



جامعة أبو بكر بلقايد - تلمسان

Université Abou Bakr Belkaïd de Tlemcen

Faculté de Technologie

Département de Génie électrique et Electronique

Laboratoire de Recherche de Génie Biomédical

MEMOIRE DE PROJET DE FIN D'ETUDES

Pour obtenir le Diplôme de

MASTER en GENIE BIOMEDICAL

Spécialité : Signaux et Images en Médecine

Présenté par : ABDERRAHIM Ahlem et BENBABOUCHE Fatima

**Analyse des images cellulaires :
Segmentation et caractérisation**

Soutenu le 22 juin 2014 devant le Jury

Mr.ABDERRAHIM Med el Amine	MCB	Université de Tlemcen	Président
Mr. BESSAID Abdelhafid	prof	Université de Tlemcen	Encadreur
Melle.FEROUI Amel	MCB	Université de Tlemcen	Examinatrice
Mme.KAZI TANI Adila	MAA	Université de Tlemcen	Examinatrice

Année universitaire 2013-2014

Remerciement

Merci ALLAH de nous avoir donné la capacité d'écrire et de réfléchir, la force d'y croire, la patience d'aller jusqu'au bout du rêve et la volonté et la patience de mener à terme le présent travail.

Nous tenons à remercier Mr BESSAID Abdelhafid qui nous a fait l'honneur de diriger ce travail de fin d'étude, nous avons apprécié votre aide et vos conseils si précieux. Votre rigueur scientifique et vos qualités pédagogiques nous ont aidés tout au long temps de la réalisation de ce travail. Nous vous prions de voir dans ce travail, l'expression de notre estime et de notre reconnaissance.

Nous tenons également à remercier Mr ABDERRAHIM Mohammed El Amine maitre de conférences A, université Tlemcen qui nous a fait un grand honneur en présidant ce jury.

Nous adressons également nos remerciements à madame KAZI TANI Adila et mademoiselle FAROUI Amel pour avoir accepté d'examiner notre travail.

On remercie aussi Mr MESSADI Mohammed et Mlle FAROUI Amel pour leurs aides et leurs encouragements.

Nous n'oublions pas d'adresser mes vifs remerciements à tout ma promotion **SIM** pour les sens de fraternité, et de concurrence qui nous ont tenus debout pendant toute la formation.

Fatima & Ahlem

Table des matières

Introduction générale	1
L'hématologie cellulaire	4
1.1. Introduction.....	5
1.2. Cytomorphologie des cellules sanguines	5
1.3. Le frottis de sang.....	6
1.3.1. Préparation d'un frottis sanguin.....	6
1.3.2. Coloration frottis sanguin: May Grünwald Giemsa.....	7
1.3.3. Le plasma	9
1.3.4 Les globules rouges (érythrocytes)	10
1.3.5 Les globules blancs (ou leucocytes).....	10
1.3.5.1 Les neutrophiles.....	11
1.3.5.2 Les éosinophiles	12
1.3.5.3 Les basophiles.....	12
1.3.5.4. Les lymphocytes (ou agranulocytes).....	13
1.3.5.5 Les monocytes	14
1.3.6. Les Plaquettes (Thrombocytes).....	15
1.3.7. Le rôle du sang	16
1.4 Les maladies du sang.....	17
1.4.1 La leucémie	17
1.4.2 Les lymphomes	18
1.4.3. Les syndromes myélodysplasiques	18
1.4.4. La drépanocytose.....	18
1.5. Conclusion	19
Chaînes de traitement d'images microscopiques	20
2.1. Introduction.....	21
2.2. Les Systèmes Informatiques d'Analyse d'Images cytologiques	21

2.2.1. La segmentation	22
2.2.2. La caractérisation.....	22
2.2.3. La classification.....	23
2.3. Les espaces de couleur	23
2.3.1. L'espace (Rc, Gc, Bc).....	23
2.3.2 L'espace (rc, gc, bc).....	24
2.3.3 Les espace HSV et HSL	26
2.3.4. Treillis des images couleur	29
2.4. Description de l'application pour l'analyse morphologique de frottis sanguins :	29
2.5. Acquisition des images couleur	31
2.6. Segmentation des images couleurs	32
2.6.1. Le pré-traitement	32
2.6.2. Les traitements	33
2.6.3. Les post-traitements.....	33
2.6.4. L'analyse de données quantitatives.....	33
2.7. Description de la méthode	34
2.7.1. La segmentation	34
2.7.1.1. Le rôle de segmentation	34
2.7.1.2. Les approches de segmentation.....	34
2.8. La segmentation par LPE	35
2.8.1. Définition de la LPE	36
2.8.1.1. Le problème de la LPE	37
2.8.1.2. LPE sur la Fonction distance	39
2.8.1.3. LPE sur gradient morphologique	40
2.8.1.4. LPE sur marqueurs internes et marqueurs externes	40
2.9. La morphologie mathématique	41
2.9.1. Morphologies binaire et numérique	42
2.9.2. Transformations morphologiques élémentaires.....	42

2.9.2.1. L'érosion	42
2.9.2.2. Dilatation	43
2.9.2.3. Les gradients morphologiques	45
2.9.2.4. La fermeture	45
2.9.2.5. L'ouverture	46
2.10 Conclusion	47
Résultats et Interprétations	48
3.1. Introduction	49
3.2. Segmentation des images de frottis sanguins	49
3.2.1. Segmentation des globules rouges	51
3.2.1.1. Prétraitement	51
3.2.1.2. Seuillage	52
3.2.1.3. Masque des globules rouges	53
3.2.2. Extraction des globules blancs	55
3.2.3. Segmentation des globules blancs	57
3.2.3.1. Seuillage	57
3.2.3.2. Segmentation du noyau	58
3.2.3.3. Segmentation du cytoplasme	58
3.2.4. Caractérisation des globules blancs	65
3.3. Conclusion	69
Conclusion générale	70
Références	71

Table des figures

Figure 1.1 : Description des différentes étapes pour la préparation d'un frottis sanguin	7
Figure 1.2 : Exemple de frottis sanguin	7
Figure 1.3 : Une lame représentant un frottis sanguin réussi	8
Figure 1.4 : Le plasma ou sérum	9
Figure 1.5: (a) globules rouges dans les vaisseaux sanguins, (b) globules rouges sur frottis sanguin coloré	10
Figure 1.6 : (a) Aspect des neutrophiles en microscopie optique, (b) Neutrophile.....	11
Figure 1.7 : (a) Aspect des éosinophiles en microscopie optique, (b) Eosinophile	12
Figure 1.8 : (a) Aspect des basophiles en microscopie optique, (b) Basophile.....	13
Figure 1.9 : (a) Aspect des lymphocytes en microscopie optique, (b) Lymphocyte	14
Figure 1.10 : (a) Aspect des monocytes en microscopie optique,(b) Monocyte.....	15
Figure 1.11 : Plaquette sanguine	16
Figure2.1 : Cube de couleurs.....	24
Figure 2.2 : Diagramme de chromacité (rc, gc)	25
Figure 2.3 : système RVB	26
Figure 2.4: Représentation spatiale des modèles HSL et HSV	27
Figure 2.5 : Composantes couleur de l'image f dans les représentations RGB, et LSH en norme L1	29
Figure 2.6: schéma du système pour l'analyse morphologique des images (frottis sanguins)	30
Figure 2.7 : chaîne d'acquisition des images microscopique.....	31
Figure 2.8 : La chaîne de traitement	32

Figure 2.9: Définition du bassin versant et minima	37
Figure 2.10: LPE par simulation d'immersion	37
Figure 2.11 : (a) image original, (b) image en niveau de gris, (c) sur segmentation sur l'image (b)	38
Figure 2.12 : LPE avec marqueurs	38
Figure 2.13 : (a) image original, (b) image binaire (après Remplissage de trous, Filtrage surfacique, Suppression des objets touchant le bord), (c) fonction distance, (d) LPE, (e) Séparation des cellules collées, (f) Superposition de la LPE sur l'image	39
Figure 2.14: (a) image original, (b) gradient morphologique, (c)LPE, (d) LPE sur l'image en niveaux de gris	40
Figure 2.15: (a) image original, (b) image en niveau de gris, (c) LPE appliquée directement sur le gradient (oversegmentation), (d) minimas locaux, (e) marqueurs internes et externes, (f) LPE sur l'image.....	41
Figure 2.16 : Filtrage morphologique: érosion. A gauche le masque original: les pixels blancs correspondent au fond, les noirs à l'objet. Les pixels grisés sont ceux qui seront convertis en pixels du fond par l'érosion. L'érosion consiste donc à propager le fond au détriment de l'objet.	43
Figure 2.17 : Filtrage morphologique: dilatation. A gauche le masque original: les pixels blancs correspondent au fond, les noirs à l'objet. Les pixels grisés sont ceux qui seront convertis en pixels objets par la dilatation. La dilatation consiste donc à propager l'objet au détriment du fond.	44
Figure 2.18 : Filtrage morphologique: fermeture morphologiques. En noir: pixels objets, en blanc, pixels du fond.	46
Figure 2.19 : Filtrage morphologique: ouverture morphologiques. En noir: pixels objets, en blanc, pixels du fond.	46
Figure3.1 : organigramme représentant le schéma général de notre algorithme	50
Figure3.2 : (a) Image couleur initial (b) Canal vert de l'image couleur (c) composante verte filtrée avec le filtre médian	52
Figure 3.3 : Histogramme de la composante vert de l'image.....	53
Figure 3.4 : (a) masque binaire des cellules après bouchage de trous (b) masque binaire des cellules après élimination des grains de bords (c) masque binaire des globules rouges (d) extraction des globules rouges.....	54

Figure 3.5 : Exemple d'extraction de la région d'intérêt (a) image couleur originale, (b) composante verte de l'image couleur, (c) histogramme de la composante verte, (d) masque binaire du noyau, (e) définition du centre de gravité sur l'image du masque binaire du noyau, (f) extraction de la région d'intérêt.....	56
Figure 3.6 : (a) composante vert de l'image, (b) histogramme de l'image de la composante verte, (c) masque binaire du noyau, (d) masque binaire des cellules (cytoplasme et globules rouges).....	57
Figure 3.7 : (a) masque binaire du noyau obtenu par seuillage, (b) masque binaire du noyau (après filtrage Surfaccique+ bouchage de trous), (c) noyau segmenté.	58
Figure 3.8 : (a) masque binaire des cellules, (b) masque binaire du cytoplasme (après filtrage surfaccique+bouchage de trous), (c) cytoplasme segmenté.....	59
Figure 3.9 : (a) périmètre du noyau, (b) périmètre du cytoplasme, (c) segmentation du globule blanc.	59
Figure 3.10: (a)image original, (b) canal vert de l'image original, (c) masque binaire des globules rouges (après filtrage surfaccique + élimination des cellules touchant le bord de l'image + application du bouchage de trous),(d) fonction distance du masque binaire des globules rouges, (e)LPE sur la fonction distance, (f) masque binaire des globules rouges séparées.	60
Figure 3.11: (a)image original, (b) canal vert de l'image original, (c) masque binaire des cellules après bouchage de trous, (d) masque binaire des cellules après filtrage surfaccique, (e) extraction des cellules.	61
Figure 3.12 : (a) fonction distance du masque, (b) LPE sur fonction distance, (c) sur-segmentation, (d) sur-segmentation du masque du cytoplasme, (e) segmentation du cytoplasme erronée.....	62
Figure 3.13 : (a) la fonction distance filtrée, (b) LPE sur la fonction distance filtrée, (c) segmentation LPE sur la fonction distance filtrée, (d) masque binaire du cytoplasme.....	63
Figure 3.14: (a)image original,(b) image originale sous HSV, (c) composante de saturation de l'image originale, (d) image binaire après seuillage, (e) image d filtré, (f) masque binaire du noyau, (g) masque binaire du cytoplasme, (h) masque binaire du globules rouges, (i) extraction des globules rouges.	64
Figure 3.15 : (a) image initiale, (b) masque binaire du noyau, (c) masque binaire du cytoplasme.....	66

Liste des tableaux

<i>Tableau 3.1 : calcule de la surface du noyau et de cytoplasme</i>	66
<i>Tableau 3.2: Quelques paramètres de forme calculés</i>	68

Introduction générale

L'anatomie pathologique, familièrement appelée " ANAPATH ", est une spécialité médicale peu connue du grand public et pourtant indispensable dans la chaîne des soins. Elle est axée sur le diagnostic des lésions à partir de leur aspect morphologique. Les médecins spécialistes appelés " pathologistes " ont en effet la responsabilité de poser un diagnostic et un pronostic de maladie, c'est à dire d'analyser et de déterminer quelle est la nature de la maladie, à partir d'un prélèvement de cellules ou de tissus. Ils utilisent pour cela le microscope pour analyser sur lame des préparations de prélèvements tissulaires ou liquidiens.

En anatomie pathologique on distingue deux types d'examen, l'examen histologique et l'examen cytologique. Nous pouvons avoir recours aux deux pour donner un diagnostic, mais parfois un seul des deux examens peut être déterminant. L'histologie est l'observation de la coupe microscopique d'un tissu, alors que la cytologie examine un étalement de cellules isolées provenant de prélèvements [1]. Utilisant le microscope pour analyser sur lame ces prélèvements. La pathologie donne un fondement scientifique pour la médecine clinique et sert de lien entre les sciences de base et les soins au patient. Parmi ces domaines, nous trouvons l'hématologie qui est une spécialité médicale consacrée à l'étude du sang. Il existe trois grands types de cellules sanguines à savoir, les érythrocytes (globules rouges), les leucocytes (globules blancs), et les plaquettes.

L'analyse des cellules sanguines dans les images microscopiques peut fournir des informations utiles concernant la santé des patients, cette étape de lecture ; le screening, est une activité manuelle qui consiste en une inspection et analyse visuelle par le cytotechnicien de toutes les cellules présentes sur une lame dans le but de détecter des cellules anormales.

L'analyse consiste en la comparaison de l'image observée au microscope avec l'image normale, mémorisée par le cytotechnicien. Cette analyse est d'un intérêt capital car le diagnostic dépend de la bonne reconnaissance des cellules anormales ou suspectes [2].

Or cela est difficile et le faible nombre de cellules normales implique une grande concentration du technicien. A cause de ce facteur subjectif des faux négatifs peuvent

apparaître. Pour pallier ceci, une approche consiste à aider le cytotechnicien par un système semi-automatique afin de confirmer son analyse visuelle (segmentation automatique).

La Segmentation d'une image veut dire séparation du domaine image en plusieurs zones [3]. L'image microscopique est avant tout une image couleur qui est un ensemble de pixels.

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

Les images de frottis sanguins fournissent des informations sur la forme des cellules contenues dans le sang, et grâce aux opérations du traitement d'images nous pourrions extraire automatiquement ces informations en vue de les exploiter par la suite pour détecter des cellules anormales, et ceci est d'un intérêt capital pour le pathologiste dont le diagnostic dépendra de la bonne reconnaissance de ces cellules suspectes.

Notre travail consiste donc à développer un système automatique d'analyse des formes de cellules sanguines par traitement numérique des images. Cette démarche est résumée par le schéma suivant :



Au début nous disposons d'une image d'un frottis sanguin acquise par microscope, sur laquelle nous effectuons une mise en forme qui consiste en un filtrage dans le but de réduire les bruits dus à l'acquisition et à la transmission, d'enlever les détails non-significatifs, et de rehausser les structures des cellules . Dans la deuxième étape une opération de segmentation vise à trouver une partition de l'image, pour définir les zones associées à chaque cellule.

Et la dernière étape est la caractérisation, elle concerne la mesure des paramètres des cellules contenues dans l'image en vue de leur classification (cas pathologique ou non pathologique). Pour la mise en place d'un tel système on fait appel à des opérations du traitement d'images telle que : la segmentation, la morphologie mathématique..., et d'après les méthodes de la segmentation on applique la ligne de partage des eaux (L.P.E) [4].

Le travail présenté dans ce document organisé en trois chapitres. Le découpage a été fait de manière à couvrir les domaines impliqués dans notre travail:

Le **premier chapitre** est consacré à quelques généralités sur le domaine médical de l'hématologie cellulaire. Nous présentons les différentes cellules présentes dans le sang, ainsi que quelques maladies pouvant atteindre ces cellules.

Le **deuxième chapitre** présente les notions de base sur les espaces couleurs et aborde les différents méthodes de traitement des images, nous invoquons le schéma classique du traitement d'une image (acquisition, filtrage et segmentation) ; ainsi qu'une introduction à la morphologie mathématique qui sera employée dans notre travail.

Et dans le **troisième chapitre** nous avons appliqué des méthodes de segmentation et d'extraction de caractéristiques sur des images de frottis sanguin ; puis nous donnons quelques interprétations sur les résultats obtenus, et d'après les méthodes de segmentation nous avons appliqué la segmentation LPE.

Nous terminons notre travail par une conclusion générale et nous donnons quelques perspectives.

1.1. Introduction :

L'hématologie avant tout, a permis de mettre en évidence les processus du fonctionnement des globules rouges, des globules blancs et des plaquettes, ainsi que celui de la différenciation entre les cellules des tissus composant la moelle osseuse. [5]

Avec le nombre croissant de lames de cellules à analyser (en particulier les frottis), le dépistage s'est considérablement développé ces dernières années mettant en avant le besoin d'automatisation par des méthodes informatiques. [6]

Le sang est un élément vital pour l'être humain. Le sang est un liquide circulant dans les artères et les veines de l'organisme.

Le sang est composé d'un liquide jaunâtre, appelé plasma, dans lequel baignent des millions de cellules, notamment les globules rouges qui lui donnent sa couleur. Ces cellules, qui constituent les éléments figurés, représentent environ 45 p. 100 du volume du sang total. Son odeur est très caractéristique. Le sang a une densité relative comprise entre 1,056 et 1,066. L'organisme d'un adulte en bonne santé contient en moyenne entre 4,5 et 6 litres de sang, soit un onzième du poids du corps. [7]

La majeure partie du plasma est constituée d'eau, fluide dans lequel sont dissoutes les nombreuses substances composant le sang. Un millimètre cube de sang humain contient environ cinq millions de globules rouges (hématies), cinq à dix mille globules blancs (leucocytes) et deux cent mille à trois cent mille plaquettes (thrombocytes). Le sang transporte également de nombreux sels minéraux et substances organiques en solution. [8]

1.2. Cytomorphologie des cellules sanguines :

Le sang est constitué de cellules spéciales en suspension dans un liquide appelé plasma. Le sang représente environ 1/12 de la masse corporelle d'un homme adulte, ce qui correspond à de 5 à 6 litres de liquide. Il est constitué à 55 % de plasma et à 45 % de cellules appelées éléments figurés. [9]

Le sang exécute de nombreuses fonctions importantes. Par la voie de l'hémoglobine contenue dans les érythrocytes, il transporte de l'oxygène vers les tissus et recueille le gaz carbonique (CO₂). Il transporte aussi des substances nutritives (p. ex. les amino-acides, sucres et sels minéraux) et rassemble la matière excrétée qui sera éliminée par le filtre rénal. Le sang transporte également des hormones, des enzymes et des vitamines. Il assure la défense de

l'organisme grâce à l'activité phagocytaire des leucocytes, au pouvoir bactéricide du sérum et à la réaction immunitaire dont les lymphocytes sont les protagonistes. [10]

1.3. Le frottis de sang :

Le sang est essentiel au bon fonctionnement de l'organisme, ainsi une quelconque modification des paramètres sanguins quantitatifs et qualitatifs traduit un dysfonctionnement dans l'organisme. La réalisation d'analyses sanguines de contrôle est donc extrêmement importante : c'est pourquoi c'est l'une des premières étapes d'un diagnostic médical. [8]

Au but de prélever des échantillons de sang, vous devez utiliser des gants en latex et des spéciales lancettes stériles qui vous permettent de piquer la peau en sécurité et d'en obtenir l'échantillon. Après l'usage, les lancettes et les lames doivent être jetées dans des conteneurs spéciaux munis d'une étiquette convenable. Tous les matériaux, comme les tissus, serviettes, colorants, etc. Qui ont été en contact avec le sang doivent être jetés d'une façon sûre en suivant les protocoles de l'organisme compétent. Dans tous les cas, lisez notre page d'Avertissements. [10]

1.3.1. Préparation d'un frottis sanguin :

1. **Nettoyer** : 2 lames à l'alcool (faces et tranches), les sécher avec du papier absorbant, les déposer sur papier absorbant.
2. **Prélever** : une goutte de sang à l'aide du compte-goutte.
3. **Déposer** : la goutte de sang à l'extrémité d'une lame (figure1).
4. **Appliquer** : une autre lame inclinée à 45° en avant de la goutte de sang de façon à ce que le sang s'étale sous la lame par capillarité (figure 2 et 3).
5. **Faire** : glisser la lame inclinée à 45° pour étaler uniformément la goutte (figure 4).
6. **Sécher** : le frottis avec le sèche-cheveux.
7. **Repérer** : au marqueur, avec une lettre F, la face où se trouve le sang. [12]

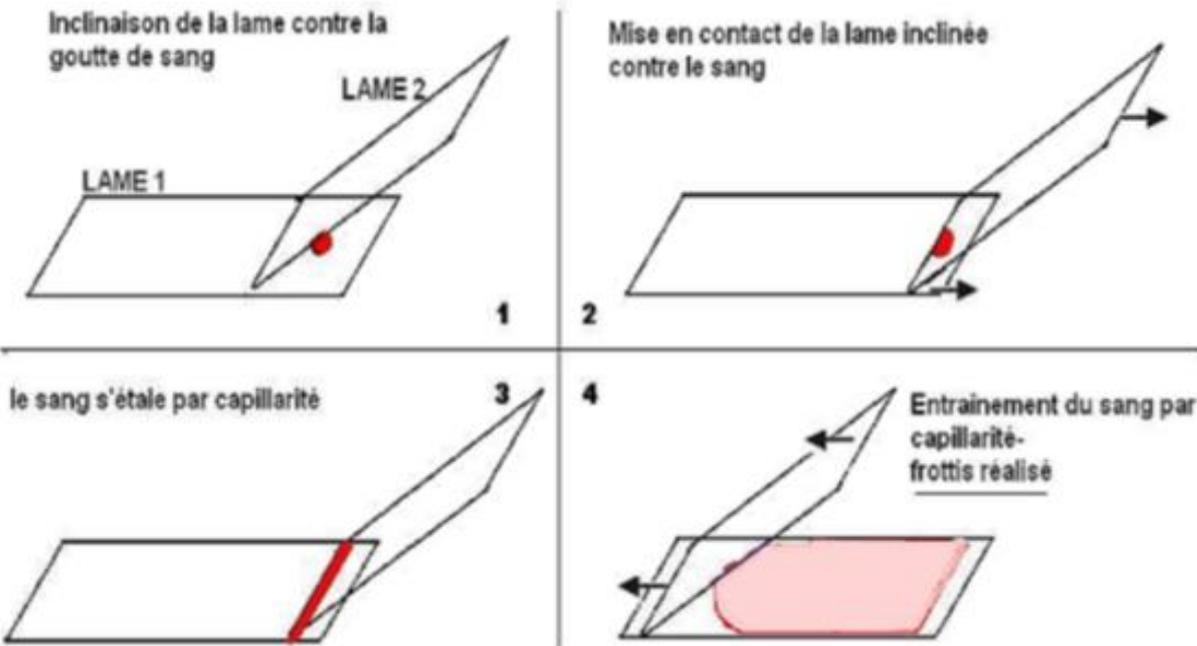


Figure 1.1 : Description des différentes étapes pour la préparation d'un frottis sanguin

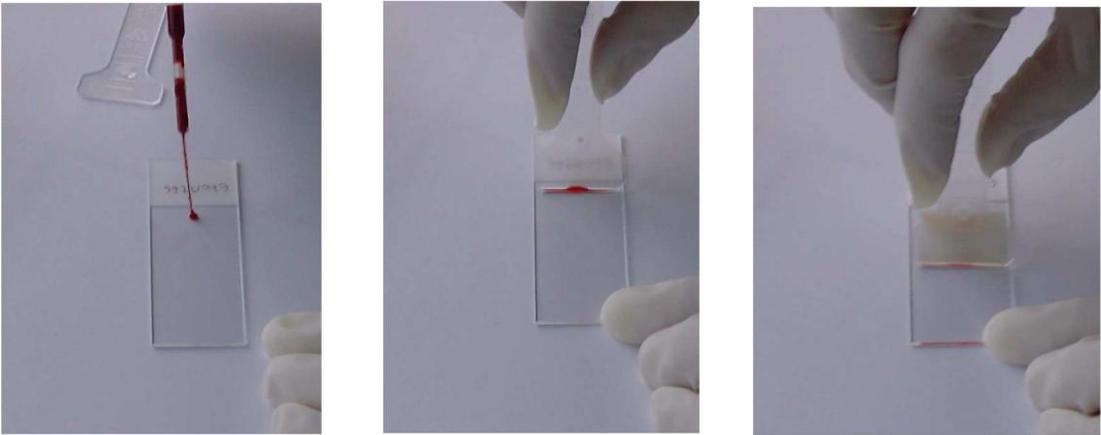


Figure 1.2 : Exemple de frottis sanguin

▪ Bon frottis:

Bonne taille ($\frac{1}{2}$ à $\frac{3}{4}$ de la lame)

Bonne densité, goutte étalée en entier,[13]

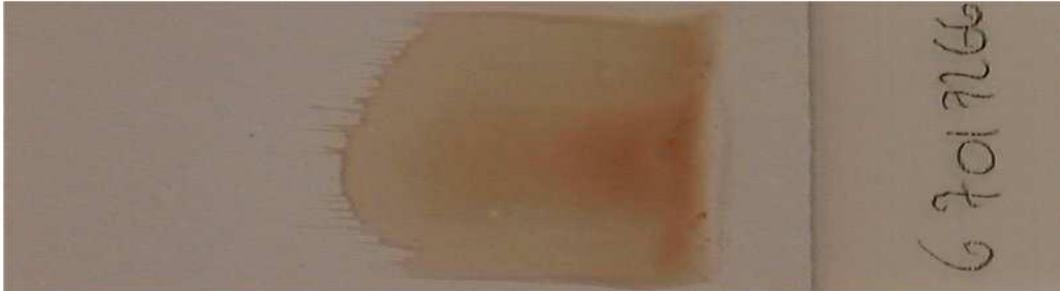


Figure 1.3 : Une lame représentant un frottis sanguin réussi

1.3.2. Coloration frottis sanguin: May Grünwald Giemsa :**1- Fixation :**

- Placer la lame du frottis sur un support horizontal au dessus d'un bac de coloration.
- Verser sur la lame 15 gouttes de colorant May-Grünwald pur de façon à recouvrir complètement le frottis. **Laisser agir 3 minutes.**

2- Coloration au May-Grünwald :

- Ajouter autant de gouttes d'eau neutre que de gouttes de colorant, le mélange est rapide.
- Laisser agir 2 minutes. (*Préparer la dilution du Giemsa pendant ce temps.*)
- Rejeter le colorant par un jet d'eau neutre.

