

الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية  
وزارة التعليم العالي و البحث العلمي

BADJI MOKHTAR- ANNABA UNIVERSITY  
UNIVERSITE BADJI MOKHTAR - ANNABA



جامعة باجي مختار- عنابة

Faculté: Sciences de l'ingénierat  
Département: Electronique

Année : 2019

## THÈSE

Présentée en vue de l'obtention du diplôme de Doctorat 3<sup>ème</sup> Cycle

### Intitulé

**Développement d'une Segmentation et Classification  
de Bio-images : Aide au Diagnostic Biomédical pour  
la Détection des Cellules Sanguines Anormales**

Option : Traitement des images et signaux biomédicaux

Par : BOUZID-DAHO Abdellatif

Directeur de Thèse : BOUGHAZI Mohamed Professeur Université d'Annaba

### DEVANT Le JURY

PRESIDENT :	TOUMI Salah	Pr.	Université d'Annaba
EXAMINATEURS :	DJEMILI Rafik	Pr.	Université de Skikda
	BOUKROUCHE Abdelhani	Pr.	Université de Guelma
	BOUKARI Karima	MCA.	Université d'Annaba

## *Remerciements*

{Je remercie tout d'abord **ALLAH** tout puissant, pour la santé et la prospérité}

الحمد لله

Une thèse de Doctorat ne peut se faire sans l'aide, les encouragements et le soutien des personnes rencontrées au cours de la formation doctorale. Elle est le fruit de nombreuses rencontres, expériences, échanges et collaborations.

Je souhaite exprimer ma profonde reconnaissance à mon directeur de thèse **Pr. Mohamed BOUGHAZI** Professeur à l'université Badji Mokhtar-Annaba, pour son encadrement, ses conseils, tous ses efforts, son aide et tout le temps qu'il m'a consacré.

Mes vifs remerciement vont au **Pr. Eric PETIT** Professeur à l'Université Paris-Est Créteil (ex-Université Paris 12, France) pour l'invitation de mon premier stage de perfectionnement en 2017 au sein du Laboratoire Images, Signaux et Systèmes Intelligents (LISSI), leur soutien m'a permis de mener ma recherche scientifique dans de bonnes conditions et avec un certain degré de liberté.

J'exprime ma profonde reconnaissance à madame **Nédra MELLOULI** Maître de Conférences à Université Saint Denis (Paris 8 Vincennes, France) pour l'invitation de mon deuxième stage de perfectionnement en 2018 au sein du Laboratoire d'Informatique Avancée de Saint Denis (LIASD), de m'avoir orienté ainsi que pour les précieux échanges et les éclaircissements importants se rapportant à ce travail de thèse.

J'adresse ici mes sincères remerciements à Monsieur **Pr. BENNACER Layachi** responsable de notre formation doctorale et **Pr. LARBI Allal** et toute l'équipe du comité CFD sans oublier le CSD et le CSF de notre faculté des sciences d'ingénieurs à université Badji Mokhtar-Annaba.

Je voudrais remercier **Pr. TOUMI Salah** directeur de notre laboratoire d'étude et de recherche en instrumentation et en communication d'Annaba (LERICA) pour m'avoir accueilli et intégré au sein du laboratoire durant ma formation doctorale, sans oublier de remercier Madame **TOUMI** médecin spécialiste en hématologie d'avoir accepté d'évaluer la partie médicale de ma thèse avec précision.

Je tiens à exprimer mes reconnaissances envers le jury qui a eu la gentillesse d'accepter de juger ce travail.

Il est difficile de décrire en quelques mots, le soutien et l'amour que nos parents et nos familles ont su nous apporter. On préfère simplement leur dire un immense merci.

## الملخص

يندرج محور عمل هذه الأطروحة في ميدان معالجة الصور الطبية. الهدف من مشروع هذا البحث هو تطوير معالجة خوارزمية من أجل اكتشاف, تحديد, تخصيص و تصنيف الخلايا الدموية الغير عادية بطريقة سريعة. أعمال هذا البحث تعتمد على استخدام طرق التحليل المحكمة, و الضوابط المحكمة مثل هرلايك, بعدها نقوم ببرهنة امكانية التحديد والتصنيف الآلي من خلال استعمال خمس خصائص فقط لهرلايك. علما أن عملية تحديد و تصنيف الخلايا الدموية الغير عادية يعتمد على مجموعة من المراحل المتتالية و هي: التجزئة, التقسيم, استخراج الخصائص و التصنيف. من بين أهداف عمل هذه الأطروحة يوجد أيضا نمذجة و تطوير التقسيم و التصنيف المعتمدين لاستخراج الخلايا الدموية السرطانية بغية تطوير آلة بيوطبية التي تساعدنا على التشخيص و المراقبة الطبية المستمرة. ثمرة هذا البحث العلمي يمكننا في الأخير من تحسين مستوى البرمجة الآلية لجهاز طبي يمكن الأطباء الاختصاصيين من تحديد موقع الخلايا الدموية الغير العادية و تصنيفها بشكل أوتوماتيكي و بالتالي تشخيص العلاج المناسب.

**الكلمات المفتاحية:** اعدادات أرلايك, تقسيم, تصنيف, خلايا دموية غير عادية.

## *Résumé*

Ce travail de thèse est axé sur le domaine de traitement d'image biomédicale. Le but de ce projet de recherche est de développer un traitement algorithmique pour la détection, l'identification, la caractérisation et la classification automatique et rapide de cellules sanguines anormales.

Ces travaux de recherche se focalisent sur l'exploitation potentielle des méthodes d'analyse texturale, les paramètres de textures (par exemples d'Haralick), en effet, nous démontrons la possibilité d'effectuer une détection et une classification automatique efficace à partir de l'extraction de seulement cinq paramètres d'Haralick. Cependant, la détection et la classification des cellules sanguines anormales reposent sur un ensemble d'étapes consécutives qui sont la segmentation, l'extraction d'attributs et la classification. Parmi les objectifs de ces travaux de thèse, il y a la modélisation et le développement d'une segmentation et d'une classification adaptée pour la détection, la caractérisation, la segmentation et à la classification rapide de la leucémie. La classification envisagée consiste à une approche combinée des techniques de segmentation et de classification dans l'objectif d'atteindre le taux le plus élevé par une comparaison à une simple application individuelle d'une des segmentations et classifications considérées. La finalité de ces travaux contribue au développement d'un outil logiciel d'aide au diagnostic biomédicale dans le but d'améliorer et d'évoluer une instrumentation médicale pour la détection des cellules sanguines anormales.

**Mots clés:** paramètres d'Haralick, segmentation, classification, cellules sanguines anormales.

## *Abstract*

This thesis work is focused on the field of biomedical image processing. The goal of this research project is to develop algorithmic processing for the automatic, rapid detection, identification, characterization and classification of abnormal blood cells.

This research focuses on the potential exploitation of textural analysis methods, textural parameters (Haralick), indeed, we demonstrate the possibility of performing an effective detection and automatic classification from extracting only five Haralick parameters. However, the detection and classification of abnormal blood cells rely on a set of consecutive steps that its segmentation, features extraction and classification. Among the objectives of this thesis work, there is the modeling and development of a segmentation and classification adapted for the detection, characterization, segmentation and rapid classification of leukemia. The considered classification consists of a combined approach of segmentation and classification techniques in order to reach the highest segmentation rate comparing to a simple individual application. The purpose of this work aims at contributing to the development of a software tool for biomedical diagnostic support in order to improve and evolve a medical instrumentation for the detection of abnormal blood cells.

**Keywords:** Haralick features, segmentation, classification, abnormal blood cells.

## *Table des matières*

Liste des figures.....	8
Liste des tableaux.....	10

### **Introduction générale.....12**

1. Cadre général.....	12
2. Problématique de la thèse.....	12
3. Objectif de la thèse.....	13
4. Structure de la thèse.....	14
5. Perspectives de la thèse.....	14

### **Chapitre 1 : Etude bibliographique dans un contexte médical**

1.1 Introduction.....	17
1.2 Compositions du sang.....	17
1.2.1 Globules rouges ou hématies ou érythrocytes.....	19
1.2.2 Globules blancs ou leucocytes.....	19
1.2.2.1 Polynucléaires ou granulocytes.....	19
1.2.2.2 Lymphocytes.....	20
1.2.2.3 Monocytes.....	20
1.2.3 Les plaquettes.....	21
1.3 Cancer du sang.....	22
1.3.1 La leucémie.....	22
1.3.2 Types de la leucémie.....	23
1.4 Processus d'acquisition de bio-images.....	29
1.4.1 Prélèvement de sang et préparation d'un frottis sanguin.....	29
1.4.1.1 Obtention d'un échantillon de sang.....	30
1.4.1.2 Propagation manuelle dans une lame de verre.....	31
1.4.1.3 Coloration du frottis sanguin.....	32
1.5 Conclusion.....	32

### **Chapitre 2 : Segmentation de bio-images couleur**

2.1 Introduction.....	35
2.2 Les espaces couleur.....	35
2.2.1 Systèmes de primaires.....	36

## *Table des matières*

2.2.1.1	L'espace couleur réel RVB.....	36
2.2.1.2	L'espace couleur virtuel XYZ.....	37
2.2.2	Systèmes luminance-chrominance.....	39
2.2.2.1	L'espace couleur $L^*u^*v^*$ .....	39
2.2.2.2	L'espace couleur $L^*a^*b^*$ .....	41
2.2.3	Systèmes perceptuel.....	41
2.3	Qu'est-ce que la segmentation ?.....	42
2.3.1	Définition littéraire de la segmentation.....	42
2.3.2	Définition formelle de la segmentation.....	43
2.4	Approches de segmentation de bio-images couleur : état de l'art.....	44
2.4.1	Les algorithmes de clustering.....	44
2.4.1.1	K-means.....	46
2.4.1.1.1	Principe de fonctionnement.....	46
2.4.1.1.2	Algorithme k-means.....	48
2.4.1.2	Fuzzy c-means (FCM).....	49
2.4.1.2.1	Principe de fonctionnement.....	51
2.4.1.2.2	Algorithme fuzzy c-means.....	51
2.4.1.3	Avantages et inconvénients de clustering.....	52
2.4.2	Croissance de région (region growing).....	53
2.4.2.1	Principe de fonctionnement.....	54
2.4.2.2	Algorithme region growing.....	54
2.4.3	Eléments de la morphologie mathématique.....	55
2.4.3.1	Principe de fonctionnement.....	56
2.5	Conclusion.....	58

## **Chapitre 3 : Classification par analyse texturale**

3.1	Introduction.....	60
3.2	Qu'est-ce qu'une texture ?.....	60
3.3	Classification par analyse texturale : état de l'art.....	62
3.4	La matrice de cooccurrence au niveau de gris (GLCM).....	64
3.4.1	Extraction des caractéristiques de textures.....	65
3.4.1.1	Paramètres d'Haralick basées sur le GLCM... ..	66
3.5	Conclusion.....	70

## *Table des matières*

### **Chapitre 4 : Résultats expérimentaux et discussions**

4.1 Introduction.....	72
4.2 Environnement de programmation.....	72
4.3 Description des bases d'images.....	73
4.3.1 Base d'images Hematocell.....	73
4.3.2 Base d'images ALL-IDB.....	74
4.4 Méthodologies.....	75
4.4.1 La méthode de segmentation et classification développée...75	
4.4.1.1 Phase d'acquisition.....	76
4.4.1.2 Phase de prétraitement.....	77
4.4.1.2.1 Etape de redimensionnement.....	77
4.4.1.2.2 Etape de filtrage.....	77
4.4.1.2.3 Conversion RVB en L*a*b.....	78
4.4.1.3 Phase de segmentation.....	79
4.4.1.4 Phase de post traitement.....	81
4.4.1.4.1 Comptage des cellules cancéreuses.....	81
4.4.1.4.2 Extraction des paramètres de forme.....	82
4.4.1.4.2.1 Le centre de gravité.....	83
4.4.1.4.2.2 La surface.....	83
4.4.1.4.2.3 Le périmètre.....	83
4.4.1.5 Evaluation de la méthode développée.....	85
4.4.2 Analyse texturale par GLCM.....	87
4.4.2.1 Prétraitement.....	88
4.4.2.2 Extraction des attributs de texture.....	89
4.5 Conclusion.....	97
<b>Conclusion générale.....</b>	<b>98</b>
<b>Bibliographie.....</b>	<b>100</b>
<b>Productions scientifiques.....</b>	<b>114</b>
<b>Annexes.....</b>	<b>117</b>

# Table des matières

## Liste des figures

### Chapitre 1

- <b>Figure.1.1.</b> Eléments figurés du sang sur un frottis sanguin coloré.....	17
- <b>Figure.1.2.</b> Compositions du sang.....	18
- <b>Figure.1.3.</b> Globules blancs.....	20
- <b>Figure.1.4.</b> Différence entre le sang normal et le sang cancéreux.....	22
- <b>Figure.1.5.</b> Développement des cellules sanguines.....	23
- <b>Figure.1.6.</b> Leucémie lymphoïde chronique (LLC).....	24
- <b>Figure.1.7.</b> Leucémie myéloïde chronique (LMC).....	26
- <b>Figure.1.8.</b> Leucémie aiguë lymphoblastique (LAL).....	27
- <b>Figure.1.9.</b> Leucémie aiguë myéloïde (LAM).....	28
- <b>Figure.1.10.</b> Prélèvement de sang.....	30
- <b>Figure.1.11.</b> Méthode de propagation de sang sur une lame de verre.....	31
- <b>Figure.1.12.</b> Frottis sanguin coloré.....	32

### Chapitre 2

- <b>Figure.2.1.</b> Les différents espaces couleur.....	36
- <b>Figure.2.2.</b> Représentation spatiale de l'espace couleur RVB.....	37
- <b>Figure.2.3.</b> Diagramme de chromaticité (x,y).....	38
- <b>Figure.2.4.</b> Diagramme de chromaticité ( $r_c, g_c$ ) de la CIE.....	39
- <b>Figure.2.5.</b> Représentation spatiale de l'espace couleur $L^*a^*b$ .....	41
- <b>Figure.2.6.</b> Chaîne d'analyse et traitement d'images.....	42
- <b>Figure.2.7.</b> Types de clustering : a- non-hiérarchique, b- hiérarchique.....	45
- <b>Figure.2.8.</b> Clustering sur un ensemble de points 2D, 3 clusters.....	47
- <b>Figure.2.9.</b> Eléments structurants : a) 8 Connexités b) 4 Connexités.....	56

### Chapitre 3

- <b>Figure.3.1.</b> Image composée de cinq régions texturées.....	61
- <b>Figure.3.2.</b> Classification étiquette chaque région dans une catégorie de texture.....	61
- <b>Figure.3.3.</b> Segmentation sépare les régions de textures différentes.....	62

## *Table des matières*

### **Chapitre 4**

- <b>Figure.4.1.</b> Bio-images (Images Médicales Microscopiques).....	73
- <b>Figure.4.2.</b> Exemple de bio-images (ALL-IDB1).....	74
- <b>Figure.4.3.</b> Exemple de bio-images (ALL-IDB2).....	74
- <b>Figure.4.4.</b> Schéma block du système proposé.....	76
- <b>Figure.4.5.</b> Image de test initiale.....	77
- <b>Figure.4.6.</b> Image redimensionnée et filtrée.....	78
- <b>Figure.4.7.</b> Conversion de l'espace couleur RVB en espace couleur L*a*b.....	78
- <b>Figure.4.8.</b> Algorithme développé de k-means.....	80
- <b>Figure.4.9.</b> Segmentation par notre méthode développée.....	80
- <b>Figure.4.10.</b> Comptage des cellules sanguines anormales (région leucémique).....	82
- <b>Figure.4.11.</b> Résultats expérimentaux sur la banque d'images .....	86
- <b>Figure.4.12.</b> Les images traitées.....	88
- <b>Figure.4.13.</b> Schéma synoptique de l'algorithme proposé.....	88
- <b>Figure.4.14.</b> Evolution d'énergie en fonction de nombre du bloc.....	90
- <b>Figure.4.15.</b> Evolution de contraste en fonction de nombre du bloc.....	91
- <b>Figure.4.16.</b> Evolution d'entropie en fonction de nombre du bloc.....	92
- <b>Figure.4.17.</b> Evolution de corrélation en fonction de nombre du bloc.....	93
- <b>Figure.4.18.</b> Evolution d'homogénéité en fonction de nombre du bloc.....	94

# *Table des matières*

## **Liste des tableaux**

### **Chapitre 1**

- **Tableau.1.1.** Les fonctions des leucocytes.....21

### **Chapitre 2**

- **Tableau.2.1.** Avantages et inconvénients de clustering.....52

### **Chapitre 4**

- **Tableau.4.1.** Extraction des attributs de forme.....84
- **Tableau.4.2.** Comparaison statistique entre les indices de texture.....95
- **Tableau.4.3.** Comparaison statistique entre les indices de texture.....95
- **Tableau.4.4.** Comparaison statistique entre les indices de texture.....95
- **Tableau.4.5.** Comparaison statistique entre les indices de texture.....96
- **Tableau.4.6.** Comparaison statistique entre les indices de texture.....96
- **Tableau.4.7.** Comparaison statistique entre les indices de texture.....96

# *Introduction*

## *Générale*

## *Introduction générale*

### **1. Cadre général :**

A titre indicatif notons que près de 90% de l'information reçue par l'homme est visuelle. La production d'images de qualité, de même que leur traitement numérique (et si possible) automatique a donc une importance considérable.

Actuellement, de nombreuses applications dont le diagnostic médical, la télémédecine, la télédétection et la détection de défauts d'usinage, requièrent l'utilisation du support image.

Le traitement d'images vise à développer des outils performants qui nous permettent de mieux appréhender le contenu, et d'en saisir le sens. Ces recherches ont démarré par de simples opérations de bas niveau sur le pixel pour atteindre des analyses de haut niveau incluant des techniques s'apparentant à l'intelligence artificielle, pour une meilleure compréhension et une interprétation de l'image.

En médecine, le traitement et l'analyse d'image sont des outils performants pour la recherche et l'aide au diagnostic biomédical. Ils permettent d'acquérir des données objectives, précises, reproductibles sur l'importance des composants tissulaires, la manière dont ils sont organisés au sein du tissu, et de la morphologie des cellules (taille, forme, couleur ou texture).

Dans ce travail de thèse, nous cherchons à réaliser un outil logiciel d'aide au diagnostic biomédical, permettant la détection automatique de cellules sanguines anormales et leurs caractéristiques. Pour construire ce système, on fait appel à des techniques de traitement et d'analyse d'images médicales comme la segmentation, la classification et l'analyse texturale. Notre système se base essentiellement sur le développement d'une segmentation et une classification texturale pour pouvoir identifier la leucémie d'une part et classifier les paramètres de texture et de forme pour chaque cellule détectée d'autre part.

### **2. Problématique de la thèse :**

La segmentation et la classification texturale sont devenues des étapes fondamentales pour l'analyse quantitative de bio-images dans de nombreuses pathologies hématologiques comme le cancer du sang (cas de la leucémie).

D'un point de vue médical le cancer reste toujours une problématique universelle, et tout le monde peut être atteint par le cancer, donc l'aide au diagnostic biomédical fait appel aux

## *Introduction générale*

systèmes qui détectent les cellules sanguines anormales (la leucémie [1-3]), et d'un point de vue technologique la segmentation et la classification d'images sont l'un des problèmes majeurs du traitement d'images médicales. La segmentation consiste à partitionner l'image en un ensemble de régions connexes et classifier leurs attributs par région. L'intérêt de ces régions est de pouvoir être manipulées ensuite via des traitements de haut niveau pour extraire des caractéristiques de forme, de position, de taille, et de texture, puis les classifier.

Le problème est évidemment très mal posé, car on ne sait jamais dire quelle est la segmentation et la classification idéale. L'idée est bien sûr que la région se rapproche de la notion d'objet, au sens courant du terme. Néanmoins, on peut dégager des propriétés plus raisonnables qu'on cherche à obtenir dans un algorithme de segmentation ou classification, en particulier :

- Stabilité : la segmentation obtenue ne doit pas varier beaucoup lorsque les conditions d'acquisition varient légèrement (bruit, illumination, point de vue,...).
- Régularité : les régions obtenues doivent être simples à classifier (taille suffisante, forme régulière,...).

### **3. Objectif de la thèse :**

Le but de cette étude de recherche est fondé essentiellement sur la possibilité d'effectuer une segmentation, qui est une étape incontournable dans tout le processus d'analyse d'image, c'est un traitement de bas niveau qui précède l'étape de mesure, de compréhension et de décision. Son objectif consiste à partitionner l'image en régions connexes et homogènes au sens d'un critère d'homogénéité difficile à définir surtout dans le cas de régions texturées. D'autre part pour résoudre le problème précédent, on applique une classification texturale automatique efficace à partir de l'extraction de seulement cinq paramètres d'Haralick [4-6]. Cependant, la détection et la classification des cellules reposent sur un ensemble d'étapes consécutives qui sont la segmentation, l'extraction d'attributs et la classification, afin de développer un traitement algorithmique robuste, rapide et performant pour fournir un outil logiciel d'aide au diagnostic biomédical pour les professionnels de la santé en ce qui concerne l'identification et la détection automatique des cellules sanguines anormales.

## *Introduction générale*

### **4. Structure de la thèse :**

Pour atteindre les objectifs fixés et faire état de nos travaux bibliographiques et de simulations, nous présentons ce manuscrit subdivisé en plusieurs chapitres, chaque chapitre aborde une thématique bien définie.

**Le chapitre 1** présente le contexte médical où s'inscrit la thèse, nous avons consacré ce chapitre pour faire un petit rappel sur les éléments figurés du sang, ainsi qu'une explication sur la leucémie et leurs types, puis nous allons entamer une démonstration sur le processus d'acquisition de nos images à traiter à partir d'un microscope optique ainsi à la fin nous expliquerons les deux bases de données sur lesquelles nous avons exploité ses images qui représentent un ensemble des cellules sanguines.

**Le chapitre 2** est réservé à la présentation des différentes techniques de segmentations, leurs avantages et leurs inconvénients. Dans ce chapitre nous allons rapidement présenter la notion générale de la segmentation de bio-images couleur, puis nous aborderons de manière plus précise les techniques de clustering et ses différents algorithmes.

**Le chapitre 3** est consacré aux notions de classification de texture, nous avons développé les fondements de la classification par analyse texturale de bio-images en général et pour les cellules sanguines en particulier. Un état de l'art des différents attributs caractérisant les textures sera présenté, en se basant sur l'exploitation de cinq paramètres d'Haralick [4-8] dans le but d'identifier les cellules cancéreuses par une comparaison entre les paramètres extraits.

Ensuite pour le dernier **chapitre 4**, nous nous intéressons aux illustrations de nos résultats expérimentaux obtenus avec discussions et nous montrons l'originalité de notre méthode développée par comparaison avec d'autres travaux déjà réalisés. Nous exposons les algorithmes développés dans ce travail et nous les testons sur un ensemble de bio-images. Enfin, la conclusion générale résume le travail de cette thèse, et récapitule notre contribution avec l'évaluation du système créé.

### **5. Perspectives de la thèse :**

Nous souhaitons réaliser dans nos futurs travaux:

- L'utilisation de notre système proposé pour définir d'autres caractéristiques telles que la taille de la tumeur et la direction des contours d'une part, et l'application dans tous les cas de la pathologie du sang d'autre part.

## *Introduction générale*

- La collaboration avec le personnel de la santé (hématologues) afin de pouvoir optimiser les algorithmes de calcul des paramètres des images médicales et de pouvoir associer directement les résultats de ces procédés à la clinique (télémédecine).
- Enfin, nous essaierons d'implémenter notre système software sur une architecture matérielle embarquée FPGA pour tester l'algorithme en temps réel, ceci pour accélérer les fonctionnalités de calcul, et diminuer le temps de la technologie de calcul pour atteindre à la fois la haute performance et la flexibilité dans le calcul rapide en temps réel.

# Chapitre

# 1

*Etude bibliographique dans un contexte  
médical*

## 1.1. Introduction

Dans ce chapitre préliminaire, nous décrivons le cadre biomédical de notre travail. Nous commençons par un rappel sur la composition du sang, nous présentons, ensuite, les différentes maladies ou hémopathies (tumeurs) qui peuvent l'affecter notamment les leucémies, leur diagnostic ainsi que leurs types. Nous terminons ce chapitre par une description du principe de base du système d'acquisition d'un microscope optique permettant d'obtenir d'excellentes images à fin de lire un frottis sanguin.

## 1.2. Compositions du sang

Le sang est un liquide de survie qui circule dans le cœur et les vaisseaux sanguins. Il transporte l'oxygène et les nutriments vers les tissus et les déchets vers les poumons, le foie et les reins, où ils peuvent être retirés du corps. Le sang est composé de cellules sanguines en suspension dans le plasma [9]. L'ensemble est contenu dans les vaisseaux sanguins.

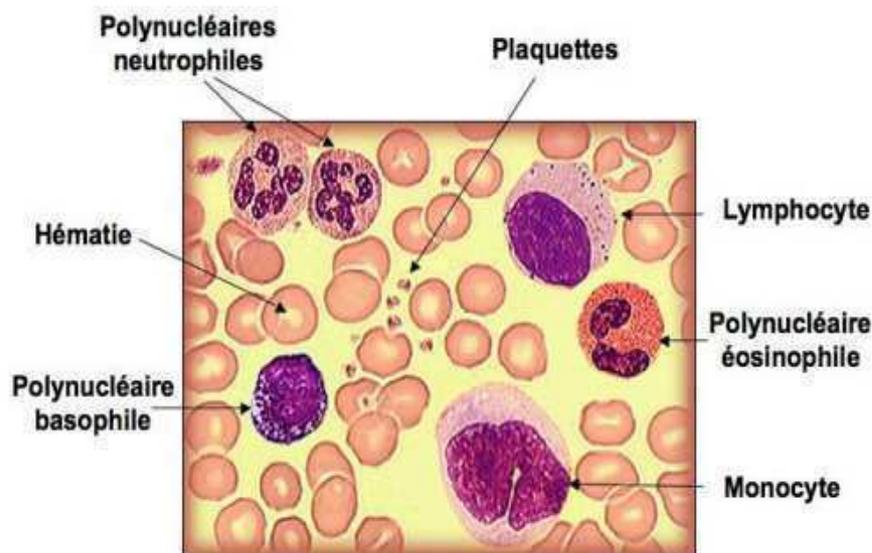
Le volume total du sang représente **8 %** du poids corporel, soit **environ 5 litres** de volume.

Soit chez l'adulte sain, son volume moyen est de :

- 5 à 6 L chez l'homme

- 4 à 5 L chez la femme.

Les cellules en suspension représentent 45% du volume total, ce qui correspond à l'hématocrite. Leur morphologie peut être étudiée sur un frottis sanguin coloré (voir figure.1.1.)



**Figure.1.1.** Eléments figurés du sang sur un frottis sanguin coloré

Le sang est composé du : PLASMA+ ELEMENTS FIGURES (voir figure.1.2.)

- **LE PLASMA** c'est un liquide visqueux de couleur jaunâtre : représente 55 % du volume total du sang ; il est composé de 7 % protéines (albumines, globulines, fibrinogène...) 90 % d'eau et 1.5 % de solutés.
- **LES ELEMENTS FIGURES** sont [10] :
  - 1) **Les globules rouges ou hématies** : 5 Téra / l (millions par mm<sup>3</sup>).
  - 2) **Les globules blancs ou leucocytes** : 4 à 10 giga/l (\*10<sup>3</sup> éléments par mm<sup>3</sup>) se répartissent en :
    - polynucléaires ou granulocytes : 40 à 80 % des leucocytes.
    - lymphocytes : 20 à 40 % des leucocytes.
    - monocytes : 2 à 10% des leucocytes.
  - 3) **Les plaquettes** : 150 000 à 400 000 / mm<sup>3</sup>.

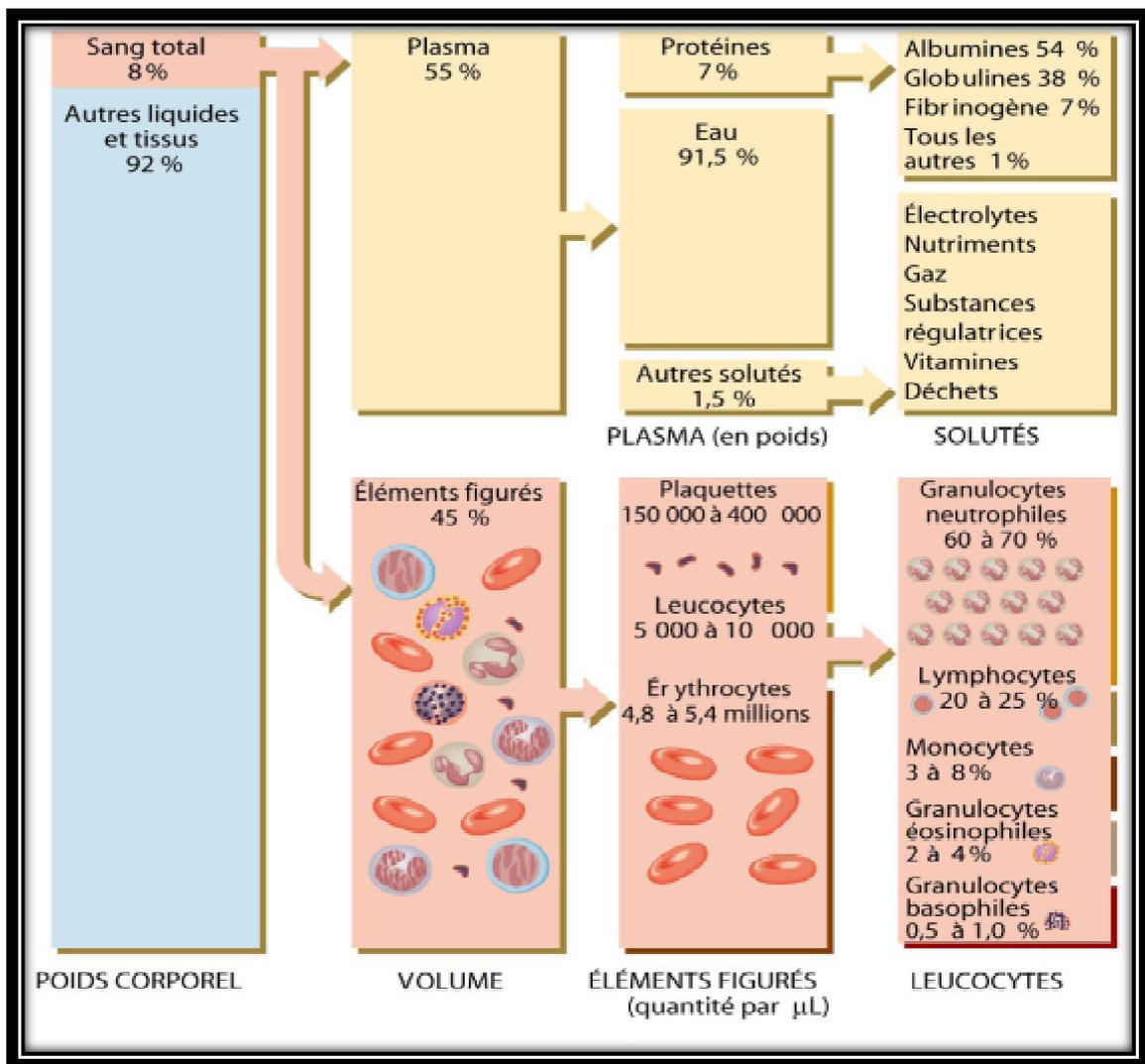


Figure.1.2. Compositions du sang

Ces éléments figurés du sang ont des durées de vie limitées ; il existe un équilibre dynamique entre leur production (l'hématopoïèse) et leur destruction. L'hématopoïèse c'est l'ensemble des phénomènes qui assurent la production continue et régulée des cellules sanguines ; elle comprend [11]:

- l'Erythropoïèse (ou fabrication des Globules Rouges)
- la Granulopoïèse (ou fabrication de granulocytes)
- la Lymphopoïèse (ou fabrication de lymphocytes)
- la Thrombopoïèse ou Mégacaryopoïèse (ou fabrication de plaquettes sanguines)

\*L'hématopoïèse commence dans les ilots mésenchymateux chez l'embryon.

\*Chez le fœtus, elle a lieu principalement au niveau du foie et de la rate, et c'est à partir du 7<sup>ème</sup> mois de la vie intra utérine que les cellules souches migrent du foie et de la rate vers la moelle osseuse.

\*L'hématopoïèse va ensuite avoir lieu dans la moelle osseuse au niveau des cavités des os longs, dans le sternum, les côtes, les vertèbres et le sacrum.

### **1.2.1. Globules rouges ou hématies ou érythrocytes**

Les globules rouges sont des cellules anucléées dont le constituant essentiel est une hémoprotéine de liaison de l'oxygène : l'hémoglobine (environ 14,5 g / 100 ml). Le rôle principal de ces cellules est d'assurer le transport de l'oxygène et du gaz carbonique entre les alvéoles pulmonaires et les tissus.

### **1.2.2. Globules blancs ou leucocytes**

Ces cellules participent aux défenses spécifiques de l'organisme (voir figure.1.3.), on distingue trois types :

#### **1.2.2.1. Polynucléaires ou granulocytes**

Ce groupe de cellules possède des caractéristiques communes. Elles contiennent un noyau plurilobé. Les lobes sont reliés les uns aux autres par des ponts fins de chromatine. Dans le cytoplasme, il existe deux types de granulations : des granulations non spécifiques primaires, riches en hydrolases et en peroxydases, communes à l'ensemble des polynucléaires et des granulations secondaires spécifiques à chaque groupe ayant des propriétés tinctoriales différentes. Dans la cellule mature, les granulations non spécifiques diminuent.

### 1.2.2.1.1. Neutrophiles

Ce sont les polynucléaires les plus nombreux - 40 à 75 % de l'ensemble des globules blancs. Leur durée de vie est de l'ordre de 24 heures. Leurs granulations spécifiques sont neutrophiles.

### 1.2.2.1.2. Eosinophiles

Ces cellules représentent 1 à 3 % des globules blancs. Elles ont une demi-vie dans le sang circulant de 4 à 5 heures puis passent dans les tissus (peau, poumon, tractus digestif) où elles restent 8 à 10 jours. La proportion d'éosinophiles dans les tissus est 100 fois plus importante que celle du sang.

### 1.2.2.1.3. Basophiles

Ces cellules sont les moins nombreuses des polynucléaires, (0 à 1 % de l'ensemble des globules blancs). La durée de vie de ces cellules est de 3 à 4 jours.

