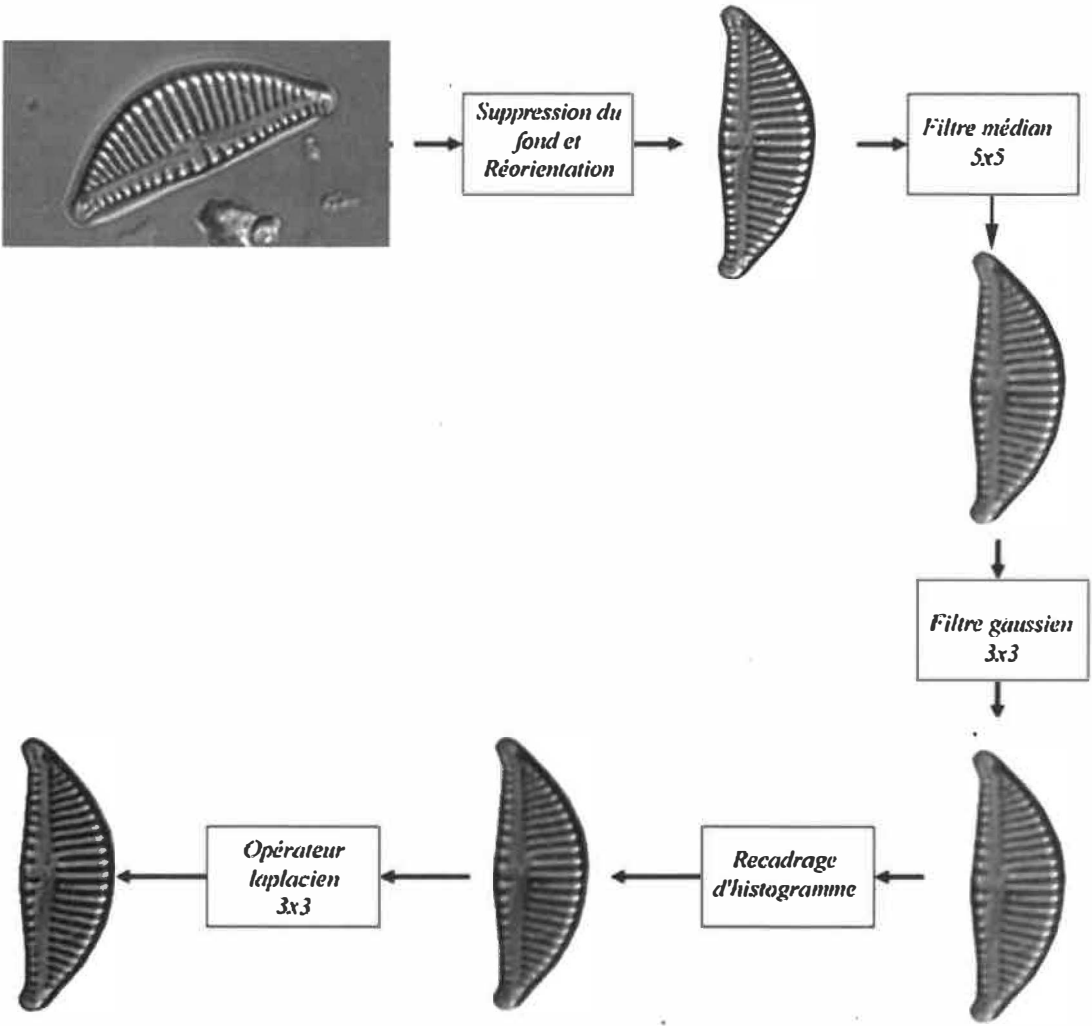


FIG. 3.13 – Les étapes du prétraitement.

Chapitre 4

Extraction des caractéristiques

Faisant suite au prétraitement des images de diatomées afin de faire ressortir leurs motifs, notre objectif est l'extraction des caractéristiques permettant la discrimination des différentes espèces de diatomées. Nous procéderons en 2 étapes, soit l'extraction des caractéristiques structurelles, et le calcul des fréquences et des orientations moyennes des stries présentes sur le frustule de chaque spécimen.

4.1 Extraction de la structure interne

Pour la première étape, il s'agit de trouver comment repérer les caractéristiques qui nous intéressent : la présence ou l'absence d'un raphé, sa position sur le frustule (s'il est centré ou non), ainsi que la présence d'un nodule. À cette fin, nous utiliserons plusieurs des techniques présentées dans les chapitres précédents.

Plusieurs étapes sont nécessaires pour extraire la structure interne des diatomées analysées. La première d'entre elles consiste à récupérer le masque binaire de la diatomée analysée ; la seconde consiste à faire ressortir le raphé et le nodule s'ils sont présents. La troisième étape consiste à vérifier la présence

d'un nodule, celle d'un raphé et de voir si ce dernier est centré sur le fibule.

4.1.1 Extraction du masque binaire de l'image

Les premières transformations sur les images visent à révéler la présence d'un éventuel raphé. À cette fin, nous nous basons sur le principe qu'un raphé peut être considéré comme une zone en creux (ayant donc des valeurs de niveaux de gris sombres) longeant verticalement le fibule, puisque nos images ont été auparavant orientées verticalement selon le plus grand axe. Une première étape consiste à récupérer l'image binaire de la diatomée afin de l'utiliser comme un masque. Afin de ne conserver que la zone de niveaux de gris correspondant à la diatomée, on procède comme suit :

- on effectue un flou gaussien avec une fenêtre de 33x33 pixels, suivi d'une ouverture morphologique avec un élément structurant de 3x13 pixels. Ces deux premières transformations ont pour but d'atténuer les détails des stries visibles sur le frustule (on ne s'intéresse pas encore à celles-ci car on ne cherche que la zone de l'image correspondant à la diatomée) et d'uniformiser les valeurs des niveaux de gris ;
- on applique ensuite un seuillage binaire où les pixels dont la valeur de niveaux de gris est strictement inférieure à 255 (c'est-à-dire qui ne sont pas de couleur blanche, et donc différents du fond de l'image) sont mis à 0 ;
- on applique une dilatation morphologique, avec un élément structurant de 3x13 pixels, pour revenir à une surface plus proche de celle de la

- diatomée de l'image source (le flou gaussien ayant "étalé" les pixels de niveaux de gris non-blancs autour de son contour originel) ;
- on récupère le négatif de l'image résultante pour en faire un masque binaire correspondant à la diatomée.

Nous obtenons un masque binaire de la diatomée, que nous pourrions utiliser ultérieurement. Cette première étape est illustrée à la figure 4.1.