3- Coloration au Giemsa :

- Préparer la dilution du Giemsa pendant les 3 minutes précédentes : pour cela introduire 20 cm³ d'eau neutre dans une éprouvette graduée, ajouter 30 gouttes de colorant de telle manière que celui-ci reste à la surface de l'eau neutre.
- Verser le contenu de l'éprouvette dans une boîte de Laveran. Dès que la lame est prête, mélanger en agitant doucement (le pouvoir colorant est maximum au moment du mélange).

- Déposer la lame (frottis en dessous) dans la boîte, **laissé agir 20 minutes** (Giemsa lent).
Rincer sous un jet d'eau neutre.

4- Séchage

- Laisser sécher la lame à l'air, en position inclinée, après avoir essuyé la face inférieure de la lame avec du papier filtre.
- Attendre au moins **5 minutes** avant l'examen microscopique du frottis. [12]

Nous allons maintenant décrire l'aspect morphologique de chacun de ces types de cellules :

1.3.3. Le plasma :

Le sérum dépourvu de cellules, ou plasma, peut être obtenu au moyen de la centrifugation. Le plasma est un liquide légèrement alcalin, ordinairement jaunâtre. Il est constitué à 90 % d'eau et à 10 % de matières sèches. Neuf/dix de celles-ci sont constituées de substances organiques, la dernière l'étant de minéraux. Ces substances organiques sont composées de glucides (glucose), de lipides (cholestérol, triglycérides, phospholipides, lécithine, gras), de protéines (globulines, albumines, fibrinogènes), de glycoprotéines, d'hormones (gonadotrophine, érythropoïétine, thrombopoïétine), d'acides aminés et de vitamines. Les substances minérales sont dissoutes sous forme ionique, c'est-à-dire dissociées en ions positifs et négatifs. [10]

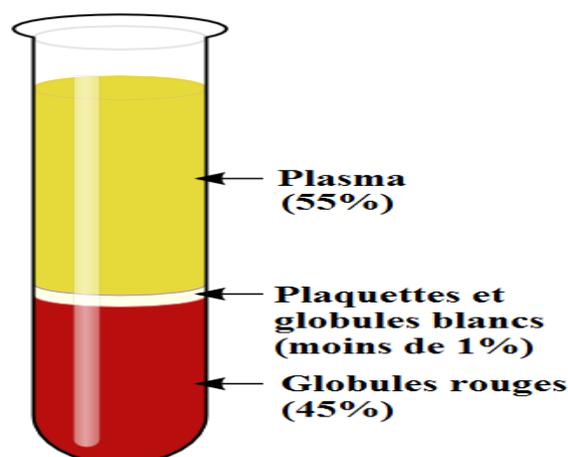
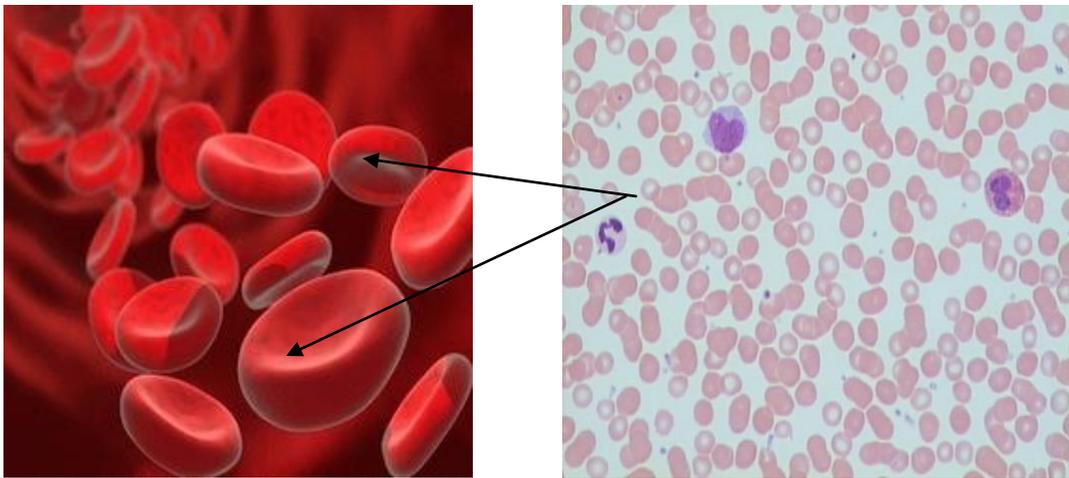


Figure 1.4 : Le plasma ou sérum

1.3.4 Les globules rouges (érythrocytes):

Les globules rouges sont aussi appelés hématies (du grec "haima" = "sang") ou érythrocytes (du grec "érythros" = "rouge" et "kytos" = "vide"). Ces cellules ont une forme biconcave et ne possèdent pas de noyau, du moins chez les mammifères. D'un diamètre de $7\ \mu\text{m}$ (= 7 millièmes de mètre) pour une épaisseur de $2\ \mu\text{m}$, les hématies sont très déformables et capables de circuler, transportées passivement par le courant sanguin, dans des vaisseaux capillaires de $3\text{-}4\ \mu\text{m}$ de diamètre ! On en trouve en moyenne 5 millions par mm^3 de sang chez l'homme et 4,5 millions par mm^3 de sang chez la femme. [14]



(a)

(b)

Figure 1.5: (a) globules rouges dans les vaisseaux sanguins, (b) globules rouges sur frottis sanguin coloré

1.3.5 Les globules blancs (ou leucocytes):

Les globules blancs sont aussi appelés leucocytes (du grec "leukos" = "blanc" et "kytos" = "vide"). En effet, un "point blanc" est principalement fait d'un amas considérable de leucocytes.

Ils possèdent un noyau aisément observable au microscope après coloration. On en trouve normalement de 5000 à 9000 par mm^3 . [14]

Chaque type de leucocyte est présent dans le sang en proportions différentes :

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

1.3.5.1 Les neutrophiles :

Phagocytent très activement les bactéries et sont présents en nombre élevé dans le pus des plaies. Malheureusement, ces cellules sont incapables de renouveler les lysosomes utilisés dans la digestion des microbes et meurent après en avoir phagocyté quelques-uns. [10]

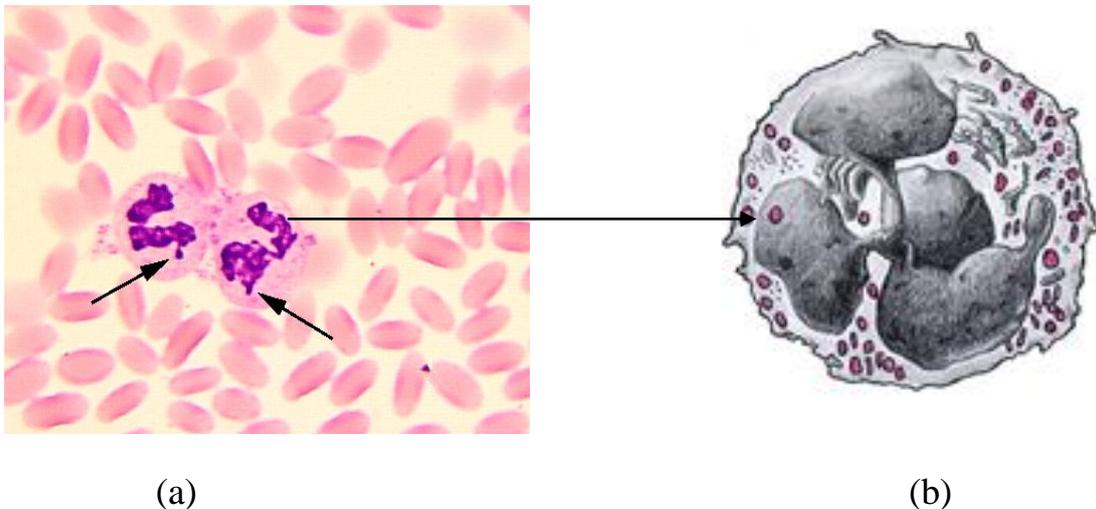


Figure 1.6 : (a) Aspect des neutrophiles en microscopie optique, (b) Neutrophile

1.3.5.2 Les éosinophiles :

Attaquent les parasites et phagocytent les complexes antigènes-anticorps. Les éosinophiles sont assez rares dans le sang. Leur taille est la même que celle des neutrophiles. Leur noyau comporte généralement deux lobes. Cependant, on a déjà observé des noyaux à trois ou quatre lobes. Le cytoplasme est rempli de granules qui prennent une couleur rose orangée caractéristique. Par ailleurs, le noyau de l'éosinophile est encore facilement visible. [10]

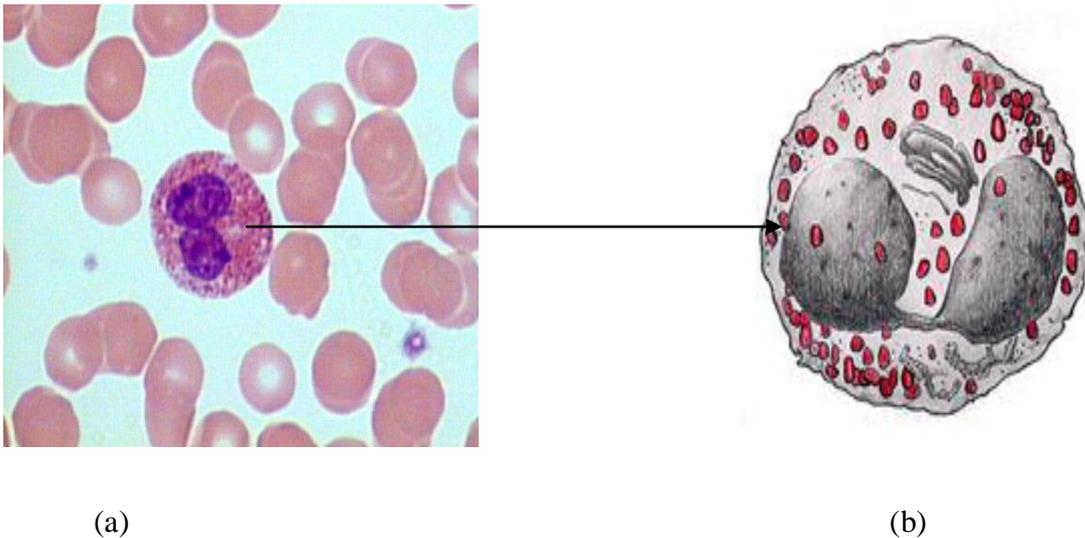


Figure 1.7 : (a) Aspect des éosinophiles en microscopie optique, (b) Eosinophile

1.3.5.3 Les basophiles :

Sécrètent des substances anticoagulantes et vasodilatatrices comme les histamines et la sérotonine. Malgré leur capacité phagocytaire, leur principale fonction est de sécréter les substances qui servent à la médiation de la réaction d'hypersensibilité.

Les basophiles sont les leucocytes les plus rares, avec un taux de moins de 1 %. Ils sont aussi un peu petits : leur diamètre est de 9 à 10 μm . Le cytoplasme est très riche en granules qui prennent une couleur pourpre foncée. Le noyau compte deux ou trois lobes, mais il est difficile de le voir en raison du nombre de granules qui le cachent. [10]

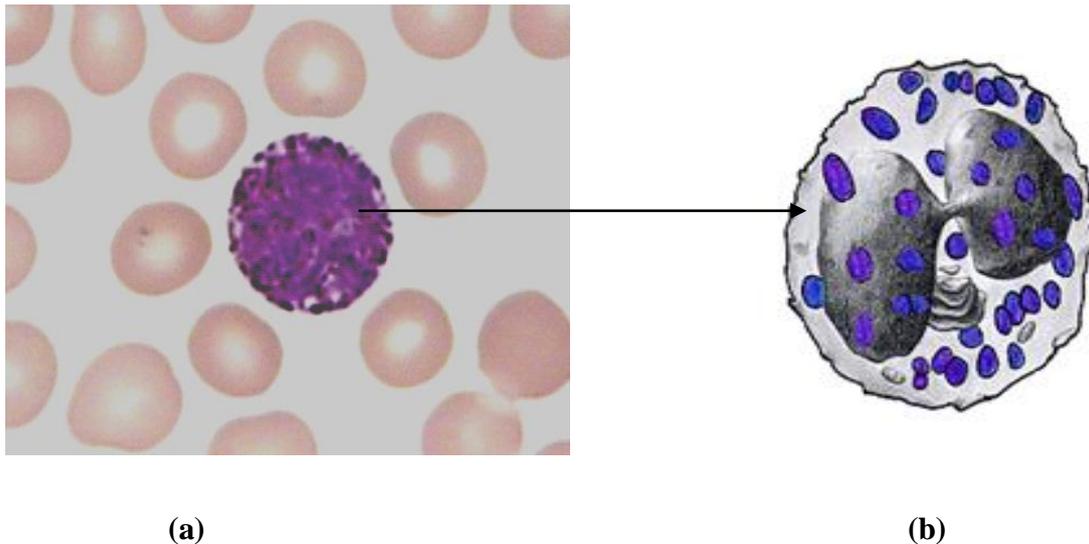


Figure 1.8 : (a) Aspect des basophiles en microscopie optique, (b) Basophile

1.3.5.4. Les lymphocytes (ou agranulocytes):

Sont des cellules qui, outre leur présence dans le sang, peuplent aussi les tissus lymphoïdes et les organes de même que la lymphe circulant dans les vaisseaux lymphatiques. Les organes lymphoïdes comprennent le thymus, la moelle osseuse (dans la bourse séreuse des oiseaux), la rate, les nodules lymphoïdes, les amygdales palatines, les plaques de Peyer et les tissus lymphoïdes du système respiratoire et du tube digestif.

La plupart des lymphocytes qui circulent dans le sang se trouve en état de repos. Ils ressemblent à de petites cellules ayant un noyau circulaire compact qui occupe la quasi-totalité du volume cellulaire. Par conséquent, le cytoplasme est beaucoup réduit. Les lymphocytes des organes et des tissus lymphoïdes peuvent être activés de différentes manières par suite d'une stimulation antigénique. Avec une proportion de 20 à 40 % et un diamètre de 8 à 10 μm , les lymphocytes sont très communs dans le sang. Ils sont généralement plus petits que les autres leucocytes, mais quand même un peu plus gros que les globules rouges. Le cytoplasme est transparent. Le noyau est gros et arrondi en comparaison de la cellule et en occupe la majeure partie. Dans tous les cas, une partie du cytoplasme demeure visible, généralement en position latérale. Selon la quantité de cytoplasme, les lymphocytes se divisent en petits, moyens et gros. Avec le colorant Giemsa, il est impossible de distinguer dans le sang les différents types

de lymphocytes (B, T et NK), soit parce qu'ils ne sont pas activés, soit parce qu'il faudrait procéder à une coloration immuno-chimique particulière. [10]

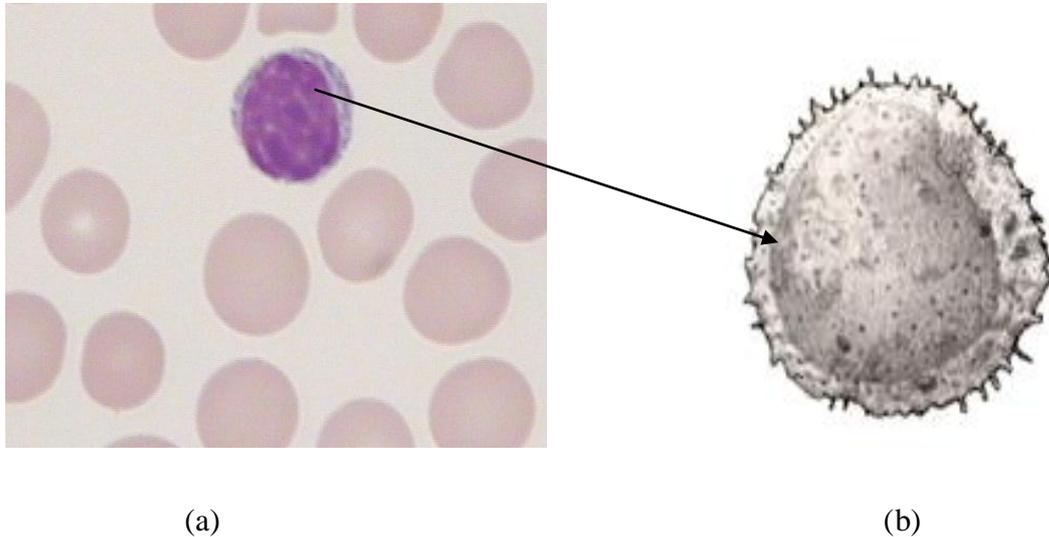


Figure 1.9 : (a) Aspect des lymphocytes en microscopie optique, (b) Lymphocyte

1.3.5.5 Les monocytes :

Sont les précurseurs des macrophages. Ce sont des cellules sanguines plus grosses qui, après avoir atteint leur maturité dans la moelle osseuse, entrent dans le flux sanguin où elles demeurent pendant de 24 à 36 heures. Elles migrent ensuite vers les tissus conjonctifs, où elles deviennent des macrophages et se déplacent dans les tissus. S'ils parviennent au site d'une inflammation, les monocytes migrent rapidement à partir du vaisseau sanguin et se lancent dans une intense activité phagocytaire. La phagocytose n'est pas le rôle exclusif de ces cellules car elles ont aussi une activité de sécrétion intense. Elles produisent des substances exerçant des fonctions de défense comme les lysozymes, les interférons et des substances qui modulent la fonctionnalité d'autres cellules. Les macrophages participent à la défense immunitaire. Ils exposent les molécules de corps digérés sur leur membrane et les présentent à des cellules plus spécialisées, comme les lymphocytes B et T auxiliaires. Les monocytes sont les plus gros leucocytes : ils mesurent de 16 à 20 μm . Ils ont un grand noyau réniforme ou en

forme de fer à cheval, dans certains cas à deux lobes. Le cytoplasme est transparent, mais à l'apparence du verre dépoli. [10]

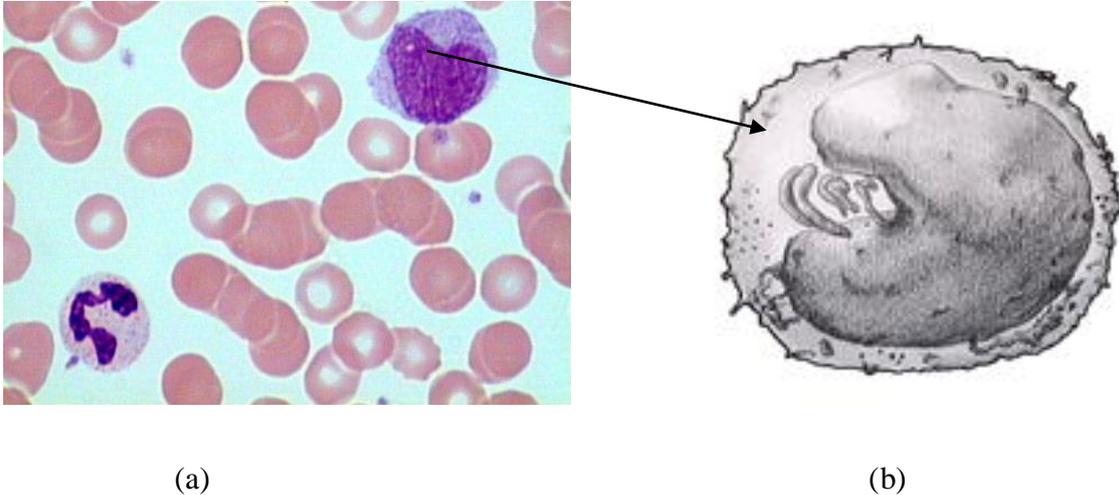


Figure 1.10 : (a) Aspect des monocytes en microscopie optique , (b) Monocyte

1.3.6. Les Plaquettes (Thrombocytes) :

La fonction principale des plaquettes, ou thrombocytes, est de faire cesser l'écoulement du sang par les plaies (hémostase). A cette fin, elles s'agglutinent et libèrent des facteurs favorisant la coagulation du sang. On trouve parmi elles la sérotonine, qui réduit le diamètre des vaisseaux lésés et ralentit le flux sanguin, et la fibrine qui capture les cellules et donne lieu à la coagulation. Même si les plaquettes sont en apparence plutôt rondes, ce ne sont pas de véritables cellules. Dans les frottis colorés au Giemsa, elles prennent une couleur pourpre intense. En raison de leur diamètre d'environ 2-3 μm , elles sont beaucoup plus petites que les érythrocytes. Leur densité dans le sang est de 200 000 à 300 000/ mm^3 . [2]

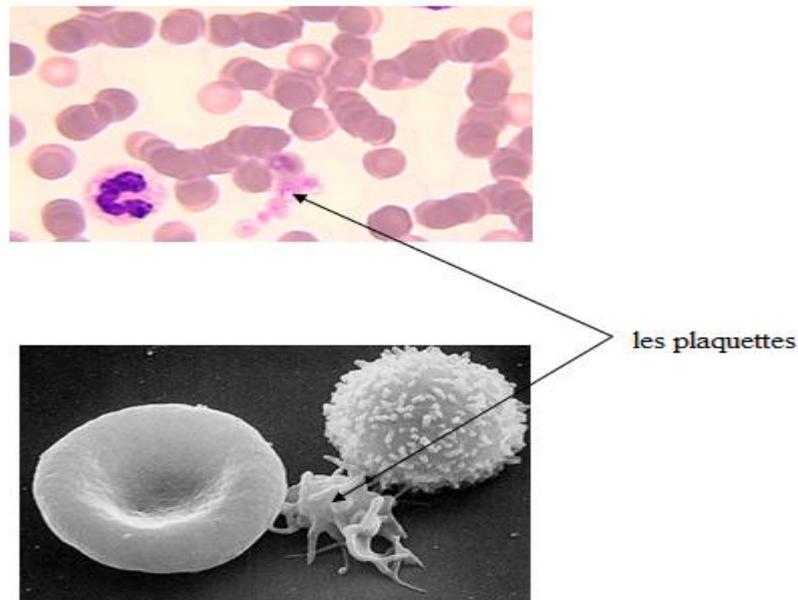


Figure 1.11 : Plaquette sanguine

Les plaquettes participent à l'hémostase:

- ✓ en colmatant les petites lésions des vaisseaux sanguins comme de petites rustines.
- ✓ en libérant un facteur de coagulation permettant la synthèse de prothrombinase.
- ✓ en sécrétant, en cas de lésion, la sérotonine, substance qui réduit le flux sanguin par vasoconstriction. [14]

1.3.7. Le rôle du sang :

Un homme adulte possède approximativement 5 l de sang, représentant entre 6 et 8 % du poids corporel. C'est une masse liquide vivante, circulant dans un système circulatoire clos et irriguant tous les tissus de l'organisme, auxquels il apporte les substances nutritives (surtout du glucose) et l'oxygène nécessaires au métabolisme, et dont il recueille les déchets pour les emporter vers les organes qui les éliminent (reins, poumons,...). Le sang et la lymphe effectuent donc les transports alimentaires, gazeux, excréteurs et hormonaux au sein de l'organisme. [14]

1.4 Les maladies du sang :

Appelées également hémopathies, maladie du sang grave et rare, les hémopathies touchent la production du sang et de ses composants, tels les cellules sanguines, l'hémoglobine, les protéines sanguines, le mécanisme de la coagulation, etc.