### 1.2.2.2. Lymphocytes

Ce sont des cellules mononucléées, au rapport nucléo / cytoplasmique élevé. Leur durée de vie est variable, certains lymphocytes mémoires peuvent avoir une durée de vie très longue.

### 1.2.2.3. Monocytes

Ces cellules ont une durée de vie dans le milieu sanguin très courte (environ 24 heures). Elles passent ensuite dans les tissus où elles se différencient en macrophages. Elles appartiennent au système mononucléé phagocytaire.

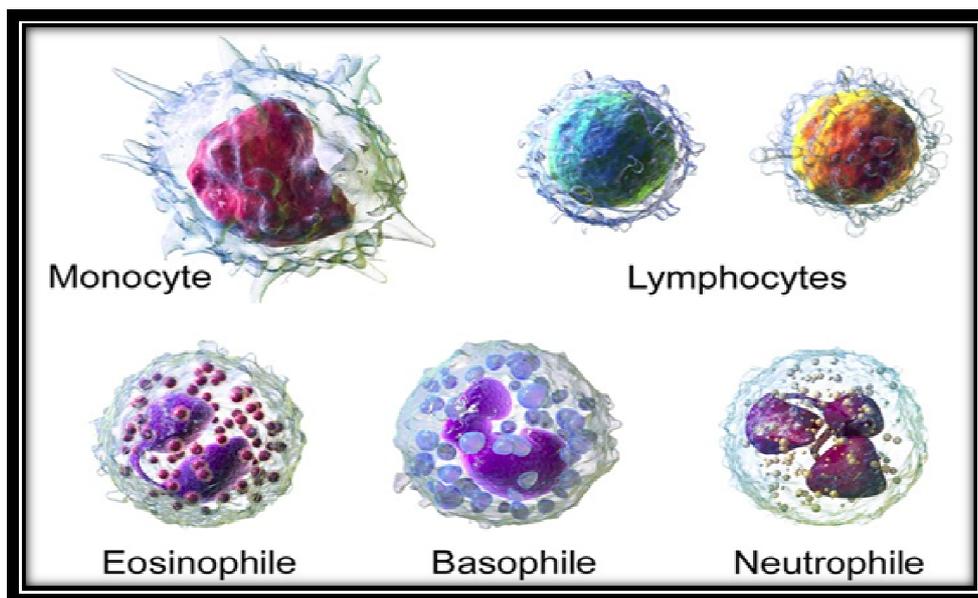


Figure.1.3. Globules blancs

- Le tableau ci-dessous résume les fonctions principales de chaque type des globules blancs:

**Tableau.1.1.** Les fonctions des leucocytes

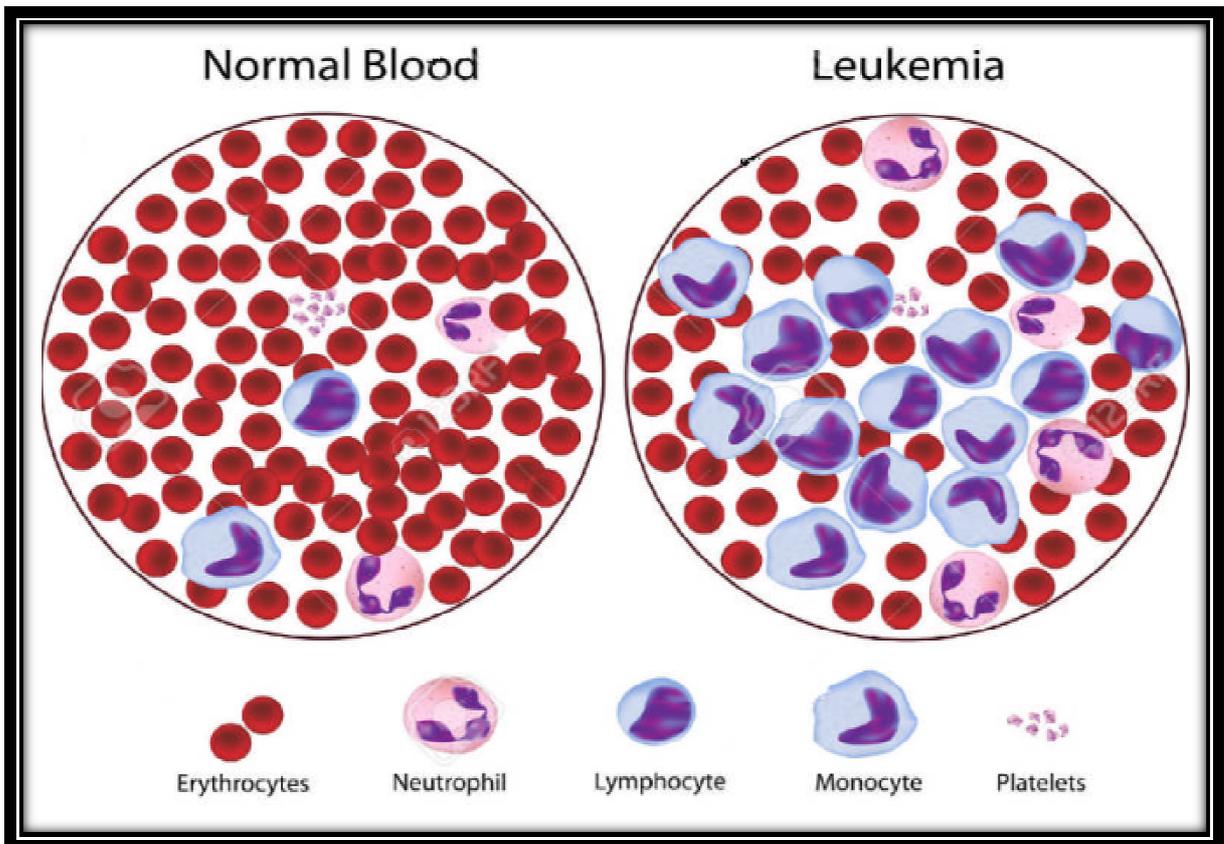
Cellule	Rôle principale
Neutrophiles	Sont attirés par les sites d'infection par un processus appelé chimiotaxie, ingèrent des micro-organismes (un processus connu comme phagocytose) et les détruisent.
Eosinophiles	Les mêmes fonctions que le neutrophile, en outre, aident à contrôler les infections parasitaires, ont un rôle dans l'allergie.
Basophiles	Ont un rôle dans les réactions d'hypersensibilité immédiate, réponses allergiques et inflammatoires et dans le contrôle des infections parasitaires.
Lymphocytes	Lymphocytes tueurs naturels attaquent les cellules étrangères et les cellules tumorales (faisant partie de l'immunité cellulaire). Lymphocytes T : immunité cellulaire. Lymphocytes B : donnent naissance aux plasmocytes à l'origine des anticorps.
Monocytes	Phagocytent et tuent les micro-organismes, y compris mycobactéries et champignons, les organismes qui ont lié les immunoglobulines ou complètent et phagocytent les cellules mortes et endommagées, présentent l'antigène aux cellules du système immunitaire, migrent vers les tissus où il se différencier, pour devenir une cellule phagocytaire à longue durée de vie et présentatrice d'antigène connu comme un macrophage

### 1.2.3. Les plaquettes

Les plaquettes sanguines, encore appelées thrombocytes, sont de petites cellules dépourvues de noyau que l'on trouve dans le sang au même titre que les globules rouges ou globules blancs. Les plaquettes jouent un rôle primordial dans le processus de l'hémostase primaire et la coagulation plasmatique (arrêt du saignement lors d'une brèche vasculaire).  
Durée de vie : 8 à 10 jours.

### 1.3. Cancer du sang

Le cancer du sang est un terme générique désignant les cancers qui affectent le sang, la moelle osseuse et le système lymphatique. Malheureusement, le cancer du sang affecte un grand nombre de personnes [12]. Les cancers, y compris la leucémie et le lymphome, peuvent provoquer une croissance incontrôlée d'un type de cellules sanguines anormales dans la moelle osseuse, ce qui augmente considérablement le risque d'infection et de saignement grave (voir figure.1.4.).



**Figure.1.4.** Différence entre le sang normal et le sang cancéreux [13-15]

Il y a trois groupes principaux de l'hémopathie maligne:

- Leucémie
- Lymphome
- Myélome

Dans notre thèse, on s'intéresse au premier groupe car le plus grave et le plus fréquent les hémopathies malignes.

### 1.3.1. La leucémie

La leucémie affecte les globules blancs. La leucémie résulte d'une production excessive de globules blancs anormaux [16-19] ou encore prolifération de cellules immatures appelées blastes au niveau de la moelle osseuse à l'origine d'une insuffisance médullaire. Ils ne combattent alors plus les infections de manière efficace et peuvent interférer avec la production de plaquettes et de globules rouges, d'où des risques d'anémie et de troubles hémorragiques. Les globules blancs anormaux attaquent des globules blancs normaux, globules rouges normaux, et les plaquettes normales. Cela rend difficile pour les cellules sanguines normales pour faire leur travail. Il existe deux grand catégorie de la leucémie sont :

- La leucémie aiguë survient soudainement, progresse rapidement et doit être traitée d'urgence.
- La leucémie chronique se développe plus lentement, au fil des mois ou des années.

### 1.3.2. Types de la leucémie

Il existe de nombreux types de leucémies. Elles sont d'abord classées selon le type de cellule souche du sang (voir figure.1.5.) à partir duquel elles se développent. Les quatre types principaux de leucémies sont :

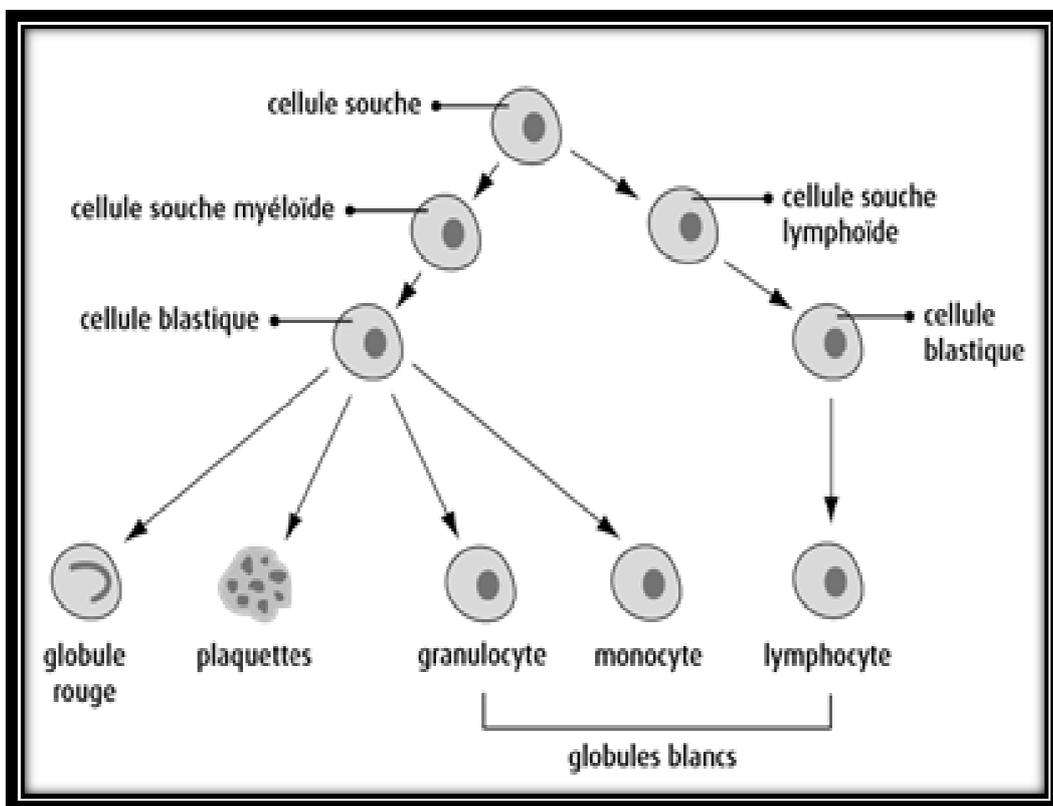


Figure.1.5. Développement des cellules sanguines

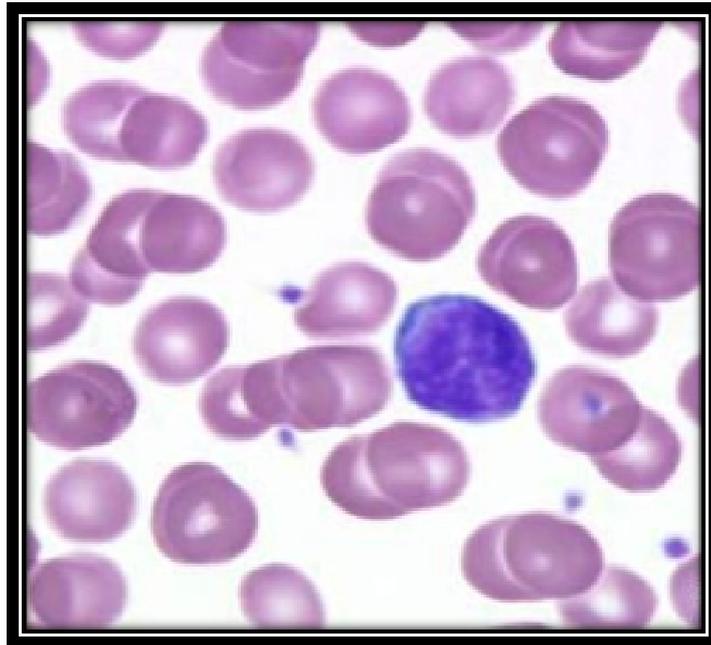
### 1.3.2.1. La leucémie chronique

Il existe deux types de leucémie chronique sont :

#### 1.3.2.1.1. Leucémie lymphoïde chronique (LLC)

- Syndrome lymphoprolifératif chronique a point de départ médullaire, sans blocage de maturation.
- Accumulation maligne et monoclonale de lymphocytes B matures ( $>4500/\text{mm}^3$ ) par défaut d'apoptose. Au niveau de la MO, du sang puis des organes lymphoïdes (ganglions, rate, foie).
- C'est la plus fréquente des leucémies de l'adulte, elle touche principalement des sujets de plus de 60 ans (2/3 cas), avec une prédominance masculine (61%). L'âge moyen est de 65 ans [20]. Elle ne se rencontre pas chez l'enfant.
- D'évolution chronique, la LLC reste une maladie incurable, mais de progression lente pour une large majorité des patients.

Les cellules de la leucémie lymphoïde chronique sont illustrées à la figure.1.6.



**Figure.1.6.** Leucémie lymphoïde chronique (LLC)

#### 1.3.2.1.1.1. Présentation clinique de LLC

Il peut s'agir :

- d'un hémogramme systématique révélateur.
- d'une asthénie ou d'une fatigabilité.

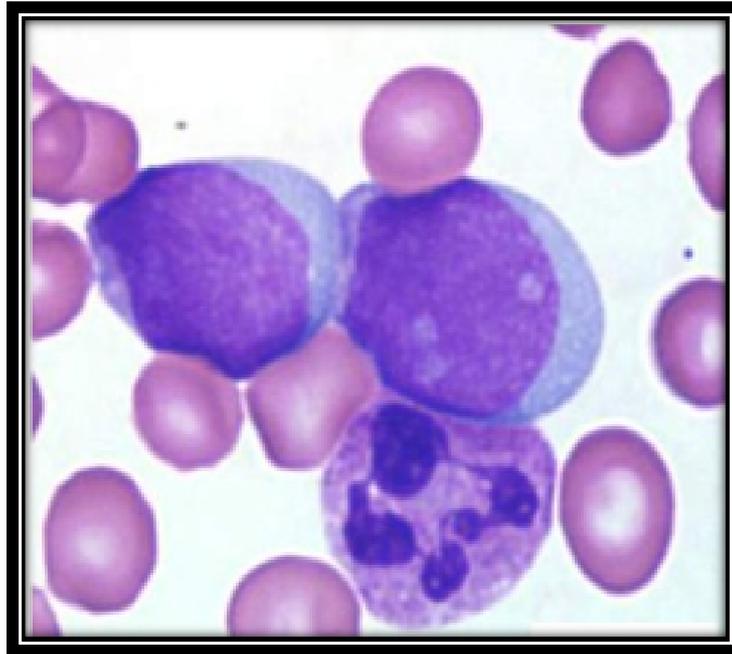
- d'un syndrome tumoral touchant les aires ganglionnaires.
  - d'un syndrome d'insuffisance médullaire.
- 1) Hémogramme systématique : La maladie est souvent cliniquement latente et la majorité des LLC dans 70% des cas est découverte sur un hémogramme systématique montrant une lymphocytose excessive chronique chez un sujet en bonne santé apparente.
  - 2) Asthénie : une altération de l'état général peut être notée, associée à l'existence d'une fatigabilité dépendante ou indépendante d'un syndrome anémique. Plus rarement, elle est liée à une complication : infection, cytopénies auto-immunes.
  - 3) Anémie.
  - 4) Syndrome tumoral : Il peut s'agir de manifestations d'intumescence ganglionnaire révélatrices.
  - 5) Manifestations d'insuffisance médullaire :
    - Syndrome anémique.
    - Syndrome infectieux.
    - Syndrome hémorragique.

#### **1.3.2.1.2. Leucémie myéloïde chronique (LMC)**

La LMC est un syndrome myéloprolifératif chronique, caractérisé par :

- une prolifération prédominante de la lignée granuleuse, pathologie clonale de la cellule souche multipotente.
- la présence d'une anomalie chromosomique, clonale, acquise, le chromosome Philadelphie (Ph1). Et il est retrouvé dans toutes les lignées myéloïdes et lymphoïdes B (+/-T).
- une évolution constante vers une transformation aigue, myéloblastique ou lymphoblastique.
- Maladie de l'homme entre 30 et 50 ans.

Les cellules de la leucémie myéloïde chronique sont illustrées à la figure.1.7.



**Figure.1.7.** Leucémie myéloïde chronique (LMC)

#### 1.3.2.1.2.1. Présentation clinique de LMC

Le symptôme initial de la leucémie myéloïde chronique obtient dans la moelle osseuse et les cellules de sang blanches après propagation dans tout le corps du patient.

1- phase chronique : Clinique (Pas grand-chose).

- Début insidieux : amaigrissement, fatigue.
- Découverte fortuite à l'hémogramme +++.
- Signes cliniques : Splénomégalie fréquente gênante (empêche de dormir sur le coté gauche).
- ± Douleurs spléniques vers l'omoplate ou l'épaule gauche.

2- Phase d'accélération : Clinique

- Fièvre.
- Amaigrissement.
- Sueurs nocturnes.
- Splénomégalie (réapparaît même sous traitement).

3- Phase de la leucémie aigue ou crise blastique :

- Mêmes signes cliniques.
- Blastose sanguine ou médullaire > 30%.

### 1.3.2.2. La leucémie aiguë

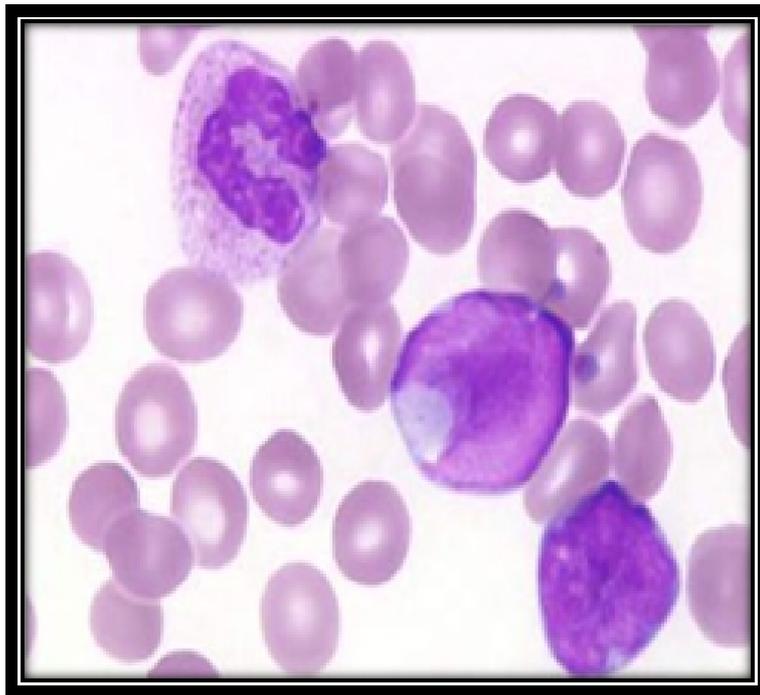
Les leucémies aiguës sont des proliférations clonales et malignes de cellules hématopoïétiques immatures (blastes), bloquées dans leur processus de différenciation qui envahissent la moelle osseuse puis le sang périphérique et finalement de nombreux organes hématopoïétiques (rate, ganglions, foie ...) ou non hématopoïétiques (peau, gencives, système nerveux central). Ce phénomène d'expansion clonale s'accompagne d'une insuffisance médullaire quantitative avec ses conséquences cliniques.

On définit deux types de LA: lymphoblastiques (LAL) et myéloblastiques (LAM), en fonction de l'origine du précurseur hématopoïétique atteint.

#### 1.3.2.2.1. Leucémie aiguë lymphoblastique (LAL)

Hémopathies malignes avec prolifération clonale de cellules immatures (blastes) de la lignée lymphoblastique au niveau de la moelle osseuse à l'origine d'une insuffisance médullaire, d'évolution rapide.

Les cellules de la leucémie aiguë lymphoblastique sont illustrées dans figure.1.8.



**Figure.1.8.** Leucémie aiguë lymphoblastique (LAL)

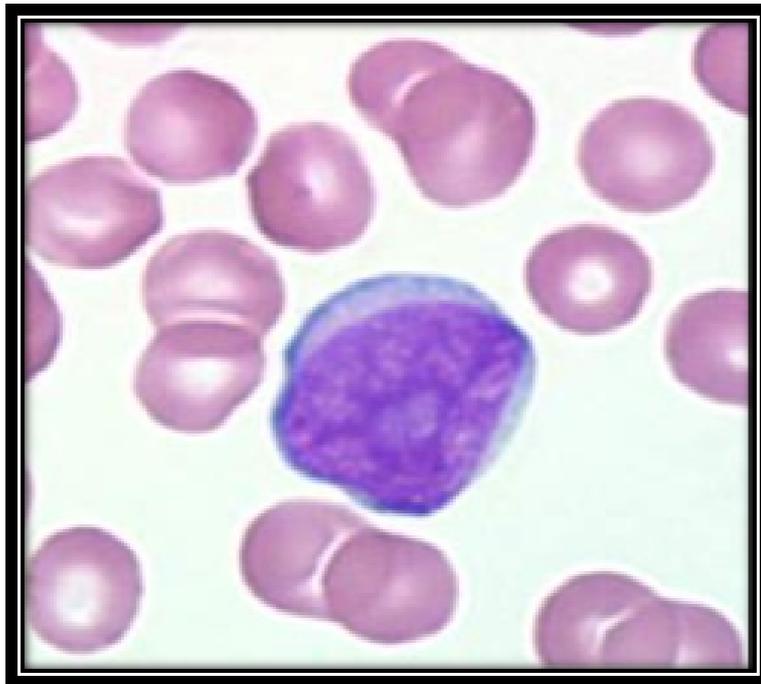
#### 1.3.2.2.1.1. Présentation clinique de LAL

- CIRCONSTANCES DIAGNOSTIC
  - 1) Insuffisance médullaire
    - syndrome anémique.

- Infections liées à granulopénie.
  - Syndrome hémorragique lié à la thrombopénie +/- aggravé par CIVD.
- 2) En rapport avec infiltration des cellules blastiques
- Douleur osseuses ou pseudo-articulaires, migratrices majorées par la pression.
  - Adénopathie disséminées mobiles fermes indolores, hépatomégalie /splénomégalie.
  - Syndrome de compression médiastinale : œdème en pèlerine, dyspnée.
  - Neuro : Méningite blastique, paralysie n. crâniens.
  - Hypertrophie testiculaire, Lésions cutanées.
- 3) Surveillance hémopathie préexistante
- 4) Fortuite sur NFS systématique
- TERRAIN
    - 80 % des LA de l'enfant (2-10 ans)

#### 1.3.2.2.2. Leucémie aiguë myéloïde (LAM)

Une leucémie aiguë myéloïde (LAM) est définie par un envahissement de la moelle osseuse par une population myéloïde immature et monoclonale : les blastes leucémiques. Les cellules de leucémie aiguë myéloïde illustrée à la figure.1.9.



**Figure.1.9.** Leucémie aiguë myéloïde (LAM)

### 1.3.2.2.1. Présentation clinique de LAM

#### 1) Circonstances de découverte :

- Altération de l'état général.
- Syndrome d'insuffisance médullaire.
- Douleurs osseuses.
- Syndrome tumoral.
- Syndrome d'hyperviscosité (hyperleucocytoses blastiques +++).

#### 2) Mode de début :

- brutal / fièvre +++ et/ou Syndrome hémorragique.
- le plus souvent progressif, asthénie + cytopénie précédant plusieurs mois la maladie ou d'infections mal contrôlée par les ATB. Ou bien douleurs osseuse ou Ostéo-articulaires.

#### 3) Phase d'état :

- Sd d'insuffisance sanguine (au 1er plan) :
- Sd anémique.
- Sd hémorragique CutaneoMuqueux : - purpura pétéchial ou ecchymotique.
- Épistaxis, gingivorragies, hémorragies génitales, Hémorragies viscérales rares mais graves :
- Hémorragies rétinienne (cécité).
- hémorragies cérébro-méningées.
- Sd hémorragique par coagulopathie de consommation: une coagulopathie (CIVD ou fibrinolyse) peut s'observer dans les LAM promyélocytaire (LAM3).

## 1.4. Processus d'acquisition de bio-images

Les deux bases de données utilisées dans notre travail contiennent une banque d'images (voir annexe A et B), ces dernières fondées principalement sur des frottis sanguins, qu'ils sont préparés suivant des étapes à l'aide d'un processus d'acquisition est montré ci-dessous :

### 1.4.1. Prélèvement de sang et préparation d'un frottis sanguin

Un frottis sanguin est un test sanguin qui donne des informations sur le nombre et la forme des cellules sanguines. **Le frottis sanguin est un étalement d'une goutte de sang sur une lame de verre, colorée par le May Grûnwald Giemsa et lue au microscope**

(soit optique ou électronique). L'étude minutieuse du frottis est extrêmement utile au diagnostic cytologique de nombreuses maladies hématologiques et parasitaires.

#### 1.4.1.1. Obtention d'un échantillon de sang

Les patients doivent s'asseoir ou s'allonger confortablement et doivent être rassuré que la procédure ne cause qu'un inconfort minime, on ne devrait pas leur dire que la ponction veineuse est indolore, puisque ce n'est pas le cas. Il est préférable d'appréhender les patients à s'allonger. Les chaises utilisées pour la ponction veineuse devraient avoir de préférence des accoudoirs réglables pour que le bras puisse être soigneusement positionné. Les accoudoirs aident également à assurer le patient sécurité, car ils rendent plus difficile pour un patient évanoui à tomber de la chaise [21].

L'aiguille doit être placée directement dans un réceptacle spécial pour les objets tranchants sans les ranger, à moins que l'aiguille ne comporte un dispositif spécial pouvant être léché en place sans risque pour les appareils. L'échantillon de sang est expulsé doucement dans une bouteille contenant un anticoagulant et mélangé doucement en retournant le récipient quatre ou cinq fois.

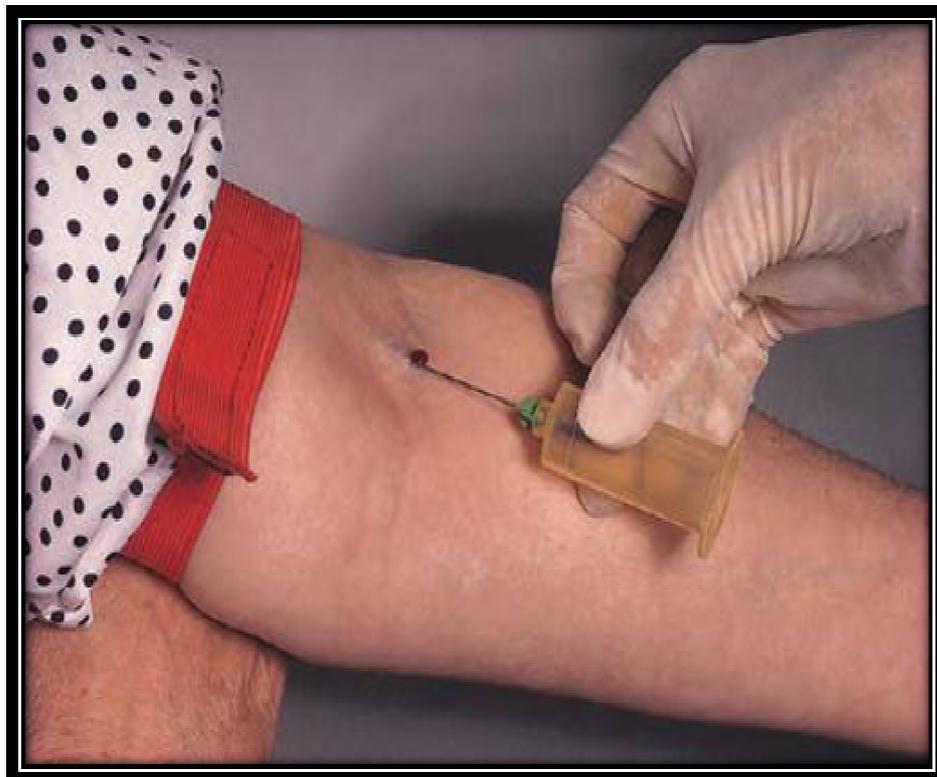
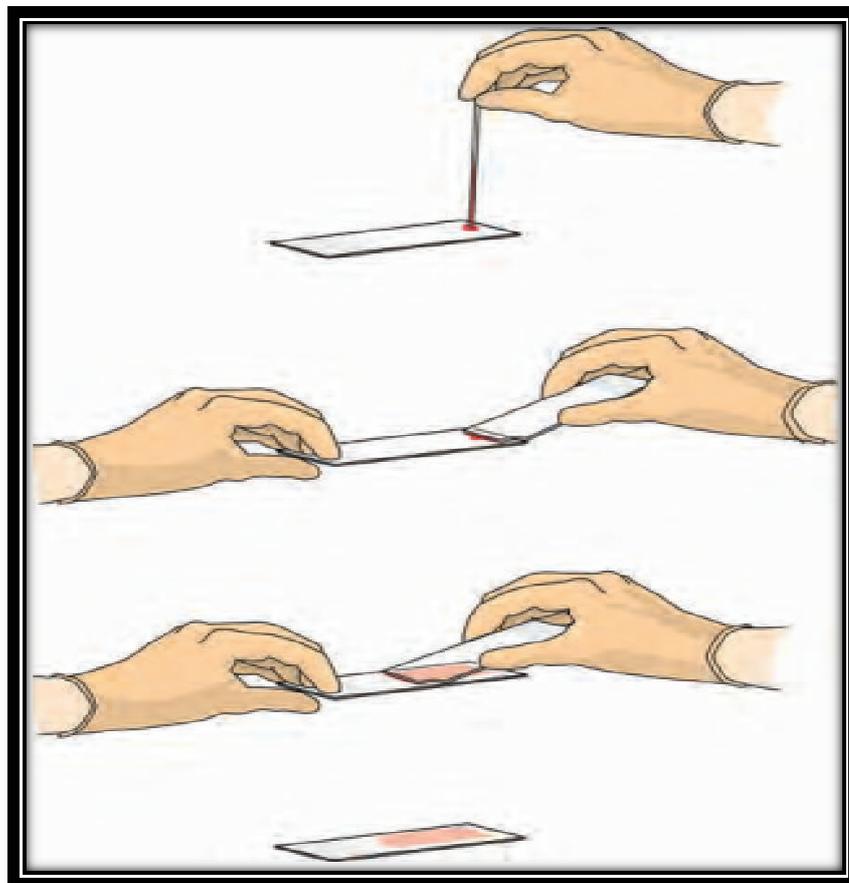


Figure.1.10. Prélèvement de sang

### 1.4.1.2. Propagation manuelle dans une lame de verre

Les lames de verre doivent être propres et exemptes de graisse. Ils ne doivent pas être trop poreux ou la coloration de fond est augmentée [22]. Un écarteur est requis et doit être plus étroit que la lame. Si une lamelle doit être appliquée, l'épandeur doit également être plus étroit que la lamelle afin que les cellules au bord du sang soient recouvertes par la lamelle et puissent être facilement examinées au microscope. Un épandeur peut être facilement préparé en brisant le coin sur une lame de verre après l'incision avec un stylo de diamant, ce fournit un écarteur à bord lisse qui est assez grand être manipulé facilement.

Le travailleur de laboratoire qui répand des lames de sang devrait porter des gants. Une goutte de sang (natif ou anti coagulé) est placée près d'une extrémité de la lame. Le sang anti coagulé provenant des récipients à vis peut être appliqué sur la lame à l'aide d'un tube capillaire, qui est ensuite mis au rebut. Une goutte de sang provenant de récipients contenant des couvercles pénétrables peut être appliquée sur la lame au moyen d'un dispositif spécial qui perfore le couvercle. L'épandeur est appliqué sous un angle de 25-30°, devant la goutte de sang, et y est ramené (figure.1.11.).



**Figure.1.11.** Méthode de propagation de sang sur une lame de verre

### 1.4.1.3. Coloration du frottis sanguin

Afin de colorer les noyaux cellulaires, déposer sur la lame toujours au dessus de la barquette en plastique plusieurs gouttes de bleu de méthylène afin de la recouvrir. Déposer sur du papier absorbant et laisser agir deux minutes avant de rincer avec la pissette d'eau (toujours au dessus de la barquette en plastique) et de faire sécher la lame en l'agitant. Observer votre préparation au microscope optique afin d'en distinguer les principaux types cellulaires (figure.1.12.).