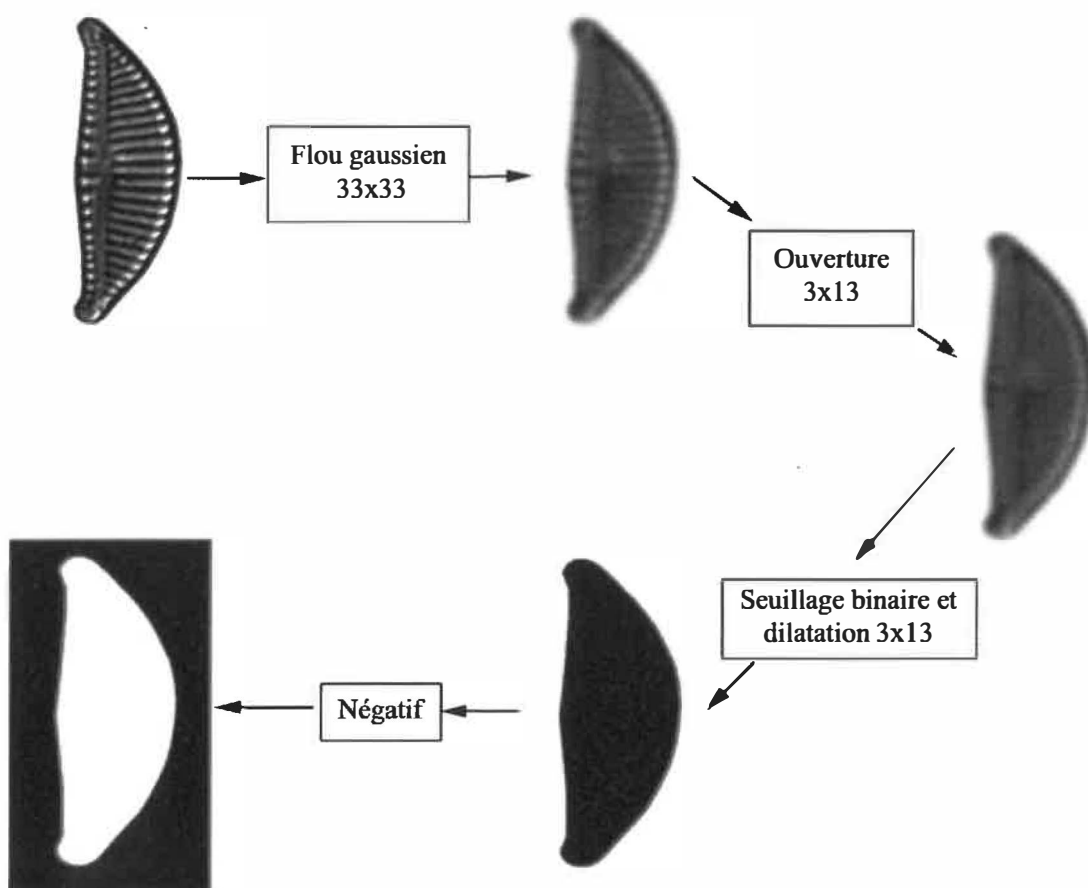


FIG. 4.1 – Schéma de création d'un masque binaire d'une diatomée.

4.1.2 Extraction du masque des zones de motifs

Puisque les images de diatomées possèdent *a priori* des stries sur leur frustule, on cherchera à faire ressortir ces zones de stries à l'intérieur d'un masque binaire. Pour cela nous appliquons successivement les transformations suivantes :

- un flou médian avec une fenêtre de 13x13 pixels, suffisamment large pour homogénéiser les stries (c'est-à-dire les zones les plus sombres, correspondant aux creux sur le frustule) ;
- un filtre morphologique top-hat avec un élément structurant de 3 pixels de largeur et 33 pixels de hauteur afin de détecter les pics clairs sur la longueur du frustule, ce qui laisse uniquement les valeurs de niveaux de gris associées aux stries ;
- un seuillage binaire automatique selon la méthode d'Otsu conduisant à une image binarisée des stries ;
- une fermeture morphologique avec un élément structurant de 3 pixels de largeur et 33 pixels de hauteur, lequel relie verticalement toutes les stries et ne révèle que les zones où les stries sont présentes ;
- une ouverture morphologique avec un élément structurant de 3 pixels de largeur et 33 pixels de hauteur, qui élimine les éventuels pixels associés au bruits issus de la fermeture précédente.

Ce processus conduit à la construction d'un masque binaire des zones où les stries du frustules sont présentes (voir figure 4.2).

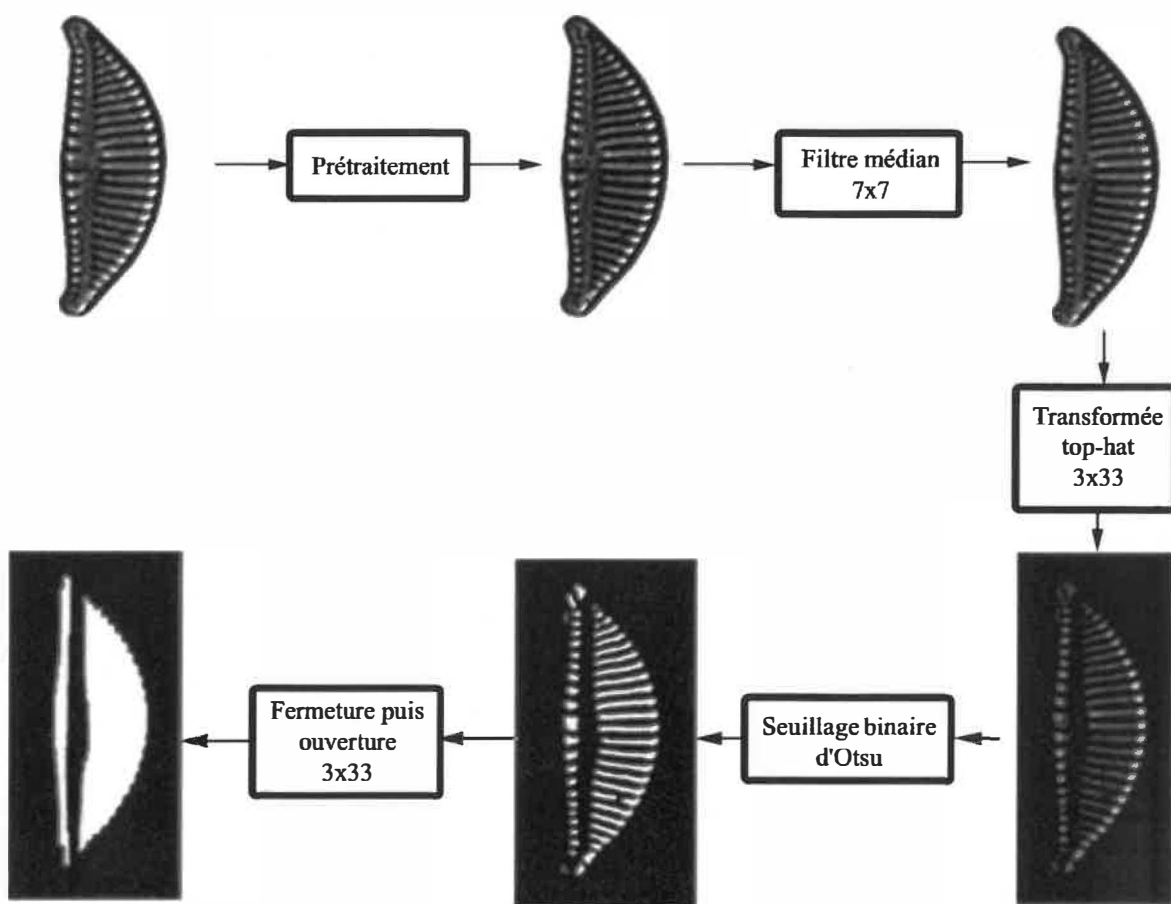


FIG. 4.2 – Création d'un masque binaire de la structure interne.