Nous allons présenter dans cette section quelques-unes de ces maladies :

1.4.1 La leucémie :

La leucémie est définie par une prolifération clonale d'un précurseur des cellules sanguines dans la moelle. Une classification internationale définit différents types cytologiques selon la lignée cellulaire en cause : lignée lymphoïde ou lignée myéloïde. Ces maladies sont graves.

On distingue :

- ✓ Les leucémies «aiguës», liées à la cancérisation d'une cellule de la moelle à un stade très jeune (apparition de leucoblastes) qui envahit la moelle et l'empêche de fonctionner normalement. Elles entraînent des baisses de globules rouges, de plaquettes et de globules blancs. Ces leucémies ont une évolution spontanée rapidement mortelle. Elles touchent environ 5 000 personnes par an en France, surtout les personnes âgées et les enfants.
- ✓ Les leucémies «chroniques», sont dites myéloïdes ou lymphoïdes (excès de lymphocytes). Leur évolution spontanée est lente. Elles représentent 15 à 20% des cas de leucémie. On estime qu'il y a 1 à 1,5 nouveau cas chaque année pour 100 000 personnes.

Selon l'avancée de la maladie, les cellules leucémiques peuvent envahir d'autres organes comme les ganglions lymphatiques, la rate, le foie, les testicules ou le système nerveux central.[15]

1.4.2 Les lymphomes :

Le lymphome est la forme de cancer du sang la plus répandue.

Il se développe dans le système lymphatique, organe de défense de l'organisme composé des vaisseaux et des ganglions lymphatiques, de cellules lymphatiques qui circulent dans le sang et la lymphe. Les organes lymphoïdes comme la rate, le foie, la moelle osseuse font également partie du système lymphatique. [15]

1.4.3. Les syndromes myélodysplasiques :

Le syndrome myélodysplasique correspond à une anomalie de la moelle osseuse qui entraîne une perturbation de la formation des globules rouges, des globules blancs et des plaquettes. Cette anomalie, anciennement nommée état pré-leucémique, est susceptible d'évoluer vers une leucémie aiguë de type myéloblastique.

La maladie s'observe surtout après 50 ans - la majorité des patients a plus de 65 ans avec une légère prédominance masculine -, le plus souvent sans circonstance déclenchant évidente. Cependant, dans 15 à 20 % des cas, les syndromes myélodysplasiques sont consécutifs à l'utilisation d'une chimiothérapie et/ou d'une radiothérapie. Dans ce cas, ils ne présentent aucune relation avec l'âge. Les enfants sont très rarement atteints de syndrome myélodysplasique. [15]

1.4.4. La drépanocytose :

La drépanocytose est une maladie des gènes de l'hémoglobine, protéine du sang servant à la fixation et au transport des gaz respiratoires dans le sang. Cette maladie porte sur les gènes beta de l'hémoglobine qui servent à fabriquer un morceau de la protéine appelé chaîne beta de l'hémoglobine. Les gènes beta normaux sont appelés A, les gènes anormaux drépanocytaires sont appelés S. Ces gènes conduisent à la formation d'une protéine d'hémoglobine anormale, dont la présence dans les globules rouges conduit à leur destruction, et donc à une anémie très grave. [16]

Les protéines anormales de l'hémoglobine ont tendance à s'agréger entre elles et à former des cristaux, dont la croissance finit par déchirer la membrane du globule rouge, qui est alors détruit et ces globules rouges acquièrent la propriété de se polymériser lorsqu'ils sont désoxygénés ceci explique que la falciformation des hématies est déclenchée par le manque d'oxygène dans le sang (hypoxie). [16]

1.5. Conclusion :

Dans ce chapitre, nous avons donné des généralités sur l'anatomie et l'hématologie de façon générale.

Dans ce chapitre, nous avons expliqué l'examen des frottis de sang est nécessaire pour détecter les cellules anormales et étudier leurs morphologies d'où le grand intérêt que le médecin porte aux analyses sanguines, lorsqu'il se met en quête d'éléments mesurables qui lui permettront d'établir un diagnostic.

Nous avons aussi parlé de la cytomorphologie des cellules sanguines (les globules rouges, les globules blancs, les plaquettes) de leurs structures et fonctions dans le corps humain.

Nous proposons dans ce mémoire l'analyse de frottis sanguins par des techniques de traitement d'images pour l'aide au diagnostic dans l'hématologie cellulaire qui consistent à extraire les globules rouges, les globules blancs en vue de détection des anomalies.

2.1. Introduction :

Dans ce chapitre, nous présenterons ce que c'est l'image couleur et comment la couleur, pour être mesurée, peut être représentée en utilisant différents systèmes de représentation. Nous nous arrêterons sur les systèmes de représentation de la couleur les plus utilisés dans la littérature pour analyser leurs propriétés colorimétriques. Nous verrons qu'il existe de nombreux systèmes de représentation de la couleur et même de nombreuses définitions pour un même système.

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

Le but de l'analyse d'image est de fournir une description quantitative de l'image (nombre de cellules d'une certaine taille) ou une reconnaissance de forme (utile si les caractéristiques morphologiques de l'image sont liées aux propriétés de l'objet).

2.2. Les Systèmes Informatiques d'Analyse d'Images cytologiques :

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

- La segmentation qui consiste en l'extraction de régions et/ou de primitives adaptées au problème rencontré.

Ici on cherche à isoler les composants cellulaires en l'occurrence,

- La caractérisation qui évalue les caractères extraits à la segmentation. Cela consiste à fournir les données représentatives de chaque cellule : taille, surface, texture etc.

- L'étiquetage qui recherche la meilleure classification pour les régions extraites à la segmentation. Pour cela on se sert des caractéristiques cellulaires trouvées lors de l'étape précédente. Cela consiste en fait à trouver le type de la cellule et à affirmer sa bénignité ou sa malignité.

Tous les systèmes qui ont été développés en cytologie sont de ce type. Nous allons voir maintenant les progrès et les techniques connues pour chacune des trois étapes. [6]

2.2.1. La segmentation :

La segmentation (c'est-à-dire la partition d'une image en régions connexes homogènes) est un point central de l'analyse d'image. Etape obligée de tout système d'analyse intelligente de scènes (modules d'assistance à la conduite, d'aide au diagnostic médical, la segmentation est également utilisée dans des domaines a priori moins évidents tels que le codage d'image (codage orienté objet). [17]

Est un traitement qui consiste à créer une partition de l'image considérée, en sous-ensembles appelés régions. Une région est un ensemble connexe de pixels ayant des propriétés communes (intensité, texture,...) qui les différencient des pixels des régions voisines. [18]

2.2.2. La caractérisation :

Analyser chaque objet de l'image a une étiquette ou référence et pour pouvoir classer chaque cellule (i.e. pour connaître son type), il nous faut des critères mesurables. On conçoit facilement quels genres de critères peuvent être mesurés :

- ♦ La surface du cytoplasme ;
- ♦ La surface du noyau ;
- ♦ La forme du noyau, etc.

Le problème qui se pose est de savoir quelles caractéristiques de la cellule choisir de calculer. Il n'en faut pas trop pour ne pas trop accroître le temps de calcul, mais il en faut assez pour pouvoir effectuer une classification significative.

A ce propos nous allons faire un panorama des caractéristiques les plus généralement retenues. Les caractéristiques que l'on retrouve dans presque la totalité des travaux effectués sur le sujet sont :

- La taille du cytoplasme ;
- Le rapport Noyau / Cytoplasme ;
- La densité optique ;
- La forme du noyau et/ou du cytoplasme ;
- La texture du noyau et/ou du cytoplasme. [6]

2.2.3. La classification :

Une fois chaque cellule caractérisée par différentes valeurs mesurables, le système informatique de cytologie se sert de ces valeurs pour classer la cellule. C'est à ce stade qu'intervient donc une décision. Le système de décision doit intégrer les résultats de mesures quantitatives avec éventuellement des données cliniques. L'introduction de systèmes de décision a été un effort significatif pour le développement de la cytopathologie. Ces systèmes doivent avoir des capacités d'apprentissage et doivent être capables de réactualiser leurs connaissances compte tenu des données qui leur sont proposées. [19]

2.3. Les espaces de couleur :

Comme nous l'avons vu dans la section précédente, toute couleur peut être représentée comme une combinaison linéaire de trois primaires p_1 , p_2 , p_3 . La donnée d'un triplet représentant une couleur n'a de sens que si l'on connaît les 3 primaires qui ont servi à les définir. La Commission Internationale de l'Eclairage a donc défini un ensemble de standards permettant une communication entre les différents utilisateurs de la colorimétrie. [20]

2.3.1. L'espace (Rc, Gc, Bc) :

L'espace (Rc, Gc, Bc) de la CIE a été défini en 1931.

Cet espace est défini à partir de trois primaires monochromatiques de couleurs rouge, vertes et bleu. Les longueurs d'ondes associées à chacune des primaires sont les suivantes :

- 700,0 nanomètres pour le rouge ;
- 546,1 pour le vert ;
- 435,8 pour le bleu. [22]

L'indice c est utilisé en référence à cette commission. Chaque stimulus de couleur est représenté par un point C qui définit le vecteur couleur \overrightarrow{OC} . Les coordonnées de ce vecteur sont les composantes trichromatiques R_c, G_c et B_c . Les points correspondant à des stimuli de couleur, dont les composantes trichromatiques sont positives, sont contenus dans un cube, connu sous le nom de cube des couleurs (figure 2.1). L'origine O correspond au noir ($R_c=G_c=B_c=0$) tandis que le blanc de référence est défini par le mélange unitaire des trois primaires ($R_c=G_c=B_c=1$). La droite passant par les points Noir et Blanc est appelée axe des

gris, axe des couleurs neutres ou encore axe achromatique. En effet, les points de cette droite représentent des nuances de gris allant du noir au blanc. [21]

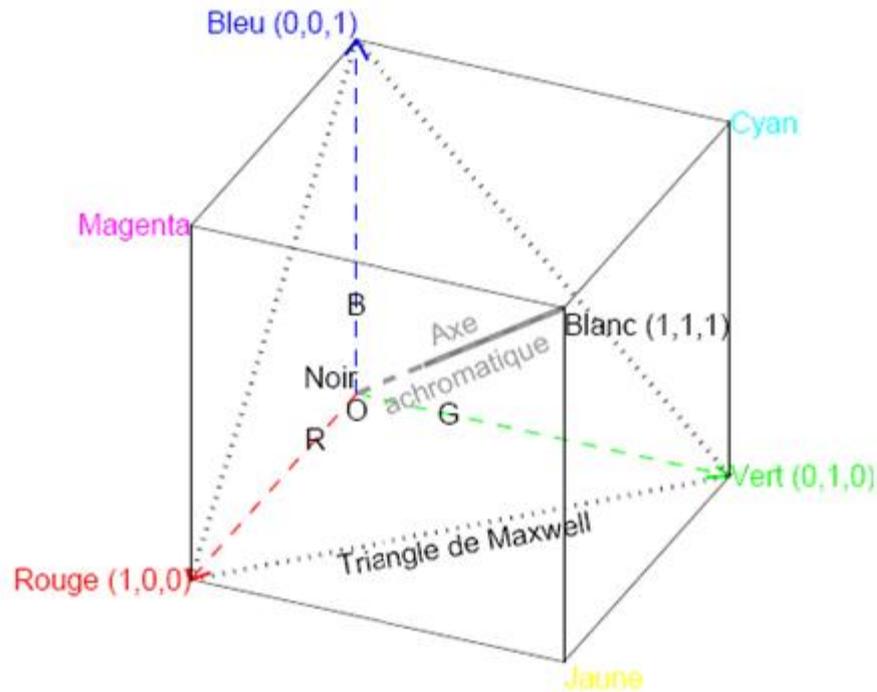


Figure 2.1 : Cube de couleurs

2.3.2 L'espace (r_c, g_c, b_c) :

Les composantes trichromatiques d'un stimulus de couleur du système (R_c, G_c, B_c) sont liées à sa luminance (nous définissons ici la luminance comme étant l'attribut d'une sensation visuelle selon laquelle une surface paraît émettre plus ou moins de lumière). Deux stimuli de couleur peuvent ainsi posséder le même caractère chromatique, que nous appellerons chrominance, mais avoir des composantes trichromatiques R_c , G_c et B_c différentes et ceci à cause de leur luminance. Afin d'obtenir des composantes qui ne tiennent compte que de la chrominance, il convient donc de normaliser les valeurs des composantes trichromatiques par rapport à la luminance. Ceci est réalisé en divisant chaque composante par la somme des trois. Les composantes ainsi obtenues sont appelées coordonnées trichromatiques, coordonnées réduites ou encore composantes normalisées. Pour l'espace (R_c, G_c, B_c) de la CIE, elles sont notées r_c , g_c , b_c et sont définies par :

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

L'espace de représentation associé aux coordonnées trichromatiques est appelé l'espace (R_c, G_c, B_c) normalisé. Il est noté (r_c, g_c, b_c) . Comme $r_c + g_c + b_c = 1$, deux composantes suffisent à représenter la chrominance d'une couleur. Ainsi, Wright et Guild ont proposé un diagramme appelé diagramme de chromaticité (r, g) représenté dans la figure (2.2).

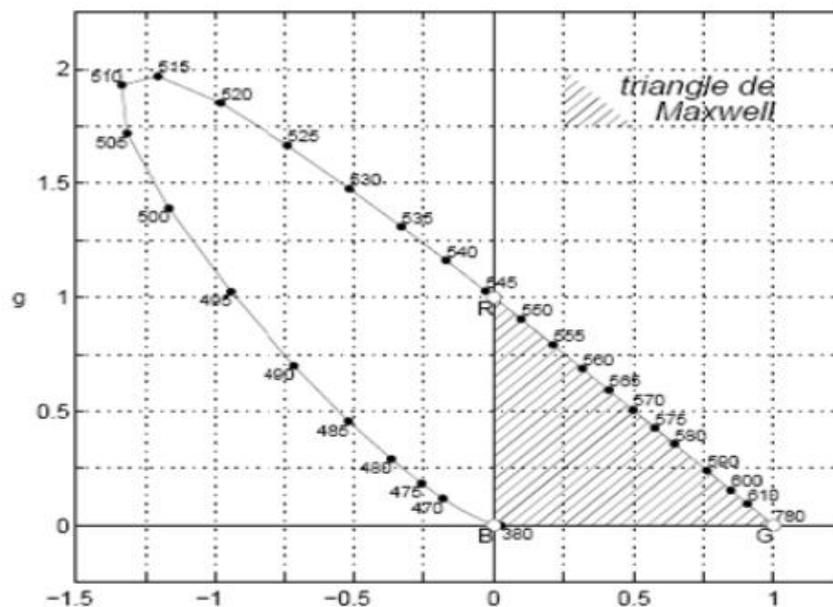


Figure 2.2 : Diagramme de chromaticité (r, g)

Nous voyons sur cette figure que cette représentation impose l'existence de coordonnées négatives. Ces coordonnées représentent des couleurs physiquement non réalisables par synthèse additive. Pour palier à ce problème, entre autres, la CIE a établi le système de référence colorimétrique (X, Y, Z) . [20]

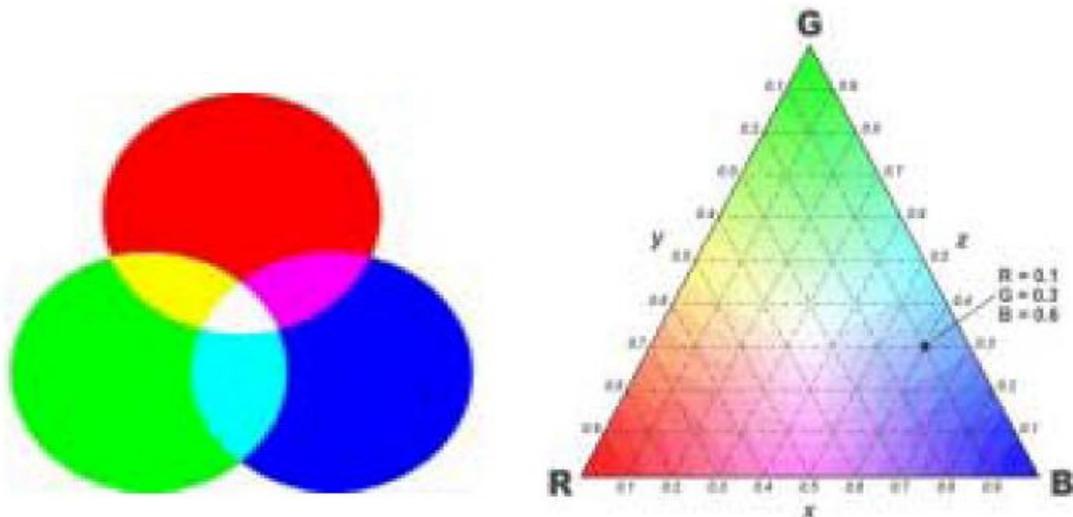


Figure 2.3 : système RVB

2.3.3 Les espace HSV et HSL :

Le modèle HSV « Hue, Saturation, Value », et le modèle HSL « Hue, Saturation, Luminance », ou en français TSL « Teinte- Luminosité-Saturation», s'appuyant sur les travaux du peintre Albert H.Munsell (qui créa l'Atlas de Munsell), sont des modèles de représentation dit "naturels", c'est-à-dire proche de la perception physiologique de la couleur par l'œil humain, donc plus intuitifs. En effet, le modèle RGB aussi adapté soit-il pour la représentation informatique de la couleur ou bien l'affichage sur les périphériques de sortie, ne permet pas de sélectionner facilement une couleur. En effet, le réglage de la couleur en RGB dans les outils informatiques se fait généralement à l'aide de trois glisseurs ou bien de trois cases avec les valeurs relatives de chacune des composantes primaires, or l'éclaircissement d'une couleur demande d'augmenter proportionnellement les valeurs respectives de chacune des composantes. Ainsi les modèles HSV et HSL ont été mis au point afin de pallier à cette lacune du modèle RGB. Les modèles HSV et HSL consistent à décomposer la couleur selon des critères physiologiques, Plus précisément, (voir la figure 2.4). [23]

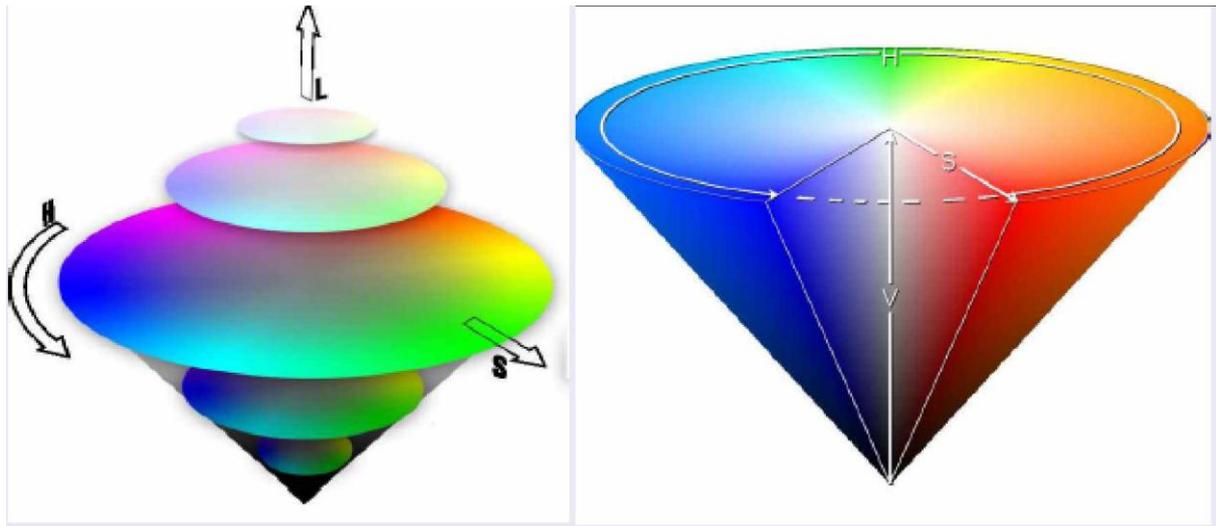


Figure 2.4 : Représentation spatiale des modèles HSL et HSV

Dans tout ce qui suit, nous allons utiliser une notation différente pour les axes, en majuscules (RVB, HSL, etc.), et pour les coordonnées des points, en minuscules : r, g, b, h, l, s... .

Les deux espaces « teinte, saturation, luminance » les plus classiques se nomment HSV et HSL et leurs équations en fonction de RVB s'apparentent à un changement de coordonnées cartésien-polaire. [23]

Le système HSV est défini par les équations suivantes :

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

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

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

Dans ce système, r , g et b varient de 0 à 1 et il en va de même pour v_{HSV} et S_{HSV} alors que h_{HSV} varie entre -1 et 5 . Mais, h_{HSV} approximation d'un angle, est une coordonnée curviligne du cercle unité définie à 2 D près. Il faut la décaler et la multiplier comme il se doit pour la placer dans son domaine de variation, typiquement en traitement d'images. Le zéro de h_{HSV} correspond à la teinte du vecteur purement rouge. On retrouve quelques indéterminations : quand v_{HSV} vaut zéro, alors S_{HSV} est indéterminé, et quand S_{HSV} vaut zéro, alors h_{HSV} est indéterminé à son tour. [23]

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

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

$$l_{HLS} = \frac{\max(r,g,b)+\min(r,g,b)}{2}$$

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

2.3.4. Treillis des images couleur :

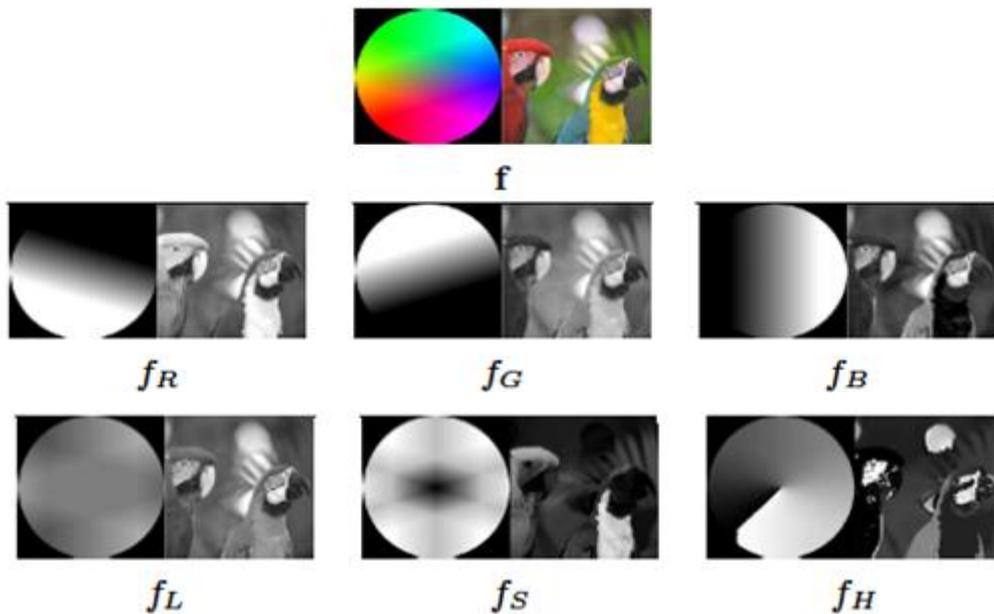


Figure 2.5 : Composantes couleur de l'image f dans les représentations RGB, et LSH en norme $L1$.