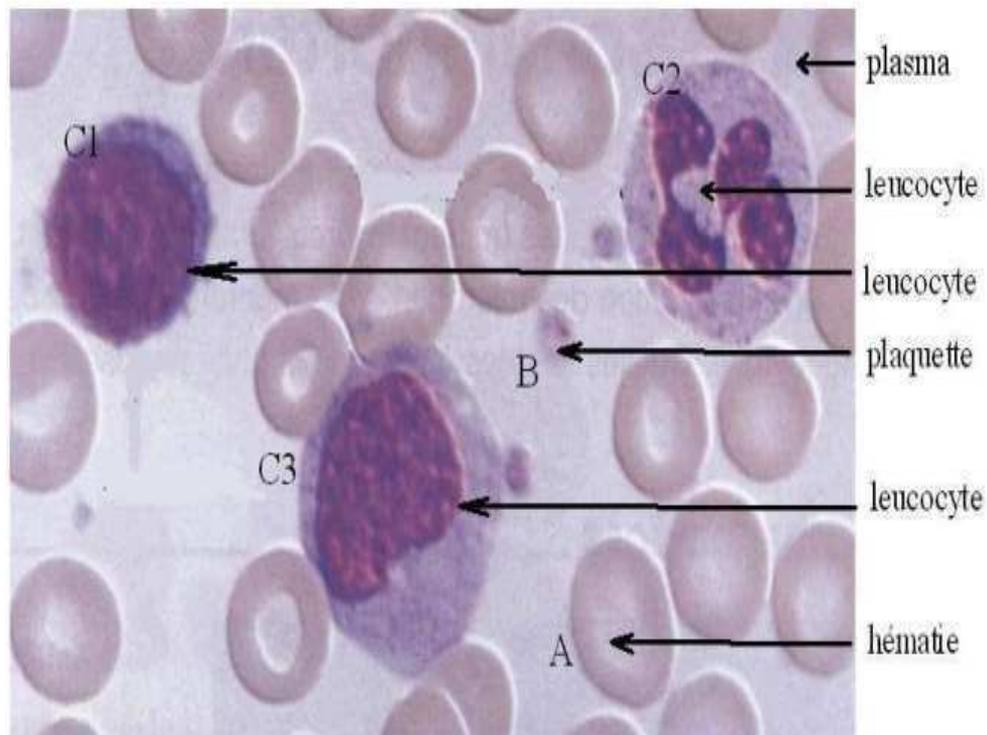


Figure.1.12. Frottis sanguin coloré

## 1.5. Conclusion

Dans les paragraphes précédents, nous avons vu un aperçu sur notre contexte médical pour bien comprendre la suite du travail. Un frottis sanguin est souvent utilisé pour classer et/ou identifier les conditions qui affectent un ou plusieurs types de cellules du sang et pour surveiller les personnes qui subissent un traitement pour ces conditions. Les résultats d'un frottis sanguin comprennent généralement une description de l'apparence des cellules ainsi que toute anomalie qui peut être vue sur la diapositive. L'analyse manuelle des frottis sanguins, c'est fatigant, long et répétitif, et il souffre de la présence d'une précision non standard, car il dépend de la compétence de l'opérateur pour un bon diagnostic par l'hématologue. Dans ce contexte, l'utilisation de techniques de traitement de l'image

devient indispensable car peut aider pour segmenter, compter, et classifier [23] les cellules dans le sang humain et en même temps de fournir des informations sur la morphologie cellulaire, il est indispensable d'automatiser cette tâche. De ce fait, dans le prochain chapitre, nous effectuons une rétrospective des différentes méthodes et approches de segmentation de bio-images couleur.

# Chapitre

# 2

*Segmentation de bio-images couleur*

## 2.1. Introduction

La couleur, presque omniprésente dans les images et particulièrement les Images Médicales Microscopiques (IMM) [24], joue un rôle important en analyse de bio-images non seulement dans les applications de segmentation mais aussi de classification texturale et de caractérisation. L'emploi de la couleur en segmentation d'images est un sujet de recherche relativement récent. Bien qu'elle ait intéressé de nombreux chercheurs, et que de nombreux travaux aient été publiés ces dernières années [25-28], elle reste, encore pas totalement exploitée.

Dans ce chapitre, nous nous intéressons en premier temps par les différents espaces de couleurs de la littérature en expliquant leurs propriétés. Puis nous nous abordons un état de l'art sur les techniques et les méthodes de la segmentation existante, afin de choisir une et la développer par un traitement algorithmique dans le but d'aide au diagnostic qui vise la recherche hémopathie.

## 2.2. Les espaces couleur

La recommandation d'un espace couleur à un autre reste un problème majeur pour l'efficacité d'automatisation d'une segmentation et améliorer leurs décision et précision. Parmi les espaces couleur existant, il y a RVB,  $L^*a^*b...$ , XYZ et  $L^*u^*v$  [29].

La segmentation de bio-images couleur qui est basée sur la couleur caractéristique des pixels de l'image suppose que les couleurs homogènes dans l'image correspondent à des clusters distincts et donc des objets dans l'image. En d'autres termes, chaque groupe définit une classe de pixels qui partagent les mêmes propriétés de couleur. Comme les résultats dépendent de la segmentation de l'espace couleur utilisé, il n'y a pas d'espace de couleur unique qui peut fournir des résultats acceptables pour tous types d'images [30]. Pour cette raison, de nombreux auteurs ont essayé de déterminer l'espace de couleur qui correspond à leur problème de segmentation d'images couleur spécifique [31]. Cependant, comme il existe beaucoup d'espaces de couleur, il est utile de les classer en catégories moins nombreuses qui définissent leurs propriétés. N. Vandebroucke [32] a proposé le classement des espaces de couleur dans les différents systèmes suivants (voir figure.2.1.) :

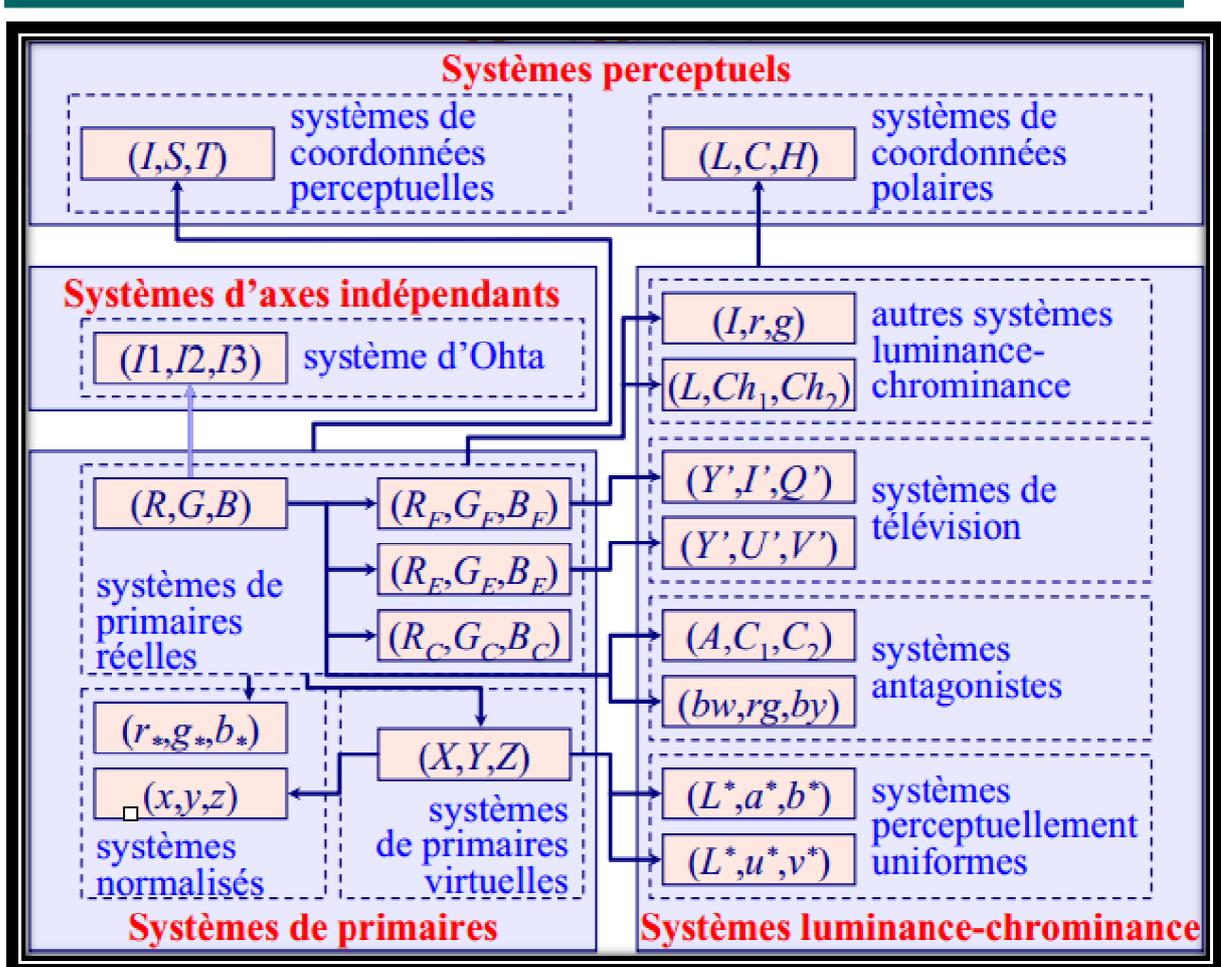


Figure.2.1. Les différents espaces couleur [33]

### 2.2.1. Systèmes de primaires

Ils sont fondés sur la théorie trichrome de Young-Helmoltz qui réduit la perception de la couleur à la synthèse de trois stimuli qu'on suppose qu'il est possible de faire correspondre la couleur en mélangeant une quantité appropriée des trois couleurs primaires : les espaces primaires réels sont RVB, et les systèmes primaires imaginaires (virtuels) sont XYZ.

#### 2.2.1.1. L'espace couleur réel RVB

Cet espace est basé sur le modèle du tri-stimulus. C'est un système additif qui décompose les couleurs en trois quantités des trois couleurs primaires : le rouge, le vert et le bleu. C'est le système le plus communément utilisé dans les images couleur et les moniteurs. Le modèle RVB utilise le système de coordonnées cartésien. La diagonale du blanc (1,1,1) au noir (0,0,0) représente les niveaux de gris (voir figure.2.2.) :

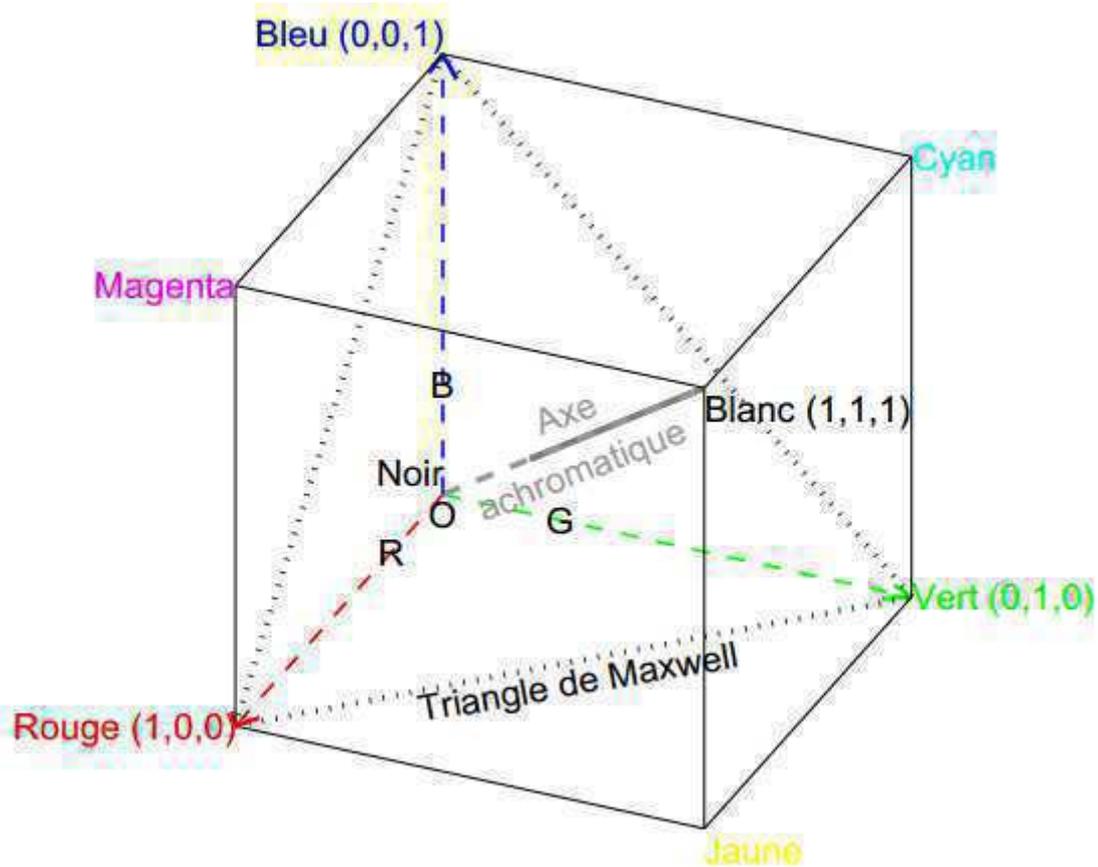


Figure.2.2. Représentation spatiale de l'espace couleur RVB [34]

### 2.2.1.2. L'espace couleur virtuel XYZ

L'espace XYZ dépend linéairement du système RVB et a été introduit par la Commission Internationale d'Éclairage (CIE) pour remédier aux inconvénients du système RVB pour lequel certaines couleurs sont représentées par une valeur du stimulus négative. Dans cet espace, les primaires [X], [Y] et [Z], dites primaires de références, ont été créés de telle sorte que toutes les couleurs soient exprimées par des composantes trichromatiques positives. Ces primaires sont donc virtuels, sans réalité physique. On peut ainsi reproduire toutes les couleurs du visible par synthèse additive. Le primaire [Y] représente une information sur la luminosité (plus précisément Y représente la luminance visuelle). On peut noter qu'il est possible de passer de n'importe quel espace (RVB) à l'espace (XYZ) par l'intermédiaire d'une matrice de passage dont les coefficients sont principalement conditionnés par le choix des primaires [R], [V] et [B] utilisées. De même que pour l'espace  $(R_C, V_C, B_C)$ , la CIE a défini les coordonnées trichromatiques de l'espace (XYZ) :

$$\begin{cases} x = \frac{X}{X + Y + Z} \\ Y = \frac{Y}{X + Y + Z} \\ Z = \frac{Z}{X + Y + Z} \end{cases} \quad (2.1)$$

Comme  $x + y + z = 1$ ,  $z$  peut être déduit à partir de  $x$  et  $y$ , ce qui permet de représenter la couleur dans un plan et donc de construire le diagramme de chromaticité  $(x,y)$ , représenté par la figure.3.3. On voit bien sur ce diagramme que toutes les couleurs sont exprimées par des coordonnées trichromatiques positives, contrairement au diagramme de la figure.2.4.

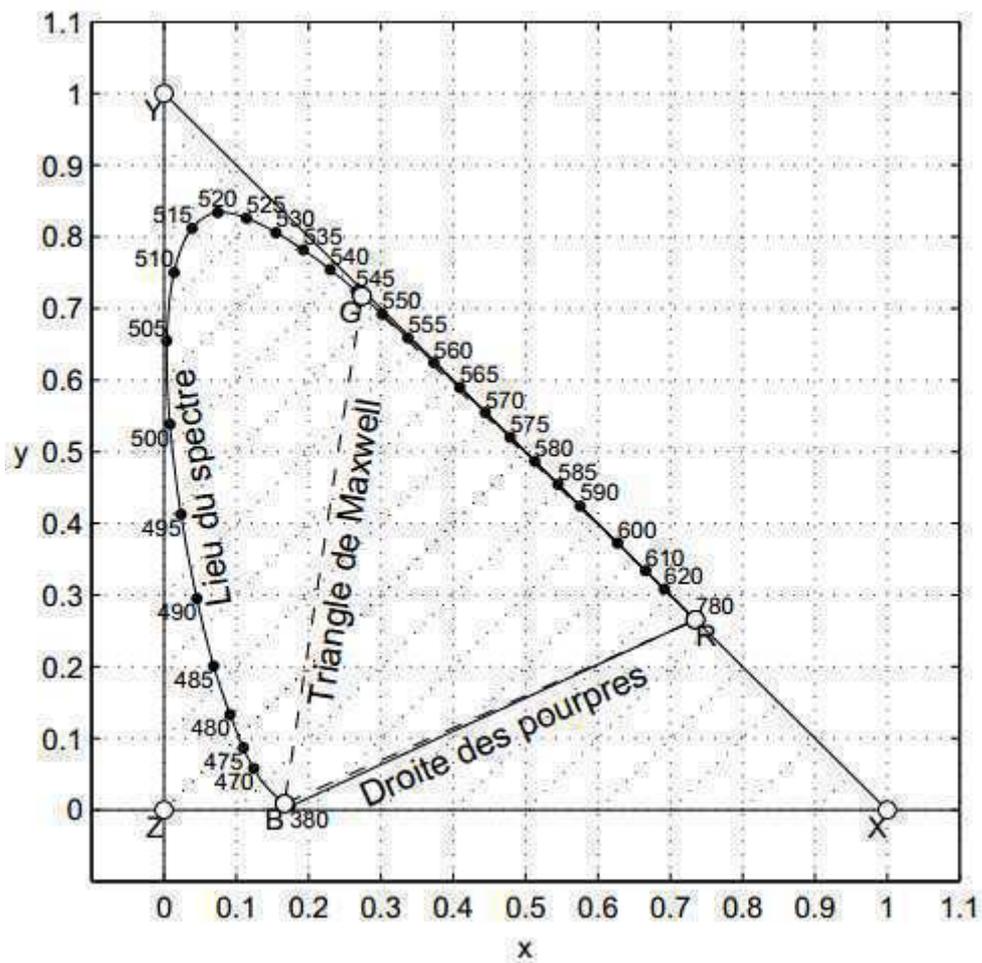


Figure.2.3. Diagramme de chromaticité  $(x,y)$

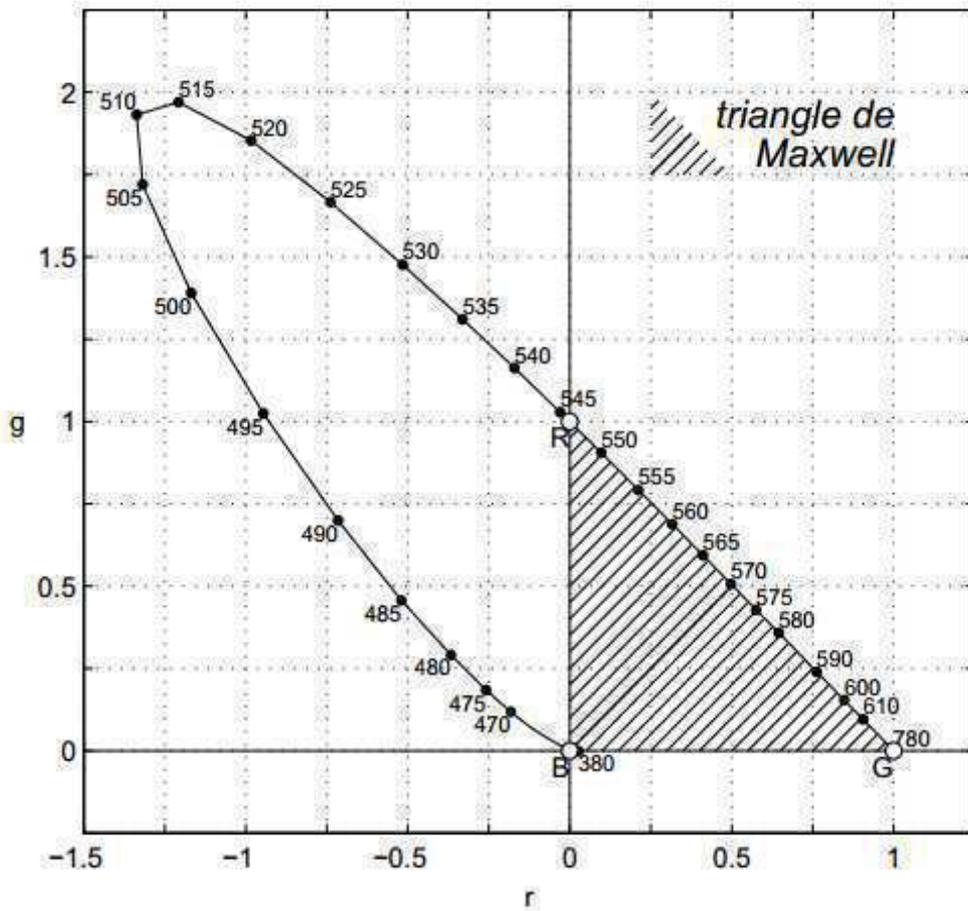


Figure.2.4. Diagramme de chromaticité ( $r_c, g_c$ ) de la CIE

### 2.2.2. Systèmes luminance-chrominance

Ils sont calculés d'une composante de couleur qui représente la luminance et deux composants de couleur qui représentent la chrominance : l'espace de couleurs  $L^*a^*b$  est un exemple de la luminance-chrominance.

#### 2.2.2.1. L'espace couleur $L^*u^*v^*$

Le problème avec l'espace XYZ est son manque d'uniformité dans la perception à savoir que deux couleurs à la même distance d'une autre ne sont pas nécessairement perceptuellement équidistantes [35]. Pour corriger cet inconvénient la CIE a proposé en 1976 le modèle  $L^*u^*v^*$  qui est perceptuellement uniforme, c'est-à-dire que si deux couleurs A et B sont aussi proches entre elles que deux autres couleurs C et D, alors la différence perçue entre A et B sera équivalente à celle perçue entre C et D. Les équations permettant de passer du système XYZ au  $L^*u^*v^*$  sont [36] :

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

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

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

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

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

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

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

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

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

### 2.2.2.2. L'espace couleur $L^*a^*b^*$

L'espace  $L^*a^*b^*$  est basé sur le modèle des couleurs opposées. La variable  $L^*$  mesure la luminance (l'opposition noir-blanc) par une valeur entre 0 (noir) et 100 (blanc), La variable  $a^*$  mesure l'opposition rouge-vert par une valeur entre -100 et +100,  $a^*$  est positif si la couleur contient du rouge, négatif si la couleur contient du vert et nulle si aucun des deux, La variable  $b^*$  mesure l'opposition jaune-bleu par une valeur entre -100 et +100,  $b^*$  est positif si la couleur contient du jaune, négatif si la couleur contient du bleu et nulle si aucun des deux, Comme pour le système  $L^*u^*v^*$ , on obtient les valeurs des composantes à partir des valeurs XYZ de la couleur et d'un blanc de référence. Les équations de changement d'espace de XYZ vers  $L^*a^*b^*$  sont [36-37] :

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

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

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

Comme le système  $L^*u^*v^*$ , ce système ( $L^*a^*b^*$ ) est perceptuellement uniforme. Sa représentation spatiale est donnée par une sphère (voir figure.2.5.) :

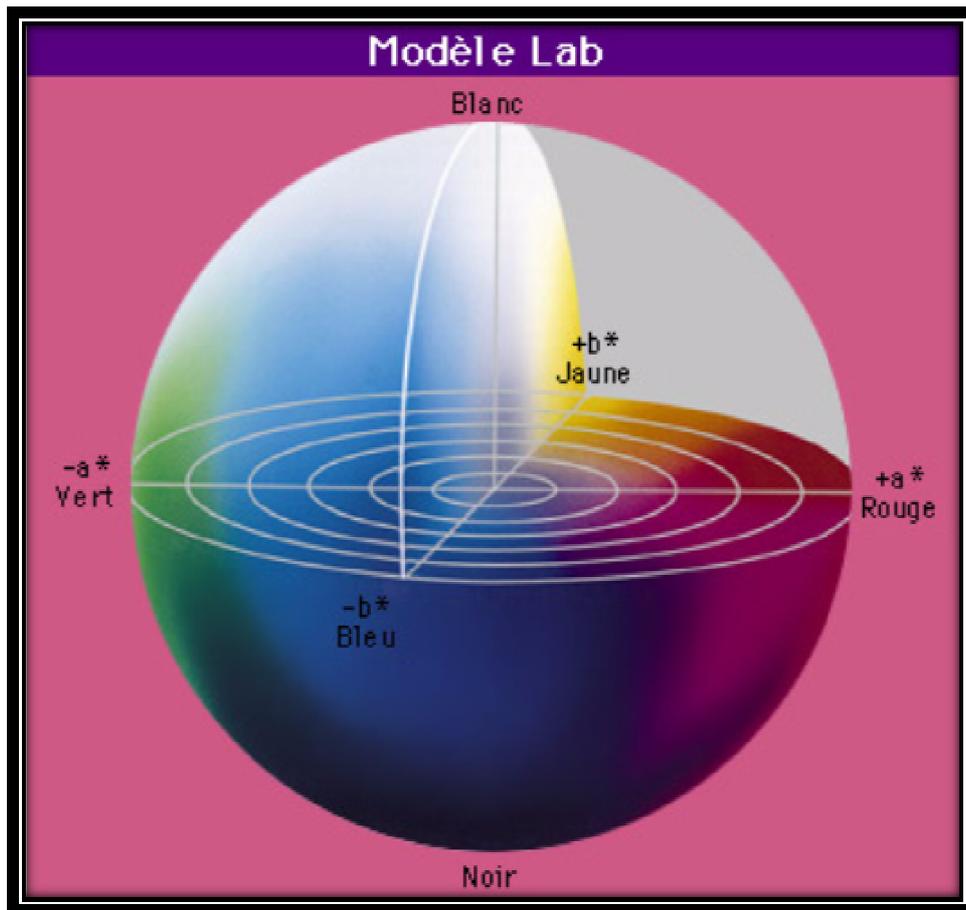


Figure.2.5. Représentation spatiale de l'espace couleur  $L^*a^*b$  [38]

### 2.2.3. Systèmes perceptuels

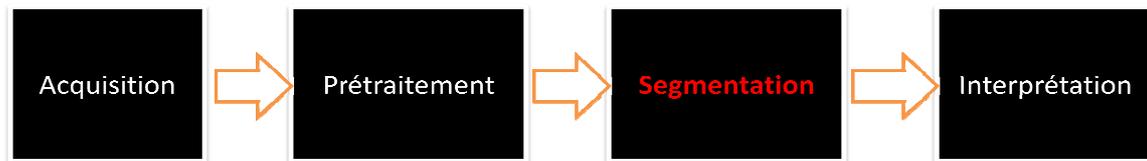
La perception des espaces qui tentent de quantifier la perception de la couleur humaine subjective au moyen de trois mesures, l'intensité, la teinte et saturation. Dans ce type d'espace, la couleur est décrite comme l'homme la qualifie, c'est-à-dire par rapport à la luminosité, la teinte et la saturation. La teinte correspond aux dénominations des couleurs telles que rouge, vert, bleu, jaune, . . . La saturation est une grandeur permettant d'estimer le niveau de coloration d'une teinte indépendamment de sa luminosité. Les espaces perceptuels sont en fait des cas particuliers des espaces luminance-chrominance. Il existe de nombreux espaces de ce type dans la littérature [39], présentés sous différentes dénominations telles que (I,S,H), (H,S,L), (H,S,I), (H,S,V), (L,T,S), . . . On retrouve notamment les espaces de coordonnées polaires et les espaces de coordonnées perceptuelles.

- Pour chacun de ces espaces, il existe une relation, linéaire ou non, permettant de transformer la couleur codée dans l'espace d'acquisition RVB vers un codage dans un autre espace de représentation de la couleur. Après avoir détaillé les différents espaces

couleur, intéressons-nous maintenant au problème de la segmentation de bio-images couleur. Nous allons présenter les principales méthodes que l'on peut trouver dans la littérature et nous détaillons plus précisément la segmentation adaptée pour les Images Médicales Microscopiques.

### 2.3. Qu'est-ce que la segmentation ?

Le traitement d'image biomédicale représente des scènes naturelles, introduit un volume très important d'information et exige une élaboration substantielle à tous les niveaux présentés dans la figure.2.6.



**Figure.2.6.** Chaîne d'analyse et traitement d'images

La segmentation de bio-images couleur a pour but d'extraire de l'image un certain nombre d'entités appelées objets. Ces entités doivent être représentatives du contenu de la scène pour permettre des traitements aval optimaux d'extraction de caractéristiques, de reconnaissance, de forme et d'interprétation.

La segmentation des images constitue le cœur de tout système de vision : c'est une étape très importante dans le processus d'analyse des images ; c'est un des sujets qui a été le plus étudié dans ce domaine [40]. La segmentation a pour objectif l'extraction d'indices visuels dans une image. Elle permet de partitionner une image en ensembles de points appelés régions, homogènes pour une ou plusieurs caractéristiques (intensité, couleur, texture, ...).

La segmentation est une tâche facile voire triviale pour notre système visuel. En revanche, elle pose de nombreux problèmes non résolus en analyse automatique. C'est la raison pour laquelle, de nombreux chercheurs s'attèlent à trouver des techniques qui allient, efficacité et temps de calcul réduit. Ainsi, beaucoup de nouvelles méthodes ont été conçues ces dernières années, chacune d'entre elles ayant bien entendu, des avantages et des inconvénients.

#### 2.3.1. Définition littéraire de la segmentation

Le processus de partitionnement d'une image numérique en plusieurs segments est défini comme la segmentation d'image. La segmentation vise à diviser une image en régions qui peut être plus représentatif et plus faciles à analyser. Ces régions peuvent

correspondre à des surfaces, objets ou parties d'objets naturels. La segmentation d'image est généralement le processus utilisé pour localiser les objets et les limites (par exemple, de lignes ou de courbes) en images [41]. En outre, elle peut être définie comme le processus de l'étiquetage pour chaque pixel d'une image, où tous les pixels ayant la même étiquette partagent certaines caractéristiques visuelles [42]. La segmentation utilise généralement l'information locale à l'image numérique pour calculer la meilleure segmentation, tels que la couleur de l'information utilisée pour créer des histogrammes ou des informations indiquant les bords, les frontières, ou la texture d'informations [43].

C'est une partition de l'ensemble des pixels de l'image en différents groupes, chaque groupe est supposé correspondre à un "objet" de l'image. Quand il s'agit de séparer les pixels en deux groupes (on parle alors de binarisation) [44].

La segmentation est un traitement bas niveau qui consiste à diviser l'ensemble de pixels en régions connexes homogènes et différentes de ses voisins. La segmentation d'images médicales est une étape incontournable dans tout processus d'analyse d'image. C'est un traitement qui précède l'étape de mesure, de compréhension et de décision. Son objectif consiste à partitionner l'image en régions connexes et homogènes, au sens d'un critère d'homogénéité, difficile à définir surtout dans le cas de régions texturées colorées [45-46].

### 2.3.2. Définition formelle de la segmentation

Formellement, la segmentation d'une image  $A$  en régions  $R_i$ ,  $i=1\dots n$ , est définie par les propriétés suivantes :

$$A = \bigcup_i^n R_i \quad (2.2)$$

$$\forall i, j; i \neq j R_i \cap R_j = \emptyset \quad (2.3)$$

$$\forall i, i = \overline{1, n} P(R_i) = \text{vrai} \quad (2.4)$$

$$\forall i, j i = \overline{1, n}, j = \overline{1, n} P(R_i \cup R_j) = \text{faux} \quad (2.5)$$

$R_i$  et  $R_j$  sont deux régions voisines.

$P$  est un prédicat d'homogénéité.

- La première condition indique que l'union des régions nous ramène à l'image de départ. Ce qui signifie que la segmentation est complète.
- La deuxième indique que deux régions différentes sont disjointes.

- La troisième exprime que les pixels appartenant à une région doivent satisfaire le critère d'homogénéité.
- La quatrième exprime le critère d'homogénéité pour la segmentation en régions disjointes.

## 2.4. Approches de segmentation de bio-images couleur : état de l'art

Il n'existe pas une méthode de segmentation d'images, mais des milliers. De nombreux algorithmes de segmentation ont été proposés dans la littérature pour résoudre le problème de segmentation cellulaire depuis 1960 [47]. Cependant, les approches que nous allons appliquer pour la segmentation de bio-images couleur dans notre thèse sont : les méthodes de clustering [48] telle que k-means [49], fuzzy c-means [50], la méthode de croissance de région [51], et l'exploitation des éléments de la morphologie mathématique [52].

### 2.4.1. Les algorithmes de clustering

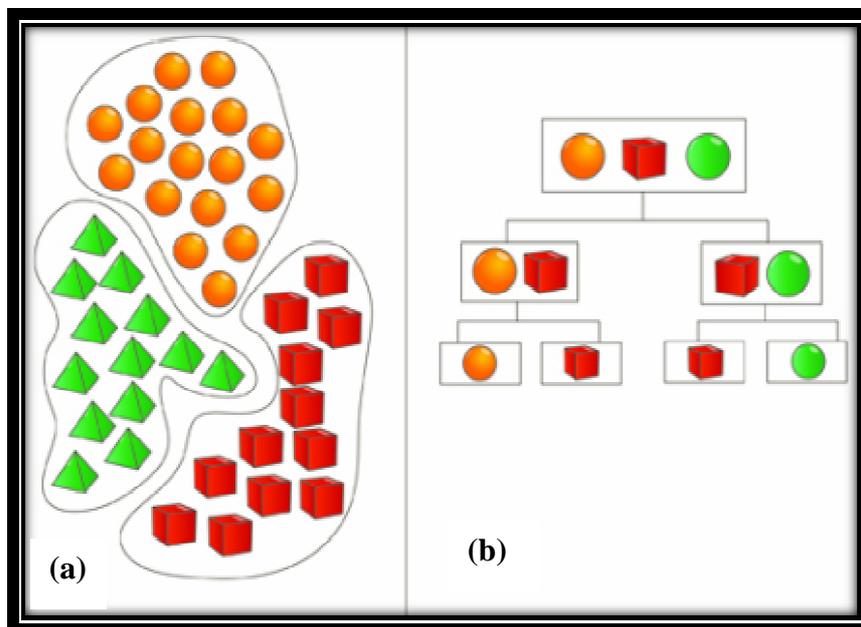
Les algorithmes de segmentation d'image basée sur le clustering sont des techniques statistiques largement utilisées en biomédicale dans le but de segmenter, identifier ou classer les Images Médicales Microscopiques (IMM). Il est dans un cadre d'apprentissage non supervisé, qui tente d'obtenir des informations sans aucune connaissance préalable, ce qui n'est pas le cas de l'apprentissage supervisé. La question principale autour de laquelle s'articulera le travail du clustering est de savoir imiter le mécanisme humain d'apprentissage sans aucune information disponible auparavant. On établit des méthodes qui permettent d'apprendre à partir d'un certain nombre de données et de règles, selon certaines caractéristiques sans aucune expertise ou intervention requise. En effet, ce processus requiert certains traitements ou combinaison avec d'autres méthodes, en pré- ou en post-traitement, surtout pour une grande masse de données, pour bien réaliser entièrement sa tâche de segmentation et classification. Cependant, nous nous intéressons de présenter les algorithmes de clustering et nous montrons, quels sont leurs avantages et difficultés. En tentant décrire quelques remèdes et de présenter l'avantage de clustering dans le domaine médicale en générale et pour l'hématologie en particulier.