4.1.3 Recherche d'un raphé

Si nous obtenons à l'étape précédente deux zones où sont présentes les stries, on peut conclure qu'il existe un élément séparant ces deux zones ; il

s'agit du raphé. Pour faire ressortir le raphé, nous effectuons d'abord une squelettisation morphologique du masque binaire des zones des stries. Cette squelettisation correspond à un amincissement morphologique itératif des régions sombres de l'image binaire (donc des régions dont les pixels ont une valeur d'intensité égale à 0 - les pixels noirs). L'amincissement est effectué jusqu'à ce qu'il n'y ait plus qu'une région d'un pixel de largeur. Par la suite, nous appliquons le masque issu de la première étape sur le résultat de la squelettisation : on ne conserve ainsi que le squelette des motifs de la diatomée. Le reste de l'opération de squelettisation peut être considéré comme l'amincissement morphologique du fond de l'image, ce qui ne nous intéresse pas vraiment. Nous obtenons le squelette de la région limitant les zones de stries du frustule. Nous pouvons assimiler ce squelette à un **raphé** selon plusieurs critères. On mesure la taille du squelette et on vérifie si cette région est supérieure au $\frac{2}{3}$ de la hauteur du cadre inscrivant le contour de la diatomée (cette valeur-seuil est issue d'observations expérimentales). Alors, nous pouvons considérer cette région squelettisée comme étant le raphé. Dès lors, nous pouvons estimer la position du raphé en mesurant le rapport des aires des deux régions de stries sur le masque binaire de la structure interne. Si ce rapport est compris entre 0.8 et 1.2 (ces valeurs sont issues de plusieurs expérimentations), on peut considérer que les régions des stries séparées par le raphé ont des aires égales. Le raphé est donc au **centre** des zones de stries.

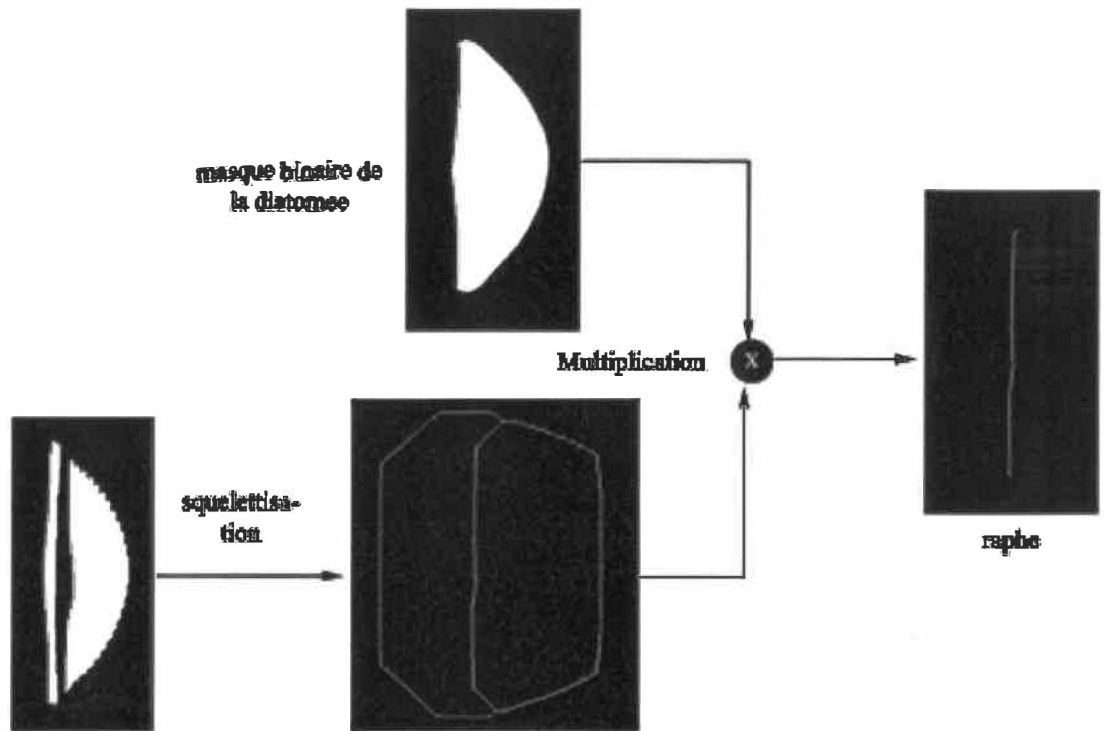


FIG. 4.3 – Schéma de vérification de la présence d'un raphé.

4.1.4 Recherche du nodule central

Afin de détecter le nodule central, on calcule le centre de gravité du raphé calculé précédemment, sinon, on calcule le centre de gravité du masque binaire de la diatomée. Le centre de gravité est le point de départ du repérage du nodule central. Sur le masque binaire des zones de motifs, on fait croître un masque carré autour du centre de gravité. Tant que celle-ci est majoritairement constituée de pixels noirs, on agrandit cette zone jusqu'à ce qu'elle contienne plus de 5% de pixels non-nuls.

Afin d'obtenir une approximation de l'aire réelle d'un éventuel nodule central, on mesure l'aire du disque inscrit dans la zone carrée (le nodule ressemble en général à un cercle plutôt qu'à un carré). Il faut décider si cette zone est significative; si son aire est supérieure à 0.1% de l'aire totale de la diatomée on peut considérer qu'un nodule central est présent. Cette valeur seuil est issue de nos différentes expérimentations, après une vérification visuelle.