2.4. Description de l'application pour l'analyse morphologique de frottis sanguins :

Depuis une vingtaine d'années, l'évaluation des populations leucocytaires (la formule sanguine) a été également automatisée et bénéficie de décomptes en phase liquide sur un grand nombre d'éléments, à partir de particularités physiques, cytochimiques et immunophénotypiques de diverses catégories leucocytaires, ceci, indépendamment de toute procédure d'évaluation morphologiques. En ce qui concerne les éléments anormaux, les « Automates à formule sanguine » ne fournissent que des « alarmes » qualitatives plus au moins précises incitant l'utilisateur à vérifier avec le microscope le résultat. Ainsi l'examen des frottis de sang est encore nécessaire pour détecter et classifier les cellules anormales [2]. Notre démarche vise à optimiser les tâches suivantes :

- (1) définition des zones de bonne lecture de la lame.
- (2) description morphologique des entités cellulaires.

Le schéma de la (figure (2.6)) illustre la mise en œuvre de notre approche, avec ses différentes étapes. Dans une première phase, notre but est de détecter la zone de bonne lecture de la lame à partir d'images à faible grossissement.

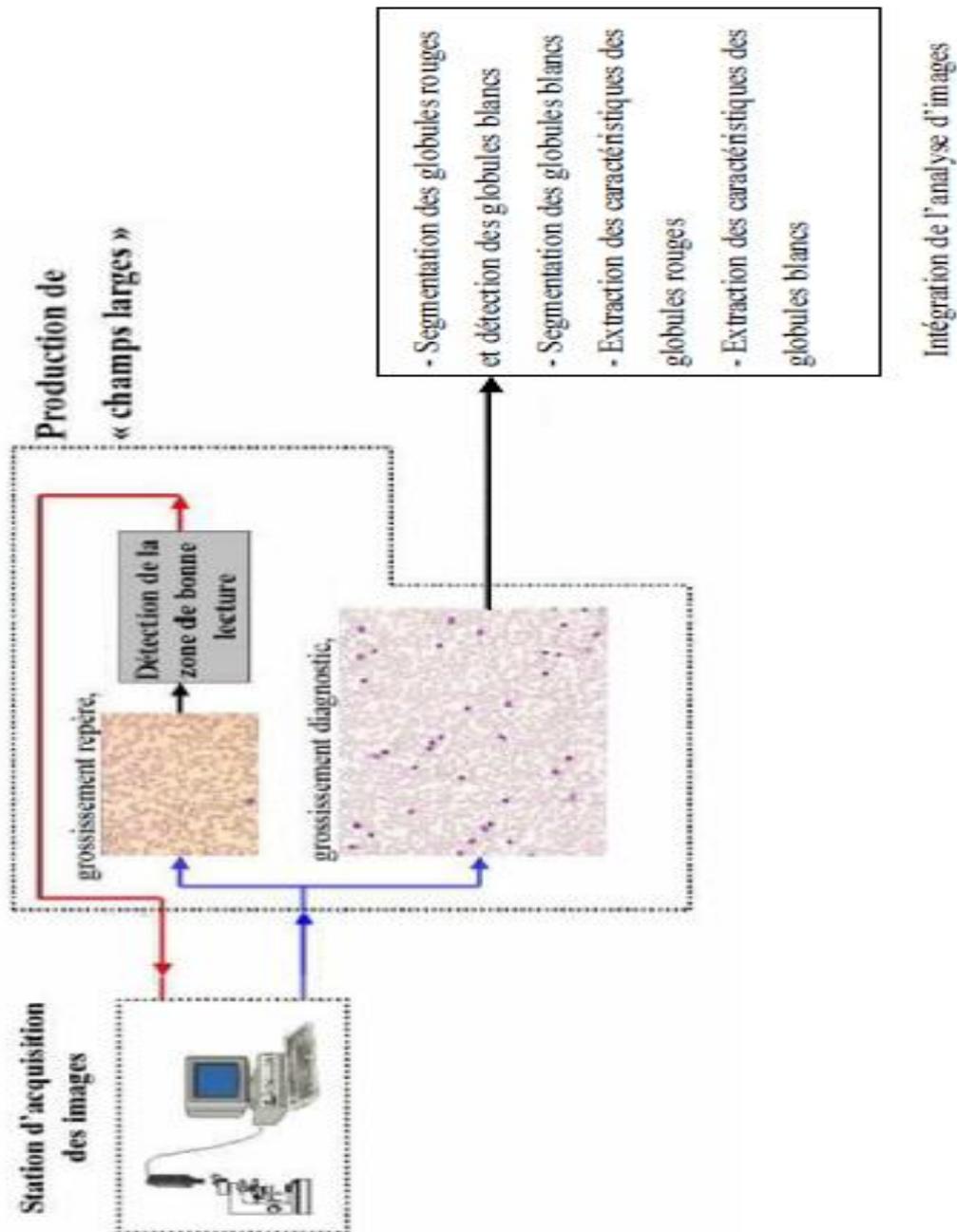


Figure 2.6 : schéma du système pour l'analyse morphologique des images (frottis sanguins). [23]

2.5. Acquisition des images couleur :

La première étape d'une chaîne de traitement et d'analyse des images numériques est celle de l'acquisition d'une scène. Les objets de cette scène peuvent émettre de l'énergie, on parle alors d'imagerie en émission, comme l'imagerie infrarouge. Mais le plus souvent ils reçoivent une énergie lumineuse qu'ils vont en partie absorber et en partie réfléchir.

L'analyse de l'énergie absorbée est le fait de l'imagerie en absorption, comme dans le cas de l'imagerie ultrasonore (échographie par exemple). L'analyse de l'énergie réfléchie concerne la majorité des applications de traitement d'images, où un capteur se substitue à l'œil d'un observateur. Un objet n'est alors visible que s'il est éclairé. Plus un objet réfléchit l'énergie lumineuse qu'il reçoit, plus il sera clair. Ce sont par ailleurs les différences d'absorption et donc de réflexion, les différentes longueurs d'ondes d'un spectre lumineux qui vont donner la couleur d'un objet. Ceci nous amène à présenter, dans la première partie de ce chapitre, comment l'image est acquise par une caméra couleur, puis numérisée pour être transférée vers la mémoire de l'ordinateur afin d'y être analysée et affichée à l'écran. [24]

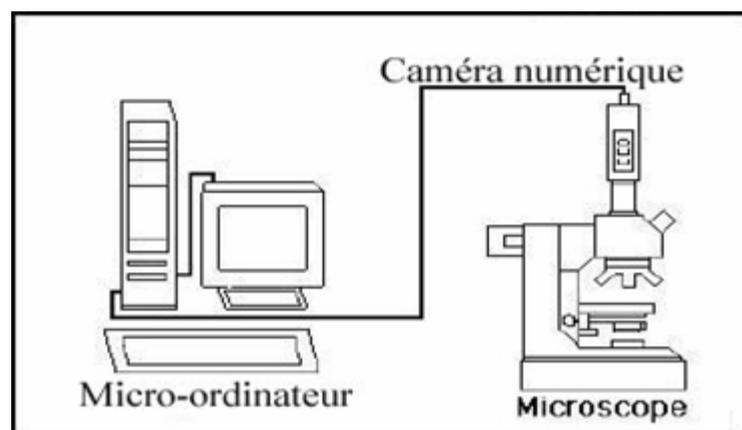


Figure 2.7 : chaîne d'acquisition des images microscopique

2.6. Segmentation des images couleurs :

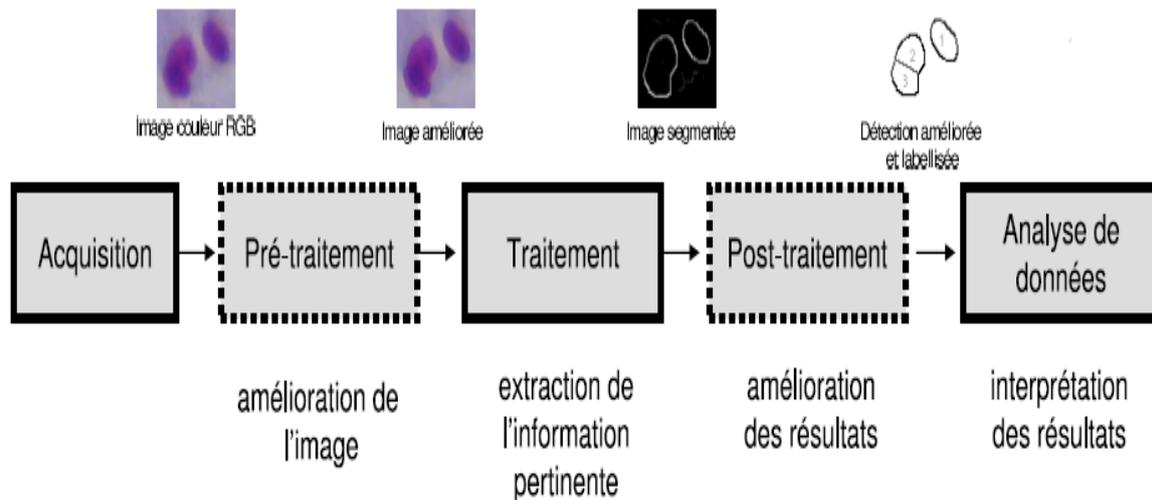


Figure 2.8 : La chaîne de traitement

2.6.1. Le pré-traitement :

Le terme de prétraitement est réservé aux processus qui améliorent l'image acquise pour favoriser les analyses ultérieures. Généralement, cette étape consiste à augmenter les informations pertinentes et à diminuer les bruits parasites. Les prétraitements les plus couramment utilisés sont le débruitage, la de convolution, la restauration, le rehaussement du contraste et l'homogénéisation du fond.

Dans le cadre de notre application, le prétraitement se réduit à la soustraction d'une "image de fond" à l'image acquise pour réduire les artefacts dus au gradient d'illumination, aux poussières situées sur le trajet optique du microscope et aux imperfections de la camera. L'image de fond est construite en moyennant des images acquises en l'absence d'échantillon. [25]

2.6.2. Les traitements :

Pour notre application le traitement utilise pour mettre en évidence les objets d'intérêt de l'image est une segmentation. La segmentation est l'une des tâches les plus importantes, mais aussi l'une des plus difficiles à réaliser.

Il est possible d'améliorer le processus de segmentation par des connaissances a priori sur les objets recherchés, par exemple leur taille, leur nombre, leur morphologie, leur couleur... On distingue souvent les processus de bas niveau qui ne tiennent compte que de l'information contenue dans l'image, et les processus de haut niveau qui impliquent des informations extérieures à l'image. [25]

2.6.3. Les post-traitements :

Les post-traitements qualifient les étapes qui améliorent les résultats des traitements. Les régions peuvent être fusionnées si l'image a été sur-segmentée¹ ou au contraire divisées si l'image a été sous-segmentée². Quand on dispose de connaissances sur les caractéristiques des éléments recherchés, elles sont utilisées pour sélectionner uniquement les régions d'intérêt. On peut également analyser les relations spatiales entre les régions segmentées. Quoi qu'il en soit, les caractéristiques des régions segmentées sont extraites en fonction de l'objectif poursuivi par la chaîne de traitement. [25]

2.6.4. L'analyse de données quantitatives :

Lors de cette étape, les données numériques calculées par les algorithmes de post-traitement sont interprétées pour rendre les résultats finaux compréhensibles et exploitables par les utilisateurs. Ces données peuvent être soumises à des analyses statistiques ou intégrées à des systèmes d'aide à la décision.

¹ Une sur-segmentation est un partitionnement de l'image en un nombre de régions qui est plus important que celui attendu. Cela signifie qu'une unité sémantique est divisée en plusieurs régions. La notion de sur-segmentation est relative à l'application.

² Une sous-segmentation est une segmentation où les régions englobent plusieurs unités sémantiques. Les régions ne sont pas assez divisées.

2.7. Description de la méthode :

Dans cette section nous présentons l'approche théorique de la segmentation et les différents outils nécessaires pour mener à bien cette opération.

2.7.1. La segmentation :

2.7.1.1. Le rôle de segmentation :

Le terme segmentation a en fait plusieurs acceptions, selon le type d'images sur lequel on travaille, selon la nature des outils de segmentation utilisés et surtout selon ce que l'on attend de cette procédure. Et de ce dernier point naît sans doute une confusion : celle qui consiste à penser qu'il existe, pour une image donnée, une seule segmentation valable, exacte, parfaite de cette image et qu'un bon algorithme est celui qui tend à se rapprocher le plus de cette segmentation idéale, donc la segmentation permet de comprendre l'image analysée ou l'ensemble de la procédure a alors une finalité évidente : mimer le mécanisme de la compréhension d'une image ou d'une scène en général.[3]

2.7.1.2. Les approches de segmentation :

La segmentation peut être réalisée par deux principales approches :

➤ Approche globale de l'image (pixellaire) :

La première catégorie travaille sur des histogrammes de l'image. Par seuillage, clustering ou clustering flou, l'algorithme construit des classes de couleurs qui sont ensuite projetées sur l'image. La segmentation est implicite puisqu'on suppose que chaque cluster de l'histogramme correspond à une région dans l'image.

En pratique, ce n'est pas forcément le cas et il faut séparer les régions de l'image qui sont disjointes bien qu'appartenant au même cluster de couleur. Ces algorithmes sont assez proches des algorithmes de réduction de couleurs. [3]

➤ **Approche contour :**

L'approche contour consiste à identifier les transitions entre les régions à l'aide de techniques de détection de contours. Ces méthodes ne conduisent pas directement à une segmentation de l'image car les contours obtenus ne définissent pas nécessairement des régions connexes. Il sera donc nécessaire de procéder à une fermeture de contours si l'on souhaite obtenir une partition de l'image. [3]

➤ **Approche région :**

Contrairement à l'approche contour, l'approche région permet donc d'aboutir directement à une partition de l'image (chaque pixel étant affecté à une région unique).

Dans l'approche région, c'est la similitude des points connexes qui est favorisée. Cela peut être vu comme une technique contextuelle. Les points connexes ayant des propriétés similaires (attributs) : intensité de gris, couleur, texture, vont être réunis dans le même ensemble. L'algorithme généralement utilisé procède par croissance de région.

Cette technique consiste à regrouper des points voisins pour former des régions de plus en plus importantes. [3]

2.8. La segmentation par LPE :

La morphologie mathématique (MM) fournit de nombreux outils de segmentation d'images. Nous allons nous intéresser ici à l'une des techniques les plus répandues : la technique de la Ligne de Partage des Eaux (LPE).

La transformation par LPE afin de segmenter des images en niveau de gris est proposée par S.Beucher et Ch.Lantuejoul en 1979. L'algorithme original a été amélioré par Vincent et Soille [23].

La LPE utilise la description de l'image en terme géographique. L'idée de base est de considérer l'image comme un relief topographique, où la valeur du niveau de gris représente l'altitude, ensuite elle cherche les lignes qui séparent les différentes zones de l'image. [26]

L'extension de la ligne de partage des eaux en niveaux de gris à la couleur est relativement récente. L'innovation principale vint des travaux de Meyer [32] qui proposa un algorithme dont les similarités avec les méthodes de croissance de régions sont nombreuses.

L'algorithme proposé par Meyer [27] consiste en une croissance de régions. Il utilise des différences de couleur entre pixels et une structure de données de type file hiérarchique pour réaliser une croissance de régions rapide où les régions se propagent à partir de marqueurs. Ce procédé calcule la ligne de partage des eaux directement sur l'image couleur d'origine. On dispose alors d'un algorithme de croissance de régions en ce sens qu'il est initialisé par des marqueurs qui identifient l'intérieur des régions et ces régions sont étendues jusqu'à occuper tout l'espace disponible. Dans l'algorithme la croissance de régions consiste à extraire un pixel de la file de priorité et à examiner ses régions voisines. Une distance entre le pixel et les régions voisines sont alors calculées et le pixel est fusionné avec la région la plus proche (i.e. la plus similaire). On note ici une similarité avec les méthodes de croissance de régions à travers cette mesure de distance. Celle-ci est justement un paramètre important pour estimer la probabilité d'appartenance d'un pixel à une région. C'est la modification de cette fonction distance qui a entraîné des recherches actives. Salembier [25] a modifié cette fonction afin d'améliorer la précision de l'algorithme et calcule la L.P.E directement sur le gradient de l'image couleur. D'autres méthodes de Saarinen, Elmoataz, Belhomme [31] [29] [30] ont modifié cette fonction distance en y ajoutant d'autres mesures liées à des critères locaux et globaux.

2.8.1. Définition de la LPE :

La ligne de partage des eaux utilise la description des images en termes géographiques. Une image peut en effet être perçue comme un relief si l'on associe le niveau de gris de chaque point à une altitude. Il est alors possible de définir la ligne de partage des eaux comme étant la crête formant la limite entre deux bassins versants.

Pour l'obtenir, il faut imaginer l'immersion d'un relief dans de l'eau, en précisant que l'eau ne peut pénétrer dans les vallées que par ses minima. La ligne de partage des eaux est représentée par les points où deux lacs disjoints se rejoignent au cours de l'immersion.

Il faut noter que le résultat de la LPE est un ensemble de zones disjointes, partitionnant l'espace de définition de l'image. C'est-à-dire que la LPE fournit une partition.

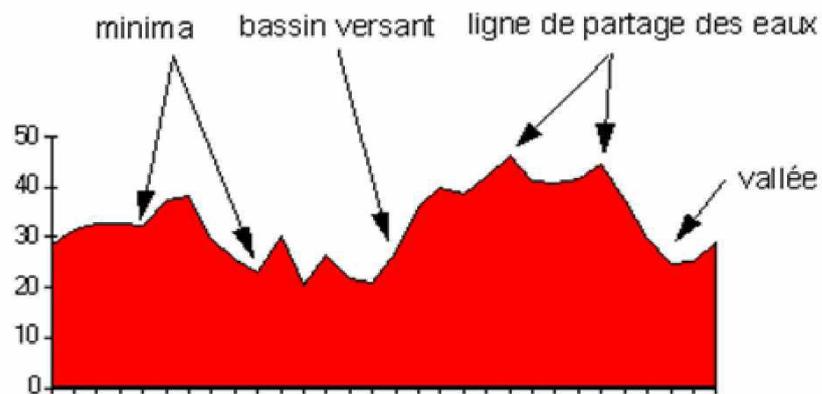


Figure 2.9: Définition du bassin versant et minima

- **Minimum local** : point ou plateau d'où on ne peut pas atteindre un point plus bas sans être obligé de remonter
- **Bassin versant** : c'est la zone d'influence d'un minimum local
(Une goutte d'eau s'écoulant dans le bassin versant arrive au minimum local)

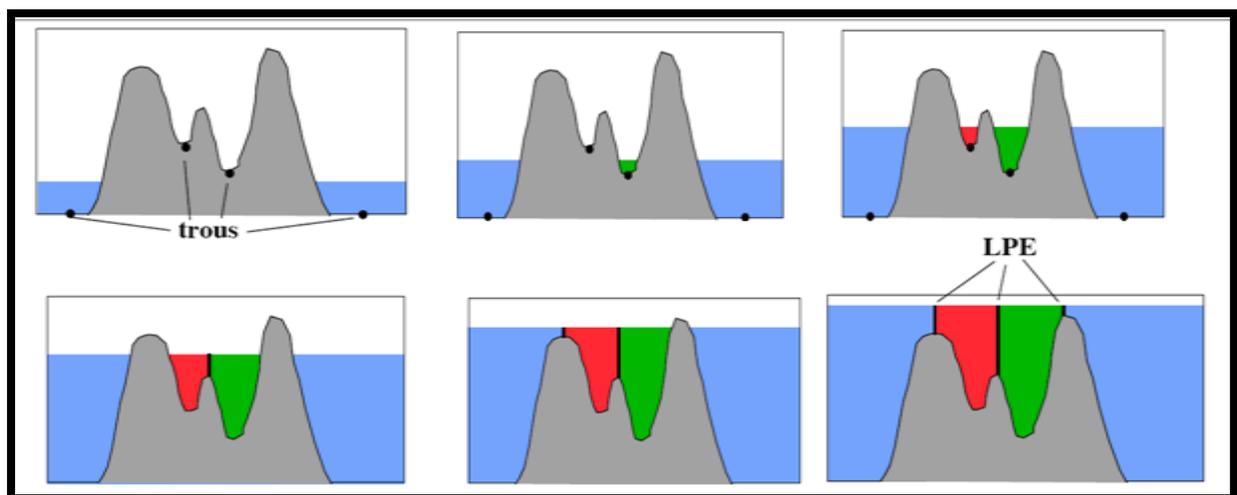


Figure 2.10: LPE par simulation d'immersion

2.8.1.1. Le problème de la LPE :

Le problème majeur de la LPE est la sur segmentation (voir figure 2.11). En effet, cet algorithme, étant sensible à tout minimum local présent dans l'image, tend à sur définir les

lignes de partage des eaux où chaque minimum local donne naissance à une région. Pour palier à ce problème, des outils puissants adaptés à différentes problématiques ont été proposés dans la littérature pour :

- Soit réduire le nombre des minima et éviter ainsi le calcul d'un trop grand nombre de région.
- Soit procéder par des techniques de filtrages en fusionnant les régions selon des critères de similarité spectrale et spatiale après l'application de la LPE.

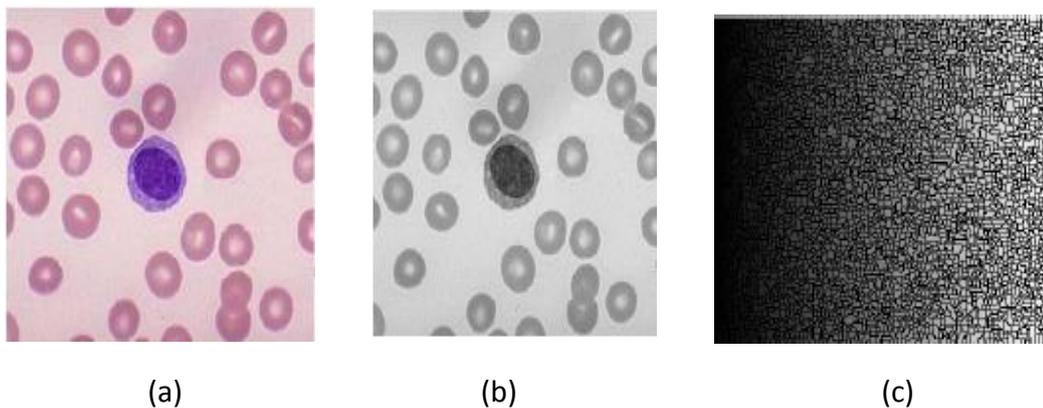


Figure 2.11 : (a) image originale, (b) image en niveau de gris, (c) sur segmentation sur l'image (b)

La première technique pour éviter la sur segmentation est d'utiliser des marqueurs qui ont pour rôle d'imposer la présence de certains bassins versants seulement de manière à contraindre la topologie de la LPE.