Le but du clustering est de grouper les données (pixels) en plusieurs groupes (appelés clusters) de telle façon que les objets (pixels) qui sont dans un même cluster ont un degré de similarité très élevé tandis que les objets appartenant à de différents clusters ont un degré de non-similarité très élevé.

Les algorithmes de clustering peuvent être divisés en quatre types [53-54] :

- 1) **Les algorithmes à base de prototype** : comme k-means, fuzzy c-means (FCM) et Mixture Model (MM) [55].
- 2) **Les algorithmes à base de densité** : il y a DBSCAN [56] et DENCLUE [57].
- 3) **Les algorithmes à base de graphe** : comme exemple Jarvis-Patrick [58] est un algorithme typique à base de graphe.
- 4) **Les algorithmes hybrides** : ce type d'algorithmes combine deux ou plusieurs algorithmes de clustering.

Cependant dans certains ouvrages on classifie les types des algorithmes de clustering en deux groupes (voir figure.2.7.) à cause des méthodes qui ne respectent plus les normes du premier classement :



**Figure.2.7.** Types de clustering : a- non-hiérarchique, b- hiérarchique

- 1) **le clustering hiérarchique** : d'agglomération (bottom-up)
- 2) **le clustering non-hiérarchique** : de division (top-down)

Dans le premier cas, on décompose l'ensemble d'individus en une arborescence de groupes. Dans le 2<sup>ème</sup>, on décompose l'ensemble d'individus en  $k$  groupes, les algorithmes de ce type peuvent aussi être utilisés comme algorithmes de division dans le clustering hiérarchique.

Dans ce qu'il suit, nous présentons deux algorithmes de clustering (qui sont deux méthodes ciblées de ce travail), nous nous analysons le cadrage théorique de chaque méthode avec un état de l'art chronologique au cours de leur progression.

### 2.4.1.1. K-means

K-means est un algorithme à base de prototype qui tente de trouver  $k$  clusters non chevauchés. Ces clusters sont représentés par leurs centroides (le centroid d'un cluster est la moyenne de tous les points qui appartiennent à ce cluster). La méthode des k-means a été très utilisée dans plusieurs application et domaine de recherche, d'une part pour sa simplicité de mise en œuvre et d'autre part car elle peut fournir une bonne approximation de la segmentation recherchée. Un des plus simples algorithmes d'apprentissage non supervisé. L'algorithme k-means mis au point par McQueen en 1967[59], et Lloyd en [60]. Beaucoup des travaux ont été conçues ces dernières années basées sur l'approche la plus connue en clustering, algorithme des k-means comme :

K. A. Abdul Nazeer, et M. P. Sebastian [61] ont proposé une méthode développée pour améliorer l'exactitude et l'efficacité de l'algorithme de clustering k-means.

Y. Madhu, R. P. Srinivasa, et T. M. Srinivasa [62] ont proposé d'améliorer l'algorithme de clustering k-means avec une nouvelle méthode pour trouver le centroïde initial et il offre une façon efficace d'attribuer les points de données à des clusters avec réduction du temps de la complexité.

T. U. Paul, et S. K. Bandhyopadhyay [63] ont démontré la possibilité de segmenter l'ensemble d'images IRM présentant une tumeur de cerveau avec une localisation avancée en utilisant la méthode k-means.

P. Pallavi, et J. A. Ritesh [64] introduit une nouvelle approche efficace pour l'algorithme de clustering k-means, ils ont proposé une nouvelle méthode pour générer le centre du cluster en réduisant l'erreur quadratique moyenne de la dernière étape avec une réduction de temps d'exécution.

S. A. Aimi, Y. M. Mohd, et M. Zeehaida [65] ont fait une segmentation des images couleur pour détecter la Malaria utilisant la méthode k-means.

S. R. Meenakshi, B. M. Arpitha, et B. Shivakumara [66] ont exploité k-means pour caractériser la tumeur du cerveau.

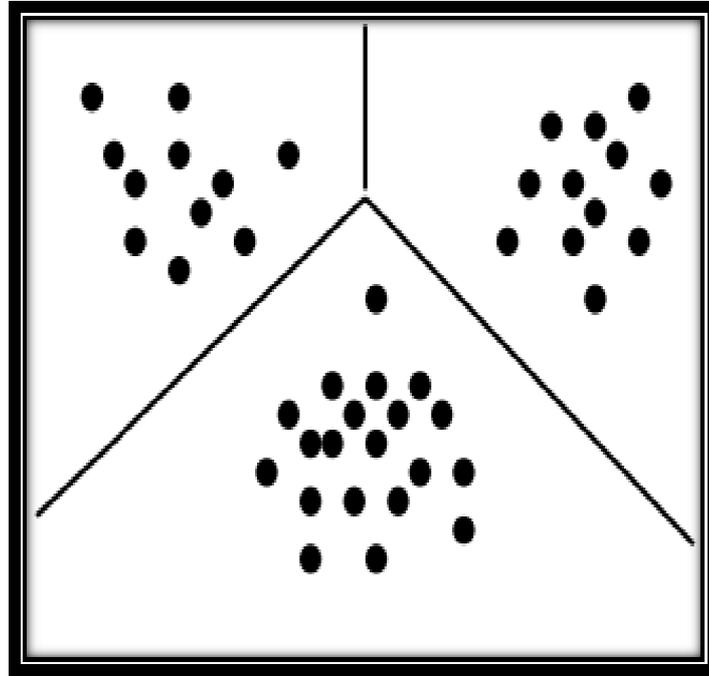
S. Sriram, et R. K. Bommanna [67] ont utilisé le clustering k-means pour extraire les caractéristiques des noyaux cancéreux dans le sang (leucémie).

C. F. Aleta, et all [68] ont créé une nouvelle méthode pour l'initialisation de centroïde avant d'implémenter l'algorithme k-means.

T. Kalaiselvi, et all [69] ont utilisé l'algorithme de k-means pour faire une initialisation sur les tissus de cerveau puis le segmenter d'une manière automatique.

### 2.4.1.1.1. Principe de fonctionnement

K-means est un algorithme de quantification vectorielle et de minimisation alternée qui, étant donné un entier  $k$ , va chercher à séparer un ensemble de points en  $k$  clusters (voir figure.2.8.).



**Figure.2.8.** Clustering sur un ensemble de points 2D, 3 clusters

Il s'agit d'implémenter en langage de programmation l'algorithme des centres mobiles (k-means) pour la classification automatique d'un ensemble de données  $(x_1, \dots, x_n)$ . K-means minimise le critère d'erreur (distorsion) suivant les centres des classes  $\psi = (\mu_1, \dots, \mu_k)$  et les classes  $z = (z_1, \dots, z_n) : (z, \psi)$  :

$$J(\mu_1, \dots, \mu_k, z) = \sum_{k=1}^k \sum_{i=1}^n z_{ik} \|x_i - \mu_k\|^2 \quad (2.6)$$

Cette formule correspond à la distance euclidienne totale entre chaque donnée  $x_i$  et le centre  $\mu_{z_i}$  dont elle est la plus proche au sens de la distance Euclidienne :

$$\|x_i - \mu_k\| = d(x_i, \mu_k) = \sqrt{\sum_{j=1}^d (x_{ij} - \mu_{kj})^2} \quad (2.7)$$

Dans l'expression du critère  $J$ ,  $z_{ik}$  est une variable binaire qui vaut 1 si la classe du  $i^{\text{ème}}$  exemple  $x_i$  est  $k$  et 0 sinon.

L'idée principale est de définir les  $k$  centroïdes arbitraires  $(\mu_1, \mu_2, \dots, \mu_k)$  ( $k$  le nombre de clusters fixé à priori, chaque  $\mu_i$  représente le centre d'une classe), Ces centroïdes doivent être placés dans des emplacements différents. Donc, le meilleur choix est de les placer le plus possible éloignés les uns des autres. La prochaine étape est de prendre chaque point appartenant à l'ensemble de données et l'associer au plus proche centroïde. C'est-à-dire chaque classe  $z_n$  sera représentée par un ensemble d'individus les plus proches de son  $\mu_i$ , Les nuées dynamiques sont une généralisation de ce principe, où chaque cluster est représenté par un noyau mais plus complexe qu'une moyenne. Lorsqu'aucun point n'est en attente, la première étape est terminée et un groupage précoce est fait. À ce point nous avons besoin de recalculer les  $k$  nouveaux centroïdes mi des groupes issus de l'étape précédente qui vont remplacer les  $z_n$  ( $m_j$  est le centre de gravité de la classe  $S_j$ , calculé en utilisant les nouvelles classes obtenues). Après, on réitère le processus jusqu'à atteindre un état de stabilité où aucune amélioration n'est possible, nous pouvons constater que les  $k$  centroïdes changent leur localisation par étape jusqu'à plus de changements sont effectués. En d'autres termes les centroïdes ne bougent plus.

### 2.4.1.1.2. Algorithme k-means

L'algorithme k-means (voir l'annexe C) est composé des trois étapes suivantes :

- **Etape d'initialisation** : On initialise les centres des classes  $(\mu_1^{(0)}, \dots, \mu_k^{(0)})$  (à votre choix) pour donner le pas de départ de l'algorithme (par exemple on choisissant aléatoirement des centres "virtuels", ou  $k$  données parmi les données à traiter). Il s'agit donc de démarrer à l'itération  $t = 0$  avec des valeurs initiales pour les paramètres du modèle  $(\mu_1^{(0)}, \dots, \mu_k^{(0)})$ .
- **Etape d'affectation (segmentation ou classification)** : Chaque donnée est assignée à la classe du centre dont elle est la plus proche :  $\forall i = 1, \dots, n$

$$z_{ik}^{(t)} = \begin{cases} 1 & \text{if } k = \arg \min_{z \in \{1, \dots, k\}} \|x_i - \mu_k\|^2 \\ 0 & \text{else} \end{cases} \quad (2.8)$$

- **Etape de recalage des centres** : le centre  $\mu$  de chaque classe  $k$  est recalculé comme étant la moyenne arithmétique de toutes les données appartenant à cette classe (suite à l'étape d'affectation précédente) :  $\forall k = 1, \dots, k$

$$\mu_k^{(t+1)} = \frac{\sum_{i=1}^n z_{ik}^{(t)} x_i}{\sum_{i=1}^n z_{ik}^{(t)}} \quad (2.9)$$

---

$t$  étant l'itération courante.

La convergence peut être considérée comme atteinte si la valeur relative au niveau de la distorsion  $J$  (2.6) devient inférieure à un seuil petit préfixé ou si un nombre maximum d'itérations préfixé a été atteint.

Comme les résultats sont fréquemment très fort, c'est-à-dire, dans l'image le clustering de chaque pixel n'appartenant qu'à un cluster. Cependant, dans de nombreuses conditions réelles, des questions telles que la résolution spatiale limitée, faible contraste, intensités qui se chevauchent, le bruit et l'intensité en homogénéités réduisent l'efficacité de cette méthode proposée. Pour éviter ce problème de l'algorithme  $k$ -means, on est obligé pour passer à une autre méthode est introduit dans [70].

#### 2.4.1.2. Fuzzy c-means (FCM)

Pour éviter le problème de l'algorithme des  $k$ -means cité précédemment, ils ont proposé l'algorithme de clustering fuzzy c-means (FCM). La FCM montre de très bons résultats dans la segmentation de bio-image couleur et de classification d'objet. La FCM est fondée sur le critère de l'algorithme de fuzzy c-means et considérée comme une méthode de segmentation douce. La brève étude documentaire à propos de la théorie des ensembles flous pour la segmentation d'image peut être vue dans [71-72]. À partir de la littérature, il est observé que la FCM [71] est plus populaire parmi les méthodes de mise en cluster floue après la méthode  $k$ -means. Dans la segmentation de bio-images couleur, la FCM est la méthode la plus connue parce qu'elle a une caractéristique robuste pour cause d'imprécision et peut contenir beaucoup plus de renseignements sur les éléments pertinents surtout la couleur dans nos objets détectés (cellules sanguines anormales), il y a pas mal de recherche avec cette méthode :

Y. Toliás, et S. Panas [73] ont élaboré les gouvernés à base de système d'amélioration de quartier fondés sur FCM à la base d'une règle qui impose des contraintes spatiales, par un post-traitement.

J. C. Noordam, et all [74] ont proposé un nouvel algorithme semi-supervisé FCM qui considère la technique de l'état géométrique en prenant en compte le voisinage local de chaque pixel.

D. Pham [75] a modifiée l'algorithme FCM par la fonction d'objectif où il a inclus la pénalité spatiale (terme montre la voie pour un algorithme itératif qui est très semblable à l'original FCM algorithme) sur la composition de fonctions, il permet également de faire l'estimation des fonctions d'appartenance lisse spatialement.

M. Ahmed, et all [76] ont proposé une amélioration de l'algorithme où la fonction d'objectif classique est modifiée dans la FCM, afin de compenser l'intensité en homogénéité et de permettre l'étiquetage d'un pixel d'être influencé sur l'autre, car la zone étiquetée a besoin de calculer à chaque étape d'itération.

S. Chen, and D. Zhang [77] ont proposé deux variantes de la FCM (FCM-S1 et FCM-S2) afin de réduire le temps de calcul. Ces deux algorithmes ont introduit les concepts des filtres moyenne et médiane, respectivement pour le prétraitement d'images. Ces valeurs sont calculées à l'avance, pour remplacer la durée du quartier de la FCM-S. Avec cela, les temps d'exécution des deux FCM-S1 et FCM-S2 sont considérablement réduites. On déduit qu'ils ont amélioré la fonction d'objectif FCM-S à plus probablement à révéler les structures non euclidiennes inhérent dans les données et plus de robustesse au bruit. Ils ont utilisé la distance induite par du noyau à la place de la distance euclidienne.

S.R. Kannan, et all [78] ont proposé la tangente FCM (HTFCM hyper) en fonction de l'image segmentée du sein. Ils ont utilisé la fonction tangente hyper comme fonction objective à la place de l'original euclidienne.

N. Venu, and B. Anuradha [79] ont appliqué la FCM pour faire une segmentation d'images médicales utilisant la nouvelle fonction objective.

J. Alan, S. Ravi, et M. Sambath [80] ont proposé une approche de segmentation pour identifier la tumeur de cerveau à l'aide de k-means et Fuzzy c-means. La nouvelle approche ensembliste entre les deux algorithmes à base de prototype montre l'augmentation de la performance et la diminution de la complexité computationnelle, Les résultats de segmentation démontrent que l'algorithme proposé montre la robustesse sous différents bruits par rapport à d'autres algorithmes de segmentation d'image existante de la famille de clustering.

P. Viswanathan [81] a proposé un système de segmentation pour identifier la leucémie, il a ajouté à la FCM une solution automatisée pour la détection et la classification de globules blancs normaux et anormaux avec moins de temps de calcul et avec un taux d'erreur réduit.

D. Warude, et R. Singh [82] ont créé une technique de segmentation des cellules sanguines exploitant l'espace couleur HSV avec le clustering fuzzy c-means pour détecter la leucémie.

### 2.4.1.2.1. Principe de fonctionnement

Fuzzy c-means (FCM) est une méthode de clustering à base de prototype qui permet à un objet de données d'appartenir à deux ou plusieurs clusters. Cette méthode dérivée de l'algorithme c-means [83], identique à l'algorithme k-means décrit précédemment, elle a été développée par Dunn [84] en 1973 et améliorée par Bezdek [85] en 1974, est fréquemment utilisée dans la reconnaissance des formes [86]. Elle est basée sur la minimisation de la fonction objective suivante :

$$J_m = \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^C u_{ij}^m \|x_i - C_j\|^2 \quad 1 \leq m < \infty \quad (2.10)$$

Où  $m$  est un nombre réel ( $> 1$ ),  $u_{ij}$  est le degré d'appartenance de  $x_i$  dans le  $J$  ième Cluster,  $x_i$  est le  $i$ ème élément des données mesurées,  $C_j$  est le centre d'un cluster et  $\|*\|$  est toute norme exprimant la similarité entre les données mesurées et le centre.

Ce partitionnement logique floue (fuzzy) est réalisé grâce à une optimisation itérative de la fonction objective indiquée ci-dessus (2.10), avec la mise à jour de l'appartenance  $u_{ij}$  et les centres des clusters  $C_j$ .

### 2.4.1.2.2. Algorithme fuzzy c-means

Comme les autres algorithmes de clustering non-supervisé, il utilise un critère de minimisation des distances intra-classe et de maximisation des distances interclasse, mais en donnant un certain degré d'appartenance à chaque classe pour chaque pixel. Cet algorithme nécessite la connaissance préalable du nombre de clusters et génère les classes par un processus itératif en minimisant une fonction objective. Ainsi, il permet d'obtenir une partition floue de l'image en donnant à chaque pixel un degré d'appartenance (compris entre 0 et 1) à une classe donnée. Le cluster auquel est associé un pixel est celui dont le degré d'appartenance sera le plus élevé.

Les principales étapes de l'algorithme fuzzy c-means sont (voir l'annexe D) [87-88]:

1. La fixation arbitraire d'une matrice d'appartenance.
2. Le calcul des centroïdes des classes.
3. Le réajustement de la matrice d'appartenance suivant la position des centroïdes.
4. Calcul du critère de minimisation et retour à l'étape 2 s'il y a non convergence de critère.

**2.4.1.3. Avantages et inconvénients de clustering**

Au cours des dernières années, la segmentation d'image ou clustering est devenue une étape de base du traitement d'une image biomédicale dans le but d'aide au diagnostic. Cette opération a pour but de séparer différentes zones homogènes d'une image, afin d'organiser les objets en groupes (clusters) dont les membres ont en commun diverses propriétés (intensité, couleur, texture, etc). Les deux méthodes utilisés dans notre travail de recherche (comme nous avons présenté précédemment) contient des avantages et des limites détaillés dans le tableau ci-dessous :

**Tableau.2.1.** Avantages et inconvénients de clustering

Algorithme	Avantages	inconvénients
K-means	<ul style="list-style-type: none"> <li>▪ Très populaire, facile à comprendre et à mettre en œuvre.</li> <li>▪ Il ne nécessite aucune information sur les données d'entrées.</li> <li>▪ Simple en conception.</li> <li>▪ Rapide et faible d'exigence en taille mémoire.</li> <li>▪ Applicable à tout type de données (Images, signaux, textes...etc)</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▪ La partition finale dépend de la partition initiale.</li> <li>▪ Le résultat dépend de l'ordre d'affectation.</li> <li>▪ Un mauvais choix de k produit de mauvais résultats.</li> </ul>
Fuzzy c-means	<ul style="list-style-type: none"> <li>▪ Permettent une bonne segmentation.</li> <li>▪ Le temps d'exécution de l'algorithme est plus rapide pour les images de grande résolution.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▪ Il n'est pas approprié à des images contenant un grand nombre d'objets.</li> <li>▪ L'efficacité de la méthode dépend la définition de la distance utilisée.</li> </ul>

D'après l'étude bibliographique sur les théories des algorithmes de clustering au cours de leurs évolution, nous constatons que depuis, des efforts de recherches énormes ont été menées pour concevoir de nouveaux algorithmes de clustering pour l'analyse par cluster.

Milligan [89] a signalé que les difficultés de l'analyse par cluster se basent sur les aspects suivants :

- Le clustering est un problème combinatoire inépuisable.
- Il n'existe pas de théories largement acceptées pour le clustering.
- La définition d'un cluster semble être un peu «arbitraire», qui est déterminé par les caractéristiques des données et les interprétations des utilisateurs.

A cause des problèmes cités ci-dessus, nous proposons une nouvelle méthode de segmentation totalement différente de ce que nous avons vu jusqu'à maintenant, basée sur un algorithme qui consiste à faire progressivement grossir les régions autour de leur point de départ (croissance de région).

### 2.4.2. Croissance de région (region growing)

Les méthodes de croissance de régions sont les algorithmes de segmentation les plus simples. Ses approches basées essentiellement sur la croissance de régions autour d'un point de départ, permettent aussi bien la segmentation des régions saines que la segmentation des régions pathologiques dans les images médicales microscopiques [90]. Le principe est basé sur une approche bottom-up : l'algorithme part de petits éléments de l'image qu'il va tenter de regrouper en éléments plus importants. Supposons une région de couleur homogène  $R$ . Initialement,  $R = 1$  pixel. On va étendre la région  $R$  en incluant les pixels situés sur la frontière et dont la couleur est proche de celle de  $R$  (la variation de couleur est inférieure à un seuil  $\delta$  caractéristique de ce type d'algorithmes). En répétant cette procédure jusqu'à ce qu'il n'y a plus de pixels de couleur assez proche sur la frontière, on obtient une région de couleur homogène maximale autour du pixel de départ. La région initiale "gonfle" en absorbant des pixels de la frontière, jusqu'à stabilité par rapport à la propriété d'homogénéité. Afin d'assurer un critère de connexité, on utilise les voisins en 4-connexités pour l'accroissement de région et la 8-connexités pour l'accroissement de contour (cas de détection de contours). Cette méthode présente deux limitations: Les régions obtenues dépendent fortement des pixels d'amorçage choisis et de l'ordre dans lequel les pixels de la frontière sont examinés. Le résultat final est très sensible à la valeur du seuil  $\delta$ . Cet algorithme fait parti de la classe d'algorithmes de segmentation dit "locaux". L'opération élémentaire consiste à manipuler des pixels adjacents et l'algorithme n'a aucune vision globale du résultat qu'il obtient.

Ainsi pas mal d'études de recherches en littérature dans les dernières années, ont exploité l'approche de segmentation fondée sur l'algorithme region growing comme :

M. Mary Synthuja Jain Preetha, et all [91] ont utilisé la technique region growing pour faire une initialisation d'un point de départ qui aide à segmenter un ensemble d'images.

D. Kumar, et A. Halder [92] ont présenté un algorithme génétique fondé essentiellement sur un regroupement dynamique qui aide à segmenter la région tumorale, et fait leur isolement par la méthode de region growing.

C. Balasubramanian, et all [93] ont proposé une segmentation automatique de la tumeur du cerveau des images IRM avec l'utilisation de la technique region growing. Elle a donné une bonne segmentation pour détecter les régions de la tumeur du cerveau.

P. Shraddha, et S. Ashwini [94] ont proposé un système d'une segmentation automatique sans intervention d'expert humain, ce système peut extraire les différentes propriétés pertinentes par l'approche region growing, avec une modification pour fixer le point de départ dans les images segmentées.

L. Lay-Khooon, et L. Siau-Chuin [95] ont proposé un algorithme pour détecter automatiquement le cancer du sein dans des images obtenues par échographie. Ils ont montré que la méthode utilisée est efficace et peut être exécutée en temps réel.

#### 2.4.2.1. Principe de fonctionnement

On initialise la région  $R$  à un pixel un groupe de pixels (seed). La région  $R$  possède certaine moyenne  $\mu_R$  et écart type  $\sigma_R$ .

On ajoute à  $R$  tous les pixels voisins de  $R$  qui sont suffisamment semblables à  $R$ , par exemple :

$$|I(x) - \mu_R| < \text{seuil} \quad (2.11)$$

Ou bien :

$$\begin{cases} \min \{|I(x) - I(y)|; y \in R \cap V(x)\} < \text{seuil} \\ |I(x) - \mu_R| < 2\sigma_R \end{cases} \quad (2.12)$$

On peut également ajouter des critères géométriques de régularité, comme par exemple :

$R \cap V(x)$  est de cardinal au moins 3 et possède une seule composante connexe.

Le principe général de la méthode region growing basée essentiellement sur les étapes suivantes [96] :

- Approche ascendante.
- Départ d'un pixel (ou d'un groupe de pixels) d'amorce (pixel germe).
- Analyse de ses pixels voisins et analyse du critère d'homogénéité  $P$ .

- Croissance de la région jusqu'au critère d'arrêt (plus aucun pixel ne satisfait le critère).

#### 2.4.2.2. Algorithme region growing

Nous présentons (voir annexe E) la version de base de l'algorithme de croissance de région qui fonctionne en agrégeant des pixels, L'algorithme se compose de deux étapes:

1. Trouver les points de départ des régions.
2. Faire grossir les régions par agglomérations des pixels voisins.

##### ➤ Points de départ (seeds)

Le choix des points de départ constitue l'étape qui est la partie critique de l'algorithme. En effet, l'étape de croissance va utiliser une mesure de similarité pour choisir les pixels agglomérés. Si le point de départ est situé dans une zone non homogène, la mesure de similarité va produire de fortes variations et la croissance va s'arrêter très tôt. Par conséquent, il convient de choisir les points de départ dans des zones les plus homogènes possibles, comme la segmentation finale nous donne des objets homogènes, il suffit de choisir le centre du plus gros objet pour avoir de bons points de départ.

##### ➤ Croissance (growing)

Cette étape a pour objectif de faire grossir une région en agglomérant des pixels voisins. Les pixels sont choisis afin de maintenir l'homogénéité de la région. Pour cela, nous devons définir un indicateur d'homogénéité. Les pixels voisins sont ajoutés à la région si l'indicateur d'homogénéité reste vrai. La croissance s'arrête lorsqu'on ne peut plus ajouter de pixels sans briser l'homogénéité.

#### 2.4.3. Eléments de la morphologie mathématique

Les éléments de la morphologie mathématique fournissent un outil très important pour la conception d'une méthodologie de traitement d'image dans un contexte mathématique varié. Depuis son apparition en 1964, elle connaît un succès croissant et contribue puissamment à toutes les disciplines qui s'intéressent à l'analyse quantitative et qualitative de bio-images. Il est basé depuis plus de 40 ans par G. Mathéron à l'Ecole des Mines de Paris [97], il est considéré comme une théorie de base pour l'analyse des structures spatiales, il s'appelle morphologie dans le sens où il permet d'analyser les formes et les surfaces des objets, et mathématiques au sens où l'analyse est basée sur la théorie des ensembles (topologie) [98]. Les opérations morphologiques tendent à simplifier l'image «donnée» en préservant leurs caractéristiques essentielles de forme et en éliminant les résidus inutiles [99]. Ils ont été utilisés dans divers domaines, y compris la reconnaissance de formes,

l'amélioration des images, l'analyse de texture [100], l'extraction de la primitive et la détermination des règles de placement de ces primitives [101], mais aussi dans une gamme de domaines tels que la télédétection [102], la caractérisation des matériaux [103]. La Morphologie Mathématique fournit aujourd'hui des outils puissants (filtrage, lissage ou segmentation) [104] dans toutes les disciplines qui s'intéressent à l'analyse et traitement d'images.

Le domaine des applications de la morphologie mathématique est très large; la médecine est l'un des domaines qui a pu échapper à cette opération numérique que ce soit dans la pratique chirurgicale, diagnostique ou thérapeutique [105-108]. Les opérateurs de la morphologie mathématique sont des méthodes ensemblistes, fondées principalement sur la comparaison d'un ensemble d'objets à analyser à un autre objet de forme connue appelé élément structurant. L'élément structurant est une figure géométrique simple à former connue ou arbitraire qui peut être un cercle, un segment, un carré ou un triangle.

La forme et la dimension de l'élément structurant noté  $k$ , permettent d'extraire des formes spécifiques lorsqu'elles sont contenues dans une partie de l'ensemble  $X$  ou de son complément [109].

Si on obtient:

- Valeur 0 si le point est ignoré.
- Valeur 1 si le point est pris en compte.
- X: pour le Centre

Deux exemples d'éléments structurants aussi simples que représentés sur la figure.2.9.

1	1	1
1	X	1
1	1	1

(a)

0	1	0
1	X	1
0	1	0

(b)

**Figure.2.9.** Eléments structurants : a) 8 Connexités b) 4 Connexités [46]

Nous pouvons donner à un élément structurant une infinité de formes. Sa taille et sa forme dépendent de la spécificité de chaque application [110], elle sera utilisée comme un outil pour manipuler l'image à travers différentes opérations.

### 2.4.3.1. Principe de fonctionnement

La morphologie mathématique permet d'analyser l'image sous deux aspects [46]:

- Soit comme un ensemble de formes prises sur un fond, il s'agit alors de la morphologie binaire où les transformations s'appliquent à tout le  $X$  ou à son complément  $XC$ .
- Soit en fonction des niveaux de gris, il s'agit alors de la morphologie en niveaux de gris où les transformations par analogie avec la morphologie binaire, s'appliquent au tout borné par le graphe de la fonction  $I(x, y)$  en niveaux de gris.
- **Définition de gradient:** Le gradient donne des informations sur les variations existantes dans l'image. Il existe un nombre considérable de techniques pour calculer le gradient discret. Dans la plupart des cas, le gradient est calculé à l'aide d'un produit de convolution. L'évaluation des différentes méthodes permet de constater qu'elles produisent des résultats similaires pour la majorité des applications [45-46] [111].
- D'une autre manière, le gradient, dans un pixel d'une image numérique, est un vecteur caractérisé par son amplitude et sa direction. L'amplitude est directement liée à la quantité de variation locale dans les niveaux de gris. La méthode la plus simple pour estimer un gradient est donc de faire un calcul de variation unidimensionnelle, en ayant choisi une direction donnée. C'était alors le gradient suivant:

$$G_d(x, y) = (i * W_d)(x, y) \quad (2.13)$$

Où  $W_d$  désigne l'opérateur à contourner dans le sens de  $d$  et  $*$  le produit de la convolution.

$$G_d(x, y) = \text{Sum}_{i=-m,+m} \text{Sum}_{j=-n,+n} I(x+i, y+j) \cdot W_d(i, j) \quad (2.14)$$

Dans cette version discrète, la taille de cet opérateur est donnée par le couple  $(m, n)$ . Sauf cas très particulier, on utilise toujours  $m = n$ .

Les opérations de base en morphologie mathématique sont l'érosion, la dilatation [112], l'ouverture et la fermeture [113]. Dans notre traitement algorithmique, nous allons utiliser l'ouverture et la fermeture par reconstruction, la reconstruction de la morphologie et la squelettisation pour nettoyer le fond de l'image et pouvoir détecter les objets cibles.

- La dilatation d'une image  $f$  par un élément structurant  $k$ , notée  $f \oplus k$ , est définie par [114]:

$$(f \oplus k)(x, y) = \max\{f(x+m, y+n) \oplus k(m, n)\} \quad (2.15)$$

Pour tout  $(m, n) \in k$  et  $(x + m, y + n) \in f$

- L'érosion de  $f$  par  $k$ , notée  $f \ominus k$ , est définie par:

$$(f \ominus k)(x, y) = \min\{f(x + m, y + n) \ominus k(m, n)\} \quad (2.16)$$

Pour tout  $(m, n) \in k$  et  $(x + m, y + n) \in f$

- L'ouverture et la fermeture sont définies à partir de ces deux opérations de base. La fermeture est une dilatation suivie d'une érosion par le même élément structurant alors que l'ouverture est l'érosion suivie d'une dilatation.

Chaque méthode de segmentation citée dans ce travail (ci-dessus) ou en littérature offre plusieurs avantages et répond à plusieurs questions des problèmes réels, cependant, chacune de ces méthodes reflète aussi des inconvénients qui nécessitent toujours des contributions et des optimisations pour y remédier.

## 2.5. Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons analysé les modèles de la vision humaine et les espaces couleurs qui existent. Puis, nous avons étudié les principes de la segmentation couleur et plus particulièrement ceux provenant de clustering, croissance de région et morphologie mathématique. Du fait de cette diversité, il est difficile de définir, de manière absolue, une bonne méthode de segmentation. Enfin, nous avons exposé une recherche bibliographique riche sur toutes les méthodes de caractérisation couleur des objets extraits lors de la segmentation.

Après avoir détaillé les différentes méthodes de segmentation couleur, intéressons nous en chapitre suivant au deuxième élément pertinent dans nos travaux après la couleur qu'il est bien la texture et plus particulièrement aux principaux attributs de texture qui permettent de la caractériser comme les paramètres d'Haralick.

En effet, les images médicales microscopiques présentent souvent des régions texturées qui une fois identifiées et segmentées, pourraient faciliter la reconnaissance et la classification des informations extraite. Pour ce faire, nous nous sommes intéressés à l'analyse texturale dans la partie suivante. Cependant, les approches qu'ils ont proposées et les plus utilisées, on trouve celle de matrice de cooccurrence au niveau de gris **GLCM**, qui devient de plus en plus populaire car mieux adaptée, et c'est ce qui sera étudié dans ce qui suit avec leurs paramètres.

# Chapitre

# 3

*Classification par analyse texturale*

### 3.1. Introduction

Le domaine du traitement d'image biomédicale est composé de toute technique visant à élaborer et analyser une image. Les principales informations dans l'interprétation du message visuel pour un observateur humain sont les contours, les régions et/ou les textures. L'analyse de l'image consiste souvent à extraire un certain nombre de propriétés caractéristiques et à les exprimer sous forme paramétrique. Les textures naturelles sont très irrégulières et ne peuvent être modélisées précisément par les techniques mathématiques actuelles, selon le cas, l'analyse peut être globale ou locale.

Dans ce chapitre, nous proposons une méthode originale de classification automatique de bio-images se basant sur l'analyse texturale. Nous traiterons dans cette partie les caractéristiques de la matrice de cooccurrence au niveau de gris **GLCM** comme une étude statistique d'analyse texturale de bio-image pour extraire les différents paramètres d'Haralick de la texture et les classer selon le type de la cellule sanguine (normal ou anormal). Ensuite, le processus de sélection des attributs de texture sera présenté et enfin, l'étape de décision, à savoir la classification des images dans l'espace d'attributs sélectionné, sera décrite dans la partie expérimentale dans le dernier chapitre.

### 3.2. Qu'est-ce qu'une texture ?

Dans ce cadre, il est essentiel de bien définir la texture et de s'intéresser plus particulièrement aux attributs qui la caractérisent. En termes de définition de la notion de texture, on trouve d'abord celle donnée par le dictionnaire [115], qui précise simplement qu'une texture est la reproduction spatiale d'un motif de base dans plusieurs directions.

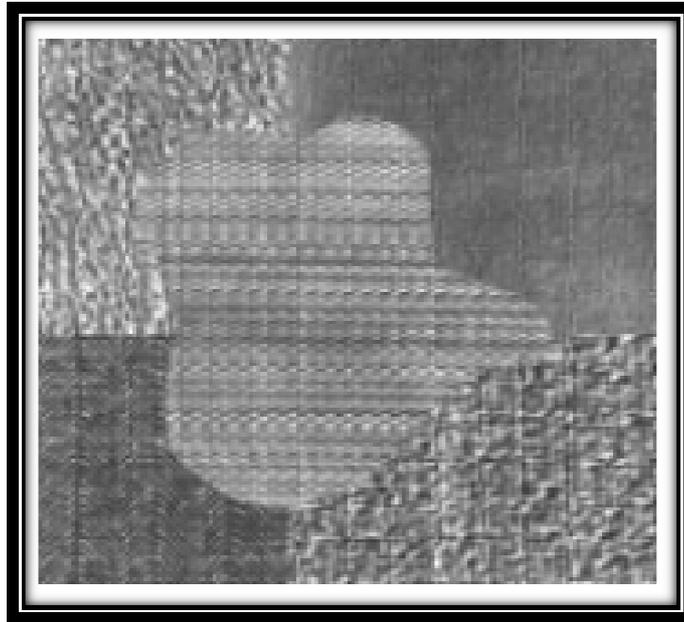
Puis, d'autres plus précises, telle que : une texture est une structure spatiale constituée par l'organisation de primitives (ou motifs de base) ayant chacune un aspect aléatoire.