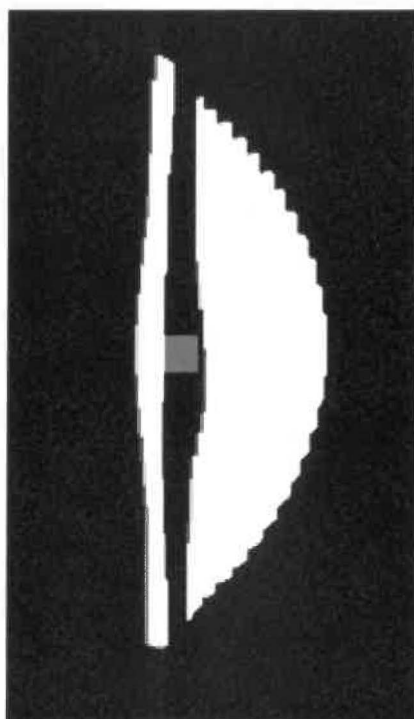


FIG. 4.4 – *Nodule central repéré en gris sur le masque binaire des zones de motifs.*

Nous obtenons finalement un vecteur de valeurs booléennes décrivant

la structure interne d'une diatomée. Pour les échantillons utilisés dans ce mémoire, nous utilisons un vecteur où les valeurs booléennes sont sous forme numérique (0 pour faux, 1 pour vrai), dans l'ordre suivant : *[raphé présent]* *[raphé centré]* *[nodule central présent]*. Les vecteurs de 5 espèces sont présentés à la figure 4.5. Ces vecteurs seront analysés dans une première étape de la classification que nous détaillerons au le chapitre 5.

4.2 Calcul de l'orientation et de la fréquence des stries

Les informations fournies par les vecteurs des caractéristiques structurales, présentes à la section précédente, sont trop élémentaires pour être utilisées comme paramètres exclusifs lors de l'identification et la classification des diatomées. On constate à la figure 4.5 que deux espèces (AO et J) possèdent le même vecteur. Afin d'obtenir des caractéristiques plus discriminantes, nous utiliserons l'orientation et la fréquence des stries présentes sur le frustule. Nous récupérons ces informations par la transformée de Fourier fenêtrée que nous avons présentée au chapitre 2.

4.2.1 Extraction des stries

Afin de récupérer les stries des zones de motifs, nous effectuons à nouveau une série de filtrages et d'opérations morphologiques sur le négatif de l'image de la structure interne calculée à la section 4.1.3 suite à la transformée top-

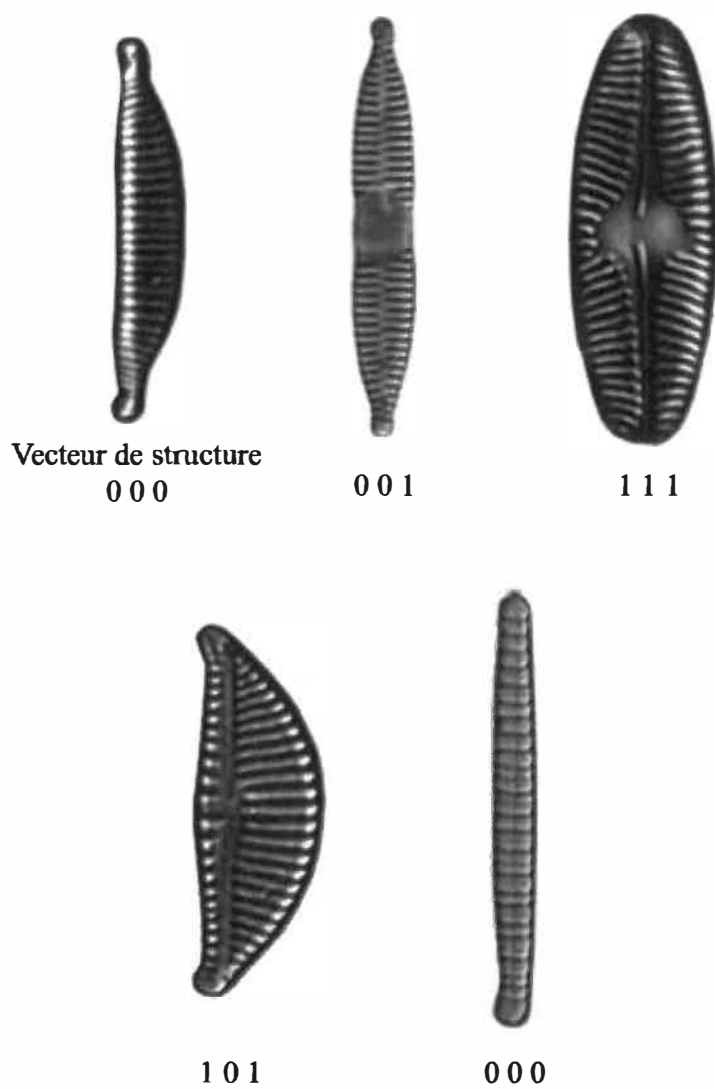


FIG. 4.5 – *Espèces de diatomées et les vecteurs de leurs structures internes.*

hat 33x33 (voir figure 4.2) :

- application d’une transformée morphologique top-hat afin d’extraire les zones de stries, avec un élément structurant de 7 pixels de largeur par 33 pixels de hauteur ;
- seuillage binaire automatique selon la méthode d’Otsu, afin d’isoler les zones les plus claires correspondant aux formes des stries ;
- calcul du squelette morphologique du résultat de la binarisation précédente ;
- application du masque binaire des zones de motifs afin d’extraire le squelette des zones d’intérêt.

Ces étapes nous permettent d’isoler le squelette binaire des stries présentes sur le frustule de la diatomée analysée (voir figure 4.6).

4.2.2 Le calcul des orientations et des fréquences

L’application de la transformée de Fourier fenêtrée, présentée au chapitre 2, est utilisée à cette étape à l’aide de fenêtres de Hamming de différentes tailles afin d’effectuer une cartographie des orientations et des fréquences des images. Dans chaque fenêtre, nous calculons la fréquence et l’orientation moyenne des stries présentes. Cette opération permet la construction d’un vecteur des orientations et fréquences moyennes de chacune des fenêtres de partitionnement de l’image. Suite à l’analyse structurale effectuée précédemment, nous obtenons un vecteur de 3+3042 valeurs. Les 3 premières valeurs, décrivant la structure interne et calculées précédemment, seront utilisées pour effectuer un pré-classement des images. Les autres valeurs ser-

viront à différencier les images qui possèdent les mêmes éléments structuraux (raphé, centré ou non, nodule central), avec l'orientation et la fréquence de leurs stries. Ce vecteur est représenté à la figure 4.8. Il contient M caractéristiques pour N diatomées, avec M égal à la largeur de la fenêtre multipliée par la hauteur (pour la j^e fenêtre de la i^e image, o_{ij} est son orientation, f_{ij} est sa fréquence).