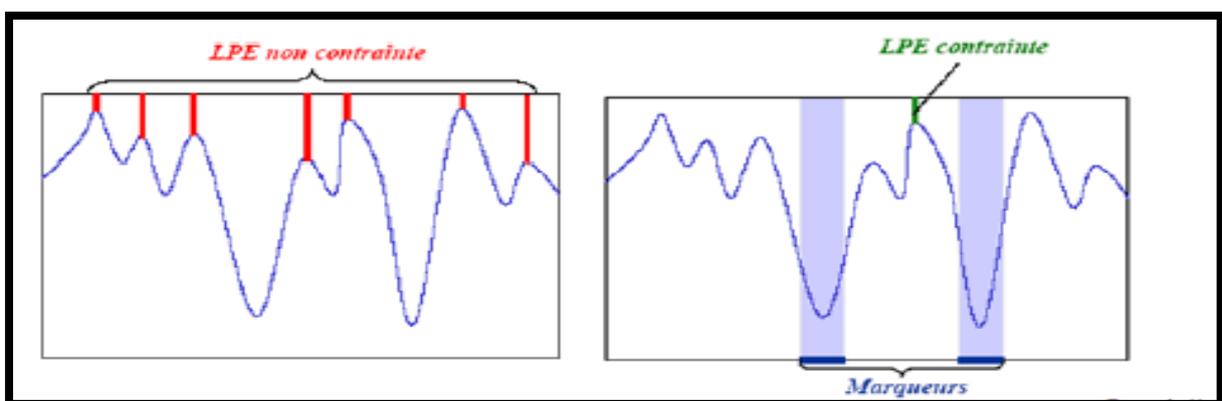


Figure 2.12 : LPE avec marqueurs

2.8.1.2. LPE sur la Fonction distance :

La fonction distance est associée à un objet (ou forme) X dans un espace E . Elle associe à chaque point x de X sa distance au complémentaire de X dans E .

$$\forall x \in X \quad d(x) = \text{dist}(x, X^c)$$

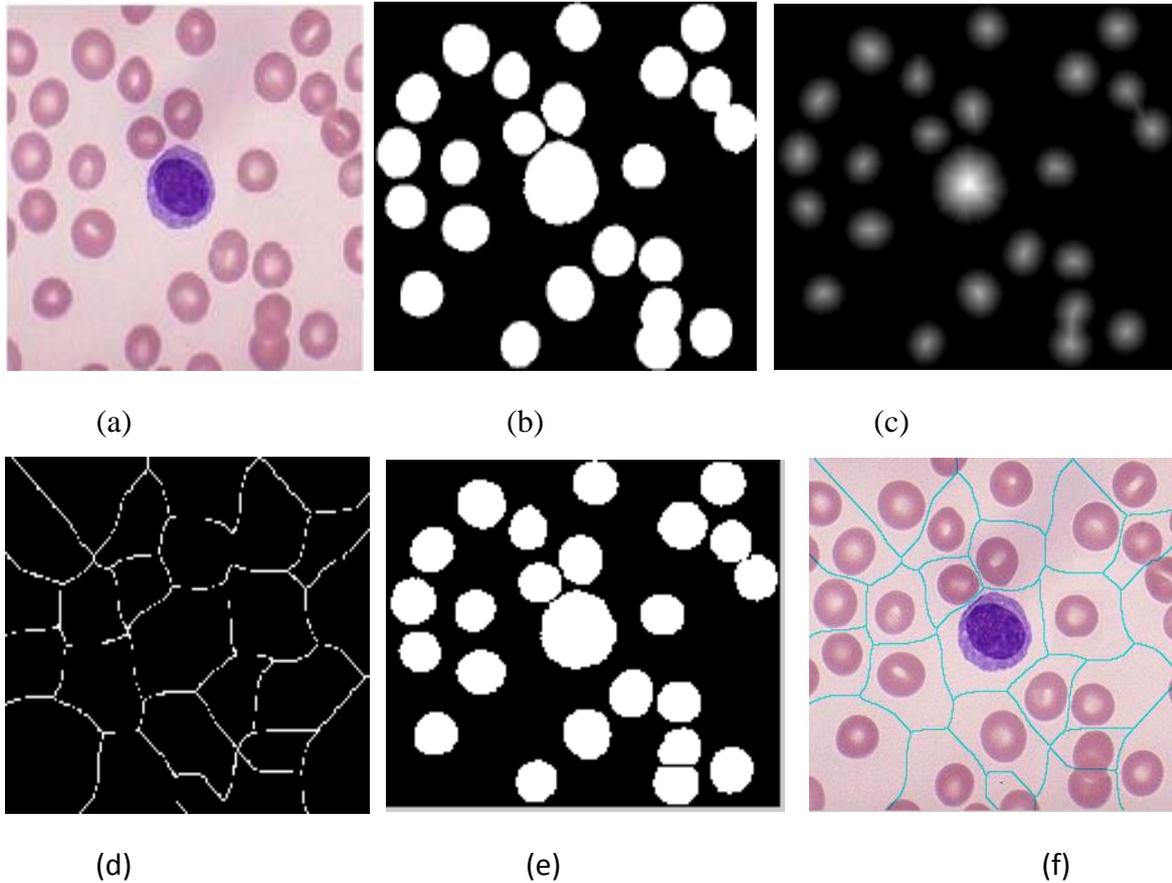


Figure 2.13 : (a) image original, (b) image binaire (après Remplissage de trous, Filtrage surfacique, Suppression des objets touchant le bord), (c) fonction distance, (d) LPE, (e) Séparation des cellules collées, (f) Superposition de la LPE sur l'image

2.8.1.3. LPE sur gradient morphologique :

Nous allons calculer d'abord le gradient morphologique, on remarque une sursegmentation due au grand nombre de minima. (voir figure 2.14).

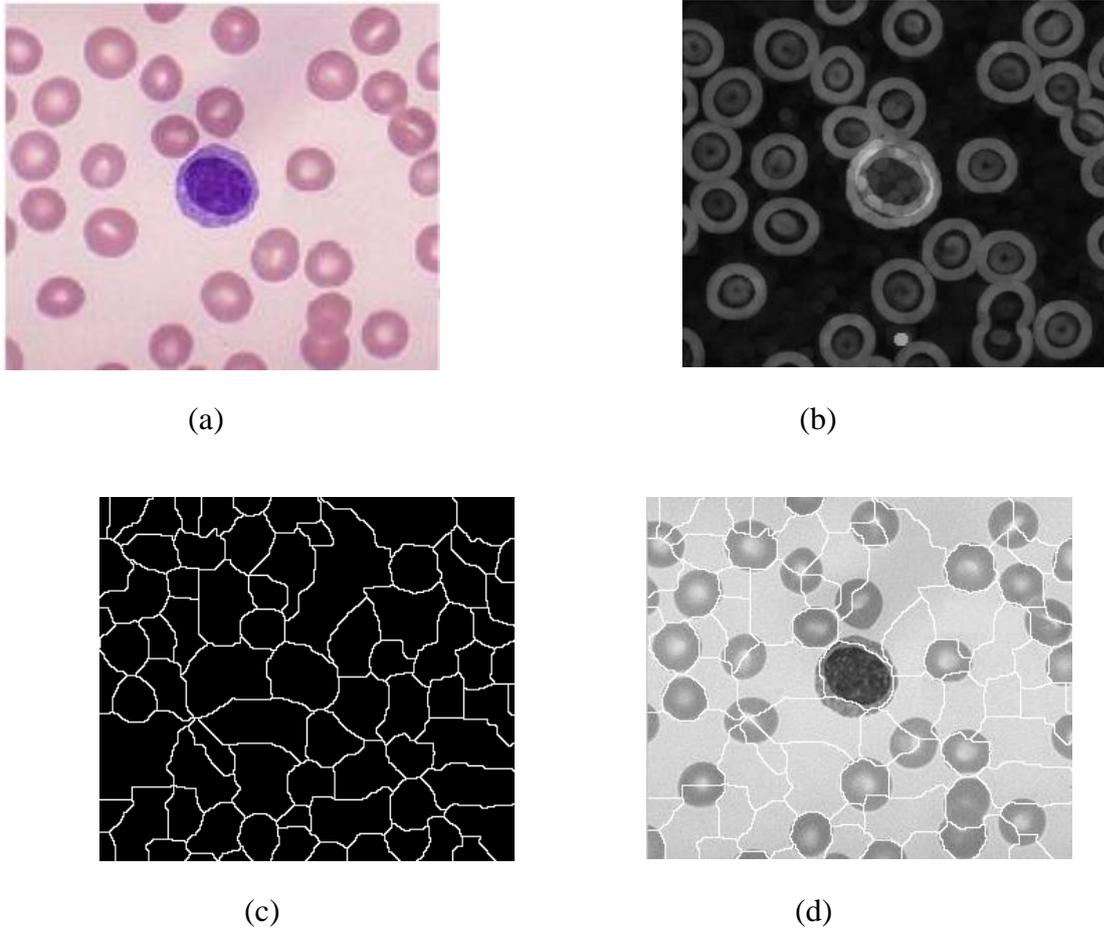


Figure 2.14: (a) image original, (b) gradient morphologique, (c)LPE, (d) LPE sur l'image en niveaux de gris

2.8.1.4. LPE sur marqueurs internes et marqueurs externes :

L'application de la LPE directement sur le gradient aboutit à une sursegmentation due à du bruit ainsi que les irrégularités du gradient.

La solution pratique est l'utilisation des marqueurs (les marqueurs sont des composantes connexes appartenant à l'image) :

- Marqueurs internes (minima locaux) pour marquer les objets à segmenter
- Marqueurs externes contenant les objets à segmenter

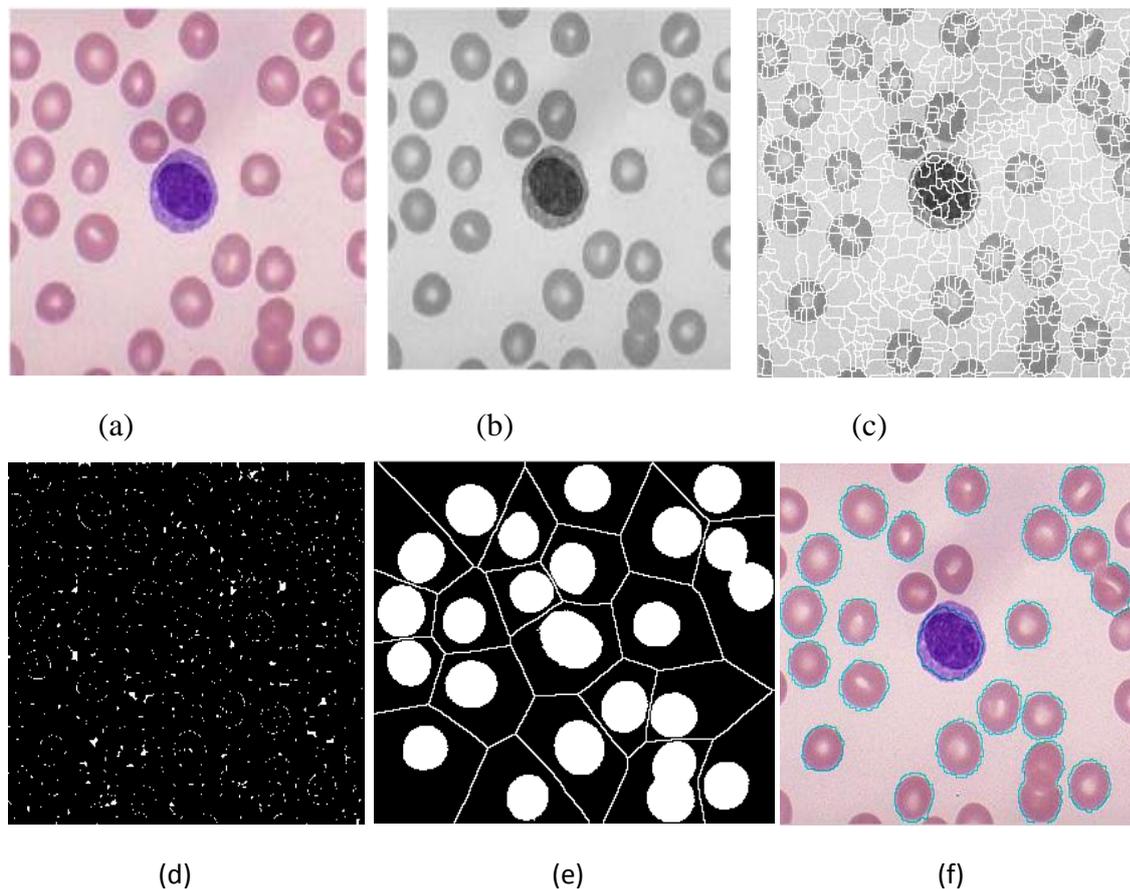


Figure 2.15: (a) image originale, (b) image en niveau de gris, (c) LPE appliquée directement sur le gradient (oversegmentation), (d) minimas locaux, (e) marqueurs internes et externes, (f) LPE sur l'image.

2.9. La morphologie mathématique :

La morphologie mathématique MM est un ensemble de méthodes d'analyse d'images mis au point à l'Ecole des Mines de Fontainebleau par l'équipe de Jean Serra. Elle offre un grand nombre d'outils très puissants de traitement et d'analyse d'images que l'on retrouve sous différentes rubriques dans certains logiciels d'analyse d'images et même de retouche d'images. Les outils proposés ont été développés au départ pour traiter des images binaires : on fait alors de la morphologie mathématique ensembliste. Leur utilisation a été ensuite étendue aux images en niveaux de gris : on parle, à ce moment, de morphologie mathématique fonctionnelle. A noter que certains opérateurs fonctionnent désormais sur des images couleurs.

Le principe de base de la morphologie mathématique est de comparer l'image à analyser par rapport à un ensemble de géométrie connue appelé élément structurant que l'on déplace de façon à ce que son origine passe par toutes les positions de l'image, pour mettre en évidence certaines caractéristiques de l'image.

2.9.1. Morphologies binaire et numérique :

Dans tout ce qui suit ψ désignera une transformation alternativement binaire ou numérique sans qu'il soit fait de distinction. Le contexte permettra alors de déterminer si l'on est dans le cas binaire ou dans le cas numérique (au cas où une ambiguïté subsisterait, nous préciserions de quel type de transformation il s'agit).

➤ Morphologie binaire :

Dans le cas binaire, ψ agit sur des éléments de $p(\mathbb{R}^2)$, c'est-à-dire des ensembles de \mathbb{R}^2 ($\psi : p(\mathbb{R}^2) \rightarrow p(\mathbb{R}^2)$). Dans ce cas la relation d'ordre est l'inclusion.

➤ Morphologie numérique :

Dans le cas numérique, ψ agit sur des fonctions d' \mathbb{R}^2 dans \mathbb{R} . F désignera l'ensemble de ces fonctions ($F = \{ f : \mathbb{R}^2 \rightarrow \mathbb{R} \}$). $\psi : F \rightarrow F$. Dans ce cas la relation d'ordre est la suivante : [17]

$$\forall f, g \in F, f \leq g \Leftrightarrow \forall x \in \mathbb{R}^2, f(x) \leq g(x)$$

2.9.2. Transformations morphologiques élémentaires :

Considérons un ensemble X et un élément structurant B (ensemble donné dont on définit le centre, c'est-à-dire dont on repère un point particulier quelconque).

2.9.2.1. L'érosion :

L'érosion est une opération qui va avoir tendance à réduire la masse des objets. On considère que dans une image binaire tous les pixels objets ont une valeur de 1 et les pixels du fond ont une valeur de 0. Pour chaque pixel (figure. 2.16) considéré individuellement, on regarde sa valeur et la valeur des 4 pixels immédiatement voisins (c'est-à-dire ceux partageant

une face avec le pixel considéré). Parmi ses valeurs, on recherche la plus petite. Puis, on remplace dans l'image résultat la valeur du pixel considéré par cette valeur minimum. Pour une image binaire, le résultat de ce traitement revient à transformer en pixels du fond les pixels objets en contact direct avec des pixels du fond. Cela revient à "raboter" d'une couche de pixels les masques des objets. [32]

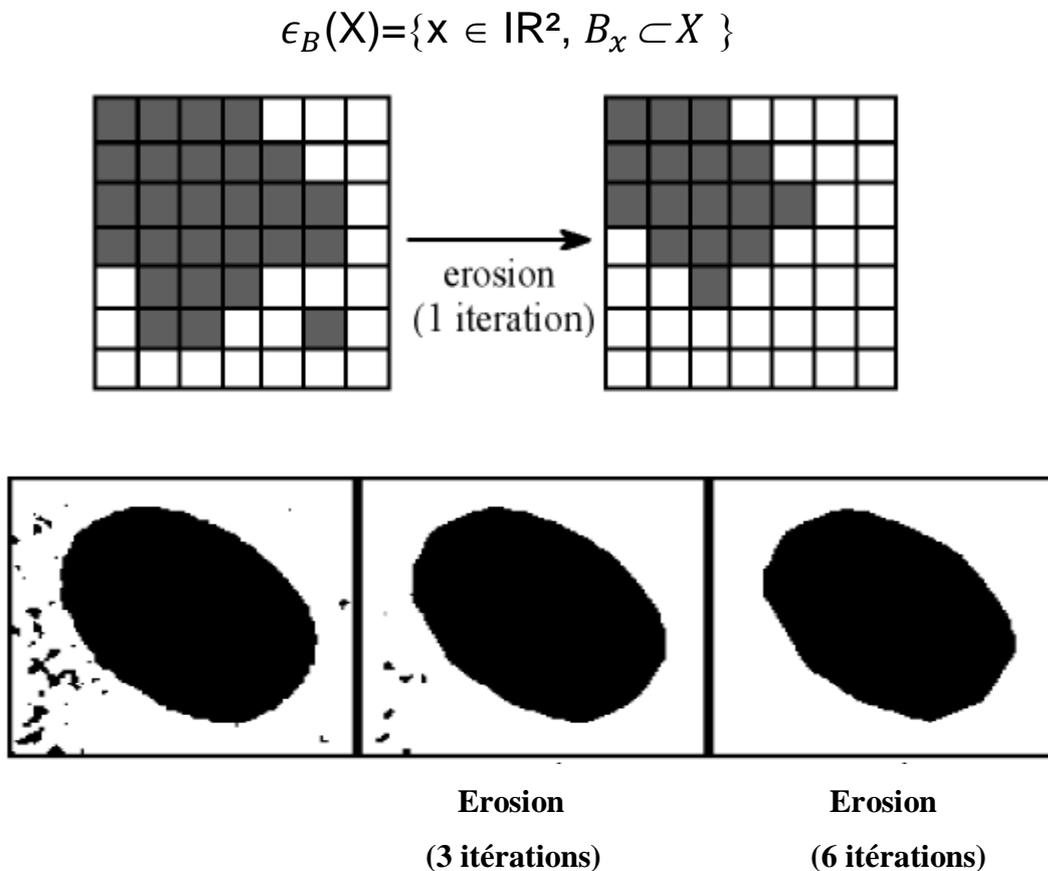


Figure 2.16 : Filtrage morphologique: érosion. A gauche le masque original: les pixels blancs correspondent au fond, les noirs à l'objet. Les pixels grisés sont ceux qui seront convertis en pixels du fond par l'érosion. L'érosion consiste donc à propager le fond au détriment de l'objet.

2.9.2.2. Dilatation :

La dilatation est l'opération complémentaire de l'érosion. Dans ce cas (figure.2.17), on recherche la valeur la grande du voisinage. Pour une image binaire, le résultat de ce traitement

revient à transformer en pixels objets, les pixels du fond en contact direct avec des pixels objets. Cela revient donc à épaissir d'une couche de pixels les masques des objets. [32]

$$\delta_B(X) = \{x \in \mathbb{R}^2, B_x \cap X \neq \emptyset\}$$

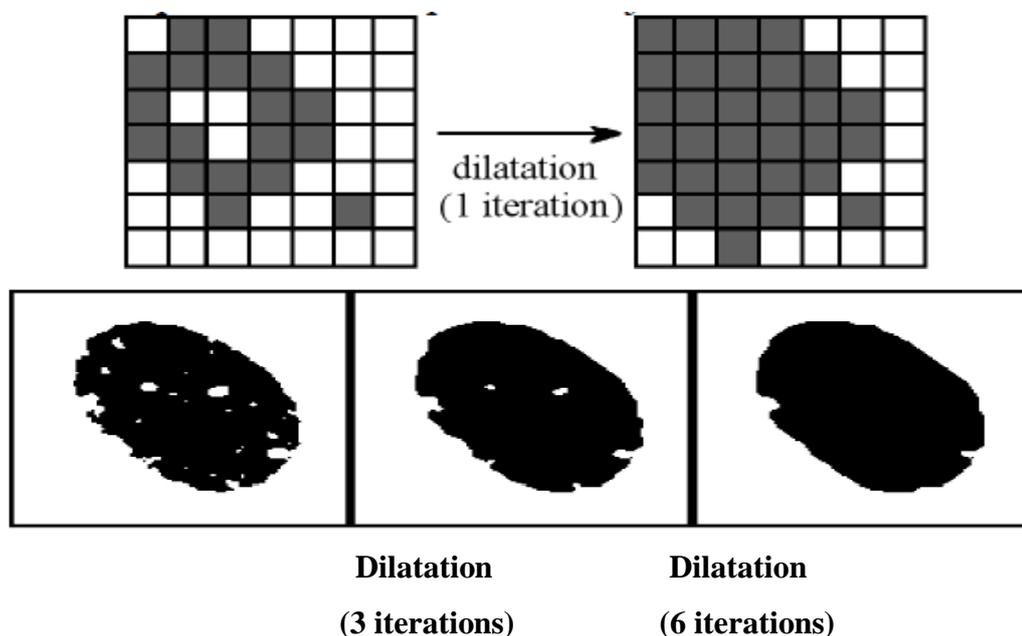


Figure 2.17 : Filtrage morphologique: dilatation. A gauche le masque original: les pixels blancs correspondent au fond, les noirs à l'objet. Les pixels grisés sont ceux qui seront convertis en pixels objets par la dilatation. La dilatation consiste donc à propager l'objet au détriment du fond.

Dans le cas numérique, si B est un élément structurant plan, alors dilater une image f par B revient à donner à tout pixel x du domaine E (compact de \mathbb{R}^2) la valeur maximale de l'image f dans la fenêtre d'observation définie par B , lorsque B est centré en x :

$$\delta_B(f)(x) = \max \{x_k, k \in B\}$$

Et de la même manière pour l'érosion, on a :

$$\epsilon_B(f)(x) = \min \{x_k, k \in B\}$$

2.9.2.3. Les gradients morphologiques :

A partir de la dilatation et de l'érosion morphologique, on définit les gradients morphologiques comme des résidus de ces transformations. Le gradient morphologique (symétrique) est défini comme le résidu de la dilatation et de l'érosion : [17]

$$\text{grad}(f) = \delta_B(f) - \epsilon_B(f)$$

Il est possible de définir le gradient morphologique à partir d'un couple d'éléments structurants quelconque. On définit ainsi le gradient par dilatation et le gradient par érosion en considérant une des deux transformations de taille nulle (c'est-à-dire égale à l'identité) :

$$\text{grad}^+(f) = \delta_B(f) - f$$

$$\text{grad}^-(f) = f - \epsilon_B(f)$$

2.9.2.4. La fermeture :

La fermeture consiste à appliquer à l'image binaire une dilatation d'une profondeur donnée suivie d'une érosion de profondeur identique. La dilatation va permettre de boucher les trous des masques. Par exemple (figure 2.18), la dilatation comble tous les trous dans le masque du noyau. Cependant on constate que le noyau a maintenant une forme empâtée et surdimensionnée. La mesure de paramètres morphologiques sur ce masque serait donc surévaluée. L'érosion qui suit permet de compenser cet épaissement. On constate que le masque du noyau a retrouvé ses dimensions originales alors que son contour apparaît moins échancré. La fermeture a aussi effectué un lissage du contour.

$$\varphi_B = \epsilon_{\tilde{B}} \circ \delta_B$$



Figure 2.18 : Filtrage morphologique: fermeture morphologiques. En noir: pixels objets, en blanc, pixels du fond.

2.9.2.5. L'ouverture :

L'ouverture consiste à appliquer à l'image binaire une érosion d'une profondeur donnée suivie d'une dilatation de profondeur identique. L'érosion va permettre d'éliminer les petites structures isolées. Par exemple (figure. 2.19), l'érosion permet de gommer les petits artefacts et ne laisser subsister que le masque du noyau. L'érosion a cependant sensiblement réduit la masse du noyau et les mesures morphométriques seraient sous-évaluées. La dilatation permet de retrouver les dimensions originales du noyau. [32]

$$\gamma_B = \delta_B \circ \epsilon_B$$



Figure 2.19: Filtrage morphologique: ouverture morphologiques. En noir: pixels objets, en blanc, pixels du fond.

2.10 Conclusion :

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

L'amélioration des technologies permettra peut être un jour, tout comme l'avancée dans les connaissances physiologiques sur le cerveau visuel, qu'on pourra peut-être, dans un avenir plus ou moins proche, modélisé. En attendant, la recherche en imagerie numérique a de beaux jours devant elle et on peut juste faire un parallèle de principe entre le cerveau visuel biologique et les technologies permettant le traitement et l'analyse numérique des images que nous avons abordé dans ce chapitre.