Ou bien encore, cette définition qui considère une texture comme un phénomène à deux dimensions :

- la première concerne la description d'éléments de base ou primitives, à partir desquels est formée la texture.
- la deuxième est relative à la description des relations spatiales entre ces primitives.

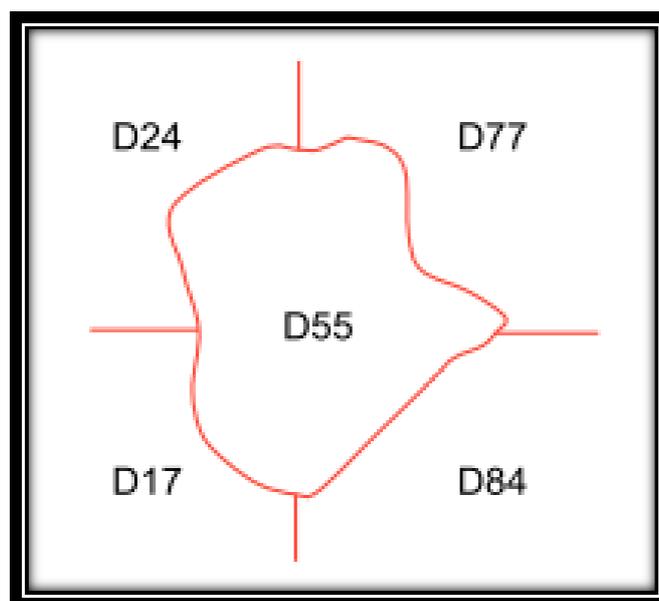
Bref, la texture est une région de l'image, pour laquelle nous pouvons définir une fenêtre de dimension minimale, comme une observation par celui-ci est traduite par une perception identique pour toutes les traductions possibles de cette fenêtre à l'intérieur de la région considérée (appelé primitif).

La reconnaissance des différentes régions d'une image est une application immédiate de l'analyse de texture. Par exemple, dans la figure.3.1. , on peut reconnaître cinq textures différentes et les identifier comme de la toile de coton, une natte de paille, du raphia, un tissage en chevron et du cuir [116].



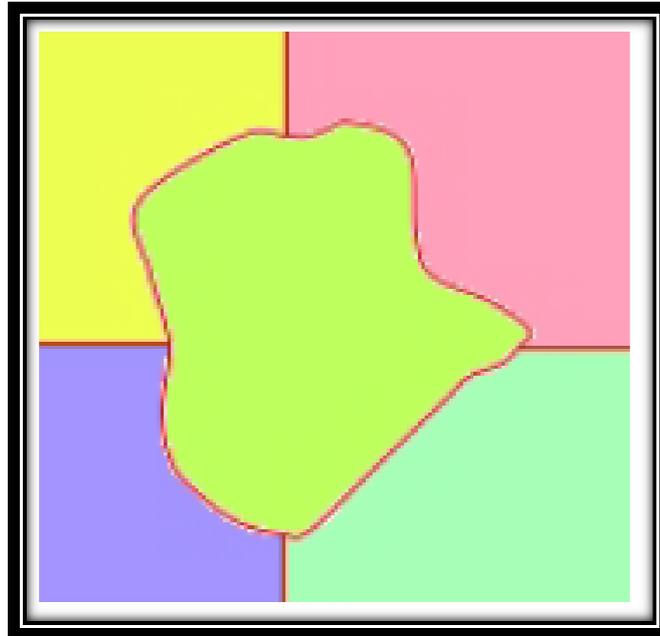
**Figure.3.1.** Image composée de cinq régions texturées

La texture est ici l'information la plus importante qui permet d'identifier ces types de régions homogènes. Ceci est appelé la classification. Le but de la classification est donc de créer une carte de l'image identifiant chaque région de texture uniforme à la classe de texture à laquelle elle appartient (voir figure.3.2.).



**Figure.3.2.** Classification étiquette chaque région dans une catégorie de texture

Une seconde démarche consiste à trouver les frontières des régions de l'image (figure.3.1.), sans pour autant être capable d'identifier les textures présentant dans l'image. Ce second type de problème est appelé la segmentation. Le but de la segmentation est d'obtenir une carte des frontières (voir figure.3.3.).



**Figure.3.3.** Segmentation sépare les régions de textures différentes

### 3.3. Classification par analyse texturale : état de l'art

La texture existe dans les images en général et particulièrement dans les images médicales microscopiques (cellules sanguines), joue un rôle important en analyse d'images non seulement dans les applications de segmentation mais aussi de classification et de caractérisation. Bien qu'elle ait intéressé de nombreux chercheurs, et que de nombreux travaux aient été publiés ces dernières années, elle reste, encore pas totalement exploitée,

La Classification des images de cellules cancéreuses est basée sur deux techniques : les paramètres d'Haralick par l'analyse texturale et les paramètres de morphologies, ses derniers sont extraits à partir d'images multispectrales le cas des cellules sanguines.

Les caractéristiques de texture basée sur la matrice de cooccurrence au niveau de gris (GLCM) est l'une des techniques les plus couramment utilisées pour l'analyse texturale. Il s'agit d'une estimation des propriétés de l'image liées au deuxième ordre statistique présenté par Haralick [4-6].

De nombreuses techniques d'analyse de texture sont développées, dans le domaine médical pour l'identification de globules blancs ou la caractérisation des tissus se basant sur le GLCM et ces indices :

Les premières études par G. H. Landeweerd, et E. S. Gelsema [117] ont présenté une analyse texturale pour classification automatique des paramètres de texture dans les globules blancs (leucocyte).

A. N. Esgiar, et al. ont montré que l'entropie de la texture caractéristiques extraites de grey level cooccurrence matrices GLCM était capable de faire la distinction entre les tissus normaux et cancéreux [118].

M. Pandit, et H. Hengen [119] ont présenté une approche basée sur la texture pour l'analyse d'images du sang.

Les auteurs ont utilisé les matrices de cooccurrence pour développer une approche de segmentation d'image basée sur la préservation de la frontière dans une texture d'image [120].

D. Mayumi, et all [121] ont réalisé des travaux remarquables sur la segmentation, l'extraction des caractéristiques et la classification des leucocytes sur les images en niveaux de gris de la moelle osseuse par l'exploitation de la matrice de cooccurrence en niveau de gris GLCM.

A. Chaddad, et all [122] ont proposé une nouvelle approche visant à détecter et à classer les cellules du cancer à partir de la sélection des paramètres les plus exigeants pour les cellules cancéreuses, basée sur les paramètres d'Haralick pour classification GLCM de cellules cancéreuses d'images texturées.

L. Jiao, et all [123] ont proposé une méthode pour la détection automatique du cancer du côlon, en utilisant l'extraction de textures GLCM et machines à vecteurs de support (SVM) pour la classification. Cette méthode atteint une précision de 96.67 % à différencier les cellules cancéreuses et non cancéreuses.

M. L. Benomar et all [124] ont proposé une technique de segmentation des images microscopiques dans le but d'extraire les composantes des cellules sanguines (noyau, cytoplasme, globule rouge et plasma), ainsi les attributs d'Haralick extraits des matrices de cooccurrences sont utilisés pour caractériser les textures se présentant dans les images.

En effet, l'analyse texturale [125] des bio-images est un outil puissant d'aide à la recherche et au diagnostic [126] tout en fournissant une analyse précise et reproductible par rapport à l'analyse morphologique des cellules telles que l'analyse des caractéristiques

de forme. Habituellement, il existe de nombreuses méthodes pour extraire les caractéristiques de texture dans une image où une analyse de texture peut être effectuée selon des approches statistiques ou structurelles [127-131]. D'une part, les méthodes statistiques qui consistent à étudier les relations entre chaque pixel et ses voisins. Ces méthodes sont adaptées à l'étude des structures fines sans régularité apparente, et d'autre part des méthodes structurelles basées sur la description des primitives de la texture et leur disposition.

### 3.4. La matrice de cooccurrence au niveau de gris (GLCM)

Cet outil statistique, introduit par Haralick en 1973 [4], est intéressant car il mesure la distribution des niveaux de gris dans l'image tout en prenant en compte les interactions spatiales entre les pixels, le GLCM, également connu sous le nom de matrice de dépendance spatiale de niveau de gris. Les fonctions GLCM caractérisent la texture d'une image en calculant la fréquence à laquelle des paires de pixels avec des valeurs spécifiques et dans une relation spatiale spécifiée apparaissent dans une image, créant un GLCM, puis extrayant des mesures statistiques de cette matrice. Contrairement aux fonctions de filtre de texture, les paramètres GLCM décrits dans l'analyse de texture ne peuvent pas fournir d'informations sur la forme, c'est-à-dire les relations spatiales des pixels dans une image.

La matrice de cooccurrence au niveau de gris est une matrice carrée de taille  $N$  où  $N$  représente le niveau de gris de l'image. GLCM représente les probabilités  $P_{d(i,j)}$  de transition d'un pixel d'une intensité de gris à un pixel d'une intensité de gris  $j$  séparée par un vecteur de déplacement défini par la direction  $r$  et une distance  $d$ . Les valeurs actuelles utilisées sont:  $r = \{0; 45^0; 90^0; 135^0\}$  et  $d = \{1, 2, 3, 4\}$ . Cette approche est devenue la plus connue et la plus utilisée pour extraire des caractéristiques de textures, elle est basée sur l'occurrence répétée d'une certaine configuration de niveau de gris dans la texture qui varie rapidement avec la distance dans les textures fines et lentement dans les textures larges. Un GLCM est défini comme suit:

$$P_{d(i,j)} = |\{(r, s), (t, v) : I(r, s) = i, I(t, v) = j\}| \quad (3.1)$$

Où:

- $(r, s), (t, v)$  sont des coordonnées de l'image avec  $(t, v) = (r + dx, s + dy)$

- $d$  est un vecteur de distance  $(dx, dy)$ .
- $| \cdot |$  désigne le cardinal de l'ensemble.

La matrice de cooccurrence au niveau de gris GLCM contiennent beaucoup d'éléments (elles sont de taille  $256 \times 256$  éléments pour une image sur 256 niveaux de gris) et sont donc difficilement manipulables. Il est à noter d'ailleurs que, dans la partie expérimentale suivante (chapitre 4), les images sont souvent altérées afin de ne considérer qu'une partie des niveaux de gris (8,16, 32...). Pour pouvoir analyser le résultat de ces matrices, des paramètres ont été calculés, permettant de caractériser la texture à un niveau spatial.

### 3.4.1. Extraction des caractéristiques de textures

Les caractéristiques d'une image sont définie en fonction d'une ou de plusieurs mesures, chacune d'elles spécifiant une propriété quantifiable d'un objet ou région détectée après segmentation, et calculée de manière à quantifier certaines caractéristiques significatives de notre zone pertinente. Toutes les fonctionnalités peuvent être grossièrement classées en fonctionnalités de bas niveau et en fonctionnalités de haut niveau. Les caractéristiques de bas niveau peuvent être extraites directement des images originales, tandis que l'extraction de caractéristiques de haut niveau doit être basée sur des caractéristiques de bas niveau. La texture est une propriété de surface. Elle est caractérisée par la distribution spatiale des niveaux de gris dans une région. Puisque la texture présente ses caractéristiques à la fois par les coordonnées des pixels et les valeurs des pixels, de nombreuses approches sont utilisées pour la classification des textures. La texture de l'image dépend de l'échelle ou de la résolution à laquelle elle est affichée. Une texture avec des caractéristiques spécifiques à une échelle suffisamment petite peut devenir une texture uniforme si elle est affichée à plus grande échelle.

La matrice de cooccurrence au niveau de gris (GLCM) semble être une technique statistique bien connue pour l'extraction de caractéristiques. Le GLCM est une tabulation de la fréquence à laquelle différentes combinaisons de niveaux de gris peuvent apparaître dans une image. L'objectif est d'affecter une image échantillon inconnue à l'un des ensembles de classes de texture connus. Les caractéristiques de texture peuvent être des nombres scalaires, des histogrammes discrets ou des distributions empiriques. Ils

caractérisent les propriétés de texture des images, telles que la structure spatiale, le contraste, la rugosité, l'orientation, etc. et ont une certaine corrélation avec la sortie désirée.

Dans la reconnaissance de formes et le traitement d'images, l'extraction de caractéristiques est une forme particulière de réduction de la dimensionnalité. Lorsque les données d'entrée d'un algorithme sont trop volumineuses pour être traitées et qu'il est suspecté d'être notoirement redondant, les données d'entrée seront transformées en un ensemble de caractéristiques à représentation réduite. La transformation des données d'entrée en un ensemble de caractéristiques est appelée extraction de caractéristiques. Si les caractéristiques extraites sont choisies avec soin, on s'attend à ce que l'ensemble de caractéristiques extrait les informations pertinentes des données d'entrée afin d'effectuer la tâche souhaitée en utilisant la représentation réduite au lieu de l'entrée en taille réelle. Les fonctions contiennent souvent des informations relatives à la nuance de gris, à la texture, à la forme ou au contexte. Pour classer un objet dans une image, il faut d'abord en extraire les caractéristiques hors de l'image.

#### 3.4.1.1. Paramètres d'Haralick basées sur le GLCM

La matrice de cooccurrence contient une masse très importante d'informations qui sont donc difficilement manipulables, de ce fait, quatorze paramètres (définis par Haralick) [4] correspondant à des caractères descriptifs des textures peuvent être calculés à partir de ces matrices. Les quatorze paramètres d'Haralick ont été utilisés pour extraire des informations de texture utiles à partir de la matrice de cooccurrence. Le calcul des paramètres d'Haralick est une étape importante pour le diagnostic automatique du cancer du sang (leucémie) en utilisant des images multispectrales. GLCM est l'un des outils les plus connus pour l'analyse de texture, estime les propriétés d'image liées aux statistiques de second ordre. Ces propriétés d'image communément appelées caractéristiques de texture d'Haralick [4], peuvent être utilisées pour la classification des images, la segmentation d'image et les applications de télédétection. Cependant, leurs calculs sont très intensifs en particulier après l'introduction des images multispectrales [132-137] comme le cas de nos images médicales microscopiques.

Nous présentons les indices d'Haralick de texture extraits à partir de la matrice de cooccurrences au niveau de gris GLCM. Ces attributs sont les suivants :

1) **L'énergie:** ou second moment angulaire mesure l'uniformité de la texture. Elle atteint de fortes valeurs lorsque la distribution des niveaux de gris est constante ou de forme

périodique. Le déplacement correspond alors à la période. Ce paramètre est calculé comme suit:

$$f_1 = \sum_i \sum_j (Pd(i, j))^2 \quad (3.2)$$

**2) Le contraste:** est d'autant plus élevé qu'il y a des passages d'un pixel très clair à un pixel très foncé dans l'image (notion usuelle de contraste). Il est fortement non-corrélé à l'énergie. Ce paramètre est spécifié par l'équation suivante:

$$f_2 = \sum_i \sum_j ((i - j)^2 Pd(i, j)) \quad (3.3)$$

**3) L'entropie:** mesure le désordre dans l'image. Elle atteint de fortes valeurs pour une texture aléatoire. Elle est fortement corrélée (à l'inverse) à l'énergie. Ce coefficient est défini par l'expression suivante:

$$f_3 = - \sum_i \sum_j (\log(Pd(i, j)) Pd(i, j)) \quad (3.4)$$

**4) La corrélation:** mesure la dépendance linéaire (relativement à d) des niveaux de gris dans l'image. Elle n'est corrélée ni à l'énergie, ni à l'entropie. Ce paramètre est spécifié par l'équation suivante:

$$f_4 = \sum_{i,j=1}^N Pd(i, j) \left[ \frac{(i - m_i)(j - m_j)}{\sqrt{\sigma_i^2 \sigma_j^2}} \right] \quad (3.5)$$

Avec :

$$\begin{cases} m_i = \sum_{i,j=1}^N i(P_d(i, j)) \\ m_j = \sum_{i,j=1}^N j(P_d(i, j)) \end{cases} \quad (3.6)$$

Et :

$$\begin{cases} \sigma_i^2 = \sum_{i=1}^N P_d(i, j)(i - m_i)^2 \\ \sigma_j^2 = \sum_{i, j=1}^N P_d(i, j)(j - m_j)^2 \end{cases} \quad (3.7)$$

**5) Homogénéité :** traduit le fait que l'on rencontre souvent ou non le même couple de pixels séparé par la translation. Elle est élevée si l'image est un niveau de gris uniforme ou quand l'image a un motif de période suivant une direction.

$$f_5 = \sum_i \sum_j \frac{Pd(i, j)}{1 + (i - j)^2} \quad (3.8)$$

**6) Variance :** La variance mesure la répartition des niveaux de gris autour de la valeur moyenne. Plus ce paramètre est élevé et plus importants sont les écarts entre les valeurs et la moyenne. Nous présentons la variance par cette expression :

$$f_6 = \frac{1}{N^2} \sum_i \sum_j (Pd(i, j) - \mu)^2 \quad (3.9)$$

Où  $\mu$  est la moyenne de tous les coefficients de la matrice  $Pd(i, j)$ .

**7) Variance des sommes :**

$$f_7 = - \sum_{l=0}^{2(N-1)} (l - f_8)^2 Pd(l) \quad (3.10)$$

**8) Entropie des sommes :**

$$f_8 = - \sum_{l=0}^{2(N-1)} Pd(l) \log \{Pd(l)\} \quad (3.11)$$

**9) Moment différentiel inverse :** Ce paramètre a un comportement inverse de celui du contraste. En effet, plus la texture possède de régions homogènes et plus le moment différentiel inverse est élevé.

$$f_9 = \sum_{i=0}^{N-1} \sum_{j=0}^{N-1} \frac{1}{1 + (i - j)^2} Pd(i, j) \quad (3.12)$$

**10) Variance des différences :**

$$f_{10} = \sum_{l=0}^{N-1} (l - f_{11})^2 Pd(l) \quad (3.13)$$

Où :

$$Pd(l) = \sum_{i=0}^{N-1} \sum_{j=0}^{N-1} Pd(i, j) \quad (3.14)$$

Et :  $|i - j| = l$  tel que:  $l = 0, 1, \dots, (N - 1)$

**11) Entropie des différences :**

$$f_{11} = - \sum_{l=0}^{N-1} Pd(l) \log \{Pd(l)\} \quad (3.15)$$

**12) Information sur la corrélation :**

$$f_{12} = (1 - \exp[-0.2(HXY - f_3)])^{\frac{1}{2}} \quad (3.16)$$

Où :

$$HXY = - \sum_{i=0}^{N-1} \sum_{j=0}^{N-1} Pd(i) Pd(j) \log\{Pd(i) Pd(j)\} \quad (3.17)$$

**13) Moyenne des sommes:** représentée par les équations suivantes :

$$f_{11} = \sum_{l=0}^{2(N-1)} l.Pd(l) \quad (3.18)$$

Où :

$$Pd(l) = \sum_{i=0}^{N-1} \sum_{j=0}^{N-1} Pd(i, j) \quad (3.19)$$

Et :  $l = 0, 1, \dots, 2(N - 1)$

**14) Coefficient de corrélation maximal :**

$$f_{14} = (1^{\text{ère}} \text{ plus grande valeur propre de } Q)^{\frac{1}{2}}$$

Où :

$$Q(i, j) = \sum_{k=0}^{N-1} \frac{Pd(i, k) Pd(j, k)}{Pd(i) Pd(k)} \quad (3.20)$$

Tous ces attributs sont définis pour une valeur de déplacement  $d$ , le choix de ce paramètre est très important, quant à l'obtention d'un résultat de qualité. Pour chaque pixel nous définissons un vecteur d'attribut  $V_i$  (énergie, entropie...).

Étant donné que nous avons 14 paramètres d'Haralick pour chaque matrice de cooccurrences au niveau de gris GLCM, nous disposons de 112 attributs de texture pour le choix de 8 matrice par exemple ( $14 \times 8$ ), et ce, pour chaque niveau de gris. Le nombre

total d'attributs étant très important, il convient d'effectuer une sélection d'attributs afin de réduire la taille de l'image traitée par la représentation des attributs les plus pertinents sur le résultat des travaux déjà traités dans la littérature [4-6] et [117-124].

### **3.5. Conclusion**

Tout au cours de ce chapitre, nous avons vu une description théorique concernant la classification par analyse texturale avec un état d'art bien détaillé durant les quarantaines d'années précédentes, puis nous avons exposé. L'objectif de ces travaux qui caractérisent les textures présentes dans des images multispectrales en utilisant les attributs d'Haralick extraits de la matrice de cooccurrence au niveau de gris GLCM. Il s'agit en particulier de calculs automatiques.

Cette étude théorique des travaux des chercheurs nous permet à sélectionner les indices de texture les mieux adaptés à la classification des images par l'analyse de textures. Les attributs de texture retenus pour ce projet sont les matrices de cooccurrences et plus précisément les indices d'Haralick extraits de ces matrices qui sont l'énergie, le contraste, l'entropie, la corrélation et l'homogénéité.

Les résultats obtenus par application du GLCM seront abordés dans le chapitre suivant où nous démontrons la possibilité d'effectuer une détection et une classification automatique efficace à partir de l'extraction de **seulement cinq paramètres d'Haralick** [125-131]. Dans l'implémenterons de la partie expérimentale, nous présenterons une mise en œuvre des algorithmes développés (segmentation et classification) sur un outil logiciel destiné à l'aide au diagnostic biomédical pour la détection des cellules sanguines anormales.

# Chapitre

# 4

*Résultats expérimentaux et discussions*

## 4.1. Introduction

Notre théorie a décrit les notions fondamentales liées à notre sujet de recherche, à savoir la segmentation, la caractérisation et la classification par analyse texturale, le quatrième chapitre présente les tests pratiques et les résultats expérimentaux du travail fourni après l'implémentation de nos algorithmes proposés sur l'ensemble des bases d'images (voir annexe A et B). Ce chapitre est consacré pour montrer la mise en œuvre de notre traitement algorithmique à savoir le développement et la modification de l'approche k-means pour segmenter d'une part, compter et classifier d'une autre part. Ainsi l'exploitation de la matrice de cooccurrence au niveau de gris et ses indices est faite dans le but de désigner les cellules anormales présentes dans le sang plus exacte dans les globules blancs (leucocytes), également une comparaison d'évolution seulement avec cinq attributs d'Haralick (énergie, contraste, entropie, corrélation et homogénéité) pour identifier les régions cancéreuses par la leucémie. Notre but est la réalisation d'un système flexible et fiable qui segmente et classifie les images sanguines d'une manière automatique sans intervention ou connaissances préalables, pour l'aide au diagnostic biomédical (surtout dans le domaine de l'hématologie pathologique). Nous commençons par la description des bases utilisées, le choix de l'environnement de programmation ainsi que les étapes fondamentales de la conception et l'implémentation de nos algorithmes améliorés. Afin de mettre en valeur, ou de mieux expliquer, les aspects importants de notre méthodologie, différents résultats expérimentaux seront illustrés. Nous présentons également une comparaison avec d'autres travaux dans la littérature, ainsi une comparaison pour la classification par analyse texturale sera montré entre une cellule sanguine saine et autre cancéreuse pour suivre la progression de la leucémie.

## 4.2. Environnement de programmation

Pour que notre travail atteint l'objectif qu'on visait, on a pris l'initiative d'exploiter et d'implémenter notre méthodologie proposée à l'aide du langage de programmation MATLAB R2012a sur un PC caractérisé par :

- Système d'exploitation 64 bit sur la version Windows 7 édition intégrale.
- Processeur Pentium(R) Dual-Core CPU avec 2.20 GHz.
- Mémoire installée (RAM) de 4.00 G<sub>o</sub>.

Ce choix se traduit par l'efficacité de cet environnement grâce à ses techniques de simulation numériques et sa simplicité de programmation, en ce qui concerne la

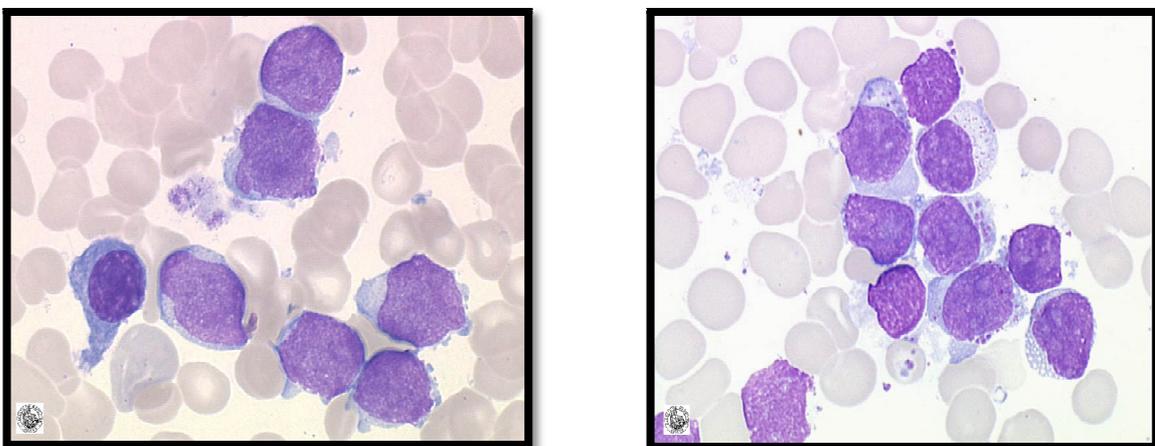
configuration de notre PC nous permet d'effectuer l'ensemble des tests avec différentes approches et sur une large gamme d'images sans aucune difficulté.

### 4.3. Description des bases d'images

Afin de valider notre traitement algorithmique et de prouver son efficacité sur des données présentant un grand nombre d'images, nous avons procédé à différentes expérimentations. Les tests réalisés ici portent sur une large variété d'images qui représente différentes cellules sanguines (saine et leucémiques). Nous avons utilisé deux bases de données contenant des banques d'images, provenant de la bases de l'université d'Angers en France, faculté de médecine [voir annexe A] ainsi qu'une base supplémentaire de l'université de Milano en Italie [voir annexe B]. Dans un premier temps nous allons décrire chacune des bases de données que nous avons utilisée, puis nous procéderons à une étude détaillée des performances de notre algorithme k-means développé et aussi l'outil GLCM sur ces bases d'images.

#### 4.3.1. Base d'images Hematocell

Cette base provient du service d'hématologie de l'hôpital du CHU, Angers, France. La base de données est publique, contient une banque d'images présente une centaine de frottis sanguin qui sont préparés (voir pp. 28). Hematocell a été construite à partir d'images réelles qui fournissent des informations qualitatives et quantitatives importantes concernant la présence d'une pathologie hématologique (précisément cancer du sang) [138-139]. La caméra de microscope optique permet de capter, en bonne qualité, des images de ces cellules sanguines sur des lames de verre, colorées par la technique May Grunwald Giemsa, afin d'obtenir des images couleur RVB de 24-bit comme il est montré dans la figure.4.1.

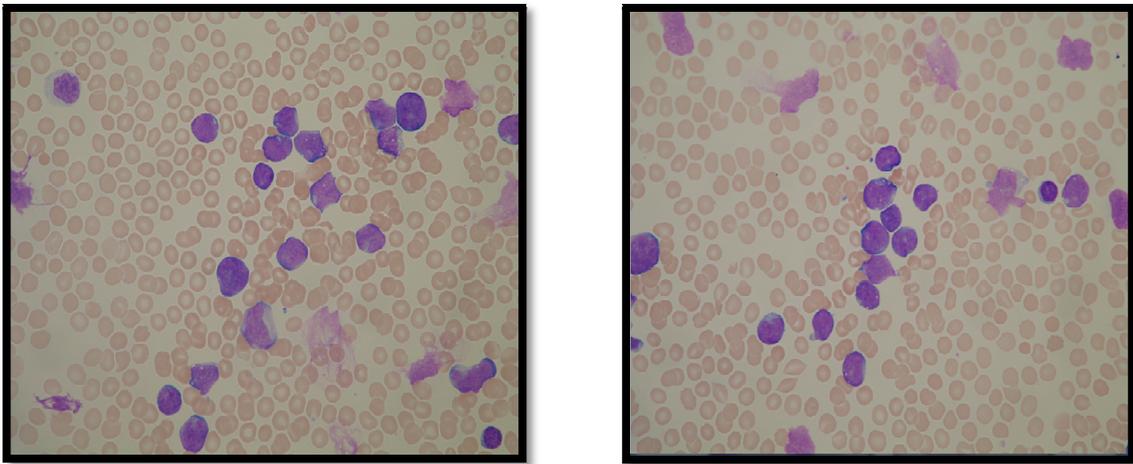


**Figure.4.1.** Bio-images (Images Médicales Microscopiques)

### 4.3.2. Base d'images ALL-IDB

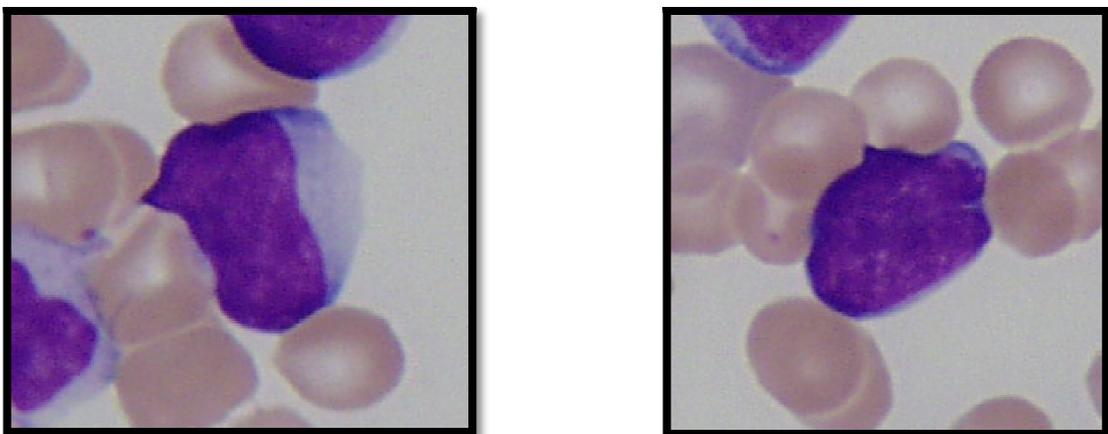
ALL-IDB est la base qu'on a adopté pour nos tests de segmentations et classification afin d'établir notre traitement algorithmique. Cette base n'est qu'un ensemble d'images des cellules sanguines fourni du centre de recherche de la leucémie, université de Milano en Italie. ALL-IDB est composé de deux versions : ALL-IDB<sub>1</sub> et ALL-IDB<sub>2</sub> :

- La première peut être utilisée pour tester les performances des algorithmes de segmentation, ainsi que de la classification et les systèmes de prétraitement des méthodes, elle est composée de 108 images prises à l'aide d'un microscope optique avec un appareil photo Canon PowerShot G5 [140]. Toutes les images sont au format JPEG avec 24-bit (voir figure.4.2.).



**Figure.4.2.** Exemple de bio-images (ALL-IDB<sub>1</sub>)

- La seconde contenant 260 images rassemble les cellules sanguines saines et les différents types de la leucémie, les images sont au format TIFF montrées dans la figure.4.3.



**Figure.4.3.** Exemple de bio-images (ALL-IDB<sub>2</sub>)

#### 4.4. Méthodologies

Cette section s'articule de la façon suivante : rappelons tout d'abord que ce travail de recherche est focalisé principalement sur la segmentation et la classification de bio-images couleur ainsi le comptage des cellules sanguines anormales détectées. On a utilisé un algorithme qui améliore et développe k-means. Puis nous étudierons l'analyse texturale à l'aide de la matrice de cooccurrence au niveau de gris GLCM pour extraire seulement cinq paramètres d'Haralick, en suite nous comparerons les résultats obtenus entre deux cellules saine et leucémique dans le but d'aider les médecins spécialistes (hématologues) à connaître l'évolution de la leucémie.

##### 4.4.1. La méthode de segmentation et classification développée

L'évolution des soins de santé électronique actuellement dépend des développements algorithmiques dans les systèmes d'aide au diagnostic biomédical, ces derniers ont une influence importante sur e-santé. Notre système proposé a élaboré des algorithmes de traitement d'images médicales, telle que la morphologie mathématique [141-144] et l'approche k-means [145-148]: pour permettre aux cliniciens de disposer de toutes les informations nécessaires pour établir un diagnostic rapide et précis. Il invente des résultats optimisés pour le patient permettant par exemple de guider et sécuriser le clinicien dans son acte pour gagner en précision et réduire le taux de reprise.

La construction de notre méthode développée fondée essentiellement sur les différents opérateurs morphologiques ainsi que l'algorithme k-means. Notre système proposé respecte les exigences liées aux hématologistes dans le but d'aide au e-santé, en commençant par le prétraitement suivi d'une segmentation des cellules sanguines anormales puis leurs classifications, ainsi l'extraction des attributs de forme tel que (le centre de gravité, la surface, et le périmètre) pour caractériser les régions cancéreuses segmentées.

Dans cette partie, nous montrons le schéma bloc (voir figure.4.4.) de la méthode proposée par la mise en œuvre de l'approche k-means et l'utilisation des principaux éléments de la morphologie mathématique, puis nous détaillons les phases du système.