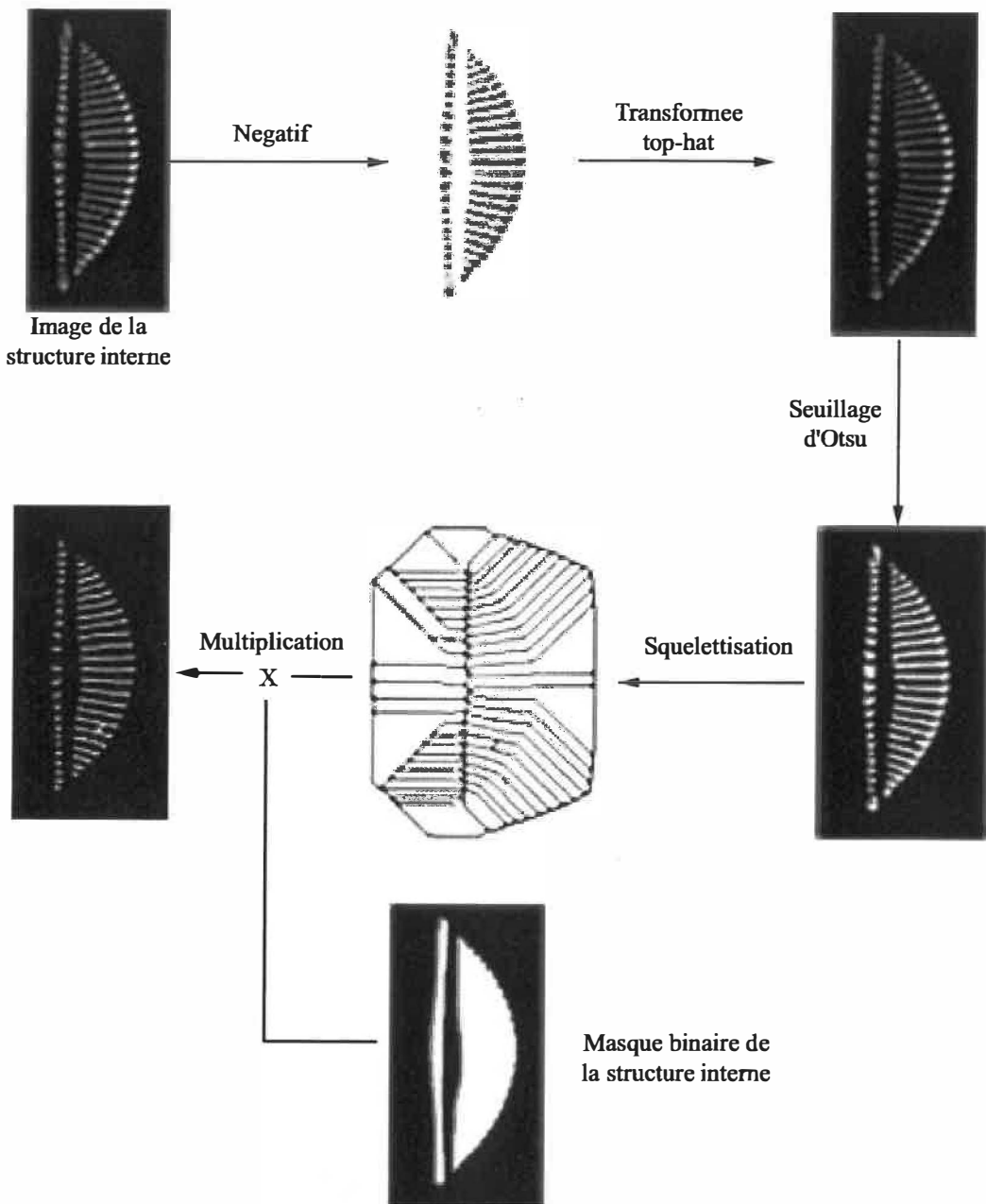


FIG. 4.6 - *Extraction des stries.*

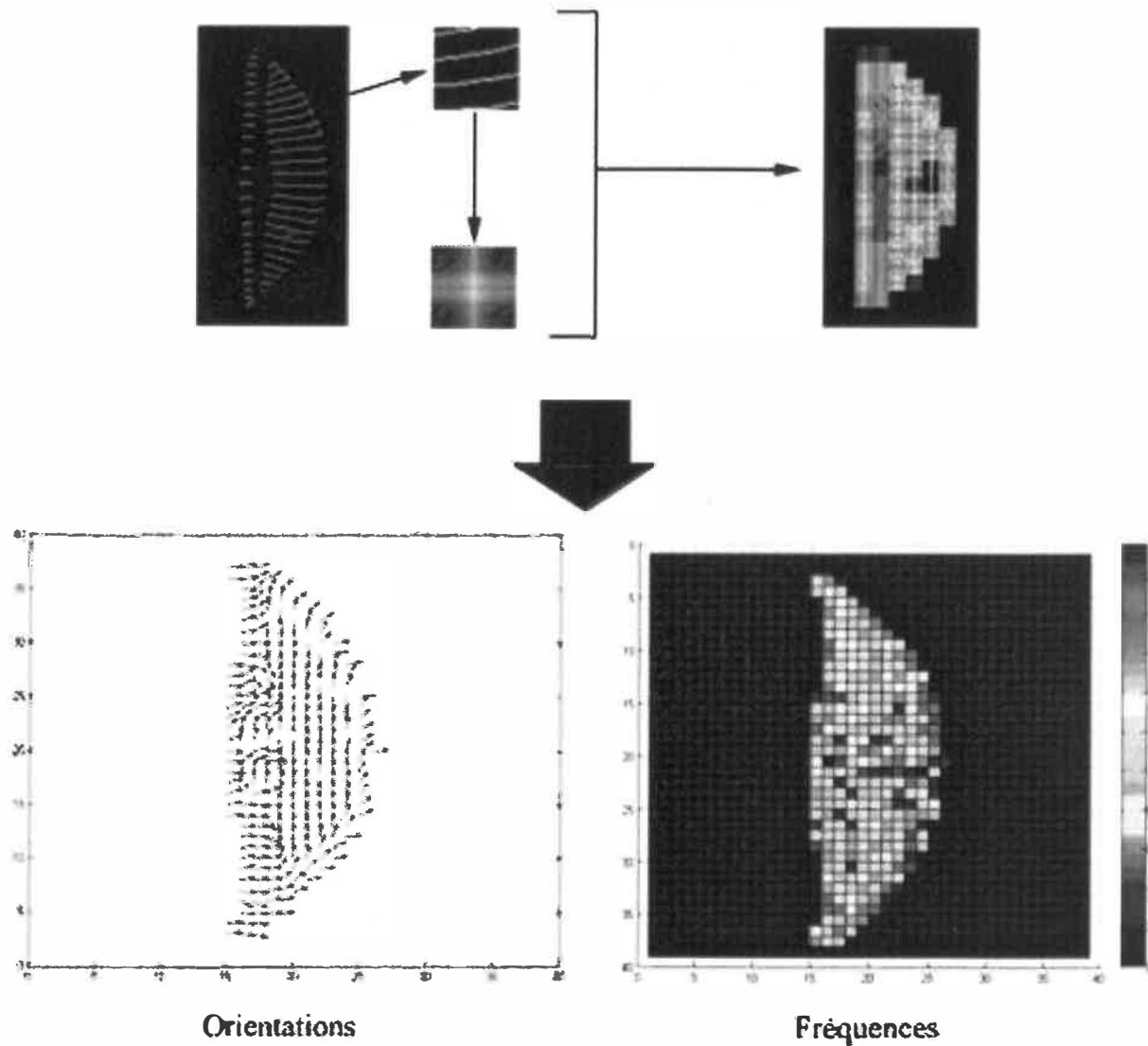


FIG. 4.7 – Calcul de l'orientation et de la fréquence des stries.