3.1. Introduction :

En cytologie automatique, la segmentation des différentes structures morphologiques dans les images des cellules est un pré requis. D'ailleurs, dans un système qui emploie des méthodes de traitement de l'image numérique pour l'automatisation de la cytologie quantitative, la segmentation semble être l'étape la plus critique : les erreurs dans le procédé de segmentation peuvent se propager pour fausser l'extraction de caractéristiques, la classification et ceci a finalement comme conséquence une interprétation biomédicale incorrecte [24].

Nous allons présenter dans ce chapitre différentes méthodologies permettant la segmentation et la caractérisation des différents types cellulaires présents dans le sang.

3.2. Segmentation des images de frottis sanguins :

La segmentation de l'image hématologique a été étudiée en utilisant différentes approches. Les algorithmes proposés diffèrent considérablement dans le fondement méthodologique, la performance et la précision des résultats, la complexité et le temps de calcul, etc. Dans la littérature, les méthodes les plus classiques sont basées sur une technique simple de seuillage, ou des techniques un peu plus sophistiquées tel que le seuillage hiérarchique, D'autres méthodes sont fondées sur la technique de croissance de régions, ou sur l'application de la LPE (Ligne de Partage des Eaux).

L'algorithme de segmentation des images couleurs à fort grossissement, que nous proposons dans le cadre de notre travail est divisé en deux niveaux, (voir la figure 3.1) :

– *Niveau 1* : le but premier de ce module est la segmentation des globules rouges, obtenant un masque qui définit les composantes connexes. Ce résultat peut être utilisé pour quantifier la couleur des globules rouges (afin d'examiner la qualité de la coloration) et également étudier leur morphologie (en vue de détection des cellules anormales). La deuxième fonction du module est la détection de la position centrale de chaque globule blanc contenu dans l'image. Ces centres, définissent les régions d'intérêt pour ensuite extraire automatiquement une sous-image centrée autour de chaque globule blanc. Cette image est ensuite étudiée plus profondément sans la complexité supplémentaire des autres cellules.

– Niveau 2 : Pour chaque globule blanc, on partitionne l'image couleur en deux régions : le noyau et le cytoplasme. La segmentation des globules blancs doit être précise car le noyau et le cytoplasme obtenus sont utilisés pour déterminer les mesures des paramètres.

Pour chaque niveau, un algorithme morphologique a été développé et nous décrivons à présent les détails de ces algorithmes.

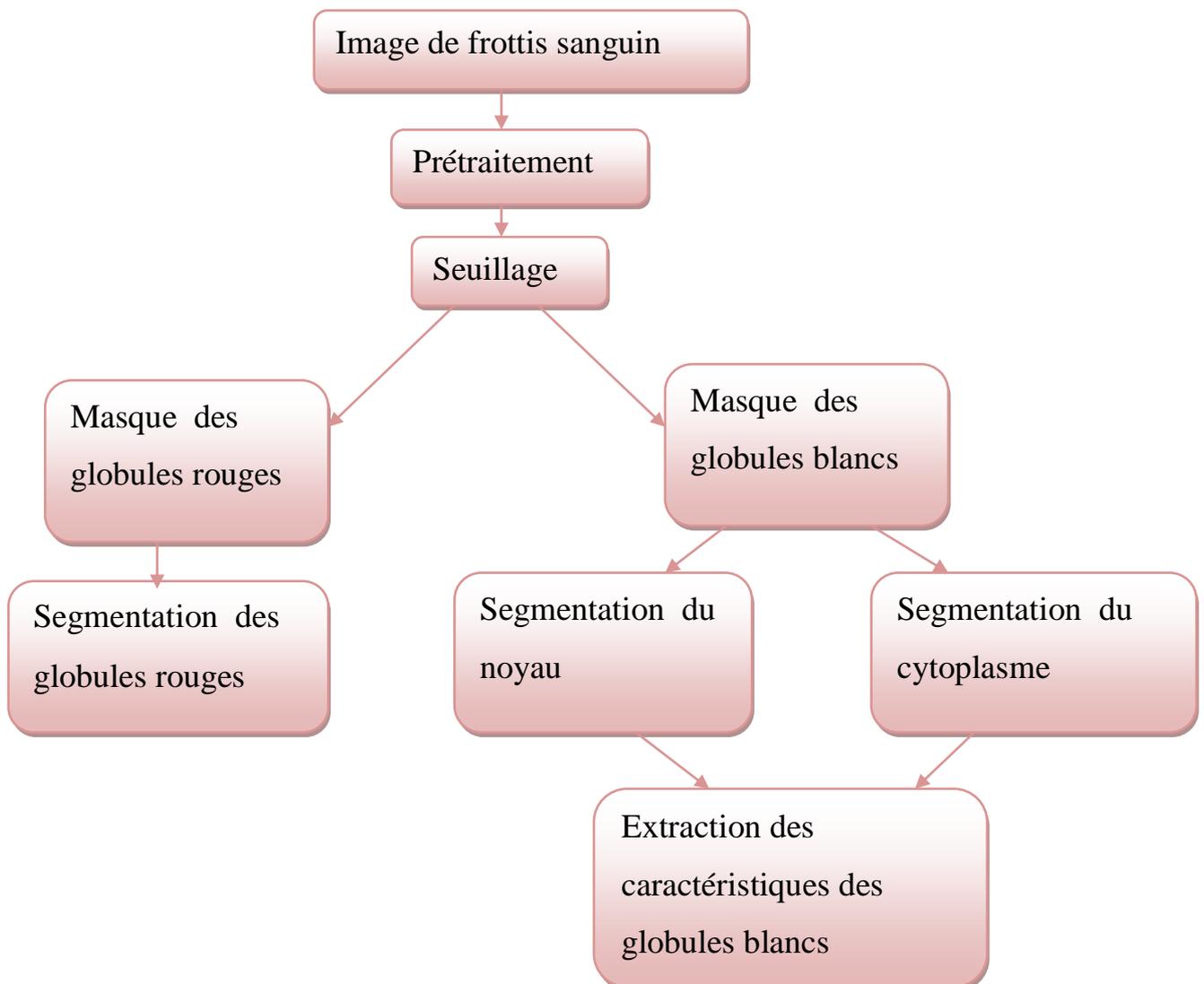


Figure3.1 : schéma général du notre algorithme

3.2.1. Segmentation des globules rouges :

Soit f l'image couleur d'un frottis de sang périphérique, Après avoir comparé les différentes composantes de l'espace couleur RGB, nous avons pu constater que les contours des globules rouges et le contraste entre le noyau et le cytoplasme des globules blancs sont plus marqués sur le canal vert f_G donc tous les traitements ultérieurs vont être effectués sur la composante verte de notre image.

Après l'avoir filtrée et binarisée, il est suffisant pour les traitements morphologiques de travailler sur les images binaires. Il y a deux raisons derrière l'utilisation des opérateurs binaires : le premier est le fait qu'on cherche à analyser la forme des cellules sanguines et la deuxième, l'application de ces opérateurs fournit des algorithmes sensiblement plus rapides (important pour envisager l'intégration de cet algorithme dans un système microscopique en temps réel).

Notre objectif au niveau de cette section, est de mettre en œuvre un algorithme permettant la segmentation des globules rouges. Dans un premier temps, nous disposons d'une image couleur cytologique f (un frottis sanguin) sur laquelle nous allons travailler (voir la figure 3.2 (a)). A partir de cette dernière nous allons extraire la composante verte appelée f_G (voir la figure 3.2(b)) pour les raisons citées précédemment, ainsi les traitements qui suivent vont être réalisés sur f_G .

3.2.1.1. Prétraitement :

Avant d'effectuer des traitements sur l'image f_G à des fins de segmentation, nous procédons tout d'abord à un prétraitement qui va permettre d'éliminer le bruit d'acquisition ainsi que les petites erreurs optiques et de numérisation en essayant de ne pas altérer l'information utile contenue dans l'image et donc par conséquent améliorer la qualité de la segmentation.

Pour pallier à ces dégradations on utilise un filtrage, dans notre cas nous avons opté pour l'utilisation d'un filtre médian car les filtres linéaires (dont les plus utilisés en pratique sont le filtre moyen et le filtre gaussien, en général sur de petites fenêtres de taille 3x3 ou 5x5) ne sont pas très bons et ne permettent d'éliminer que le bruit gaussien additif et pas le bruit impulsionnel. De plus, ils éliminent les détails de l'image et introduisent du flou. Le principe du filtre médian est simple : pour un pixel (x,y) donné, on prend les plus proches pixels

voisins. On trie l'ensemble, et on ne retient que la valeur médiane afin de minimiser les artefacts dans l'image. Ainsi, nous filtrons l'image fG avec un filtre de médian, le résultat obtenu est une nouvelle image nommée fM (voir la figure 3.2 (c)) :

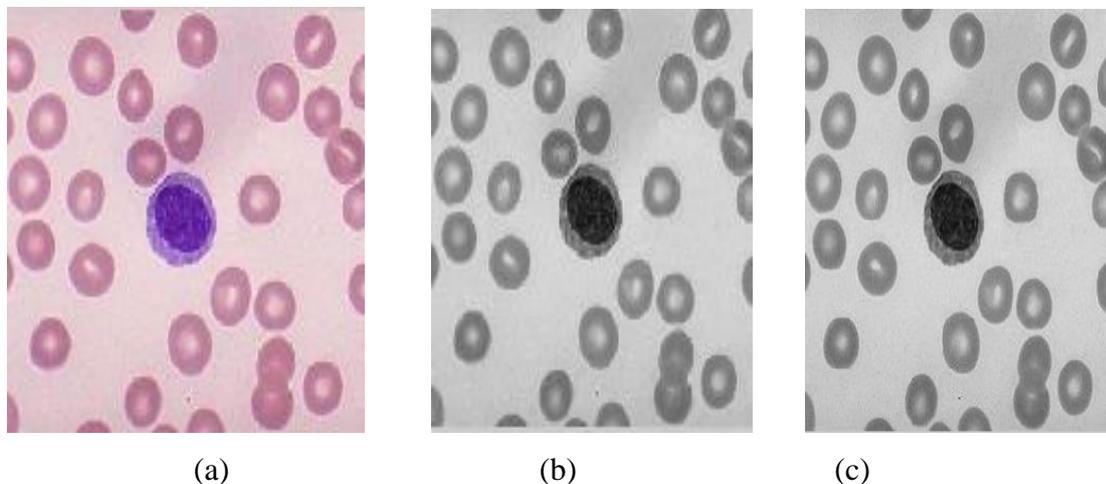


Figure 3.2 : (a) Image couleur initial (b) Canal vert de l'image couleur
(c) composante verte filtrée avec le filtre médian

3.2.1.2. Seuillage :

L'opération de seuillage consiste à mettre à zéro tous les pixels ayant un niveau de gris inférieur à une certaine valeur appelée *seuil*, et à la valeur maximale les pixels ayant une valeur supérieure. Ainsi le résultat du seuillage est une image binaire contenant des pixels noirs et blancs. Le seuillage permet de mettre en évidence des formes ou des objets dans une image. Toutefois la difficulté réside dans le choix du seuil à adopter.

Le but du seuillage d'une image, est alors d'affecter un niveau uniforme aux pixels pertinents et d'éliminer les autres pour permettre d'isoler les régions d'intérêt ; dans notre cas ces régions sont les cellules sanguines.

Typiquement, dans chaque image de sang, on peut observer cinq régions, à savoir, le fond (plasma), les globules rouges, les noyaux des globules blancs et les cytoplasmes des

globules blancs. Lorsqu'on regarde l'histogramme de la composante verte, on observe qu'il s'agit d'un histogramme tri-modal : le fond est la partie la plus claire de l'image (les valeurs les plus élevées de niveaux de gris), les noyaux sont associés au mode le plus bas (régions foncées), tandis que les globules rouges (sauf les centres) et les régions cytoplasmiques des globules blancs correspondent au mode intermédiaire (voir la figure 3.3).

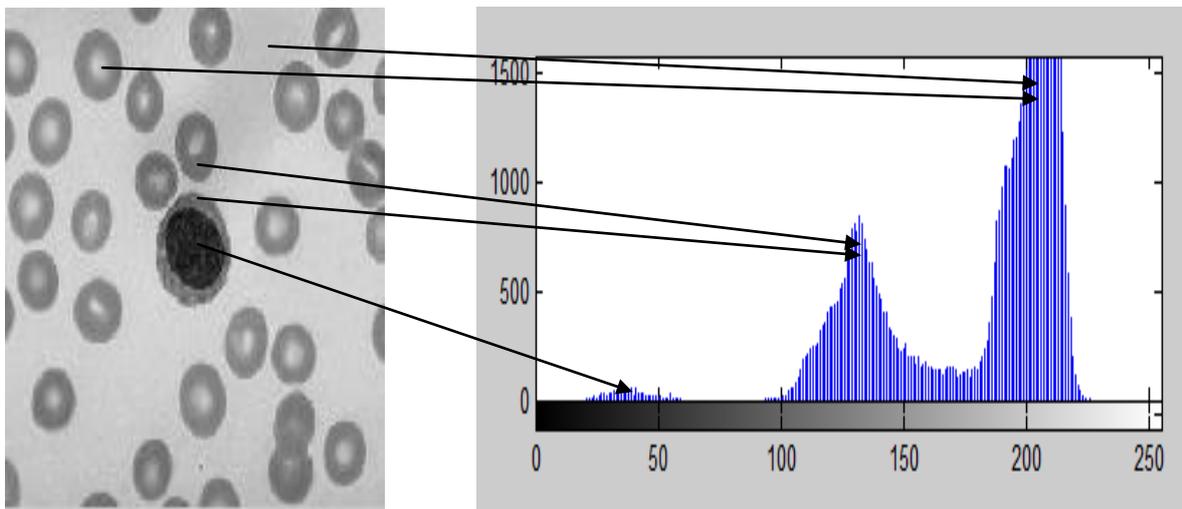


Figure 3.3 : Histogramme de la composante verte de l'image

3.2.1.3. Masque des globules rouges :

Notre but au niveau de cette étape est d'extraire le masque binaire des globules rouges.

Nous observons sur notre image que le centre des globules rouges est clair, ceci peut poser problème lors de l'extraction du masque des globules rouges, car la forme normale d'un globule est circulaire et rempli à l'intérieur. Pour éviter ce problème, il faut d'abord commencer par l'application d'un algorithme appelé « Bouchage de trous ». Cet algorithme va permettre de boucher les trous se trouvant aux centres des cellules, de cette manière on obtient les composantes connexes remplies qui vont servir à l'extraction correcte des globules rouges.

Après l'application de l'opérateur « bouchage de trous », nous avons obtenu une nouvelle image représentée sur la figure 3.4 (a). Nous nous intéressons ensuite aux cellules touchant les bords de l'image, ces cellules ne peuvent être prise en considération lors de l'extraction du masque des globules rouges car l'information qu'elles véhiculent est incomplète et manque de fiabilité (par exemple pour un globule qui est coupé en deux sa forme est donc incomplète), pour éviter ce type de problème nous utilisons un autre algorithme permettant d'éliminer les cellules touchant les bord .

L'algorithme d' « élimination des grains de bord » est similaire à celui de « bouchage de trous ». L'idée est de prendre la différence ensembliste entre une image et la reconstruction de cette image avec le bord de l'image. Cet algorithme est valable pour les fonctions numériques.

L'image résultante après l'application de cet algorithme est une image binaire qui comporte le cytoplasme et les globules rouges (voir la figure 3.4 (b)). Sachant que l'on dispose du masque du cytoplasme donc une simple soustraction entre les deux images nous donnera le masque binaire des globules rouges (voir la figure 3.4 (c)). Ensuite, pour extraire les globules rouges il suffit d'appliquer le masque binaire à l'image couleur de départ (voir la figure 3.4 (d)).

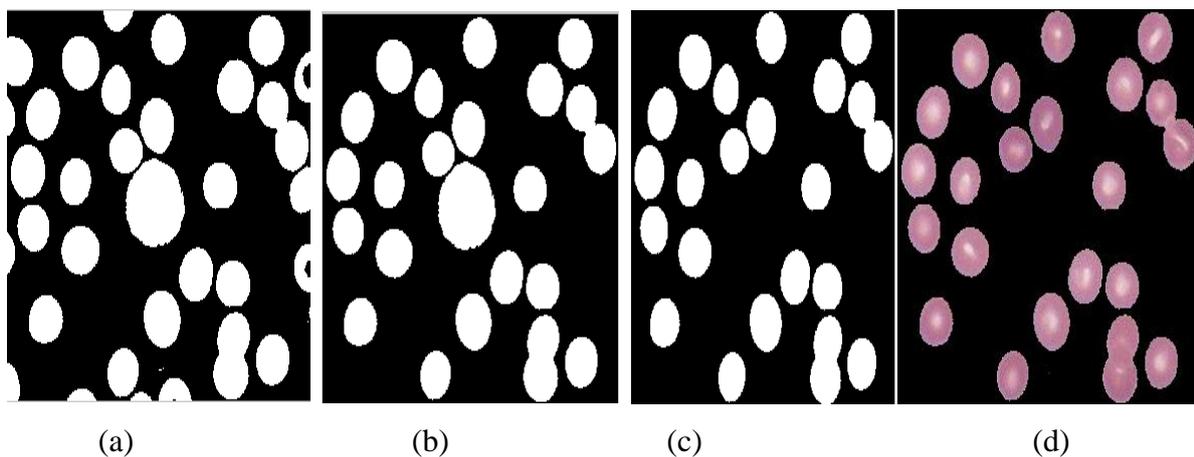


Figure 3.4 : (a) masque binaire des cellules après bouchage de trous (b) masque binaire des cellules après élimination des grains de bords (c) masque binaire des globules rouges (d) extraction des globules rouges

3.2.2. Extraction des globules blancs :

Notre but dans cette section, est de présenter un algorithme permettant d'automatiser le processus d'extraction de la région d'intérêt (globule blanc) à partir d'une image à fort grossissement. L'utilisation de ces sous-images présente plusieurs avantages : réduction de la taille de l'image ce qui permet aux algorithmes de segmentation d'être plus rapides ainsi que l'élimination de la possibilité de fausses alarmes.

Notre approche comporte deux phases : une phase de localisation suivie d'une phase de délimitation. La phase de localisation consiste à déterminer approximativement la position du globule blanc et utiliser son centroïde comme centre pour la région intéressante (region of interest). La seconde phase consiste à utiliser les résultats de la localisation afin de délimiter la région du globule blanc sur l'image de départ.

➤ Phase de localisation :

L'objectif de cette phase, est de déterminer la position du globule blanc se trouvant sur l'image couleur de départ. Sachant que chaque globule blanc contient un noyau, qui une fois coloré au MGG (May-Grünwald Giemsa) sur un frottis sanguin prend une couleur relativement foncée par rapport au cytoplasme et aux globules rouges, nous pouvons donc extraire le noyau seul à l'aide d'un simple seuillage, puis calculer le centre de gravité de la composante connexe correspondant au noyau, qui sera considéré comme le centre de la sous-image centrée sur le noyau région (voir la figure 3.5 (e)).

Le centre de gravité est défini comme le barycentre des pixels affectés de leur niveau respectif. Ce point particulier de l'image est souvent pris pour origine de repère dans les techniques de reconnaissance d'images. Il est défini par les coordonnées :

$$i_G = \frac{\sum_i \sum_j f(i,j) \cdot i}{\sum_i \sum_j f(i,j)} \quad j_G = \frac{\sum_i \sum_j f(i,j) \cdot j}{\sum_i \sum_j f(i,j)}$$

Où $f(i, j)$ est la fonction intensité du pixel de coordonnées (i, j) . Pour notre image qui est binaire $f(i,j) = 0$ ou 1 .

➤ **Phase de délimitation:**

Pour cette deuxième étape, il ne nous reste plus qu'à délimiter notre région d'intérêt (le globule blanc) en utilisant le centre de gravité calculé lors de la phase précédente. A partir du point qui représente le centre de gravité, nous déterminons la taille de l'image que nous voulons obtenir, ici notre choix s'est porté sur une image de taille 100x100 pixels, et centrée sur le centre de gravité calculé précédemment, ceci va permettre à l'image extraite de contenir le globule blanc en entier avec probablement quelques hématies que nous pourrions éliminer facilement par la suite à l'aide des opérateurs morphologiques (voir la figure 3.5(f)).

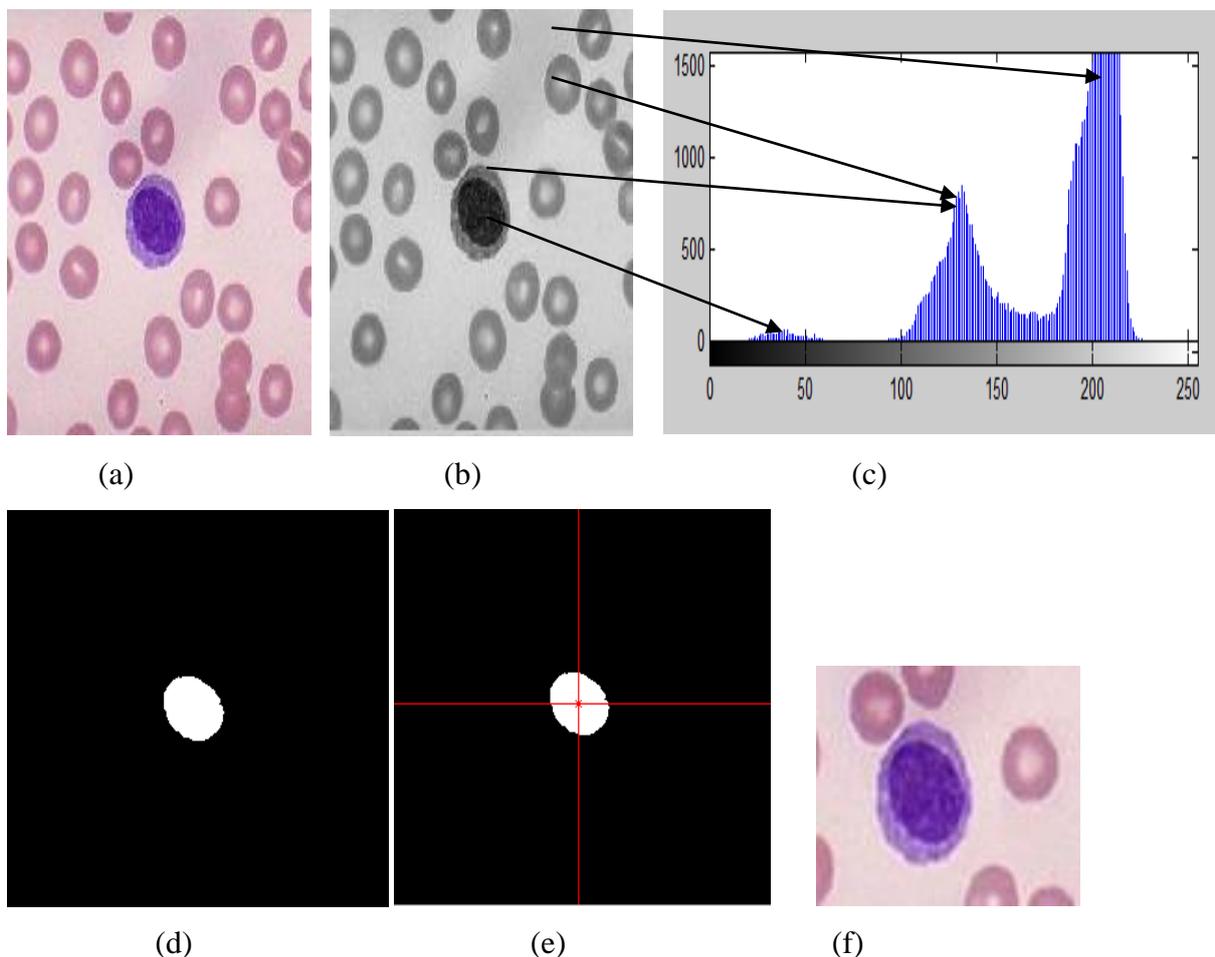


Figure 3.5 : Exemple d'extraction de la région d'intérêt (a) image couleur originale, (b) composante verte de l'image couleur, (c) histogramme de la composante verte, (d) masque binaire du noyau, (e) définition du centre de gravité sur l'image du masque binaire du noyau, (f) extraction de la région d'intérêt.