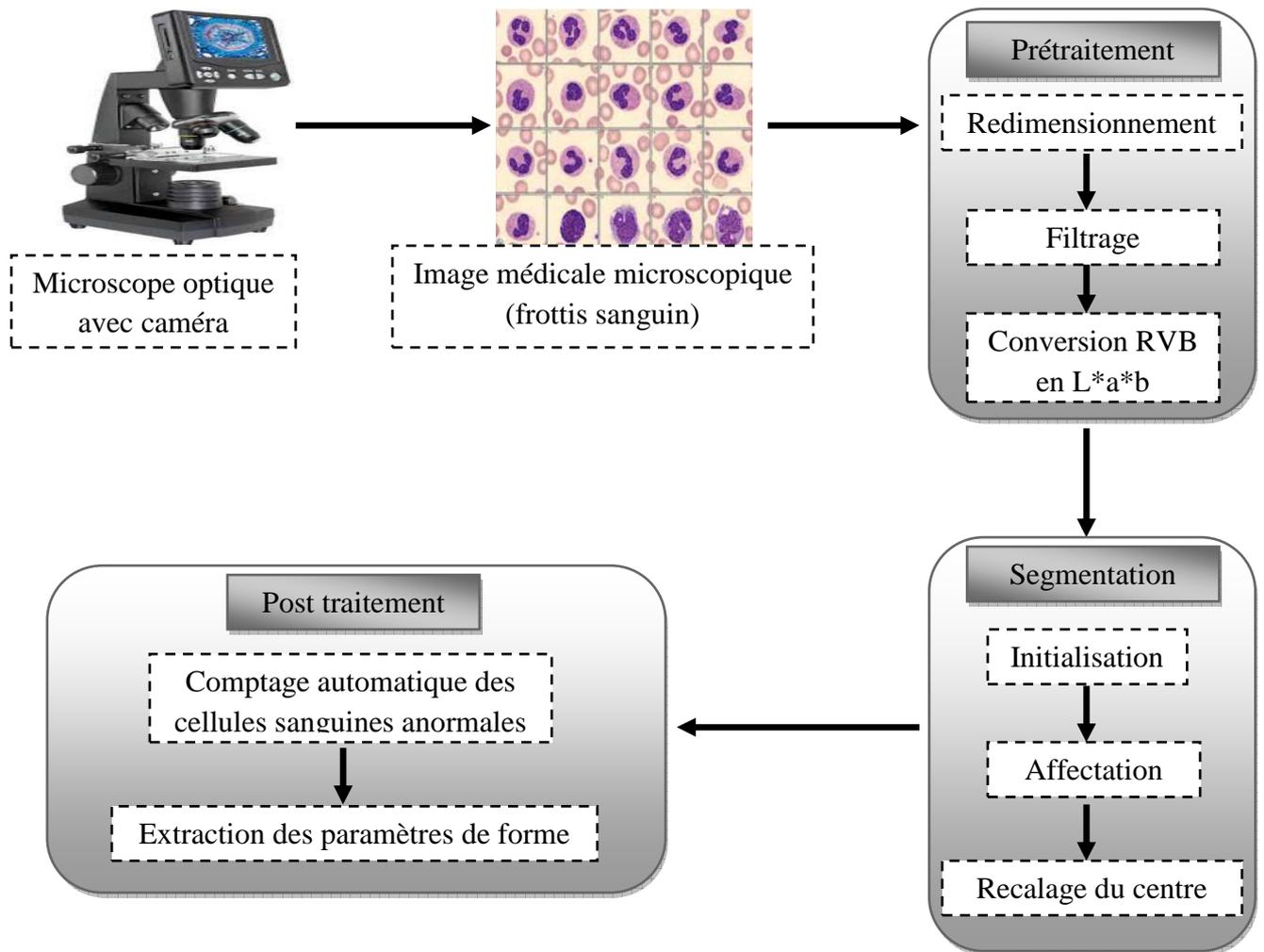


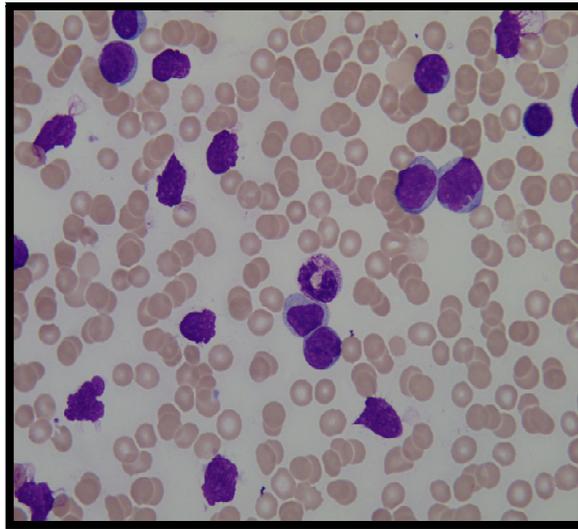
Figure.4.4. Schéma bloc du système proposé

Le système que nous avons développé contient quatre phases essentielles: l'acquisition de bio-images, le prétraitement, la segmentation, le comptage des cellules anormales puis l'extraction des caractéristiques des régions par classification. Chaque phase de ce système sera détaillée séparément ci-dessous :

#### 4.4.1.1. Phase d'acquisition

Le résultat de cette étape est un ensemble d'images médicales microscopiques qui représente frottis sanguin (voir le détail dans le chapitre 1). Signalons que les étapes en aval de l'acquisition de bio-images dépendent largement de la caméra du microscope.

Nous allons travailler sur des images procurées de deux sources (voir annexe A et B), Ces images en couleur RVB de type JPEG et TIFF. Figure.4.5. illustre une de nos images de test, qu'on va montrer leur traitement par la suite.



**Figure.4.5.** Image de test initiale

#### **4.4.1.2. Phase de prétraitement**

Lors de l'acquisition, des conditions extérieures peuvent intervenir pour nuire la qualité de l'image acquise. Les conditions d'éclairage, le taux des signaux parasites, la nature de l'atmosphère (poussière, humidité, ...), la résolution d'échantillonnage du microscope optique, le calibrage des caméras. Certaines bio-images obtenues par le microscope optique, sont de mauvaise qualité. Dans ces cas, on souhaite à extraire l'information la plus importante pour une analyse ultérieure. Dans d'autres cas, on souhaite altérer l'image pour rendre certains effets et mettre en valeur des zones de l'image. Alors dans ce cas, la phase de prétraitement se fait en trois étapes suivantes :

##### **4.4.1.2.1. Etape de redimensionnement**

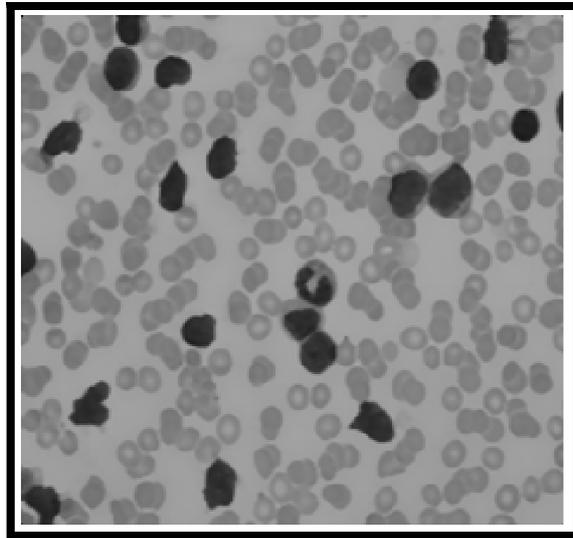
Le but de cette étape est de rendre toutes les images à traiter à une taille identique  $256 * 256$  pour quelle soit facile à manipuler par notre système proposé.

##### **4.4.1.2.2. Etape de filtrage :**

Le filtrage est nécessaire pour améliorer la qualité d'image, et pour une meilleure segmentation en suite, le lissage de l'image avec le filtre médian (est un type de filtres passe-bas dont le principe est de faire la médiane des valeurs des pixels avoisinants) pour la réduction du bruit et les détails et les textures non désirés.

On constate que le filtre médian présente une meilleure fidélité à l'image initiale. Ce filtre donne d'excellents résultats sur le bruit "poivre et sel". De plus, il préserve bien les

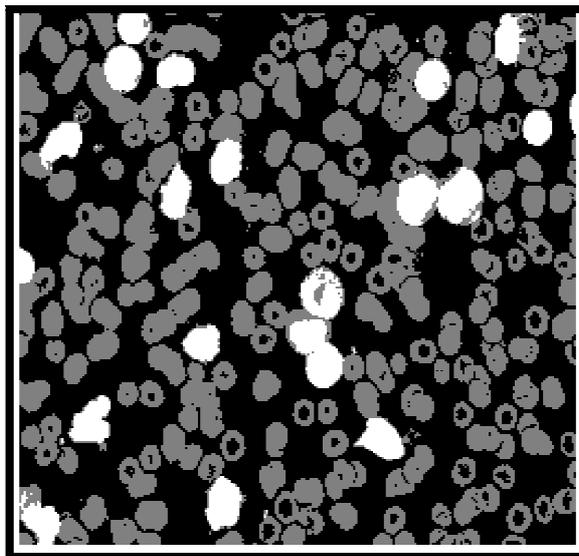
contours de nos objets qui représentent des cellules sanguines anormales. Figure.4.6. illustre le résultat après redimensionnement et filtrage.



**Figure.4.6.** Image redimensionnée et filtrée

#### 4.4.1.2.3. Conversion RVB en L\*a\*b

Quant on fait appel à l'image redimensionnée et filtrée, nous distinguons trois couleurs (blanc, bleu et rose) à cause de l'effet de la colorisation MGG. Nous passons de l'espace couleur de nos images originales RVB à l'espace couleur L\*a\*b pour faciliter la visualisation des couleurs l'un de l'autre. L'espace de luminance-chrominance L\*a\*b (voir description chapitre 2) nous permet de quantifier ces différences visuelles pour appliquer une segmentation aisée, et confortable par la suite.



**Figure.4.7.** Conversion de l'espace couleur RVB en espace couleur L\*a\*b

### 4.4.1.3. Phase de segmentation

C'est la phase la plus délicate dans le processus de reconstruction. Les performances globales du système en dépendent largement. La segmentation est un processus visant à décomposer la séquence d'images en un ensemble de régions - ou classes - homogènes au sens d'un ou plusieurs critères. Son rôle dans le processus de reconstruction est de localiser le volume d'intérêt au sein de l'ensemble des coupes. Autrement dit, l'ensemble des pixels représentant le même type de la cellule, dans une coupe donnée, seront regroupés pour constituer une seule région; ce qui apporte un intérêt majeur au praticien. Classiquement, on peut définir la segmentation comme étant une partition de l'image  $I$  en un nombre  $Z$  de sous-ensembles, appelés régions, homogènes dans le sens d'un ou plusieurs critères, le niveau de gris ou des propriétés de textures, tels que :

- La segmentation doit être complète. (C'est-à-dire, chaque pixel doit être affecté à une classe).
- Les pixels appartenant à la même région doivent être connectés.
- Les régions doivent être disjointes.

Ces trois conditions peuvent être exprimées mathématiquement comme suit:

$$I = \bigcup_i^n R_i \quad (4.1)$$

$$\forall i, j ; i \neq j R_i \cap R_j = \emptyset \quad (4.2)$$

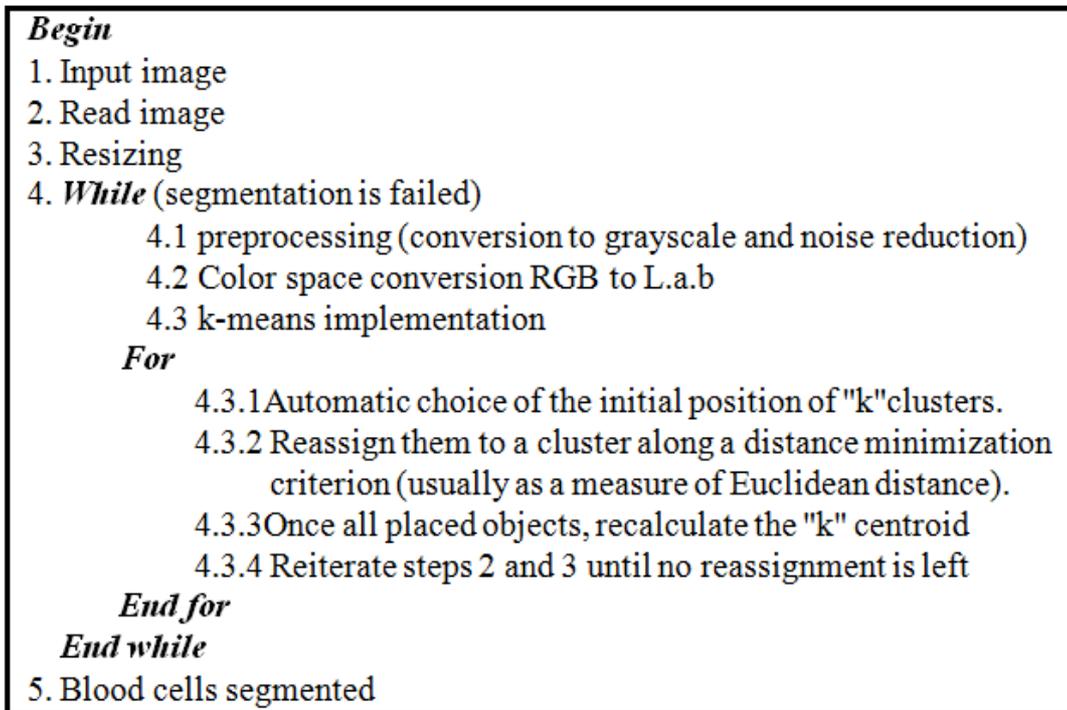
$$R_i \neq \emptyset, \forall i = 1 \dots z \quad (4.3)$$

Dans notre contexte médical, les régions correspondent aux différentes structures cytologiques sanguines constituant les différentes régions d'intérêt. La détermination automatique du nombre de régions (cluster) est une vraie problématique [149-151].

Souvent, la valeur  $Z$  est supposée être connue comme étant une information à priori sur les structures anatomiques en investigation (Ces valeurs sont arbitraires et elles peuvent évidemment être modifiées. Cependant, nous avons constaté, par l'expérience qu'elles permettaient d'obtenir de bons résultats (Un état de l'art complet sur les différentes méthodes de segmentation des images médicales peut être trouvé dans des travaux de [152])).

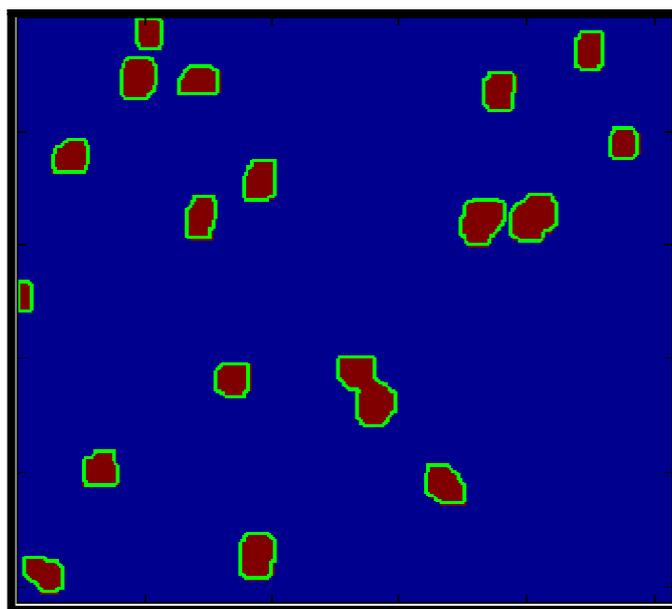
La phase de la segmentation est le cœur de notre système proposé, qui consiste à intégrer des modifications à l'approche k-means d'après les conditions citées ci-dessus pour

pouvoir améliorer le résultat et développer le système, cependant l'algorithme modifié [153] est illustré ci-dessous :



**Figure.4.8.** Algorithme développé de k-means [153]

Nous remarquons que les images segmentées après un prétraitement nous donnent deux classes. En effet, il suffit de créer un cluster pour le fond et un cluster pour les autres objets. Le nombre de clusters le plus logique dans ce cas est donc  $k = 2$ . Ceci se confirme par les résultats obtenus (voir figure.4.9.)



**Figure.4.9.** Segmentation par notre méthode développée

Après l'implémentation de l'algorithme développé de k-means dans notre système, nous avons pu observer des meilleurs résultats de segmentation d'une manière automatique sans intervention manuelle où la segmentation appliquée aux images, nous donne une carte de régions homogènes où les pixels de chaque région portent une seule valeur caractérisant la région.

Nous concluons que notre nouvel algorithme donne une bonne détection des cellules sanguines anormales avec un pourcentage de 98% sur l'ensemble des images mais la répétition d'itération influence négativement sur le temps de calcul, notamment la détection cible toujours 2 clusters. Il apparaît tout à fait logique que cette valeur de  $k = 2$  soit la plus adéquate, puisque l'on constatera dans toutes les images testées, qu'il y a essentiellement deux objets: l'un représente le fond (plaquette et globule rouge) et l'autre représente les cellules sanguines anormales (région de la leucémie). De ce fait, nous avons exposé dans la figure.4.9. Les résultats obtenus par la phase de segmentation de notre système, qui montre que les images segmentées contiennent deux classes qui sont colorées selon l'appartenance fournies par l'algorithme k-means. Cette segmentation permet de trouver des classes (objet) correspondant à des régions homogènes et retirer toute région indésirable de l'image.

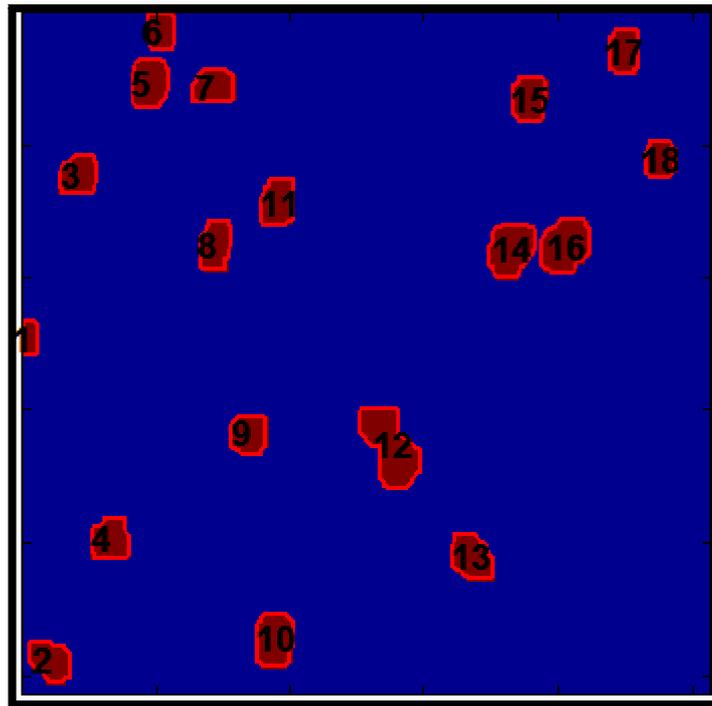
#### 4.4.1.4. Phase de post traitement

Dans le domaine biomédical, une bonne classification dépend essentiellement d'une bonne caractérisation [154-156]. L'hématologue est le bon classifieur des données (région cancéreuse par exemple). L'extraction des paramètres pertinents dans les zones cancéreuses permet à établir un bon diagnostic. Néanmoins, nous pouvons extraire des attributs à partir des approches mathématiques (opérateur morphologique) qui nous aident à faire la classification nécessaire pour ces cellules sanguines anormales.

##### 4.4.1.4.1. Comptage des cellules cancéreuses

Cette étape consiste à compter l'ensemble des cellules sanguines anormales détectées après la phase de segmentation, la réalisation de cette opération basée essentiellement sur un ensemble d'éléments de la morphologie mathématique.

Afin d'extraire les propriétés de chaque région cancéreuses dans nos image, il faut tout d'abord appliquer un étiquetage sur l'ensemble des zones détecté par segmentation, Ce qui nous intéresse ici est de numéroter les cellules sanguines anormales qui présentent la leucémie, le résultat est illustré sur la figure.4.10.



**Figure.4.10.** Comptage des cellules sanguines anormales (région leucémique)

La figure.4.10. Présente l'étiquetage de l'image segmentée pour faciliter la classification des attributs de forme. Cette étape aide les hématologues à établir un diagnostic et une intervention précise et efficace, région par région.

Après l'identification de régions cancéreuses, nous passons maintenant à utiliser un ensemble d'éléments de la morphologie mathématique [157], qui nous offre des opérateurs non linéaires comme l'érosion, dilatation, l'ouverture et la fermeture pour effectuer la suite de notre traitement algorithme du système proposé.

#### **4.4.1.4.2. Extraction des paramètres de forme**

L'extraction des paramètres de forme pour les régions segmentées a pour but d'extraire des informations pertinentes sur les zones cancéreuses qui représentent la leucémie. Ces informations sont sur la géométrie ou la forme de ces cellules. Le choix des attributs pour caractériser une région est un problème difficile qui demande toute l'expérience du traiteur d'images. Ce choix dépend de l'image à traiter et du problème à résoudre, cependant, nous avons choisi : le centre de gravité, la surface, et le périmètre comme des attributs pour caractériser les cellules sanguines anormales détectée. Ces paramètres (défini ci-dessous) permettront un aide au diagnostic biomédical performant pour préciser le stade d'évolution de la leucémie soit léger ou intermédiaire sinon avancée.

#### 4.4.1.4.2.1. Le centre de gravité

Le centre de gravité est un paramètre important pour l'identification des zones pathologiques car c'est à partir de ce dernier que se fera le calcul des autres paramètres géométriques.

On considère que l'image est un ensemble de points de coordonnées  $(x, y)$ , le centre de gravité est alors calculé comme étant la moyenne des coordonnées en  $x$ , et la moyenne en  $y$ . Cette définition est valable pour le calcul du centre de gravité de bio-images.

#### 4.4.1.4.2.2. La surface

La surface est une propriété importante pour déterminer la superficie de la région cancéreuse et pouvoir appliquer un traitement sur la zone d'une façon exacte et précise sans doute de toucher une cellule saine. Elle représente le nombre de pixels de la région.

#### 4.4.1.4.2.3. Le périmètre

Le périmètre est un caractère géométrique de forme qui permet de séparer la région cancéreuse d'une autre saine. La longueur de la frontière de la région ou le nombre de pixels formant cette frontière représente le périmètre de la cellule sanguine anormale détectée.

Pour le calcul des attributs de chaque région de bio-image, on recherche les valeurs des niveaux de gris de chaque pixel de la région obtenue par la segmentation dans l'image initiale. Avec ses attributs, chaque image est présentée comme une matrice de taille  $N \times M$ .

Où  $N$  : le nombre total des régions résultantes de l'image segmentée.

$M$  : le nombre des attributs qui caractérisent chaque région, avec l'ordre suivant (le centre de gravité, la surface, et le périmètre).

Le tableau.4.1 illustre le résultat d'un échantillon d'extraction des paramètres de forme calculé pour chaque cellule sanguine anormale détectée :

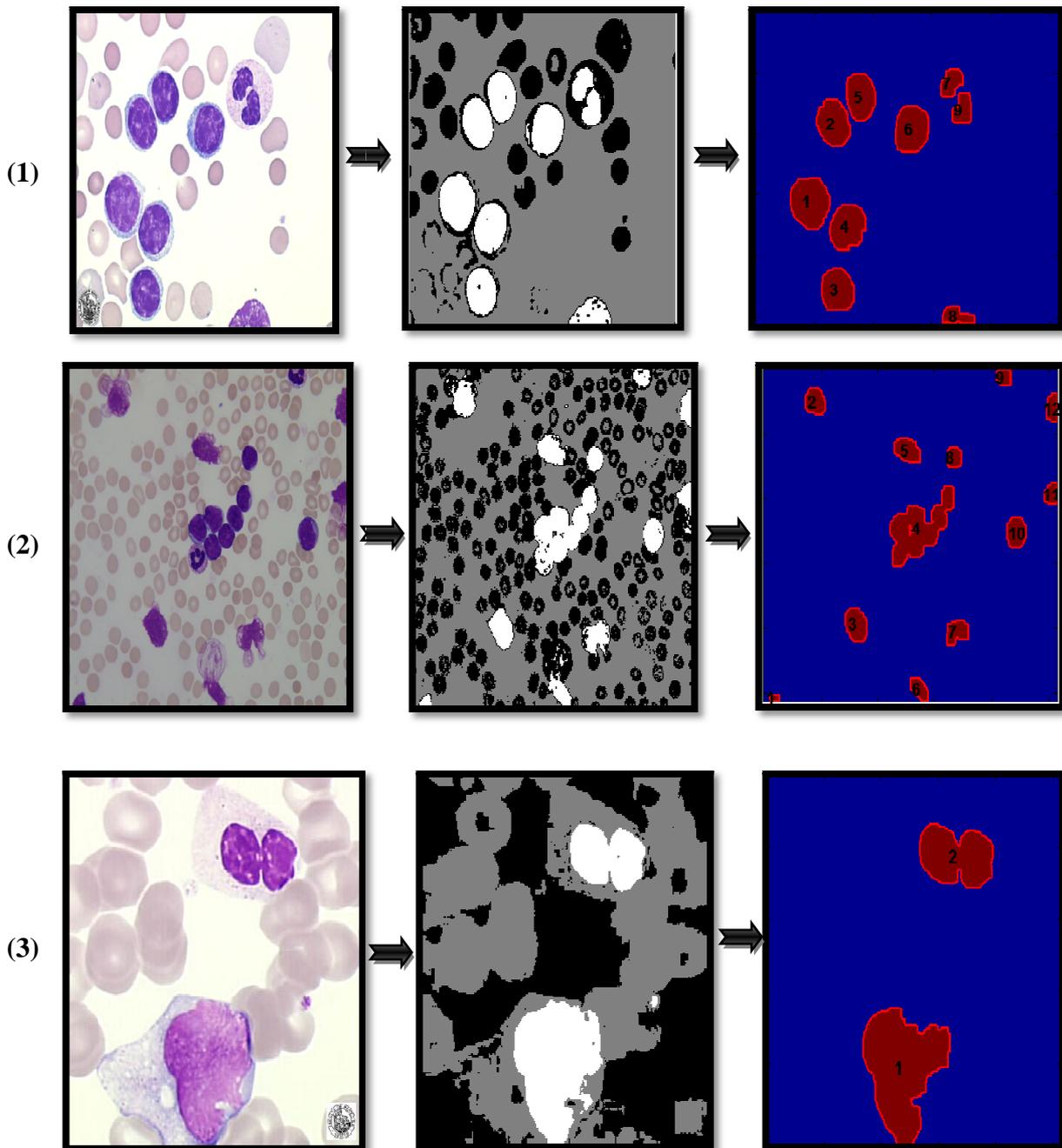
**Tableau.4.1.** Extraction des attributs de forme

Région	Centre de gravité		La surface	Le périmètre
	X	Y		
1	5.8	3.4	80.0	34.2
2	6.8	10.7	206.0	54.1
3	12.8	21.2	198.0	51.3
4	45.8	32.9	211.0	54.5
5	42.9	47.7	252.0	57.0
6	12.8	52.1	148.0	44.2
7	42.7	71.7	192.0	49.9
8	23.6	72.4	200.0	53.9
9	25.7	84.7	192.0	49.3
10	38.1	94.3	268.0	60.1
11	54.8	95.3	213.0	53.9
12	43.1	137.2	458.0	92.5
13	14.3	167.3	235.0	56.4
14	145.6	182.1	308.0	64.6
15	145.3	189.0	202.0	51.9
16	129.8	202.2	329.0	67.2
17	135.7	224.1	179.0	49.7
18	15.89	237.6	153.0	43.3

Le tableau.4.1. présente classification des caractéristiques géométrique pour chaque région des cellules sanguines anormales détectées précédemment, ses paramètres permettent d'identifier la géométrie des cellules cancéreuses et leurs forme afin de pouvoir aider les spécialiste hématologistes qui cherchent à identifier d'une façon correcte ces zones de conflits leucémique, notamment grâce à ses informations fournies par notre système proposé. Nous facilitons d'orienter les médecins intervenant pour bien suivre l'évolution de la leucémie et ne jamais toucher les autres régions saines par l'exploitation des chiffres exacts. Par conséquent, la coupe des zones cancéreuses identifier sera exacte et même si le patient a besoin d'une chimiothérapie qui sera effectué d'une manière correcte et précise sans toucher les cellules saines.

4.4.1.5. Evaluation de la méthode développée

Afin d'évaluer l'algorithme développé, des expériences ont été menées sur les deux bases d'images. Nous avons également appliqué notre système proposé sur la banque d'image pour montrer la fiabilité de la méthode développée et son efficacité de segmentation d'une part et de caractérisation par classification des régions leucémique d'autre part, nous avons obtenu des résultats satisfaisants et encourageants, illustrés sur la figure.4.11.



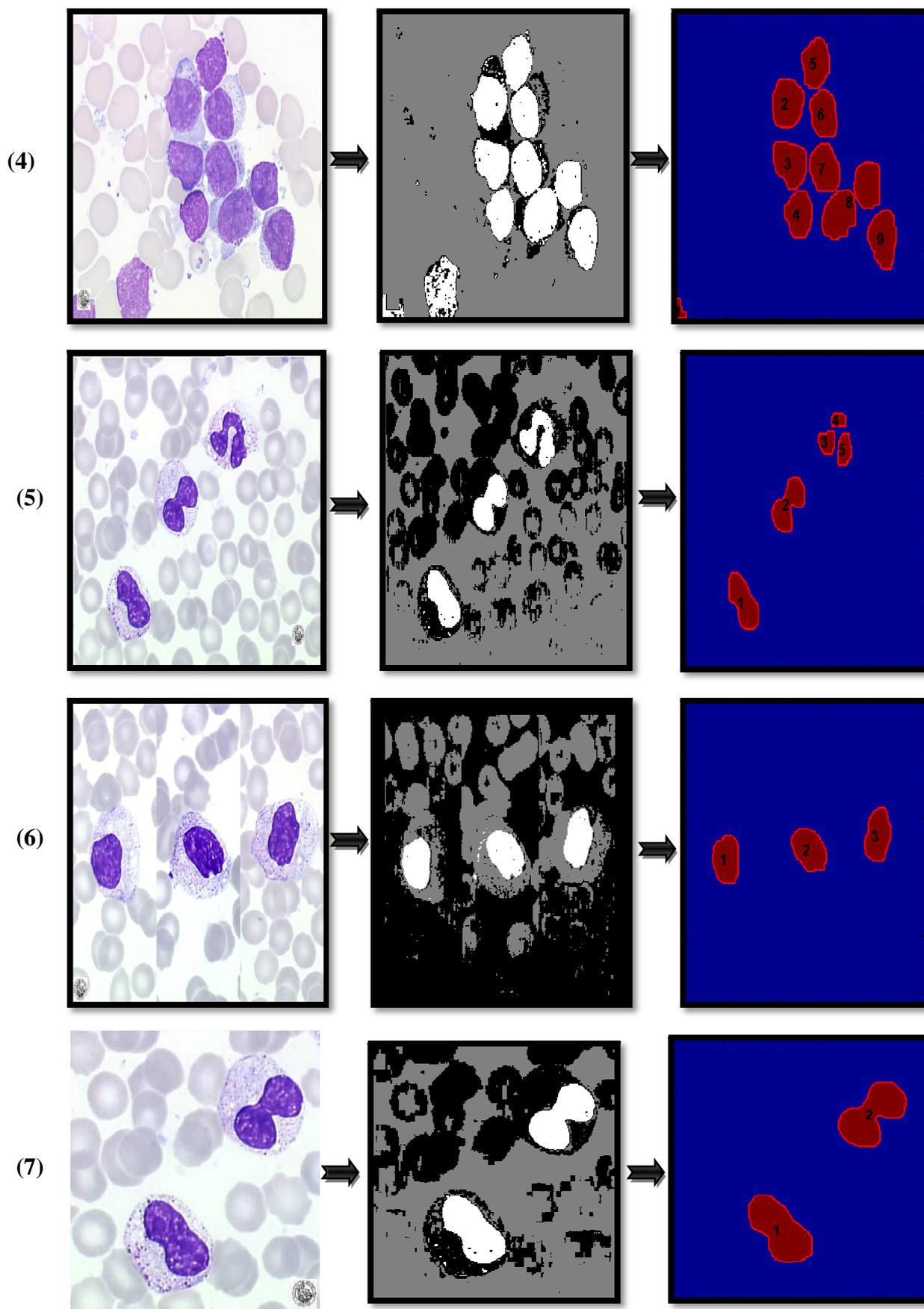


Figure.4.11. Résultats expérimentaux sur la banque d'images

---

L'analyse de la figure.4.11 montre que l'outil logiciel d'aide au diagnostic biomédical pour la détection des cellules sanguines anormales a pu donner de meilleures performances en reconnaissance, donc, nous pouvons constater que notre modification et amélioration de l'algorithme k-means est efficace pour la détection des cellules cancéreuses. Ceci nous donne un meilleur résultat avec plus de détails après la classification caractéristiques des attributs pour chaque région cancéreuse, mais ne convient pas aux images contenant un grand nombre d'objets connectés (liés). On peut dire que d'un point de vue segmentation notre système est bon avec une meilleure détection de toutes les régions leucémiques sans exception, mais d'un point de vue classification il considère les régions connectées comme un seul objet.

#### 4.4.2. Analyse texturale par GLCM

Il existe de nombreuses applications utilisant la microscopie optique, y compris la détection de cellules cancéreuses dans le sang. Ces applications nécessitent des données de haute qualité pour une interprétation et une analyse précises des cellules cancéreuses. Ce travail utilise des images fournies par la microscopie optique pour identifier les cellules sanguines anormales pré-diagnostic en utilisant des caractéristiques de texture afin de distinguer les différentes catégories de cellules cancéreuses. Une analyse des textures et des structures, présentes dans les bio-images représentatives des échantillons, permet de faire le diagnostic des différentes classes de cancers malins correspondant à différents schémas structuraux ainsi qu'à des textures apparentes. Nous proposons d'appliquer les caractéristiques de texture d'Haralick basées sur la matrice de cooccurrence au niveau de gris dans différents types d'images de cellules sanguines. Les résultats expérimentaux obtenus décrits dans les parties suivantes ont été obtenus en considérant deux échantillons de cellules sanguines, une cellule saine et un autre sujet cancéreux atteint d'une leucémie représentée sur la figure.4.12.