1	0	0	ϕ_{11}	...	ϕ_{1M}	f_{11}	...	f_{1M}
...				
1	0	1	ϕ_{N1}	...	ϕ_{NM}	f_{N1}	...	f_{NM}

Structure interne
Orientations
Frequences

FIG. 4.8 – Vecteurs des M caractéristiques des motifs d'un ensemble de N diatomées.

Chapitre 5

Classification des images

5.1 La méthode de classification

5.1.1 L'échantillon d'images

Notre échantillon est constitué de 5 groupes d'espèces, notés *AO*, *AP*, *AQ*, *E* et *J* (voir figure 5.1). Nous utilisons deux sous-échantillons pour notre analyse; d'abord, l'échantillon d'**apprentissage** où chacun des 5 groupes compte de 4 à 6 images, avec un total de 23 images. Ce sous-échantillon sert à la constitution de notre base de référence. L'autre sous-échantillon est l'échantillon **test** et compte 44 images différentes de celles de l'échantillon d'apprentissage, appartenant aux 5 groupes d'espèces cités plus-haut.

5.1.2 Création d'un vecteur moyen par classe de diatomées

Nous cherchons à associer une image à une classe d'images représentant une espèce, afin d'effectuer une classification supervisée des images de notre

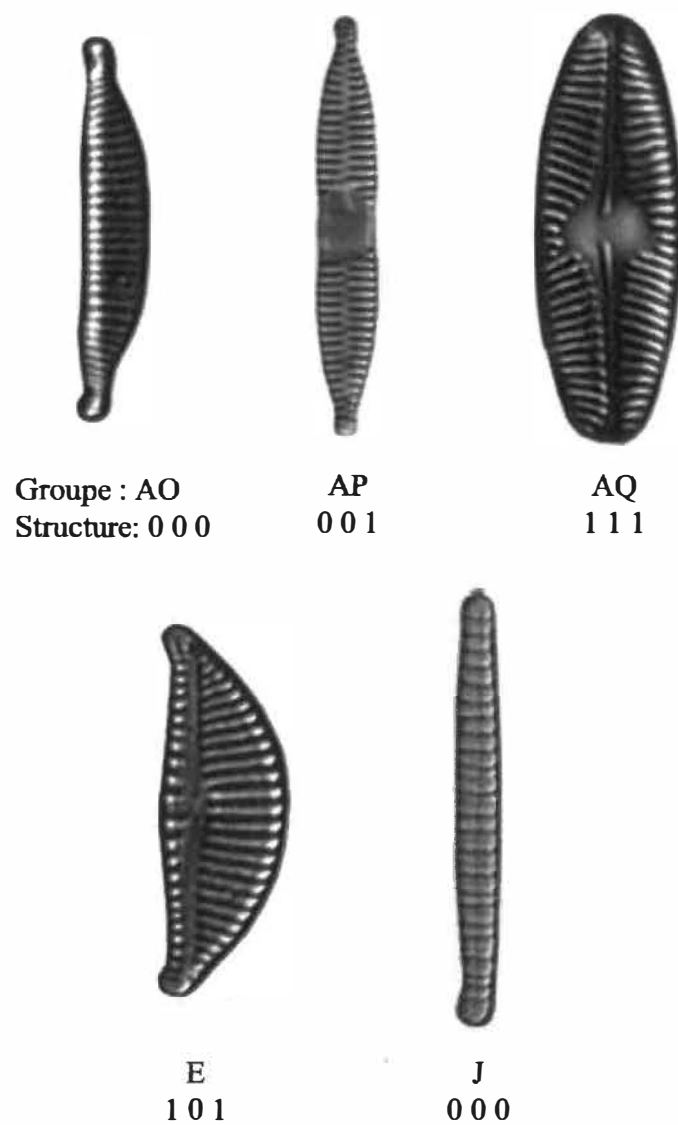


FIG. 5.1 – Groupes d'espèces utilisés et leurs structures.

échantillon. La classification se déroule en 2 étapes : on construit un vecteur moyen pour chaque classe de l'échantillon de référence, constitué des

moyennes des valeurs des vecteurs de caractéristiques d'orientations et de fréquences. Ensuite pour chacune des images à analyser, on calcule son vecteur de caractéristiques, puis on le compare au vecteur moyen de chaque classe en calculant la distance euclidienne entre ces deux vecteurs.

Ce processus est illustré par la figure 5.2.

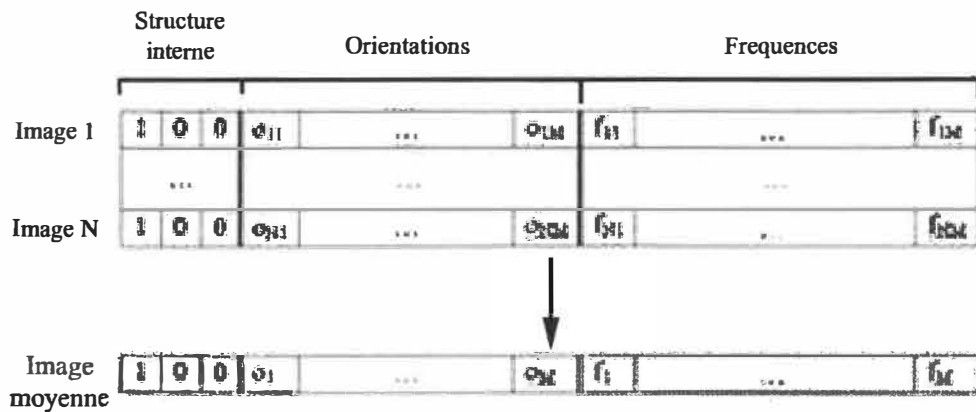


FIG. 5.2 – Vecteur moyen des orientations et des fréquences des stries d'une classe d'images.

5.1.3 Préclassement par les données structurales

Une phase de préclassification nous permet de réduire le nombre de classes à comparer avec l'image analysée. Dans une première étape, nous comparons à l'aide d'une distance de Hamming les 3 premières valeurs du vecteur des caractéristiques d'une image avec celles du vecteur moyen de chaque classe

de référence. Si la distance est nulle, les structures sont identiques et on passe à la seconde étape, sinon on passe à la classe suivante. Cette étape permet la sélection des classes de même structure (c'est-à-dire la même suite de valeurs structurelles) et accélère et simplifie le processus de classification en évitant la comparaison avec des classes ayant des caractéristiques structurelles totalement différentes.