3.2.3. Segmentation des globules blancs :

De la même manière que pour la segmentation des globules rouges, nous allons travailler sur la composante verte afin de segmenter les globules blancs pour les avantages cités précédemment. Il s'agit d'un algorithme rapide, composé principalement de seuillage suivi d'un filtrage surfacique. Comme d'habitude, nous montrons un exemple d'images pour mieux illustrer l'algorithme.

3.2.3.1. Seuillage :

La première étape consiste en un double seuillage, un seuil pour extraire le noyau et l'autre seuil pour extraire le cytoplasme qui sont choisis à partir de l'histogramme du canal vert de l'image (voir la figure 3.6).

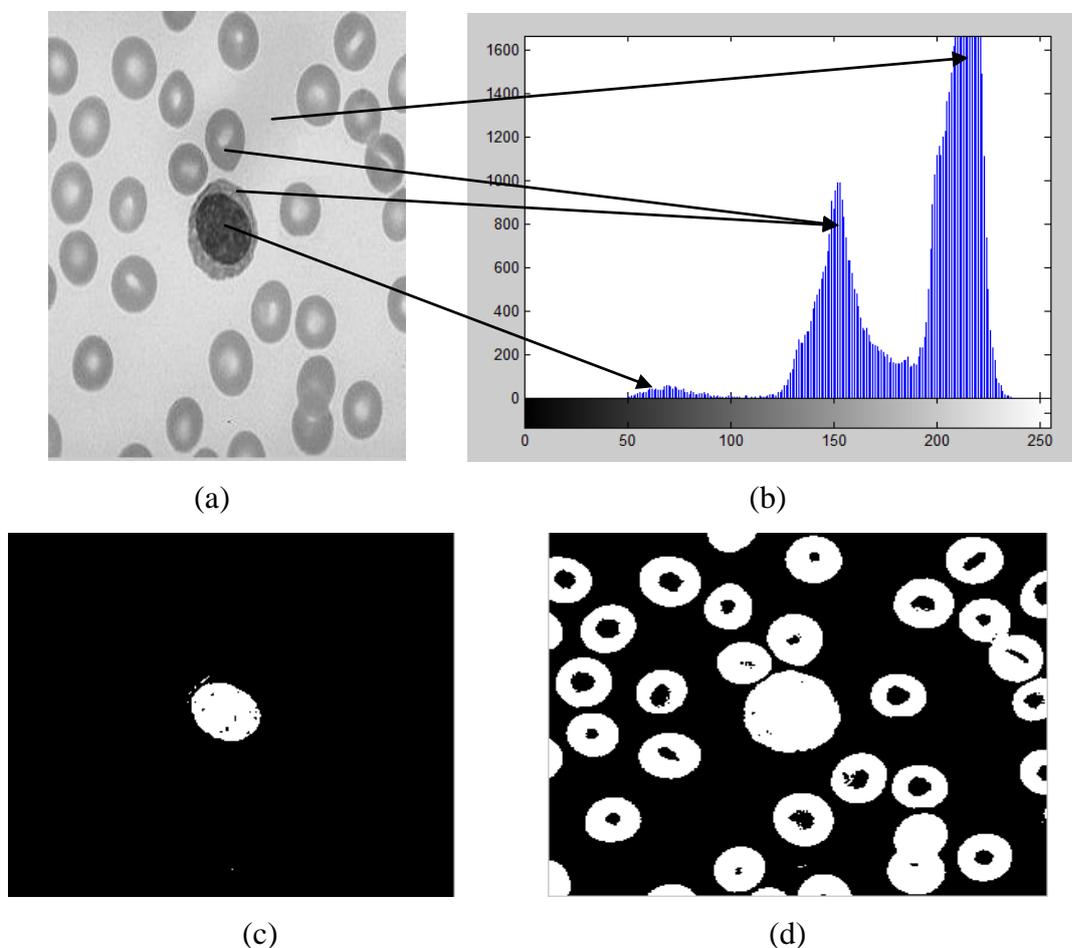


Figure 3.6 : (a) composante vert de l'image, (b) histogramme de l'image de la composante verte, (c) masque binaire du noyau, (d) masque binaire des cellules (cytoplasme et globules rouges).

3.2.3.2. Segmentation du noyau :

Le masque binaire du noyau obtenu après seuillage nécessite un filtrage binaire pour que l'extraction du noyau soit correcte (voir la figure 3.7 (a)). Dans un premier temps, nous remarquons sur l'image de petites régions ne faisant pas parties du noyau, que nous allons éliminer moyennant un filtrage surfacique. Ensuite, nous nous intéressons à l'intérieur du noyau, où l'on remarque quelques points noirs formant de petits trous dus à la texture de la chromatine (constituant du noyau), pour les éliminer nous appliquons l'algorithme de « Bouchage de trous » (voir la figure 3.7 (b)). Une fois le masque obtenu, nous l'appliquons sur l'image couleur de départ pour extraire le noyau (voir la figure 3.7 (c)).

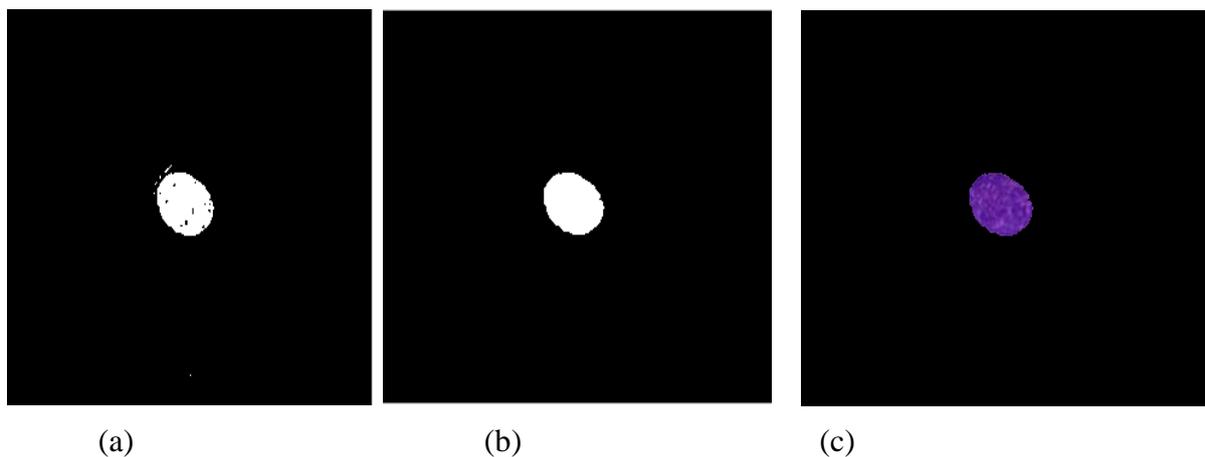


Figure 3.7 : (a) masque binaire du noyau obtenu par seuillage, (b) masque binaire du noyau (après filtrage Surfaccique+ bouchage de trous), (c) noyau segmenté.

3.2.3.3. Segmentation du cytoplasme :

Nous avons comme résultat le masque binaire des cellules (cytoplasme et globules rouges) et sachant que notre composante d'intérêt est le cytoplasme, nous devons donc éliminer les globules rouges. La taille des globules rouges est plus petite que celle du cytoplasme, nous pouvons donc procéder à un filtrage surfacique permettant ainsi leur élimination. Ensuite, nous nous intéressons à l'intérieur du cytoplasme, où l'on remarque quelques points noirs formant de petits trous, pour les éliminer il suffit d'appliquer l'opérateur de « bouchage de trous » (voir la figure 3.8 (b)). Une fois le masque obtenu, nous l'appliquons sur l'image couleur de départ (voir la figure 3.8 (c)).

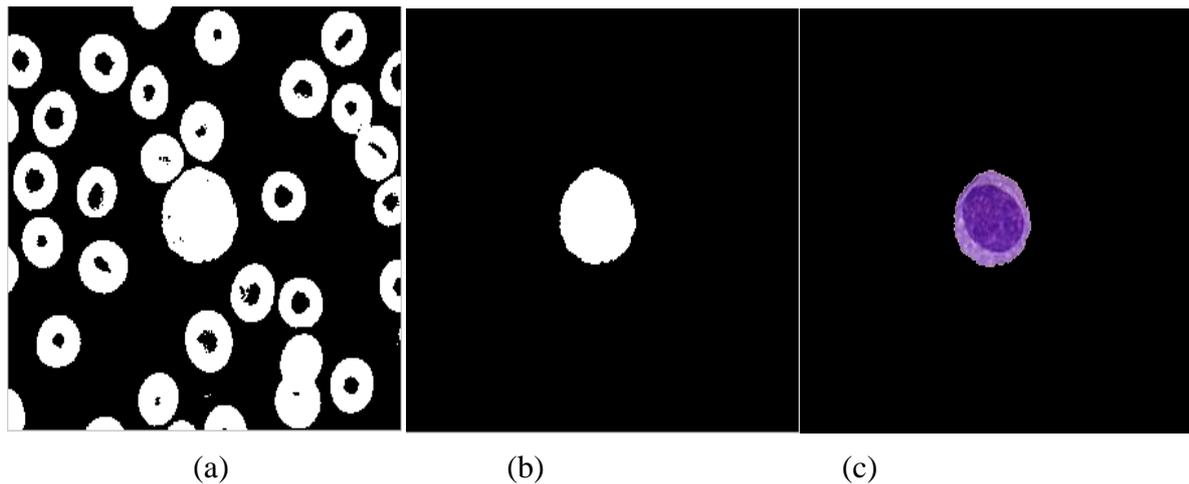


Figure 3.8 : (a) masque binaire des cellules, (b) masque binaire du cytoplasme (après filtrage surfacique+bouchage de trous), (c) cytoplasme segmenté.

A partir des images obtenues, nous pouvons extraire les périmètres du noyau et cytoplasme et les appliquer à l'image couleur de départ, pour voir la qualité de la segmentation (voir la figure 3.9) :

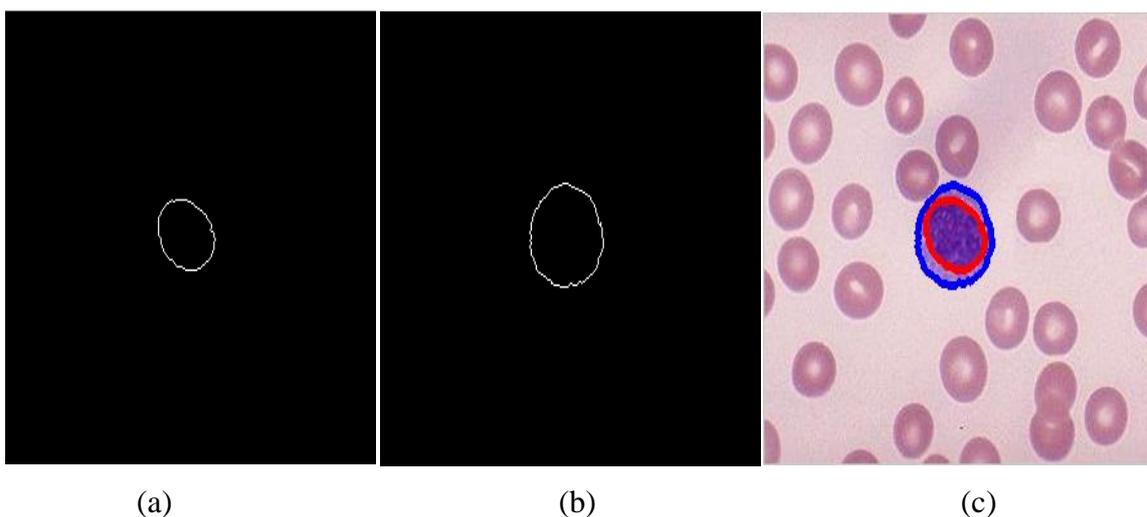


Figure 3.9 : (a) périmètre du noyau, (b) périmètre du cytoplasme, (c) segmentation du globule blanc.

En analysant les résultats de cet algorithme, nous constatons que la segmentation des globules blancs est satisfaisante, car les masques obtenus épousent assez bien la forme du

noyau et du cytoplasme. très faible qui rend plus difficile leur séparation. et pour cela doit appliquer la segmentation Les grands inconvénients de cette méthode se trouvent dans les situations où les cellules collées dans le cas des globules rouges, où les globules rouges sont collés au cytoplasme, avec une transition de couleur par la ligne de partage des eaux LPE.

➤ **Voyons le cas ou les cellules collées :**

Pour pouvoir séparer les globules rouges entre eux nous appliquons la méthode de la LPE sur sa fonction distance pour justement séparer les globules rouges collés (voir figure 3.10).

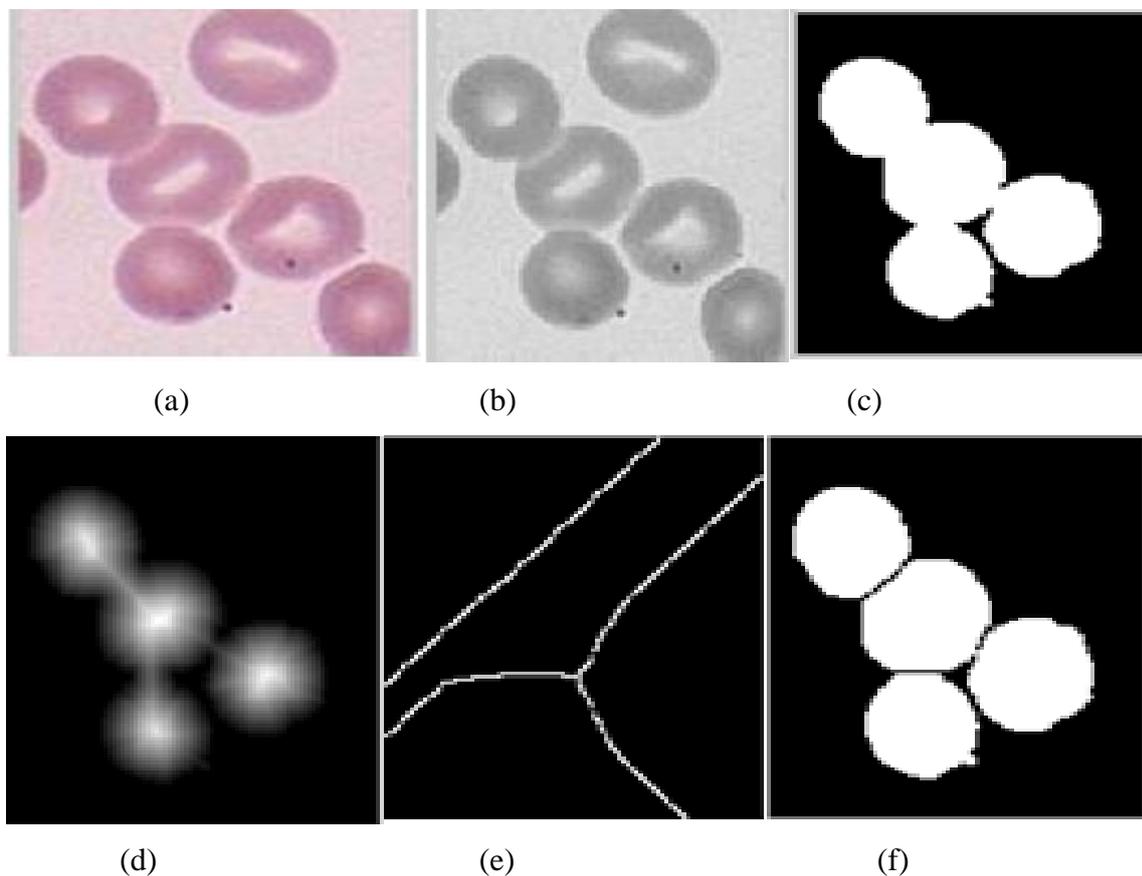


Figure 3.10: (a) image originale, (b) canal vert de l'image originale, (c) masque binaire des globules rouges (après filtrage surfacique + élimination des cellules touchant le bord de l'image + application du bouchage de trous), (d) fonction distance du masque binaire des globules rouges, (e) LPE sur la fonction distance, (f) masque binaire des globules rouges séparées.

➤ **Voyons le cas où les globules rouges sont collés au cytoplasme :**

En appliquant le même algorithme utilisé précédemment (voir la figure 3.6), on remarque que le problème se situe au niveau de la forme du masque binaire du cytoplasme (voir la figure 3.11 (d)). Cette déformation est due au fait qu'un globule rouge soit collé au cytoplasme, la solution à ce problème serait de pouvoir séparer le globule rouge du cytoplasme mais les opérateurs morphologique sont incapables.

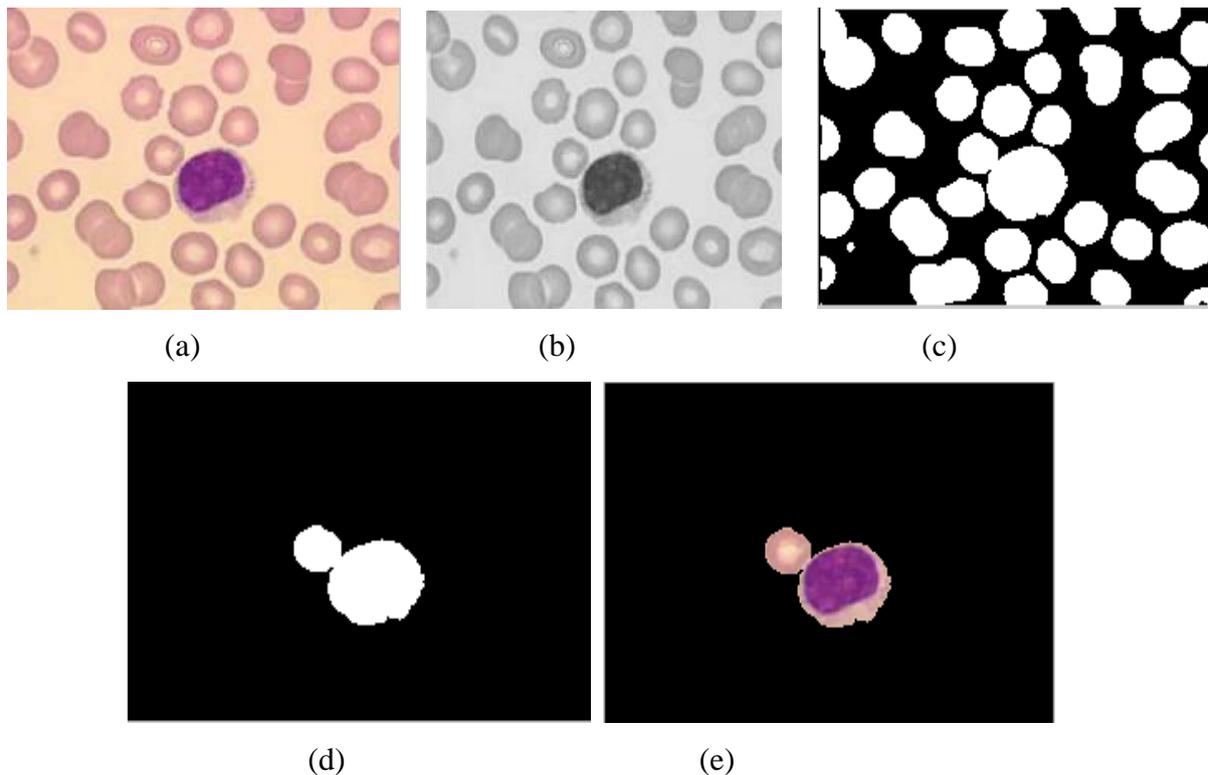


Figure 3.11: (a) image originale, (b) canal vert de l'image originale, (c) masque binaire des cellules après bouchage de trous, (d) masque binaire des cellules après filtrage surfacique, (e) extraction des cellules.

Pour séparer le globule blanc des globules rouges on utilise la fonction distance qui est un outil généralement utilisé en conjonction avec la segmentation LPE afin de séparer les structures binaires.

Une fois la fonction distance obtenue (voir la figure 3.12 (a)), à partir du masque du cytoplasme collé au globule rouge, on lui applique la segmentation LPE (voir la figure 3.12

(b)). En effectuant la segmentation, nous remarquons que la composante d'intérêt et le globule rouge ont pu être séparés, mais par contre le masque de cytoplasme est divisé en deux (voir la figure 3.12 (c)). Nous éliminons le globule rouge par un filtrage surfacique, pour obtenir le masque du cytoplasme (voir la figure 3.12 (d)) et l'appliquer à l'image couleur de départ (voir la figure 3.12 (e)), le problème est visible sur l'image, il y a une sur-segmentation car le cytoplasme est segmenté de manière erronée (c'est-à-dire que le cytoplasme est divisé en deux parties).

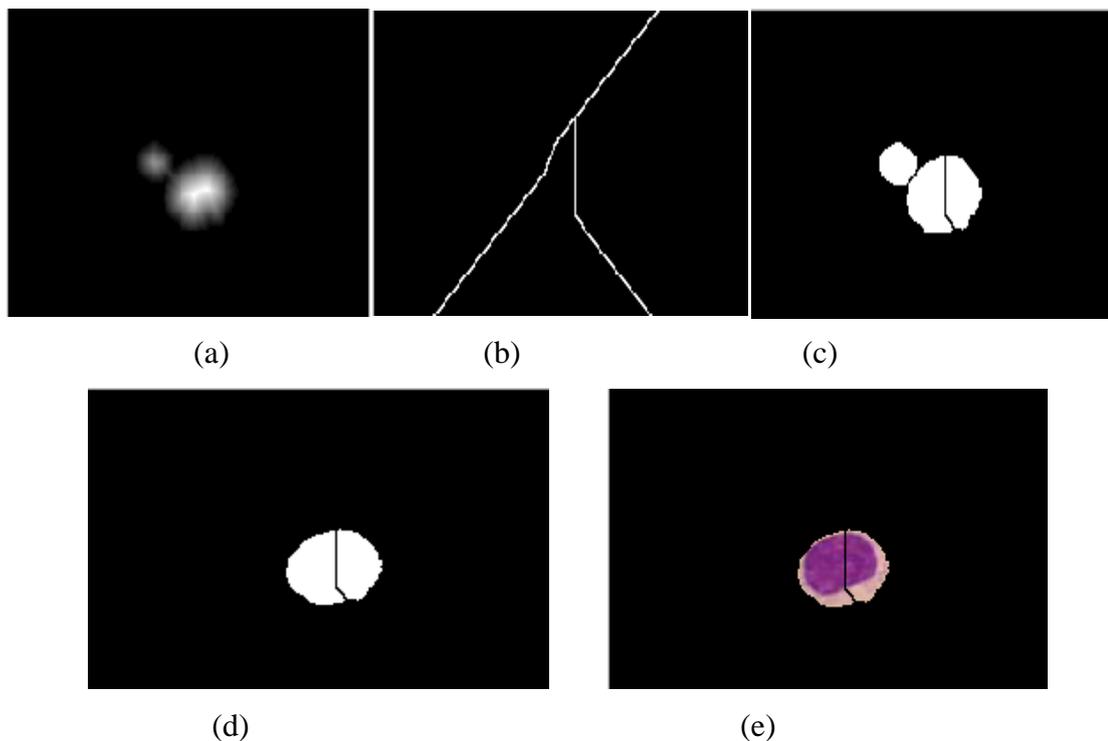


Figure 3.12 : (a) fonction distance du masque, (b) LPE sur fonction distance, (c) sur-segmentation, (d) sur-segmentation du masque du cytoplasme, (e) segmentation du cytoplasme erronée.

Le problème de sur-segmentation est généralement lié au nombre élevé de minima. Pour cette raison il est souvent conseillé de filtrer légèrement la fonction distance, avant de calculer la LPE pour éviter que des maxima non significatifs (qui ne correspondent pas aux centres des objets) puissent sur-segmenter.

Pour avoir des minima significatifs on peut Pour avoir des minima significatifs on peut agir en procédant d'abord à un filtrage avant la segmentation, afin d'éliminer les caractéristiques indésirables qui pourraient empêcher l'analyse de l'image.

Dans ce cas, nous avons opté pour l'utilisation du filtre alterné séquentiel car ce sont généralement des filtres très utiles pour réduire le bruit tout en préservant les contours. Ce filtre est formé d'une succession de fermetures et d'ouvertures avec des éléments structurants de taille croissante, défini par la formule suivante :

$$FAS_n = \gamma_n \Phi_n \dots \gamma_2 \Phi_2 \gamma_1 \Phi_1$$

Ce filtre qui substitue à la linéarité le critère de croissance, mieux adapté à la structure de la perception visuelle, permet de simplifier une image sans la lisser et ainsi, de préserver les contrastes.