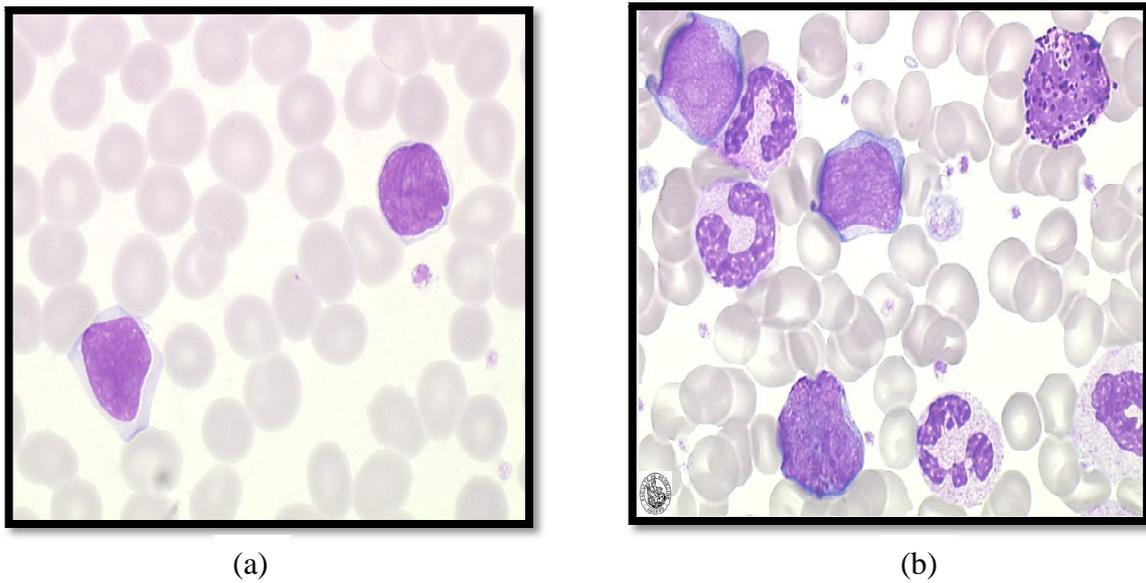


Figure.4.12. Les images traitées: (a) cellule saine, (b) cellule anormale (cancéreuse)

Le schéma synoptique de notre algorithme proposé pour une classification par analyse texturale est détaillé à la figure.4.13. La méthodologie considérée consiste à calculer les cinq paramètres d’Haralick suivantes : énergie, contraste, entropie, corrélation et homogénéité, à partir de GLCM.

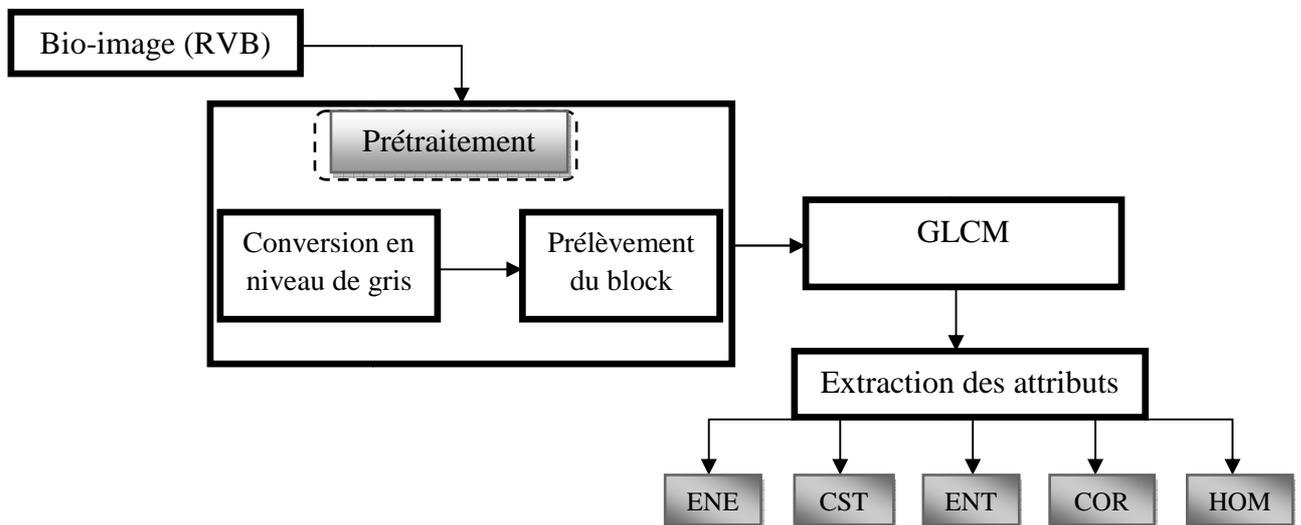


Figure.4.13. Schéma synoptique de l'algorithme proposé

#### 4.4.2.1. Prétraitement

Les images du frottis sanguin que nous avons utilisées dans notre traitement comportent une grande quantité d’informations. Elles sont généralement bruitées par des

pixels indésirables, il nous faut donc, avant d'implémenter le GLCM, de passer par une étape indispensable de prétraitement.

L'objectif de cette phase de prétraitement est d'améliorer la qualité d'image et de réduire le bruit sans détruire les caractéristiques importantes des cellules nécessaires au diagnostic. Le prétraitement nous permet de mettre en œuvre des techniques permettant d'atténuer les bruits provenant de différentes sources et améliorer les images et donc faciliter la tâche d'extraction d'attributs d'Haralick.

On doit faire appel à une image médicale (RVB) (le sujet sain et le patient atteint d'une leucémie), le but de cette étape est de s'assurer que toutes les images peuvent être traitées avec la même fenêtre diapositive de taille  $8 \times 8$ . Cette étape préliminaire permet d'adapter l'image à notre méthode proposée.

Conversion de l'image RVB en niveaux de gris avant d'appliquer GLCM, il est nécessaire d'effectuer un prétraitement qui consiste à convertir la matrice de pixels dans un vecteur constitué de l'échelle de gris pour chaque composante de couleur rouge, verte et bleue.

Le choix de la taille de la fenêtre de diapositives permettant d'effectuer l'analyse doit répondre à deux critères contradictoires. Plus précisément, la taille de la fenêtre coulissante doit être la plus petite possible pour réduire le risque de mélanger les différentes textures dans l'image. Cependant, dans le même temps, la taille de la fenêtre de diapositives doit être le plus large possible pour pouvoir extraire des statistiques robustes et significatives. Nous avons testé quatre fenêtres (3x3, 4x4, 6x6 et 8x8), notre choix s'est porté sur la fenêtre 8x8 centré sur le pixel considéré, en utilisant toutes les directions possibles ( $0^\circ, 45^\circ, 90^\circ, 135^\circ$ ).

#### 4.4.2.2. Extraction des attributs de texture

Nous présentons les résultats expérimentaux obtenus [158] par le calcul des cinq paramètres de texture basés sur GLCM et en considérant nos images. Les figures suivantes donnent les résultats obtenus en considérant une fenêtre glissante de dimension 8x8 pixels avec une valeur de déplacement  $d = 1$ :

4.4.2.2.1. Energie

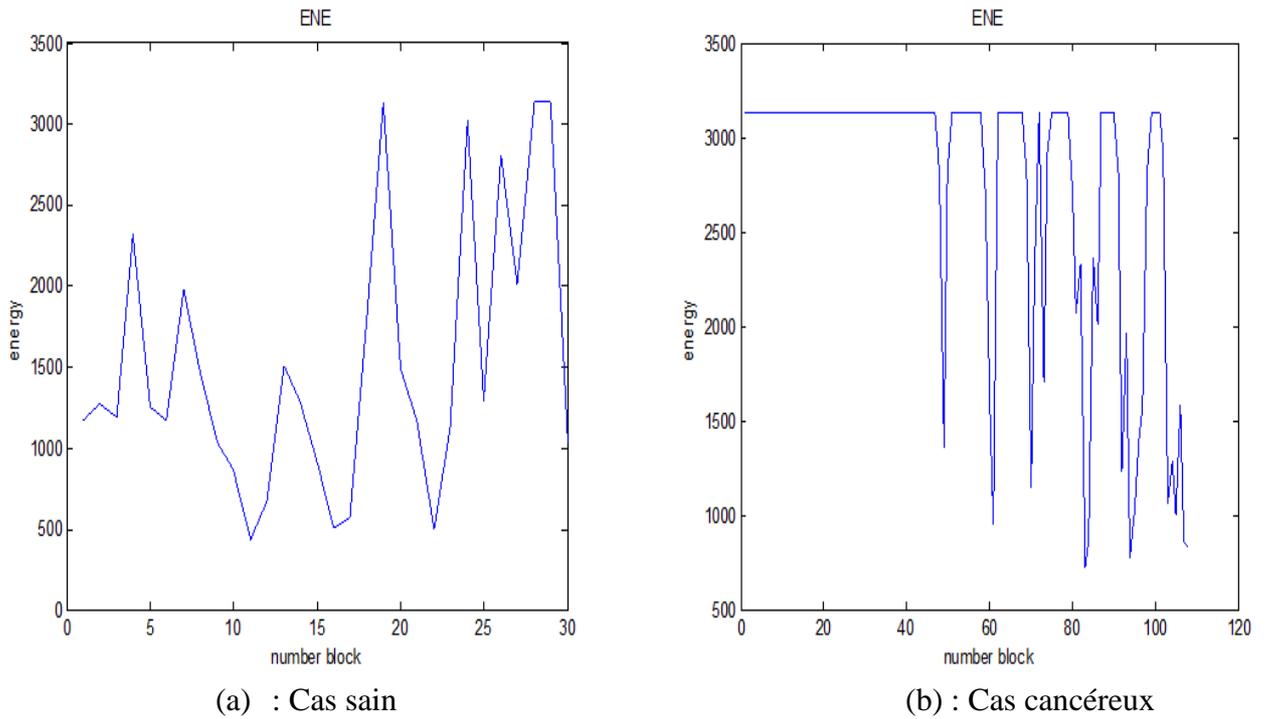
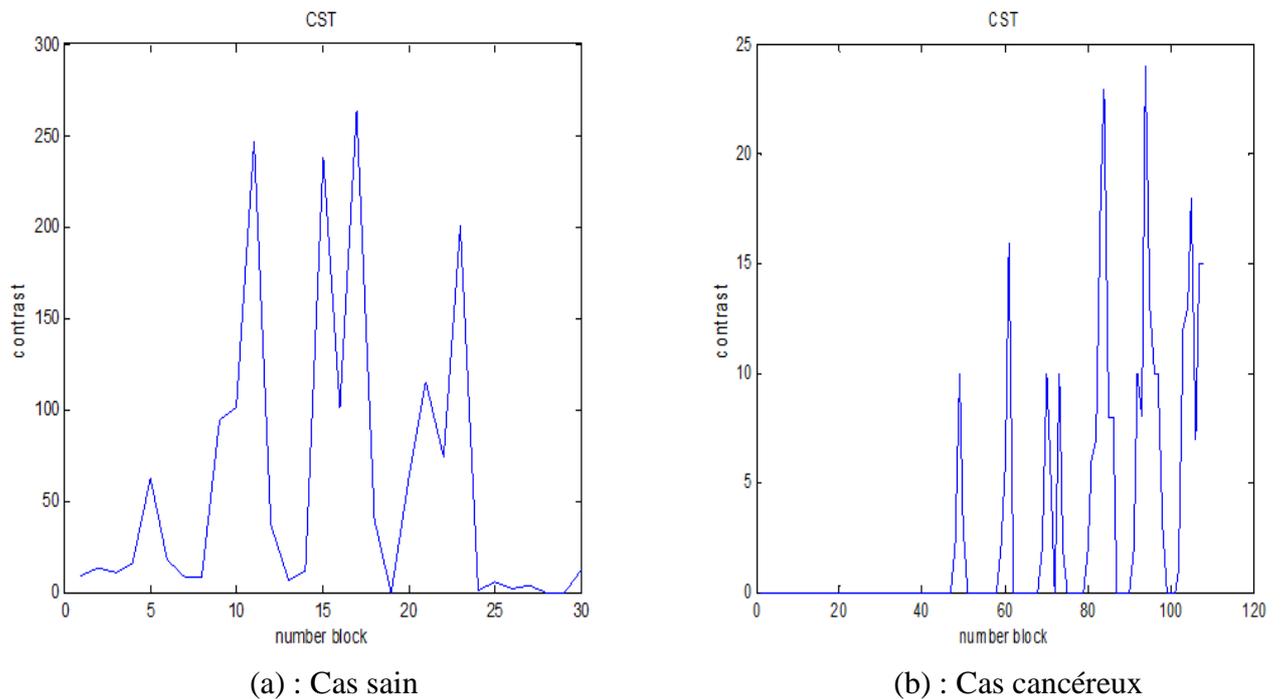


Figure.4.14. Evolution d'énergie en fonction de nombre du bloc

L'analyse de la figure.4.14 montre graphiquement la différence entre une cellule saine et une cellule cancéreuse. En particulier, nous considérons les blocs (0, 20 et 30) où l'énergie est plus élevée et stable dans la cellule anormale (valeur ENE > 3000). Cependant, la valeur énergétique obtenue à partir de la cellule saine est variée entre 500 et 3000. Par conséquent, cette analyse peut être utilisée pour prouver l'existence de la leucémie dans les blocs considérés (0, 20 et 30).

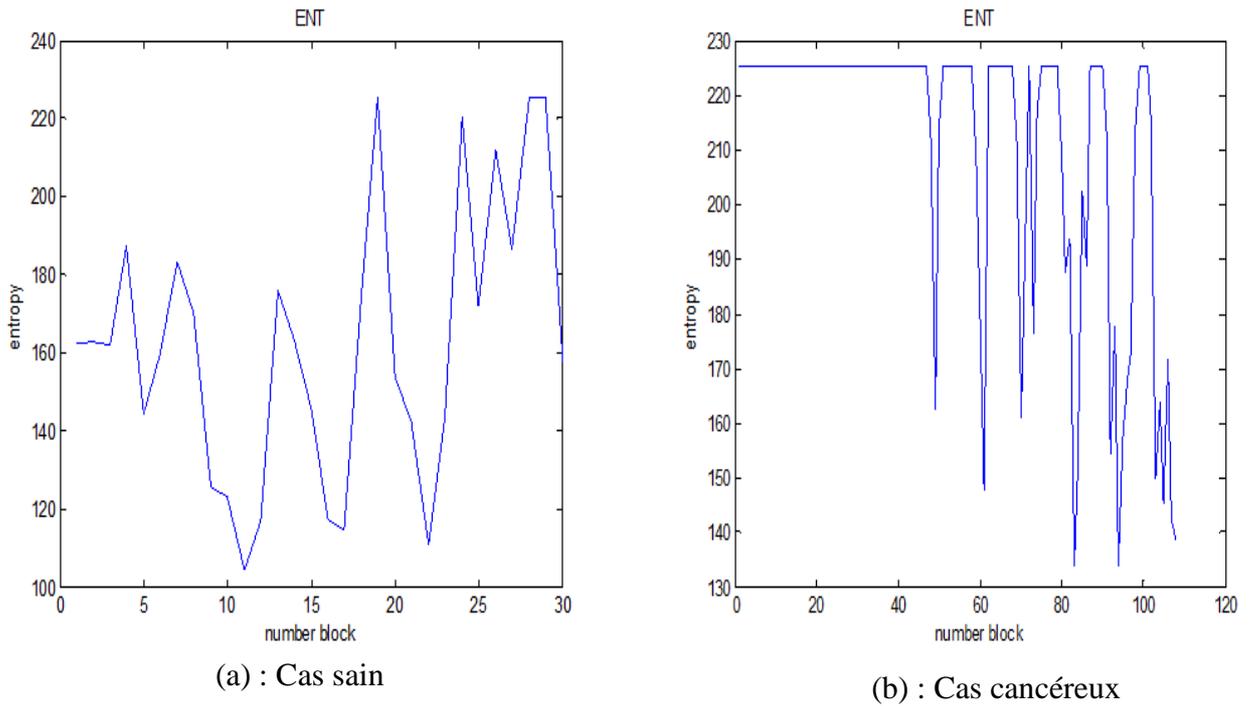
## 4.4.2.2.2. Contraste



**Figure.4.15.** Evolution de contraste en fonction de nombre du bloc

La figure.4.15 représente l'évolution du contraste pour les cellules saines et cancéreuses par rapport au nombre de blocs. Comme présenté dans cette figure, il existe une variance remarquable (0-30) qui montre le changement des valeurs de pixels à l'autre. Au contraire des cellules cancéreuses, le paramètre de contraste est faible ou presque négligeable, ce qui signifie qu'il n'y a pas de relation entre les pixels à l'autre (0-40). Par conséquent, on peut en déduire que l'indice de contraste donne des informations très claires pour distinguer les relations de chaque pixel, et donc entre les cellules saines et cancéreuses.

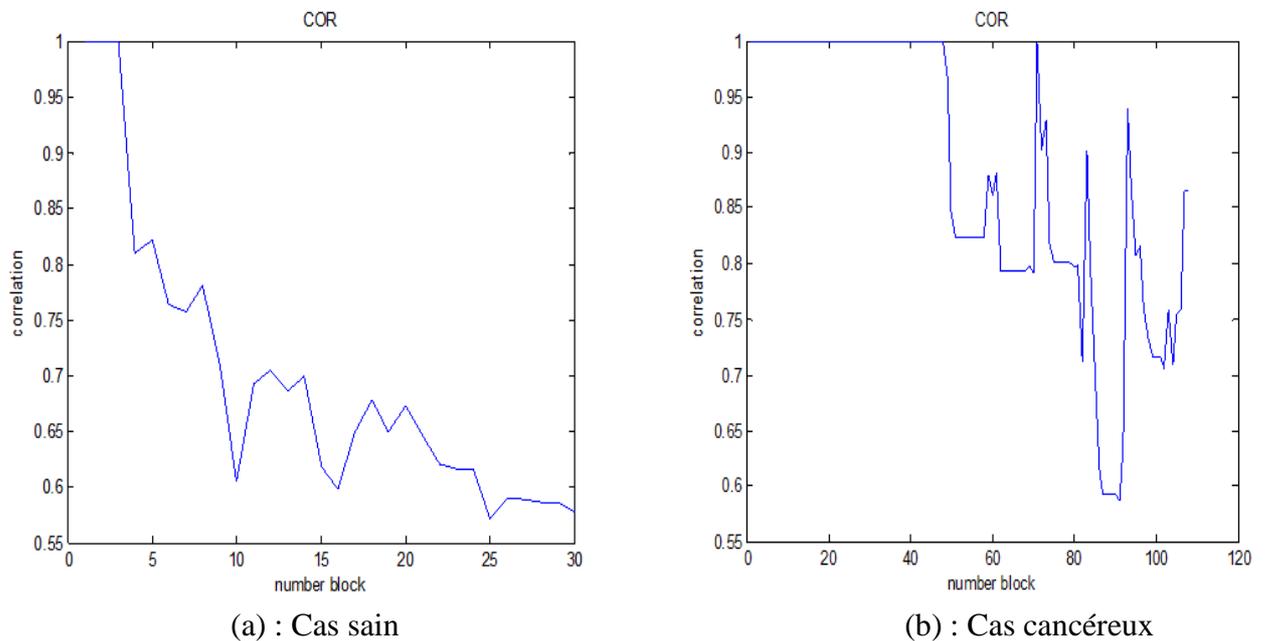
## 4.4.2.2.3. Entropie



**Figure.4.16.** Evolution d'entropie en fonction de nombre du bloc

La figure.4.16 représente l'évolution du paramètre d'entropie par rapport au nombre de blocs. Nous remarquons pour la cellule saine, que la dispersion dans l'espace (0-30) est variable ce qui confirme le résultat précédent (voir figure.4.14.). Cependant, pour les cellules cancéreuses, nous trouvons une stabilité de la valeur de l'entropie ( $ENT = 225$ ) sans aucune variation dans les blocs (0-40). En conséquence, nous pouvons différencier les régions normales et anormales en comparant la variation des valeurs d'entropie. Ainsi, nous concluons que les zones des blocs (0-40) contiennent la leucémie dans un état avancé par rapport aux autres blocs des cellules (45-120) qui ne sont pas encore affectés par le cancer.

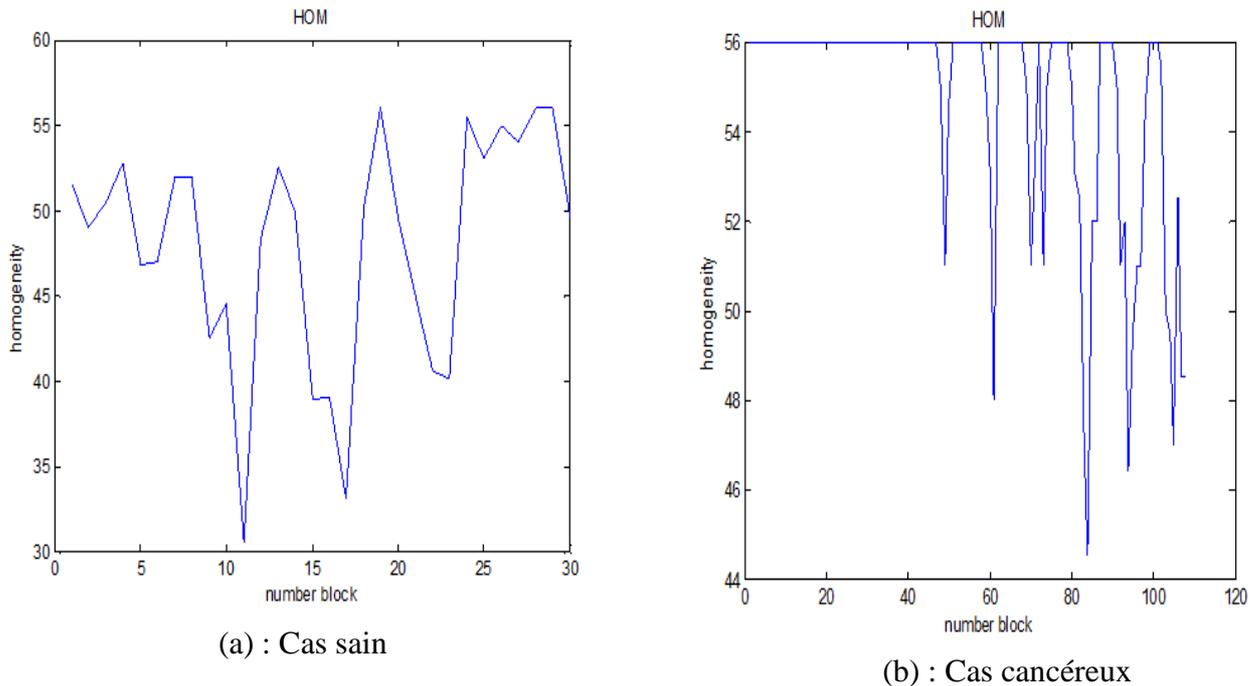
## 4.4.2.2.4. Corrélation



**Figure.4.17.** Evolution de corrélation en fonction de nombre du bloc

La différence de corrélation entre les deux cellules est particulièrement remarquable dans les blocs (0, 20 et 30), où la corrélation vaut 1 dans ces blocs sans aucun changement dans le cas de la cellule anormale. Par contre, dans le cas de l'image de cellule saine, on observe une variation d'une relation opposée entre la valeur de la caractéristique de corrélation et les blocs de nombres.

## 4.4.2.2.5. Homogénéité



**Figure.4.18.** Evolution d'homogénéité en fonction de nombre du bloc

À partir de la figure.4.18. On peut observer que la cellule cancéreuse présente une forte population d'homogénéité ( $HOM = 56$ ) et sans aucun changement de leur apparence. Cette observation se retrouve notamment dans les blocs (0, 20 et 30) en se rapportant à la cellule saine, elle change de valeur en fonction de ses blocs.

- Tout d'abord, nous remarquons, à partir des résultats expérimentaux, que ses cinq paramètres de matrice de cooccurrence au niveau de gris (GLCM) sont nécessaires pour améliorer la qualité visuelle de nos textures de bio-images. De plus, ces cinq caractéristiques sont suffisantes pour permettre une comparaison efficace entre l'évolution du pixel basée sur les niveaux de gris pour chaque indice calculé. Ainsi, à partir de l'analyse de ces résultats, nous déduisons la présence de leucémie dans les blocs (0, 20 et 30) de l'image considérée.
- Deuxièmement, nous constatons que les saturations de données de la figure.4.16 (b) et la figure.4.18 (b) permettent de localiser et d'identifier les régions cancéreuses (leucémie) dans un état avancé, en ne considérant que les caractéristiques d'entropie et d'homogénéité. De ce fait, les variations de ses deux figures peuvent être utilisées pour étudier l'état de progression du cancer.

Le tableau.4.2. Fournit des études statistiques comparatives basées sur les attributs extraits à partir de plusieurs types de bio-images (base d'images) saine et leucémique :

**Tableau.4.2.** Comparaison statistique entre les indices de texture (Expérience 1)

	Test -1-		Test -2-	
	Cellule saine	Cellule leucémique	Cellule saine	Cellule leucémique
Energie	1461.871	2702.605	1803.743	2377.284
Contraste	28.967	1.391	3.465	1.709
Entropie	53.486	70.036	59.917	66.474
Corrélation	0.172	0.219	0.134	0.185
Homogénéité	9.546	10.904	10.484	10.836

**Tableau.4.3.** Comparaison statistique entre les indices de texture (Expérience 2)

	Test -3-		Test -4-	
	Cellule saine	Cellule leucémique	Cellule saine	Cellule leucémique
Energie	1361.871	2513.723	1703.654	2861.251
Contraste	26.859	2.482	4.354	2.814
Entropie	64.575	81.127	68.826	75.585
Corrélation	1.283	1.328	1.223	1.276
Homogénéité	8.435	9.893	9.373	9.725

**Tableau.4.4.** Comparaison statistique entre les indices de texture (Expérience 3)

	Test -5-		Test -6-	
	Cellule saine	Cellule leucémique	Cellule saine	Cellule leucémique
Energie	2350.760	3691.593	2791.743	3266.173
Contraste	25.754	1.583	3.981	2.852
Entropie	58.382	75.821	68.513	82.877
Corrélation	0.193	0.322	0.229	0.298
Homogénéité	10.555	12.854	10.641	12.916

**Tableau.4.5.** Comparaison statistique entre les indices de texture (Expérience 4)

	Test -7-		Test -8-	
	Cellule saine	Cellule leucémique	Cellule saine	Cellule leucémique
Energie	1222.456	2272.681	1721.898	2214.873
Contraste	22.871	2.258	4.713	2.846
Entropie	58.412	82.189	61.564	69.173
Corrélation	0.281	0.307	0.276	0.299
Homogénéité	8.843	9.847	8.337	9.821

**Tableau.4.6.** Comparaison statistique entre les indices de texture (Expérience 5)

	Test -9-		Test -10-	
	Cellule saine	Cellule leucémique	Cellule saine	Cellule leucémique
Energie	1871.346	2719.247	1776.812	2541.730
Contraste	27.156	1.025	3.183	1.472
Entropie	51.581	74.879	62.782	67.890
Corrélation	0.191	0.311	0.149	0.196
Homogénéité	9.581	10.913	10.820	10.956

**Tableau.4.7.** Comparaison statistique entre les indices de texture (Expérience 6)

	Test -11-		Test -12-	
	Cellule saine	Cellule leucémique	Cellule saine	Cellule leucémique
Energie	1126.910	2668.713	1489.942	2573.482
Contraste	29.813	1.712	3.817	1.598
Entropie	50.879	68.705	70.666	91.557
Corrélation	0.135	0.225	0.181	0.199
Homogénéité	9.468	10.897	10.121	10.761

La différence des valeurs moyennes de chaque attribut est claire, tels que l'énergie, l'entropie, la corrélation et l'homogénéité sont toujours grands dans les cellules cancéreuses par rapport aux cellules saines, il reste juste la moyenne du contraste dans la cellule saine grand par rapport à la cellule cancéreuse, cette étude statistique donne

l'importance du paramètre « contraste » dans l'aide au diagnostic pour différencier entre une cellule saine et cancéreuse.

Cette étude statistique comparative dans plusieurs expériences, nous indique que l'utilisation des paramètres d'Haralick basé sur le GLCM, nous donne un meilleur résultat avec plus de détails pour pouvoir suivre la progression de la leucémie.

#### **4.5. Conclusion**

Ce chapitre consiste à mettre au point un système capable d'assurer une aide au diagnostic biomédical. Dans le domaine d'hématologie. Il s'agit de concevoir un outil logiciel simple et fiable, capable d'analyser et traiter des images de patients, dont le but est de mettre en évidence la détection et le comptage de cellules sanguines anormales. Nous avons pour cela opté pour la méthode de segmentation et classification par k-means précédée par une étape de prétraitements adéquats, qui ont amélioré la qualité de l'image. Ainsi une analyse texturale basée seulement sur cinq paramètres d'Haralick en exploitant le GLCM. Sa validation a été assurée par l'outil MATLAB.

Les résultats obtenus par la méthode proposée de segmentation et classification k-means sont jugés assez satisfaisant car le contour obtenu est fidèle a la forme de l'objet recherché (région d'intérêt) en satisfaisant une caractéristique très importante du contour avec un temps de réponse assez court.

Les résultats obtenus par l'analyse texturale sont encourageants puisque nous avons appliqué notre approche sur différents types d'images et nous avons remarqué que les régions détectées sont satisfaisantes.

De toute évidence, ces méthodes ne remplaceront jamais l'œil du clinicien, mais en fournissant un outil d'interprétation plus rapide et plus précis, elles seront toujours un outil fiable dans le but d'aider les médecins à connaître l'évolution et la progression d'une pathologie.

## *Conclusion générale*

Le cancer est toujours à notre époque une cause majeure de la mortalité surtout le cancer du sang qui s'appelle la leucémie. Il convient alors d'associer la recherche en traitement de bio images médical pour comprendre la géométrie et le suivi de la progression des cellules sanguines anormales et y apporter des solutions par leurs détections et leurs comptages.

Le présent travail de développement d'une segmentation et classification de bio-images aide au diagnostic biomédical pour la détection des cellules sanguines anormales, consiste à proposer un outil logiciel basé essentiellement sur un traitement algorithmique améliore utilisant la méthode de k-means, les opérateurs de la morphologie mathématique et la matrice de cooccurrence au niveau de gris (GLCM).

Cette thèse commence par un aperçu du cadre général de notre recherche, notre problématique, nos objectifs et nos futures perspectives, après une étude bibliographique dans un contexte médical, on a parlé sur les éléments figurés du sang, ensuite nous avons cité les différents types de la leucémie, ainsi qu'une description sur le processus d'obtention d'un frottis sanguin, ce dernier est la base de nos images traitées par la suite.

Puis nous avons entamé la partie importante de notre étude qui est la segmentation et la classification avec une recherche bibliographique riche existant dans la littérature.

Les résultats sont très probants, ces résultats sont développés pour aboutir à plus de fonctionnalités en collaboration avec des médecins spécialistes (hématologues) pour rendre de plus utile un tel traitement mis au service d'images médicales.

Finalement dans ce travail, nous avons proposé plusieurs algorithmes pour segmenter d'une part et pour classifier d'autre part. La nécessité pour le développement d'un nouveau programme est causée par des inconvénients dans le domaine médical :

- 1) D'autres logiciels d'aide au diagnostic existent mais rares sont ceux qui sont orientés vers le traitement et la manipulation d'images hématologiques.
- 2) Des difficultés dans l'extraction et l'estimation du volume de la zone de la pathologie.
- 3) Utilisation des logiciels dans un milieu de travail différents et parfois l'analyse s'effectue dans un autre milieu.

Notre travail comprend des algorithmes de segmentation automatique qui permet d'économiser le travail des médecins et permet également la correction de la zone d'intérêt.

## *Conclusion générale*

De ce fait, nous concluons que les résultats obtenus sont très satisfaisants en termes de taux de compression, et de qualité de l'image segmentée par rapport aux k-means simple.

Le travail présenté dans cette thèse peut être étendu à d'autres directions, sachant que les perspectives décrites en introduction générale pour les images médicales fixes sont nombreuses. Il est souhaitable que cette étude soit exploitée aux images médicales en 3D, la mise en œuvre d'autres algorithmes est plus que nécessaire. De la même manière, il serait intéressant de tester d'autres algorithmes de segmentation ou de classification, et de comparer ces résultats avec notre système développé.