5.1.4 Le classificateur

Pour la phase d'identification de la classe correspondante, nous utilisons le classificateur euclidien, un autre classificateur par distance. Celui-ci mesure la distance euclidienne entre le vecteur moyen des orientations et des fréquences de chaque classe ayant la même structure que l'image analysée et le vecteur des orientations et des fréquences de l'image. La classe dont le vecteur moyen est le plus proche du vecteur de l'image peut alors être considérée comme étant le regroupement d'espèces à laquelle appartient la diatomée de l'image analysée. Le choix d'un classificateur euclidien induit une plus grande rapidité du temps de calcul. Cela est d'autant plus important que les vecteurs à comparer comptent un grand nombre de valeurs, lesquelles varient selon la taille de la fenêtre utilisée lors de l'application de la transformée de Fourier fenêtrée.

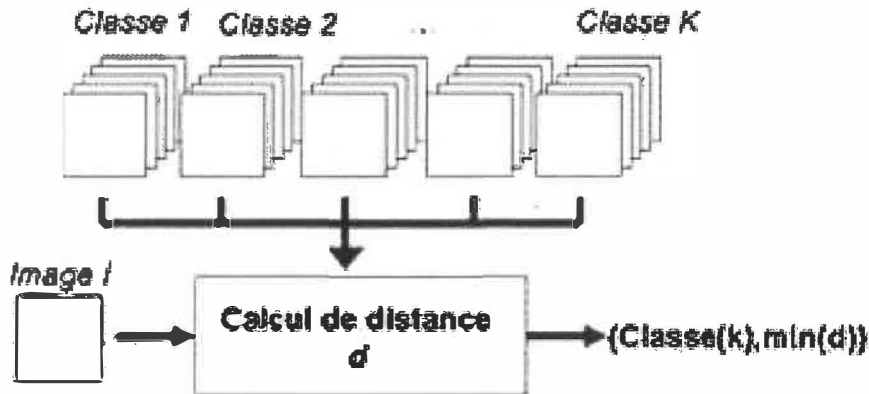


FIG. 5.3 – Classification par distance euclidienne.

5.2 Présentation et analyse des résultats

Nous avons procédé en 2 étapes. Nous avons d'abord classifié les images de l'échantillon de référence, constitué des images de nos classes de référence. Cette étape vise à vérifier que notre solution fonctionne au moins sur les images de classes connues. Nous avons ensuite effectué la classification des images de l'échantillon test, sans lien avec les images des classes de référence.

Nous désirons classer nos images en 5 classes d'espèces. La table 5.1 fournit les résultats de classification pour les deux échantillons selon la taille de la fenêtre utilisée dans la transformée de Fourier fenêtrée.

Après analyse des résultats, nous observons que l'échantillon de référence fournit un taux de bonne classification de 100% pour toutes les tailles de fenêtre; ce qui nous conforte quant au choix de notre méthodologie. Les

Taille de la fenêtre	Échantillon de référence	Échantillon test
64x64 pixels	100%	54.55%
32x32 pixels	100%	86.36%
21x21 pixels	100%	90.91%
13x13 pixels	100%	90.91%

TAB. 5.1 – Résultats de la classification pour plusieurs tailles de fenêtres.

résultats de l'échantillon test donnent quant à eux un taux de bonne classification de près de 91% pour des fenêtres de 13x13 et de 21x21 pixels. La fenêtre de 21x21 pixels fournit le meilleur résultat, le processus d'analyse étant moins coûteux en temps de calcul que pour celle de 13x13 pixels (en effet, plus la taille de fenêtre est petite, plus le nombre de fenêtres à analyser est grand, donc plus le temps de calcul est long et coûteux en mémoire et en utilisation du processeur).

Chapitre 6

Conclusion et perspectives

Afin de résoudre le problème de classification des images de diatomées, nous avons proposé une solution regroupant des techniques de traitement d'images connues et efficaces. Cet ensemble de techniques constitue un système d'identification et de classification automatique efficace pour l'échantillon d'images disponibles dans le cadre de notre projet. Nous présentons dans ce dernier chapitre un récapitulatif des méthodes appliquées, ainsi que les perspectives d'évolution de cette recherche

6.1 Les méthodes abordées et leurs résultats

Dans ce travail, nous avons présenté une méthode de classification automatique basée sur la seule analyse des motifs présents sur le frustule des diatomées. Plusieurs étapes ont été nécessaires, allant du prétraitement des images jusqu'à l'extraction et à l'analyse de ces motifs.

Pour la partie programmation de notre analyse, nous avons utilisé *Visual C++ .NET* et nous avons utilisé la bibliothèque *OpenCV* dédiée au traitement d'image. Nous avons également utilisé le logiciel *Matlab* pour l'étape de classification.

L'étape de prétraitement des images avait pour but de réduire le bruit présent sur les images, lequel a pour origine l'acquisition des images et des écosystèmes de prélèvement des échantillons prélevés.

La seconde étape consiste à appliquer une série de filtres et de transformations morphologiques afin d'extraire des éléments caractéristiques de la structure des motifs des diatomées : la présence d'un raphé, s'il est centré et la présence d'un nodule central. Ces éléments constituent les 3 premières caractéristiques que nous avons utilisé lors de l'étape de classification.

La troisième étape vise l'extraction des orientations et des fréquences des stries des diatomées grâce à l'application d'une transformée de Fourier fenêtrée. Nous avons utilisé celle-ci comme caractéristiques lors de la classification. Chaque image analysée est représentée par son vecteur de caractéristiques.

L'étape finale est la phase de classification des images de nos échantillons de référence et de test. Cette classification a été divisée en trois étapes :

- la création d'un vecteur moyen pour chaque groupe d'espèces à analyser afin de constituer une base de référence pour les images testées ;
- la présélection des classes possédant le même type de structure que l'image à classer, c'est-à-dire la même suite d'éléments de structure présent sur le frustule ;
- enfin, la mesure de distance euclidienne minimale entre les orientations et les fréquences des classes sélectionnées, et celles de l'image testée.

Les résultats de la classification sur les ensembles de référence et de test ont produit des résultats acceptables de l'ordre de 91% de classification correcte avec une fenêtre de 21x21 pixels. Cela démontre qu'une approche liant l'analyse structurale, inspirée des méthodes utilisées par les spécialistes, et l'analyse fréquentielle peuvent être adéquates.

6.2 Les contraintes des images analysées

Il y a néanmoins des points modérant la satisfaction apportée par ces résultats. Le nombre d'images analysées n'est pas élevé, alors qu'il existe des dizaines de milliers d'espèces de diatomées avec des motifs différents. Pour une analyse complète avec un grand nombre d'espèces, le nombre de caractéristiques structurales devraient être plus élevé. Par exemple, des paramètres identifiant si les stries sont ponctuées, la qualité de la texture due à la la ponctuation des stries, si elles sont plus ou moins radiantes au centre, etc. Il faudrait pour cela se plonger encore plus dans le système taxonomique développé par les biologistes, même si un système universel et définitif n'existe pas encore à ce jour.