Après l'application du filtre alterné séquentiel sur la fonction distance, nous obtenons une nouvelle image (voir la figure 3.13 (a)) avec moins de minima. Ensuite pour séparer les cellules, procédons à la segmentation LPE (voir la figure 3.13 (b)) sur la fonction distance filtrée. Une fois la segmentation faite (voir la figure 3.13 (c)), nous remarquons que la séparation entre le globule rouge et le cytoplasme est réussie et qu'il n'y a plus de problème de sur-segmentation. Pour obtenir le masque du cytoplasme, il suffit de faire un filtrage surfacique (voir la figure 3.13 (d)) éliminant ainsi le globule rouge.

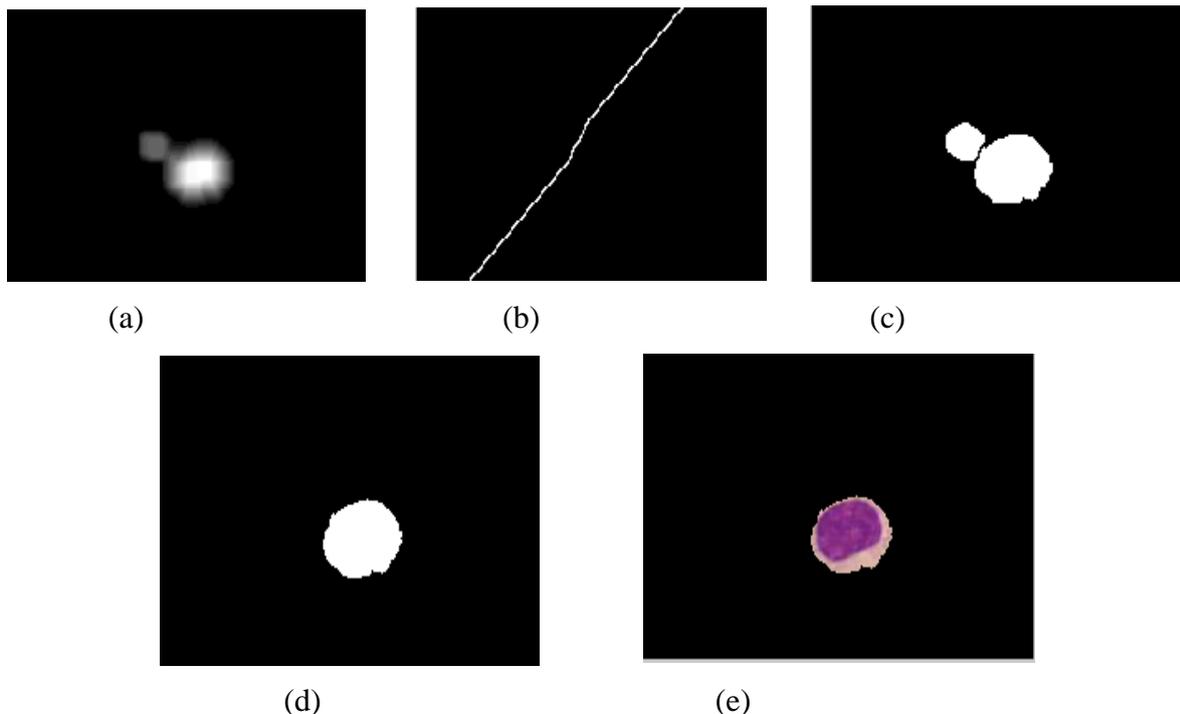


Figure 3.13 : (a) la fonction distance filtrée, (b) LPE sur la fonction distance filtrée, (c) segmentation LPE sur la fonction distance filtrée, (d) masque binaire du cytoplasme.

Nous avons aussi appliqué cette même méthode sur notre image f mais en la convertissant dans l'espace couleur HSV (Hue, Saturation, value), et travaillant sur la composante saturation au lieu du canal vert, nous avons obtenu d'aussi bon résultats que sur l'espace RGB (voir figure 3.14).

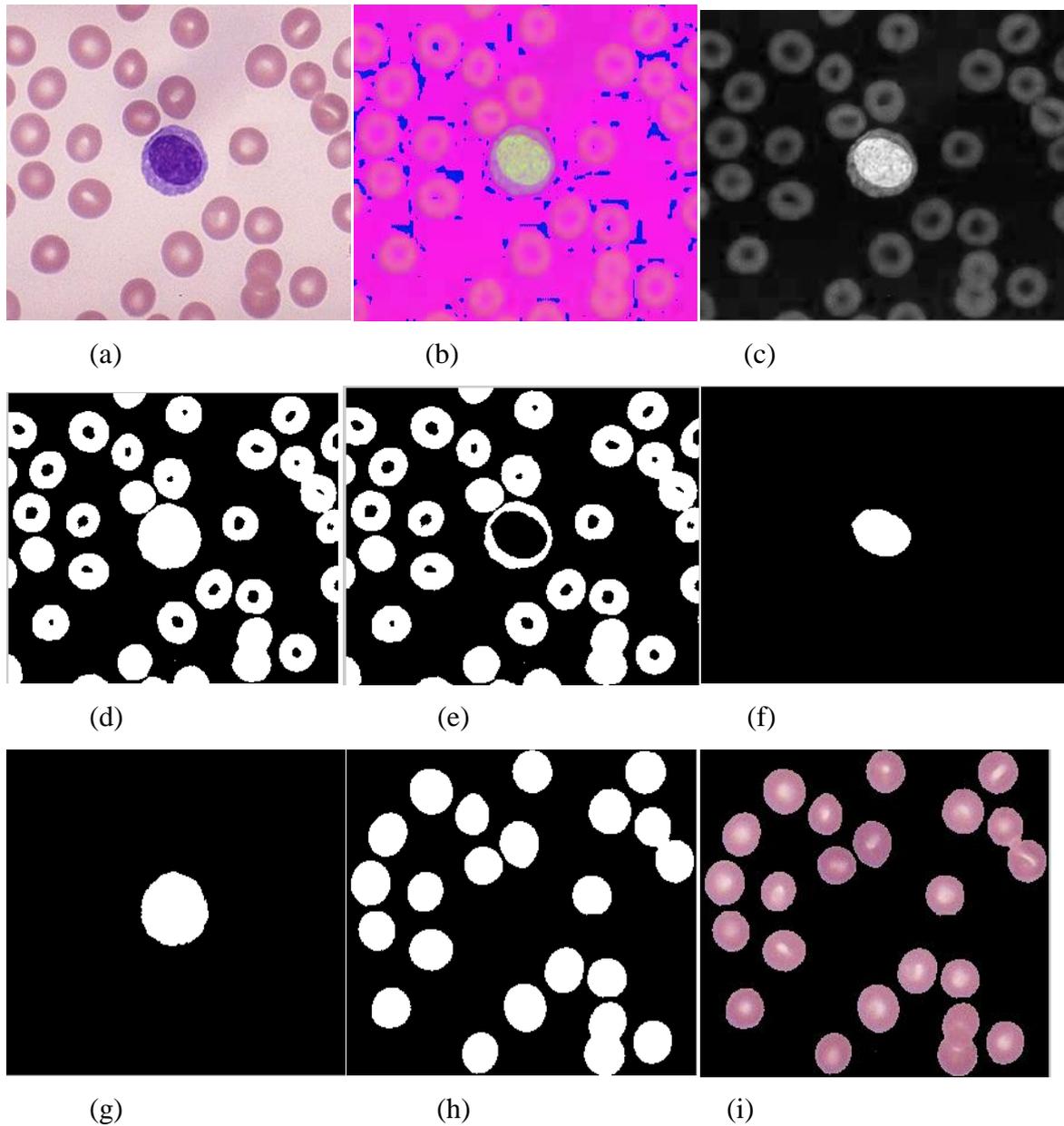


Figure 3.14: (a) image originale, (b) image originale sous HSV, (c) composante de saturation de l'image originale, (d) image binaire après seuillage, (e) image d filtré, (f) masque binaire du noyau, (g) masque binaire du cytoplasme, (h) masque binaire du globules rouges, (i) extraction des globules rouges.

3.2.4. Caractérisation des globules blancs :

La segmentation des globules blancs joue un rôle important en tant que première étape essentielle pour séparer les globules blancs en région du noyau et de région du cytoplasme.

La segmentation est très importante car s'il y a une erreur au niveau de cette étape, ceci introduirait des erreurs dans la caractérisation morphologique du noyau et du cytoplasme.

La littérature médicale récente, au sujet du diagnostic de certaines situations pathologiques tels que la leucémie, les syndromes lymphoprolifératifs,...etc., considère toujours la morphologie des globules blancs comme un principe de base pour l'identification de ces pathologies.

Pour la description d'un globule blanc, nous avons choisi un ensemble de paramètres : taille nucléaire, taille cellulaire, rapport noyau/cytoplasme, et la forme nucléaire.

❖ Taille nucléaire :

La taille nucléaire est obtenue à partir de l'aire en pixels du masque binaire du noyau :

$$S_{\text{noyau}} = \text{surface (masque du noyau)}$$

❖ Taille cellulaire :

La taille cellulaire est obtenue à partir de l'aire en pixels du masque binaire de la cellule (noyau + cytoplasme) :

$$S_{\text{cellule}} = \text{surface (masque de la cellule)}$$

❖ Rapport noyau/cytoplasme :

Il s'agit d'un paramètre classique et très important en cytologie quantitative qui se définit comme le ratio entre l'aire du noyau et l'aire totale de la cellule englobant le noyau:

$$\text{RNC} = \text{surface du noyau} / \text{surface de la cellule}$$

Exemple :

Nous effectuons les calculs de paramètres géométriques sur l'image (a) :
 Tout d'abord nous extraire le masque binaire du noyau et de cytoplasme, en suite nous calculons la surface du noyau et la surface de la cellule (noyau +cytoplasme) pour calculer le rapport noyau / cytoplasme **RNC** (voir figure 3.15).



Figure 3.15 : (a) image initiale, (b) masque binaire du noyau, (c) masque binaire du cytoplasme

On obtient les résultats suivants :

	Noyau	Cellule (noyau+cytoplasme)
Surface	1455	2673

Tableau 3.1 : calcule de la surface du noyau et de cytoplasme

$$\text{RNC} = 1455/2673 = 0.5443$$

❖ **Le diamètre :** est mesuré à partir du contour entre deux points les plus allongée.

❖ Forme nucléaire :

La forme d'un objet est l'image binaire représentant la surface de la région d'intérêt (le noyau dans notre cas). La forme nucléaire est une caractéristique riche en variétés et très intéressante pour identifier les situations pathologiques, et peut être obtenue par le masque binaire du noyau.

Les descripteurs de forme sont également très importants, ils permettent d'avoir une description géométrique des objets à caractériser. Nous donnons ici la définition de quelque descripteur de forme tel que la compacité, la convexité.

❖ Compacité (ou facteur de circularité) :

La compacité est un facteur de circularité qui vaut 1 lorsque la région est un cercle, et diminue à mesure que le contour est très découpé ou que la région est allongée.

$$C = \frac{P^2}{4\pi S}$$

Avec :

C : la compacité, P : le périmètre de la forme et S : sa surface

❖ Convexité :

La convexité est le rapport entre le périmètre de l'enveloppe convexe et celle de la région. Une région fortement convexe a une valeur de convexité égale à 1 et une région faiblement convexe a une valeur de convexité inférieure à 1.

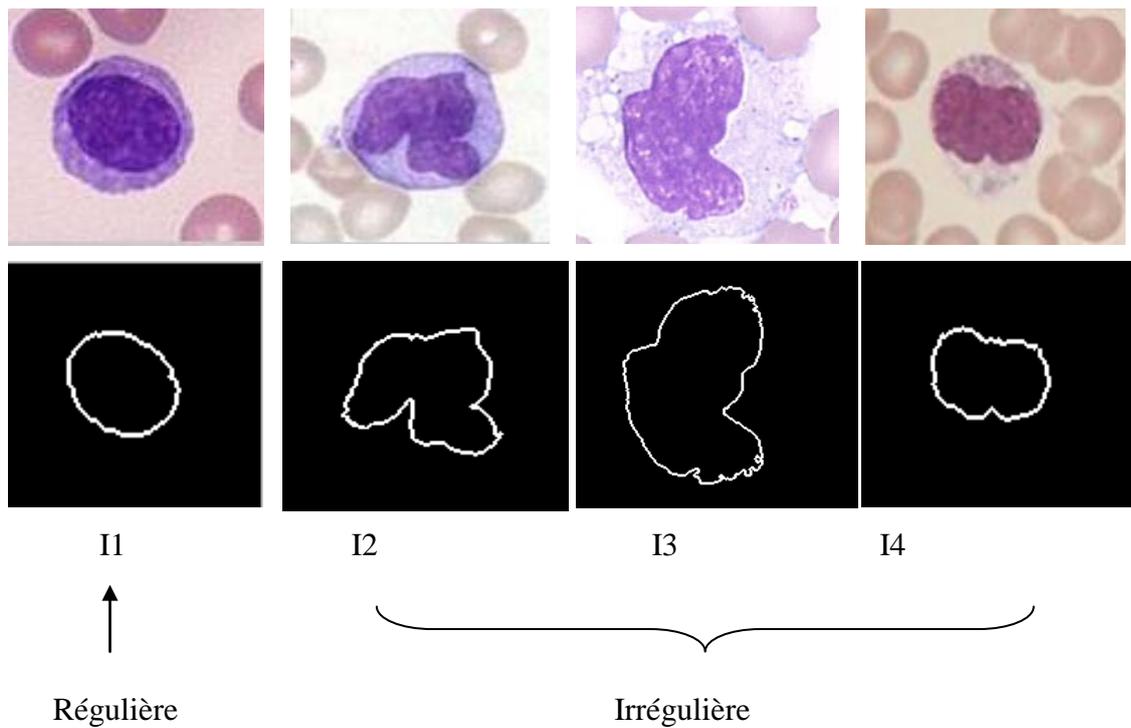
Exemple :

Nous effectuons des calculs de paramètre de forme sur les noyaux des lymphocytes suivantes :

Nous rappelons que la forme normale du noyau d'un lymphocyte est circulaire.

On extrait les formes nucléaires de ses images :

On peut caractériser la forme du contour de ses images à l'aide du facteur de circularité (la compacité).



Images contours	I1	I2	I3	I4
Surface du noyau	1455	3073	10481	1564
Périmètre du noyau	122	257	461	143
Compacité	0.8140	1.7104	1.6136	1.0405

Tableau 3.2: Quelques paramètres de forme calculés

Les paramètres tel que surface du noyau, périmètre du noyau nous ont permis de calculer la compacité en utilisant la formule citée ci-dessus. Les résultats sont portés dans le Tableau 3.2.

On remarque que la compacité de noyaux de l'image I1 tendent vers 1 ; on déduit donc que les formes de cette image sont presque un cercle (forme régulière), par contre les compacités des noyaux des images I2, I3, I4 est supérieur à 1, elles montrent donc que la forme du noyau de ces images est irrégulière.

3.3. Conclusion :

L'analyse d'images couleurs microscopiques dans le domaine de la cytopathologie est un outil de diagnostic qui fournit des informations sur la forme et la structure des cellules (noyau, cytoplasme des globules blancs et les globules rouges) qui sont utiles et précieuses pour la santé des patients.

Nous avons proposé une démarche de segmentation en utilisant dans un premier temps la technique de seuillage, qui a permis la segmentation des globules rouges et des globules blancs sur une image où les cellules sont bien séparées, pour ensuite passer à une technique beaucoup plus puissante qui est la LPE et qui a permis de résoudre le problème de segmentation des globules lorsqu'ils sont collés entre eux. Nous avons terminé ce travail par le calcul d'un certains nombre de paramètres permettant la caractérisation des cellules en vue de leur classification.



جامعة أبو بكر بلقايد - تلمسان

Université Abou Bakr Belkaïd de Tlemcen

Faculté de Technologie

Département de Génie électrique et Electronique

Laboratoire de Recherche de Génie Biomédical

MEMOIRE DE PROJET DE FIN D'ETUDES

Pour obtenir le Diplôme de

MASTER en GENIE BIOMEDICAL

Spécialité : Signaux et Images en Médecine

Présenté par : ABDERRAHIM Ahlem et BENBABOUCHE Fatima

**Analyse des images cellulaires :
Segmentation et caractérisation**

Soutenu le 22 juin 2014 devant le Jury

Mr.ABDERRAHIM Med el Amine	MCB	Université de Tlemcen	Président
Mr. BESSAID Abdelhafid	prof	Université de Tlemcen	Encadreur
Melle.FEROUI Amel	MCB	Université de Tlemcen	Examinatrice
Mme.KAZI TANI Adila	MAA	Université de Tlemcen	Examinatrice

Année universitaire 2013-2014

Références

- [1]: O. Lezoray, A. Elmoataz, H. Cardot, G. Gougeon, M. Lecluse, H. Elie, M Revenu
« Segmentation d'Images Couleur : application à la cytologie des séreuses en vue d'un tri informatique cellulaire ».
- [2]: C. Charrier, G. Lebrun, and O. Lezoray. « Fusion de segmentations d'images microscopiques par svm dans différent espaces couleur selon la théorie de l'évidence ». Grets, 2005.
- [3] : D. Bereziat. « Segmentation des images médicales ». ACIMED, 2010.
- [4] : S. Beucher, « *Segmentation d'images et morphologie mathématique* », Ph.D thesis, Ecole Nat. Sup. des Mines de Paris, 1990.
- [5] : Dictionnaire médicale hématologie.
<http://www.vulgaris-medical.com/encyclopedie/hematologie-2224.html>
- [6] : OLIVIER LEZORAY , « La réalisation d'une etude sur le tri informatique en cytologie», rapport de stage de DEA , université de Cean ,France ,septembre1995.
- [7] : Présentation du sang
http://www.professeurphifix.net/eveil/texte_le_sang.htm
- [8] : Adila KAZI TANI, « Analyse d'image par morphologie mathématique Application à l'hématologie cellulaire », Mémoire de Magister, Université Abou Bekr Belkaid, Tlemcen, Algérie, juillet 2010.
- [9] :R. BOUKLAB, « Développement d'un système de dénombrement de cellules sanguines », master en informatique, université Abou Bekr Belkaid, Algérie ,janvier 2013.
- [10] : le sang, Preparation du frottis sanguin
http://www.funsci.com/fun3_fr/sang/sang.htm
- [11] : FSC .pdf Formule sanguine et frottis périphérique
<http://www.medecine.unige.ch/enseignement/apprentissage/amc/medinter/horaires/documents/FSC.pdf>
- [12]
http://pedagogie.actoulouse.fr/svt/serveur/bankact/dossiers/FT/frottis_sang/FT_frottis_sangun.pdf

- [13] : Chakroun Nozha, Cours D'histologie « frottis sanguin.pdf »
http://www.dematice.org/ressources/PCEM1/Histologie/P1_histo_012/res/frottis%20sanguin.pdf
- [14] : le sang
<http://www.afblum.be/bioafb/sang/sang.htm>
- [15] : Dossier « Maladies du sang », mieux les connaître pour mieux comprendre les enjeux liés au don de sang.
<http://www.sfsp.fr/dossiers/file/pathologiesdusang.pdf>
- [16] : Chafika CHETTAOUI, Khalifa DJEMAL, Amar DJOUAK et Hichem MAAREF.
« Etude de formes des globules drépanocytaires par traitement numérique des images », 3^{ème} Conférence Internationale: Sciences d'Electronique, Technologies d'information et Télécommunications Tunisie.
- [17] : Corinne VACHIER, « Extraction de caracteristiques, segmentation d'image et morphologie mathematique », l'Ecole Nationale Supérieure des Mines de Paris, 18 Décembre 1995.
- [18] : Cocquerez J.P. and Philipp S. Analyse d'images : « filtrage et segmentation ». Editions Masson, 1995.
- [19] : Lamine Benomar ,« Segmentation d'images microscopiques de cytologie », Mémoire de Magister , Université Abou Bekr Belkaid ,Tlemcen, Algérie , Octobre 2012 .
- [20] : Luc Brun .« Traitement d'images Couleur » 2013 .
- [21] : Ismahan Baghli. « Fusion de segmentation d'images cytologiques par svm dans différents espaces couleur », Mémoire de Magister 2011. Université Abou Bekr Belkaid Tlemcen (UABT).
- [22] : François Faure . « Représentation de la couleur » .
- [23] Jesus Angulo Lopez « Morphologie mathématique et indexation des image couleurs, application à la microscopie en biomédecine », thèse de doctorat , l'école des Mines de Paris 2003.
- [24] Christine Fernandez-Maloigne, Noël Richard , «Traitement des images», article
<http://vuibert.com/IMG/doc/317-extrait-1.pdf>

- [25] Estelle Glory « Segmentation d'Images de Microscopie en Couleur pour l'Analyse Automatique de Cultures Cytologiques » 13 Decembre 2005.
- [26] : J. Lecoœur and C.Barillot. «Segmentation d'images cérébrales», Institut National de Recherche en Informatique et en Automatique (INRIA),2008.
- [27] Meyer F., « Color Image Segmentation », Proceedings of the 4th Conference Image processing *and its Applications*, pp. 303-306, 1992.
- [28] Salembier P., Brigger P., Casas J.R., Pardas M., «Morphological Operators for Image and Video Compression », IEEE transactions on Image Processing, Vol. 5, n° 6, pp. 881-897, 1996.
- [29] Elmoataz A., Belhomme P., Herlin P., Schupp S., Revenu M., « Automated Segmentation of cytological and Histological Images for the nuclear Quantification : An adaptative Approach based on Mathematical Morphology », *Microsc. Microanal. Microstruct.*, Vol. 7, pp. 331-337, 1996.
- [30] Belhomme P., Elmoataz A., Herlin P., Bloyet D., « Generalized region growing operator with optimal scanning : application to segmentation of breast cancer images », *Journal of Microscopy*, Vol. 186, pp. 41-50, 1997.
- [31] Saarinen K., « Color Image segmentation by a watershed algorithm and region adjacency graph processing », Proceedings of ICIP'94, Vol. 3, pp. 1021-1025, 1994.
- [32] Yves Usson « Analyse d'images numériques en microscopie » Tutoriaux TNT La Grande Motte 2006.

Résumé :

Dans le cadre de notre projet « analyse des images cellulaires » consiste à appliquer des méthodes de segmentation des images médicales, dans notre travail nous exploitons des images de frottis sanguins.

Pour cela, nous avons mise en place un système basé sur les techniques de traitement et d'analyse d'images telle que : le filtrage, la segmentation, la morphologie mathématiques...etc., nous terminons ce travail par la mesure d'un certain nombre de paramètres permettant la caractérisation des formes des cellules.

La caractérisation des globules sanguins permet d'élaborer une application qui permettra le suivi et l'aide au diagnostic pour donner une meilleure interprétation de ces images.

Mots clés : cellules sanguines, segmentation, caractérisation, morphologie mathématique, filtrage.

Abstract :

As part of our project "Analysis of cell pictures" Is to apply the methods of segmentation of medical images in our work we use images of blood smears.

For this, we have implemented a system based on the technical processing system and image analysis such as: filtering, segmentation, mathematical morphology ... etc..., we finish this work by measuring a number of parameters for the characterization of cells forms.

La caractérisation des globules sanguins permet d'élaborer une application qui permettra le suivi et l'aide au diagnostic pour donner une meilleure interprétation de ces images.

Keywords: blood cells, segmentation, characterization, mathematical morphology filter.

ملخص :

كجزء من مشروعنا "تحليل الصورة الخلوية" هو تطبيق أساليب تقسيم الصور الطبية في عملنا نستخدم صور من لطخات الدم . لهذا، قمنا بتنفيذ نظام يقوم على معالجة الصور وتحليل النظم التقنية كما. تصفية، وتجزئة، مورفولوجيا الرياضية ... الخ، ونحن نختتم هذا العمل من قبل مقياس عدد من المعلمات لتوصيف أشكال الخلايا.

توصيف خلايا الدم يسمح لتطوير أحد التطبيقات التي تتيح رصد ودعم التشخيص لإعطاء تفسير أفضل لهذه الصور.

الكلمات المفتاحية : خلايا الدم، تقسيم، وصف، مورفولوجيا الرياضية، تصفية.