De plus, il faudrait envisager une étape de plus lors du prétraitement permettant de nettoyer automatiquement le fond des images.

6.3 Les perspectives d'amélioration

Dans ce mémoire, nous avons utilisé des images de diatomées **pennées** uniquement. Il pourrait être intéressant d'étendre notre analyse aux diatomées **centriques** (de forme circulaire), afin de valider notre approche, ainsi que sur d'autres géométries telles que des diatomées cylindriques, triangulaires, etc.

D'autres méthodes d'analyse existent, notamment au niveau de la textures des motifs et des caractéristiques structurelles des frustules ; par exemple, l'utilisation des fractales afin de modéliser la structure des diatomées tout au long de leur croissance [22].

De plus, d'autres méthodes de classification pourrait également être étudiées, notamment pour une classification non-supervisée. La méthode utilisée ici est certes simple et rapide, mais d'autres méthodes, comme les arbres hiérarchiques ou les réseaux de neurones, pourraient être plus appropriées dans le cadre de l'une analyse d'un plus grand nombre d'images et serait sans doute plus efficaces.

Enfin, la combinaison de l'analyse des motifs à celle de la forme des contours semble constituer une évolution naturellement intéressante : les diatomistes utilisent ces deux aspects pour l'identification et la classification de diatomées, il semble donc logique de devoir combiner notre système à un autre portant sur le contour. Cela assurerait une analyse plus exhaustive et une classification encore plus efficace, compte tenu de la large variété d'espèces connues.

Annexe

Espèces présentes dans les groupes de référence

Groupe	Genre	Espèce
AO	eunotia	incisa
AP	fragilaria	capucina
AQ	Pinularia	cf. microstauron
E	Encyonema	lange-bertalotii
J	Diatoma	- tenuis - moniliformis

Bibliographie

- [1] Prygiel J., Coste M. *Guide méthodologique pour la mise en œuvre de l'Indice Biologique Diatomées NF T 90-354*, Agences de l'Eau-Cemagref, 2000.
- [2] Du Buf H., Bayer M., Droop S., Juggins S., Head R., Fischer S., Bunke H., Wilkinson M., Roerdink J., Cristobal G., Pech-Pacheco J., Ciobanu A., Shahbazkia H., *Diatom Identification : a Double Challenge Called ADIAC*, In Proceedings ICIAP, pages 734-739, 1999.
- [3] Mann D.G., *Diatoms : organism and image*, in Automatic Diatom Identification, Series in Machine Perception Artificial Intelligence, chapitre 2, vol.51, World Scientific, 2002.
- [4] Guo Q., Chalifour A., Nouboud F., Campeau S., Lavoie I., Mammass D. et El Yassa M., *Diatom Classification by Image Analysis*, IEEE SETIT 2004 International Conference : Sciences of Electronic, Technologies of Information and Telecommunications, Tunisie, 2004.
- [5] Loke R.E., Bayer M.M., Mann D.G., du Buf J.M.H. *Diatom recognition by convex and concave contour curvature*, Oceans'02 MTS/IEEE, 2002.

- [6] du Buf H., Bayer M.M., *Introduction to ADIAC and this book*. In *Automatic Diatom Identification*, chapitre 1, Series in Machine Perception Artificial Intelligence, vol.51, World Scientific, 2002.
- [7] du Buf, H. *Public data ADIAC project*. In University of Algarve. Department. of Electronics and Computer Science - FCT. Site FTP de University of Algarve [en ligne]. [http ://rbg-web2.rbge.org.uk/ADIAC/pubdat/pubdat.html](http://rbg-web2.rbge.org.uk/ADIAC/pubdat/pubdat.html) (page consultée le 22 mars 2007)
- [8] Kelly M.G., Bayer M.M., Hürlimann J., Telford R.J. *Human error and quality assurance in diatom analysis*. In *Automatic Diatom Identification*, Series in Machine Perception Artificial Intelligence, chapitre 5, vol.51, World Scientific, 2002.
- [9] du Buf H., Bayer M.M., *ADIAC Achievements and future work*. In *Automatic Diatom Identification*, Series in Machine Perception Artificial Intelligence, chapitre 14, vol.51, World Scientific, 2002.
- [10] R.E. Locke, J.H.M. Du Buf, M.M. Bayer, D.G.Mayer. *Diatom classification in ecological applications*, Pattern Recognition, in The Journal of Pattern Recognition Society, 2003.
- [11] T. Alvarez, Y. Martin, S. Perez, F. Santos, *Classification of microorganisms using image processing techniques*, IEEE Proceedings, International Conference on Image Processing, 2001.
- [12] Fischer S., Binkert M., Bunke H., *Symmetry based indexing of diatoms*

- in an image database*, IEEE - 15th International Conference on Pattern Recognition, 2000.
- [13] Wilkinson M.H.F., Roerdink J.B.T.M., Droop S., Bayer M., *Diatom Contour Analysis using Morphological Curvature Scale Space*, IEEE Proceedings, 15th International Conference on Pattern Recognition, 2000.
- [14] Fischer S., Gilomen K., Bunke H., *Identification of Diatoms by Grid Graph Matching*, Proceedings of the Joint IAPR International Workshop on Structural, Syntactic and Statistical Pattern Recognition, 2002.
- [15] Alba A.C., Wilkinson M.H.F., Roerdink J.B.T.M., *Morphological Hat Transform scale space and their use in pattern classification*, Pattern Recognition, in The Journal of Pattern Recognition Society, 2003.
- [16] Chikkerur S.C., Cartwright A.N., Govindaraju V., *Fingerprint image enhancement using STFT analysis*, International Workshop on Pattern Recognition for Crime Prevention, Security and Prevention (ICAPR 05), 20-29, 2005.
- [17] Liu X., Wang D., *Texture Classification using Spectral Histogram*, IEEE Transactions on Image Processing, 2003.
- [18] Campisi P., Neri A., Panci G., Scarano G., *Robust Rotation-Invariant Texture Classification Using Model Based Approach*, IEEE Transactions on Image Processing 2004.
- [19] Azencott R., Wang J.P., Younes L. *Texture Classification using Windowed Fourier Filters*, IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 1997.

- [20] Pratt W.K., *Digital Image Processing*, Third Edition, page 261-277. John Wiley & Sons Inc, New-York, 2001.
- [21] Bres S., Jolion J.-M., Lebourgeois F., *Traitement et analyse des images numériques*, Hermes Science publications Lavoisier, Paris, 2003.
- [22] Gordon G., Aguda B.D., *Diatom morphogenesis : natural fractal fabrication of a complex microstructure*, Engineering in Medicine and Biology Society, Proceedings of the Annual International Conference of the IEEE, 1988.