## *Bibliographie*

- [1] B. Bain, "Down's syndrome—transient abnormal myelopoiesis and acute leukaemia," In *Leuk Lymphoma*, 3, pp. 309-317. (1991)
- [2] A. Ferrer, F. Cervantes, J. C. Hernández-Boluda, A. Alvarez, and E. Montserrat, "Leukemoid reaction preceding the diagnosis of colorectal carcinoma by four years," In *Haematologica*, 84, pp. 671-672. (1999)
- [3] E. Olipitz, D. Strunk, C. Beham-Schmid, and H. Sill, "Neutrophilic leukaemoid reactions as the presenting feature of de novo and therapy-related acute leukemias," In *Acta Haematologica*, 111, pp. 233-234. (2004)
- [4] R.M. Haralick, K. Shanmugan, and I. Dinstein, "Textural features for image classification," In *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics*, Vol. 3, N°. 6, pp. 610-621. (1973)
- [5] A. McCulloch, R.M. Haralick, "Statistical and structural approaches to texture," In *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics*, Vol. 67, N°. 5, pp. 786-804. (1979)
- [6] R.M. Haralick, "Statistical image texture analysis," In Chapter 11 of *Handbook of Pattern Recognition and Image Processing*, pp. 247-279, New York: Academic Press Edition. (1986)
- [7] A. Moragas, M. Garcia-Bonafé, I. De Torres, M. Sans, "Textural Analysis of Lymphoid Cells in Serous Effusions, A Mathematical Morphologic Approach," In *Analytical and Quantitative Cytology and Histology*, Vol. 15, N°. 3. (1993)
- [8] M. A. Tahir, "Hardware and Software Solutions for Prostate Cancer Classification using Multispectral Images," PhD thesis, Queen's University. (2006)
- [9] B. J. Bain, "A Beginner's Guide to Blood Cells," In *Second Edition-Wiley-Blackwell*. (2004)
- [10] A. HUTIN, "Aspects cytologiques normaux et pathologiques des éléments du sang et des organes hématopoïétiques," Centre d'Arts Graphiques. (1981)
- [11] C. Ahlgrim, T. Pottgiesser, N. Robinson, P. Sottas, G. Ruecker, and Y. Schumacher, "Are 10 min of seating enough to guarantee stable haemoglobin and haematocrit readings for the athlete's biological passport?," In *international journal Lab Haematol*, Vol. 32, pp. 506-511. (2010)
- [12] I. Cseke, "A fast segmentation scheme for white blood cell images," In *Proceeding of the 11<sup>th</sup> International Conference on Pattern Recognition Image, Speech and Signal Analysis*, Netherlands, pp. 530-533. (1992)
- [13] M. Subrajeet, and D. Patra, "Automated cell nucleus segmentation and acute leukemia detection in blood microscopic images," In *IEEE International Conference*

## *Bibliographie*

- on Systems in Medicine and Biology (ICSMB), pp. 49-54. (2010)
- [14] H. T. Madhloom, A. Sameem, and H. Ariffin, "A Robust Feature Extraction and Selection Method for the Recognition of Lymphocytes versus Acute Lymphoblastic Leukemia," In IEEE International Conference on Advanced Computer Science Applications and Technologies (ACSAT), pp. 330-335. (2012)
- [15] L. Putzu, and D. R. Cecilia, "White blood cells identification and counting from microscopic blood images," In World Academy of Science, Engineering and Technology Vol. 7, N°. 1, pp. 363-370. (2013)
- [16] K. Fauziah, S. P. Anton, A. Azizi, "Detection of Leukemia in Human Blood Sample Based on Microscopis Images: A Study," In Journal of Theoretical and Applied Information Technology, Vol. 46, N°. 2. (2012)
- [17] M. D. Joshi, A. H. Karode, and S. R. Suralkar, "White Blood Cells Segmentation and Classification to Detect Acute Leukemia," In International Journal of Emerging Trends & Technology in Computer Science (IJETTCS), Vol. 2, N°. 3, pp. 147-151. (2013)
- [18] P. Suapang, M. Thongyoun, and S. Chivapreecha, "Automatic Leukocyte Classification Based on Microscope Images," In Proceeding of the 4<sup>th</sup> International Conference on Industrial Application Engineering, pp.226-233. (2016)
- [19] Q. Wang, L. Chang, M. Zhou, and Q. L., "A spectral and morphologic method for white blood cell classification," In Optics & Laser Technology, Vol. 84, pp. 144-148. (2016)
- [20] N. Orlov, W. Chen, D. Eckley, T. Macura, L. Shamir, E. Jaffe, and I. Goldberg, "Automatic classification of lymphoma images with transform-based global features," In IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine, Vol. 14, N°. 4, pp. 1003–1013. (2010)
- [21] B. J. Bain, "Blood Cells A Practical Guide," In Fifth Edition-Wiley-Blackwell. (2015)
- [22] D. Nguyen, L. Diamond, "Diagnostic hematology: a pattern approach," In Butterworth-Heinemann, Oxford. (2000)
- [23] C. Mosquera-Lopez, S. Agaian, A. Velez-Hoyos, and I. Thompson, "Computer-aided prostate cancer diagnosis from digitized histopathology: a review on texture-based systems," In IEEE Reviews in Biomedical Engineering, Vol. 8. Pp. 98–113. (2015)

## *Bibliographie*

- [24] X. Li, and K. Plataniotis, "A complete color normalization approach to histopathology images using color cues computed from saturation-weighted statistics," In *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, Vol. 62, N°. 7, pp. 1862–1873. (2015)
- [25] E. Mohammed E, B. Far, C. Naugle, and M. Mohamed, "Application of support vector machine and k-means clustering algorithms for robust chronic lymphocytic leukemia color cell segmentation," In *International Conference on e-Health Networking, Applications & Services*, pp. 622–626. (2013)
- [26] B. Arora, and S. Banerjee, "Computer assisted grading schema for follicular lymphoma based on level set formulation," In *IEEE Students Conference on Engineering and Systems*, pp. 1–6. (2013)
- [27] A. Vahadane, T. Peng, A. Sethi, S. Albarqouni, L. Wang, M. Baust, K. Steiger, A. Schlitter, I. Esposito, and N. Navab, "Structure-preserving color normalization and sparse stain separation for histological images," In *IEEE Transactions on Medical Imaging*, Vol. 35, N°. 8, pp. 1962–1971. (2016)
- [28] K. Dimitropoulos, P. Barmoutis, T. Koletsa, I. Kostopoulos, and N. Grammalidis, "Automated detection and classification of nuclei in pax5 and h&e-stained tissue sections of follicular lymphoma," In *Signal, Image and Video Processing*, Vol. 11, N°. 1, pp. 145–153. (2016)
- [29] N. Vandenbroucke, et L. Macaire, "Représentation de la couleur en analyse d'images," *Techniques de l'ingénieur*, S7602 : pp. 1–21. (2005)
- [30] L. Busin, N. Vandenbroucke, L. Macaire, and J. G. Postaire, "Color space selection for unsupervised color image segmentation by analysis of connectedness properties," In *International journal of robotics automation*, Vol. 20, N°. 2, pp. 70–77. (2005)
- [31] L. Busin, N. Vandenbroucke, and L. Macaire, "Color spaces and image segmentation," In *Advances in Imaging and Electron Physics*. (2008)
- [32] N. Vandenbroucke, L. Macaire, J-G. Postaire, "Color image segmentation by pixel classification in an adapted hybrid color space: Application to soccer image analysis," In *Computer Vision and Image Understanding*, Vol. 90, N°. 2, pp. 190–216. (2003)
- [33] N. Vandenbroucke, "Espaces couleur et segmentation d'images," *réunion sur la classification spectrale pour la segmentation d'images couleur et de signaux audio*. (2007)
- [34] C.A. Poynton, "Frequently Asked Questions about Color,"

## *Bibliographie*

- <http://www.inforamp.net/~poynton>. (1995)
- [35] C.G. Healey, J.T. Enns, "A perceptual color Segmentation Algorithm," <http://cs.ubc.ca/~healey>. (1996)
- [36] A. Tremeau, "Contribution des modèles de la perception visuelle à l'analyse d'images couleur," thèse de doctorat, l'Université de Saint-Etienne. (1993)
- [37] H. Pauli, "Proposed extension to the CIE recommendation on uniform color spaces, color difference equations and metric color terms," In J. Opt. Soc. Am., Vol. 66, N°. 8, pp. 866-867. (1975)
- [38] D. Nicole, <http://www.erasm.fr/MAC/Base.htm>, Ecole Romane des Arts Graphiques, Lausanne, Suisse. (1997)
- [39] O. Lezoray, "Segmentation d'images couleur par morphologie mathématique et classification de données par réseaux de neurones: application à la classification de cellules en cytologie des séreuses," thèse de doctorat, Université de Caen. (2000)
- [40] R. Kandwal, A. Kumar, and S. Bhargava, "Review: existing image segmentation techniques," In International Journal of Advanced Research in Computer Science and Software Engineering, Vol. 4, N°. 4. pp. 153–156. (2014)
- [41] M-H. Roy Cardinal, "Segmentation d'images intra vasculaires ultrasonores," thèse de doctorat, Université de Montréal. (2008)
- [42] M. Lalitha, M. Kiruthiga, and C. Loganathan, "A survey on image segmentation through clustering algorithm," In International Journal of Science and Research, Vol. 2, N°. 2, pp. 348-358. (2013)
- [43] N. Sharma, M. Mishra, and M. Shrivastava, "Color image segmentaion techniques and issues: an approach," In International Journal of Scientific & Technology Research, Vol. 1, N°. 4, pp. 9-12. (2012)
- [44] N. Nafaâ, "Segmentation d'images par Approches Statistiques et Recherche d'images par le Contenu. Application aux images radiographiques de soudures," thèse de doctorat, Ecole Nationale Polytechnique. (2011)
- [45] D. Boukhrouf, "Résolution de problèmes par écosystèmes: Application au traitement d'images," mémoire de magister, Université de Biskra. (2005)
- [46] A. Oukil, "Analyse variographique, modélisation et synthèse de textures appliquées aux images numériques," thèse de doctorat, USTHB. (2007)
- [47] E. Meijering, "Cell segmentation: 50 years down the road," In IEEE Signal Processing Magazine, Vol. 29, N°. 5, pp. 140-145. (2012)
- [48] A. Oliver, X. Munoz, J. Batlle, L. Pacheco, and J. Freixenet, "Improving Clustering

## *Bibliographie*

- Algorithms for Image Segmentation using Contour and Region Information," In International Conference on Automation, Quality and Testing, Robotics, Cluj-Napoca, Vol. 1, pp. 315-320. (2006)
- [49] A. A. Mousa, M. A. El-Shorbagy, M. A. Farag, "K-means-Clustering Based Evolutionary Algorithm for Multi-objective Resource Allocation Problems," In Applied Mathematics & Information Sciences, Vol. 11, N°. 6, pp. 1681-1692. (2017)
- [50] K. S. Chuang, H. L. Tzeng, S. Chen, J. Wu, and T. J. Chen, "Fuzzy c-means clustering with spatial information for image segmentation," In Computerized Medical Imaging and Graphics, Vol. 30, N°. 1, pp. 9-15. (2006)
- [51] S. W. Zucker, "Region growing: Childhood and adolescence," In Computer Graphics and Image Processing, Vol. 5, N°. 3, pp. 382-399. (1976)
- [52] V. Piuri, and F. Scotti, "Morphological Classification of Blood Leucocytes by Microscopic Images," In Proceeding IEEE International conference on computational intelligence for Measurement systems and Applications, Boston, MA. USA, pp. 103-108 July 14-16. (2004)
- [53] W. Junjie, "Advances in K-means Clustering," In A Data Mining Thinking, Springer Heidelberg New York Dordrecht London, pp. 17-26. (2012)
- [54] A. Bekaddour, " Segmentation des images satellitaires par une classification par pixel : Application aux images satellitaires," thèse de doctorat, Université de Tlemcen. (2015)
- [55] J. Bilmes, "A gentle tutorial of the EM algorithm and its application to parameter estimation for gaussian mixture and hidden markov models," In Technical Report, ICSITR-97-021, International Computer Science Institute and U.C. Berkeley. (1997)
- [56] M. Ester, H. P. Kriegel, J. Sander, X. Xu, "A density-based algorithm for discovering clusters in large spatial databases with noise," In Proceeding of the 2<sup>nd</sup> International Conference on Knowledge Discovery and Data Mining, pp. 226-231. (1996)
- [57] A. Hinneburg, and D. Keim, "An efficient approach to clustering in large multimedia databases with noise," In proceeding of the 4<sup>th</sup> International Conference on Knowledge Discovery and Data Mining, AAAI Press, New York, pp. 58-65. (1998)
- [58] R. Jarvis, E. Patrick, "Clustering using a similarity measure based on shared nearest neighbors," In IEEE Trans. Comput. Vol. 22, N°. 11, pp. 1025-1034. (1973)

## *Bibliographie*

- [59] J. MacQueen, "Some Methods for Classification and Analysis of Multivariate Observations," In Proceeding of the 5<sup>th</sup> Berkeley Symposium on Mathematical Statistics and Probability, pp. 281-297. (1967)
- [60] S. Lloyd, "Least squares quantization in pcm," In IEEE Trans Info Theory, Vol. 28, N<sup>o</sup>. 2, PP. 129-137. (1982)
- [61] K. A. Abdul Nazeer, and M. P. Sebastian, "Improving the Accuracy and Efficiency of the k-means Clustering Algorithm," In Proceeding of the World Congress on Engineering, London, WCE, Vol. 1. (2009)
- [62] Y. Madhu, R. P. Srinivasa, and T. M. Srinivasa, "Enhanced k-means Clustering Algorithm with Improved Initial Center," In International Journal of Science and Information Technologies, Vol. 1, N<sup>o</sup>. 2, pp. 121-125. (2010)
- [63] T. U. Paul, and S. K. Bandhyopadhyay, "Segmentation of Brain Tumor from Brain MRI Images Reintroducing K-Means with advanced Dual Localization Method," In International Journal of Engineering Research and Applications, Vol. 2, N<sup>o</sup>. 3, pp.226-231. (2012)
- [64] P. Pallavi, and J. A. Ritesh, "A New Efficient Approach towards k-means Clustering Algorithm," In International Journal of Computer Applications, Vol. 65, N<sup>o</sup>. 11. (2013)
- [65] S. A. Aimi, Y. M. Mohd, and M. Zeehaida, "Colour Image Segmentation Approach for Detection of Malaria Parasiter using Various Colour Models and k-Means Clustering," In WSEAS Transaction on Biology and Biomedecine, Vol. 10. (2013)
- [66] S. R. Meenakshi, B. M. Arpitha, and B. Shivakumara, "Morphological image processing approach using k-means clusternig for detection of tumor in brain," In International Journal of Science and Research, Vol. 3, N<sup>o</sup>. 8, pp. 24-29. (2014)
- [67] S. Sriram, and R. K. Bommanna, "K-Means Clustering Based Segmentation of Lymphocytic Nuclei for Acute Lymphocytic Leukemia Detection," In International Journal of Applied Engineering Research, Vol. 9, N<sup>o</sup>. 21, pp. 11423-11432. (2014)
- [68] C. F. Aleta, and all, "Enhanced Initial Centroids for K-means Algorithm," In International Journal of Information Technology and Computer Science, Vol. 1, pp. 26-33. (2017)
- [69] T. Kalaiselvi, N. kalaichelvi, and P. Sriramakrishnan, "Automatic Brain Tissues Segmentation based on Self Initializing K-Means Clustering Technique," In International Journal of Intelligent Systems and Applications, Vol. 9, N<sup>o</sup>. 11, pp. 52-61. (2017)

## *Bibliographie*

- [70] L. Zadeh, "Fuzzy sets," In *Inf. Control*, Vol. 8, pp. 338-353. (1965)
- [71] J. Udupa, and S. Samarasekera, "Fuzzy connectedness and object definition: Theory, algorithm and applications in image segmentation," In *Graphical Models and Image Processing*, Vol. 58, N<sup>o</sup>. 3, pp. 246-261. (1996)
- [72] M. Girault, A. Hattori, H. Kim, K. Matsuura, M. Odaka, H. Terazono, and K. Yasuda, "Algorithm for the precise detection of single and cluster cells in microfluidic applications," In *Cytometry Part A*, Vol. 89, N<sup>o</sup>. 8, pp. 731-741. (2016)
- [73] Y. Toliás, and S. Panas, "Image segmentation by a fuzzy clustering algorithm using adaptive spatially constrained membership functions," In *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics*, Vol. 28, N<sup>o</sup>. 3, pp. 359–369. (1998)
- [74] J. C. Noordam, W. H. A .M. Van den Broek, and L. M. C. Buydens, "Geometrically Guided Fuzzy C-means Clustering for Multivariate Image Segmentation," In *Proceeding of International Conference on Pattern Recognition, Barcelona*, Vol. 1, pp. 462-465. (2000)
- [75] D. Pham, "Fuzzy clustering with spatial constraints," In *Proceeding of International Conference on Image Processing, New York*, Vol. 2, pp. 65-68. (2002)
- [76] M. Ahmed, S. Yamany, N. Mohamed, A. Farag, and T. Moriarty, "A modified fuzzy C-means algorithm for bias field estimation and segmentation of MRI data," In *IEEE Transactions on Medical Imaging*, Vol. 21, N<sup>o</sup>. 3, pp. 193-199. (2002)
- [77] S. Chen, and D. Zhang, "Robust image segmentation using FCM with spatial constraints based on new kernel induced distance measure," In *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics*, Vol. 34, pp. 1907-1916. (2004)
- [78] S.R. Kannan, S. Ramathilagam, R. Devi, and A. Sathya, "Robust kernel FCM in segmentation of breast medical images," In *Expert Systems with Applications*, Vol. 38, 4382-4389. (2011)
- [79] N. Venu, and B. Anuradha, "A Novel Multiple-kernel based Fuzzy c-means Algorithm with Spatial Information for Medical Image Segmentation," In *International Journal of Image Processing*, Vol. 7, N<sup>o</sup>. 3, pp. 286-301. (2013)
- [80] J. Alan, S. Ravi, and M. Sambath, "Brain Tumor Segmentation using k-means Clustering and Fuzzy c-means Algorithm and its Area Calculation," In *International Journal of Innovative Research in Computer and Communication Engineering*, Vol. 2, N<sup>o</sup>. 2. (2014)
- [81] P. Viswanathan, "Fuzzy C Means Detection of Leukemia Based on Morphological Contour Segmentation," In *Procedia Computer Science*, Vol. 58, pp. 84-90. (2015)

## *Bibliographie*

- [82] D. Warude, and R. Singh, "Automatic Detection Method of Leukaemia by Using Segmentation Method," In International Journal of Advanced Research in Computer and Communication Engineering, Vol. 5, N°3, pp. 495-498. (2016)
- [83] G. H. Ball, and D. J. Hall, "an Iterative Method of Multivariate Analysis and Pattern Recognition," In Behavior Science. (1967)
- [84] J. C. Dunn, "A Fuzzy Relative of the ISODATA Process and Its Use in Detecting Compact Well-Separated Clusters," In Journal of Cybernetics, N°. 3, pp. 32-57. (1973)
- [85] J. C. Bezdek, "Cluster Validity with Fuzzy Sets," In Journal of Cybernetics, Vol. 3, N°. 3, pp. 58-72. (1974)
- [86] J. C. Bezdek, "Pattern Recognition with Fuzzy Objective Function Algorithms", In Plenum Press, New York. (1981)
- [87] S. Kumar Mekapothula, and V. Jai Kumar, "An Efficient Algorithm for Segmentation Using Fuzzy Local Information C-Means Clustering," In International Journal of Scientific & Engineering Research, Vol. 2, N° 12, pp. 1-15. (2011)
- [88] O. Boukendour, K. Mesloub, and M. Diaf, "Segmentation d'IRM de la sclérose en plaques utilisant la combinaison S-FCM et Levels sets," In proceeding of International Conference on Systems and Processing Information (ICSIP'2013). (2013)
- [89] G. Milligan, "Clustering validation: Results and implications for applied analyses," In: Arabie, P., Hubert, L., Soete, G. (eds.) Clustering and Classification, pp. 345-375. World Scientific, Singapore. (1996)
- [90] J. L. Rose, "Croissance de Région Variationnelle et Contraintes Géométriques Tridimensionnelles pour la Segmentation d'Image," thèse de Doctorat, INSA de Lyon. (2008)
- [91] M. Mary Synthuja Jain Preetha, L. Padma Suresh, and M. John Bosco, "Image Segmentation Using Seeded Region Growing," In International Conference on Computing, Electronics and Electrical Technologies (ICCEET'2012), Kumaracoil, pp. 576-583. (2012)
- [92] D. Kumar, and A. Halder, "Automatic brain tumor detection and isolation of tumor cells from MRI images," In International Journal Computer Application, Vol. 39, N°. 16, pp. 26-30. (2012)
- [93] C. Balasubramanian, K. Ramasamy, K. G. Srinivasagan, and K. Ramakrishnan, "Automatic Segmentation of Brain Tumor from MRI Image Using Region-Growing

## *Bibliographie*

- Technique," In Journal of Pattern Recognition & Image Processing, Vol. 3, pp. 273-282. (2013)
- [94] P. Shraddha, and S. Ashwini, "Automated Brain Tumor Segmentation Using Region Growing Algorithm by Extracting Feature," In International Journal of Application or Innovation in Engineering & Management (IJAIEM), Vol. 3, N°. 12, pp.121-127. (2014)
- [95] L. Lay-Khoun, and L. Siau-Chuin, "Breast ultrasound automated ROI segmentation with region growing," In Conference Paper. (2015)
- [96] B. Sayah, and B. Tighiouart, "Brain Tumour Segmentation in MRI: Knowledge-Based System and Region Growing Approach," In International Journal of Biomedical Engineering and Technology, Vol. 14, N°. 1, pp. 71-89. (2014)
- [97] G. Mathéron, "la théorie des variables régionalisées et ses applications," Ecole des mines, Paris. (1973)
- [98] J. P. Serra, "Image Analysis and Mathematical Morphology," In Academic Press, London. (1988)
- [99] R. M. Haralick, S. R. Sternberg, and X. Zhuang, "Image analysis using mathematical morphology," In IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, Vol. 9, N°. 4, pp. 532-550. (1987)
- [100] J. G. Verly, and R. L. Delanoy, "Adaptive mathematical morphology for range imagery," In IEEE Transactions on image processing, Vol. 2, N°. 2, pp. 272-275. (1993)
- [101] Y. Chen, and E. Dougherty, "Grey-Scale morphological granulometric texture classification," In Optical Engineering, Vol. 33, N°. 8, pp. 2713-2722. (1994)
- [102] A. Belhadj-Aissa, "Contribution au logiciel d'analyse et de traitement d'image satellitaires (L.A.T.I.S)-Analyse spatiale d'images satellitaires appliquée à la cartographie thématique," thèse doctorat d'état, U.S.T.H.B, Alger. (1998)
- [103] A. Kemmouche, "Analyse morphologique et cartographie macrotexturale des objets dans les images satellitaires-Application à l'étude du couvert végétal dans les zones semi-arides et le bâti dans le milieu urbain," thèse de Doctorat, U.S.T.H.B, Alger. (2005)
- [104] J. P. Cocquerez, et S. Philipp, "Analyse d'images: filtrage et segmentation," Editions Masson Paris. (1995)
- [105] M. Strzelecki, "Segmentation of textured biomedical images using neural networks," PhD thesis, Technical University of Łódź, Poland. (1995)
- [106] K. Sutherland, and J. W. Ironside, "Automatic texture segmentation using

## *Bibliographie*

- morphological filtering on images of the human cerebellum," In Proceedings of the IEEE International Conference on Image Processing and Its Applications, Edinburgh, UK, pp. 777-780. (1995)
- [107] P. Cichy, A. Materka, and J. Tuliszkiwicz, "computerised analysis of X-ray Images for early detection of osteoporotic changes in the bone," In Proceeding of Conference on Information Technology in Medicine (TIM '97), Jaszowiec, Poland, pp. 53-61. (1997)
- [108] N. Youssry, F. E. Z. Abou-Chadi, and A. M. El-Sayad, "Early detection of masses in digitized mammograms using texture features and neuro-fuzzy model," In Proceeding of the Twentieth National Radio Science Conference (NRSC'2003), Cairo, Egypt, pp. 1-9. (2003)
- [109] P. T. Jackway, and M. Deriche, "Sshim-space properties of the multiscale morphological dilation-erosion," In IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, Vol. 18, N°. 2, pp. 38-51. (1996)
- [110] P. Sussner, and G. X. Ritter, "Decomposition of gray-scale morphological templates using the rank method," In IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, Vol. 19, N°. 6, pp. 649-658. (1997)
- [111] J. M. Salotti, "La gestion des informations dans les premières étapes de la vision par ordinateur," thèse doctorat, Institut National Polytechnique de Grenoble, France. (1994)
- [112] J. Lecoer, C. Barillot, "Segmentation d'images Cérébrales : Etat de l'Art," Report de recherche 6306, Vol. 3, Inria-00175188, pp. 46. (2007)
- [113] S. Beucher, "Segmentation d'image et morphologie mathématique," thèse de doctorat, Ecole supérieure des mines, Paris. (1990)
- [114] S. Krishnamurthy, S. S. Iyengar, R. J. Hoyler, and M. Lybanon, "histogram-based morphological edge detector," In IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing, Vol. 32, N°. 4, pp. 759-767. (1994)
- [115] J. Rey-Debove, et A. Rey, "Le nouveau petit Robert," Dictionnaires Le Robert. (2004)
- [116] M. Sébastien, "Analyse de texture et Visualisation scientifique," thèse de doctorat. Université de la Méditerranée. 128pages. (2001)
- [117] G. H. Landeweerd, and E. S. Gelsema, "The use of nuclear texture parameters in the automatic analysis of leukocytes," In Pattern Recognition, pp. 57-61. (1978)
- [118] A. N. Esgiar, R. N. Naguib, B. S. Sharif, M. K. Bennett, A. Murray, "Microscopic

## *Bibliographie*

- image analysis for quantitative measurement and feature identification of normal and cancerous colonic mucosa," In IEEE Trans Inf Tech-nol Biomed Publ IEEE Eng Med Biol Soc, Vol. 2, pp. 197-203. (1998)
- [119] M. Pandit, and H. Hengen, "Image analysis of blood and bone marrow smears," In IEEE/BMESI BIOVISION, Bangalore. (2001)
- [120] R. Jobanputra, and D. A. Clausi, "Preserving boundaries for image texture segmentation using grey level co-occurring probabilities," In Pattern Recognition, Vol. 39, pp. 234-245. (2006)
- [121] D. Mayumi, U. Sabino, L. F. Costa, E. G. Rizzatti, and M. A. Zago, "A texture approach to leukocyte recognition," In Real-Time imaging, Elsevier, Vol. 10, N°. 4, pp. 205-216. (2008)
- [122] A. Chaddad, C. Tanougast, A. Dandache, and A. Bouridane, " Extracted Haralick's Texture Features and Morphological Parameters from Segmented Multispectrale Texture Bio-Images for Classification of Colon Cancer Cells," In WSEAS TRANSACTIONS on BIOLOGY and BIOMEDICINE, Vol. 8, N°. 2, pp. 39-50. (2011)
- [123] L. Jiao, Q. Chen, S. Li, and Y. Xu, "Colon Cancer Detection Using Whole Slide Histopathological Images," In Long M, editor. World Congress on Medical Physics and Biomedical Engineering, Beijing, China, Springer Berlin Heidelberg, pp. 1283-1286, (2013)
- [124] M. L. Benomar, M. Benazzouz, et M. A. Chikh, "Segmentation d'images microscopiques basée sur les attributs textures," In Conference Paper. (2014)
- [125] M. A. Roula, A. Bouridane, and P. Miller, "A quadratic classifier based on multi-spectral texture features for prostate cancer diagnosis," In Proceedings of the 7<sup>th</sup> International Symposium on Signal Processing and its Applications, Vol. 2, pp.37-40. (2003)
- [126] B. Bouledjane, "Système d'aide au diagnostic par analyse d'images angiographiques rétiniennes," mémoire de magister, Université d'Annaba. (2008)
- [127] D. J. Marceau, P. G. Howarth, J-M. M. Dubois, and D. J. Gratton, "Evaluation of the greylevel co-occurrence matrix method for land-cover classification using SPOT imagery," In IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing, Vol. 28, N°. 4, pp. 513-519. (1990)

## *Bibliographie*

- [128] T. R. Reed, and J. M. H. Dubuff, "A review of recent texture segmentation and feature extraction techniques," In *CVGIP: Image Understanding*, Vol. 57, N°. 3, pp. 359-372. (1993)
- [129] R. A. Lerski, K. Straughan, L. R. Schad, D. Boyce, S. Bluml, and I. Zuna, "MR image texture analysis an approach to tissue characterization," In *Magnetic Resonance Imaging*, pp.873-887. (1993)
- [130] N. Abbadeni, "Computaional measures corresponding to perceptual texture features," In *IEEE International Conference on Image Processing*, pp. 897-900. (2000)
- [131] P. Maillard, "Developing methods of texture analysis in high resolution images of the earth analysis," *X SBSR, Foz do Iguaçu, 21-26 April, INPE*, pp. 1309-1319. (2001)
- [132] N. Youssry, F. E. Z. Abou-Chadi, and A. M. El-Sayad, "Early detection of masses in digitized mammograms using texture features and neuro-fuzzy model," In *proceeding of the 20<sup>th</sup> National Radio Science Conference NRSC 2003, Cairo, Egypt.* (2003)
- [133] G. A. Losa, and C. Castelli, "Nuclear patterns of human breast cancer cells during apoptosis: characterisation by fractal dimension and co-occurrence matrix statistics," In *Cell and Tissue Research*, Vol. 322, N°. 2, pp. 257-267. (2005)
- [134] L. Tesař, and all, "Medical image analysis of 3D CT images based on extension of Haralick texture features," In *Computerized Medical Imaging and Graphics*, Vol. 32, N°. 6, pp. 513-520. (2008)
- [135] N. T. Talla, A. Dipanda, et E. Tonye, "Nouvelle approche d'évaluation des paramètres de texture d'ordre supérieur pour l'analyse automatique d'images numériques," *Revue santé/STIC de l'Université de Bourgogne*, N°. 3, pp. 102-105. (2008)
- [136] N. Sharma, and all, "Segmentation and classification of medical images using texture-primitive features: Application of BAM-type artificial neural network," In *Journal of Medical Physics*, Vol. 33, N°. 3, pp.119-126. (2008)
- [137] A. B. Tosun, and all "Object oriented texture analysis for the unsupervised segmentation of biopsy images for cancer detection," In *Pattern Recognition*, Vol. 42, N°. 6, pp. 1104-1112. (2009)

## *Bibliographie*

- [138] A. Bouzid-Daho, M. Boughazi, and C. Tanougast, "SEGMENTATION OF ABNORMAL BLOOD CELLS TO AID LEUKEMIA DETECTION," *Acta HealthMedica*, Vol. 1, N° 4, pp. 88-92. (2016)
- [139] A. Bouzid-Daho, M. Boughazi, and C. Tanougast, "Algorithmic Processing to Aid in Leukemia Detection," *Medical Technologies Journal*, Vol. 1, N° 1, pp.10-11. (2017)
- [140] A. Loddo, L. Putzu, and C. D. Ruberto, "A Computer-Aided System for Differential Count from Peripheral Blood Cell Images," In Conference paper. (2016)
- [141] V. Piuri, and F. Scotti, "Morphological classification of blood leucocytes by microscope images," In *Computational Intelligence for Measurement Systems and Applications*, pp. 103-108. (2004)
- [142] S. D. Cataldo, and all, "Achieving the way for automated segmentation of nuclei in cancer tissue images through morphology-based approach: a quantitative evaluation," In *Comp Med Imag Grap*, Vol. 34, N° 6, pp. 453-461. (2010)
- [143] A. Dirami, K. Hammouche, M. Diaf, and P. Siarry, "Fast multilevel thresholding for image segmentation through a multiphase level set method," In *Signal Processing*, Vol. 93, N° 1, pp. 139-153. (2013)
- [144] V. Mageshwari, I. Laurence Aroquiaraj, and T. Dharani, "A realistic medical image segmentation of abnormal HIV in blood cells using morphological operations," In *IEEE International Conference on Inventive Computation Technologies*. (2017)
- [145] F. Hamadi, "Techniques de segmentation d'images par contours actifs et contribution au mouvement dans des séquences d'images," mémoire de magister, Ecole Nationale Polytechnique. (2007)
- [146] C. Constantinides, "Segmentation automatisée du ventricule gauche en IRM cardiaque : Evaluations supervisée et non supervisée de cette approche et application à l'étude de la viabilité myocardique," thèse de doctorat, Télécom ParisTech. (2012)
- [147] L. Bensari, "Segmentation multi-échelles des images cardiaques pour la détection des maladies cardiovasculaires," mémoire de magister, Université de Médéa. (2014)
- [148] B. Sayah, "Une approche hybride pour la segmentation de tumeurs en IRM cérébrales," thèse de doctorat, Université d'Annaba. (2015)
- [149] T. Baâkak, "Segmentation et classification intelligente des images cérébrales (identification de tumeurs)," thèse de doctorat, Université de Tlemcen. (2015)

## *Bibliographie*

- [150] N. R. Talegaonkar, P. N. Shinde, S. J. Shelke, S. D. Vaidya, A. G. Barathe, N. Wankhade, and S. Kulkarni, "An approach to automatic brain tumor detection in magnetic resonance Images," In proceeding of IRF International Conference, pp. 17-19, (2014)
- [151] K. Bhima, and A. Jagan, "An Improved Method for Automatic Segmentation and Accurate Detection of Brain Tumor in Multimodal MRI," In International Journal of Image, Graphics and Signal Processing, Vol.9, N°.5, pp.1-8. (2017)
- [152] D. L. Pham, C. Xu, and J. L. Prince, "Current Methods in Medical Image Segmentation," Annual Review of Biomedical Engineering," Vol. 2. pp. 315-337. (2000)
- [153] A. Bouzid-Daho, M. Boughazi, B. Senouci, "Multispectral Images Segmentation for Biomedical Applications Diagnosis: K-Means Oriented Approach," In Proceeding of IEEE BioSMART'2017, 2<sup>nd</sup> International Conference on Bio-engineering for Smart Technologies, In Paris, France. (2017)
- [154] L. Mredhula, and M. A. Dorairangaswamy, "An effective image denoising using PPCA and classification of CT images using artificial neural networks," International Journal of Medical Engineering and Informatics, Vol. 9, N°. 1, pp. 30-46. (2017)
- [155] B. S. Anami, and P. H. Unki. "Multilevel thresholding and fractal analysis based approach for classification of brain MRI images into tumour and non-tumour," International Journal of Medical Engineering and Informatics, Vol. 8, N°. 1, pp.1-13. (2016)
- [156] H. Zhai, H. Huang, S. He, and W. Liu, "Rice paper classification study based on signal processing and statistical methods in image texture analysis," International Journal of Software Innovation, Vol. 2, N°. 3, pp.1-14. (2014)
- [157] A. Chaddad, and C. Tanougast, "Texture analysis of abnormal cell images for predicting the continuum of colorectal cancer," Analytical Cellular Pathology, Hindawi Publishing Corporation, Vol. 2015, Article ID 589719, 13 pages. (2015)
- [158] A. Bouzid-Daho, M. Boughazi, C. Tanougast, and O. Benali Medjahed, "Textural Analysis of Bio-Images for Aid in the Detection of Abnormal Blood cells," International Journal of Biomedical Engineering and Technology, Vol. 25, N°. 1, pp.1-13. (2017)

## *Productions scientifiques*

### **Articles Internationales publiés**

- 1) Abdellatif Bouzid-Daho, Mohamed Boughazi, and Eric Petit, “Detection of Abnormal Blood Cells by Segmentation and Classification”, *In International Journal of Medical Engineering and Informatics*, Vol. 11, N°. 1, pp. 57-70. January 2019. **DOI:** [10.1504/IJMEI.2019.096892](https://doi.org/10.1504/IJMEI.2019.096892)
- 2) Abdellatif Bouzid-Daho, and Mohamed Boughazi, “Segmentation of Abnormal Blood Cells for Biomedical Diagnostic Aid”, *In International Journal of Image, Graphics and Signal Processing*, Vol. 25, N°. 1, pp.1-13. 2018. **DOI:** [10.5815/ijigsp.2018.01.04](https://doi.org/10.5815/ijigsp.2018.01.04)
- 3) Abdellatif Bouzid-Daho, and all, “Textural Analysis of Bio-Images for Aid in the Detection of Abnormal Blood cells”, *In International Journal of Biomedical Engineering and Technology*, Vol. 25, N°. 1, pp.1-13. September 2017. **DOI:** [10.1504/IJBET.2017.10007479](https://doi.org/10.1504/IJBET.2017.10007479)
- 4) Abdellatif Bouzid-Daho, and all, “Algorithmic Processing to Aid in Leukemia Detection”, *Medical Technologies Journal*, Vol. 1, N°. 1, pp.10-11. March 2017. **DOI:** [10.26415/2572-004X-vol1iss1p10-11](https://doi.org/10.26415/2572-004X-vol1iss1p10-11)
- 5) Abdellatif Bouzid-Daho, Mohamed Boughazi, and Camel Tanougast, “SEGMENTATION OF ABNORMAL BLOOD CELLS TO AID LEUKEMIA DETECTION”, *Acta HealthMedica*, Vol. 1, N°. 4, pp.88-92. December 2016. **DOI:** [10.19082/ah88](https://doi.org/10.19082/ah88)

### **Communications internationales**

- 1) Abdellatif BOUZID-DAHO, and Nassim BOUKARI “Blood Cells Segmentation by Using Thresholding Techniques,” *5<sup>th</sup> International Conference on Automation, Control Engineering & Computer Science (ACECS-2018)*, In Hammamet, Tunisia, pp. 291-295, December 2018.
- 2) Abdellatif Bouzid-Daho, Nassim Boukari and Mohamed Boughazi, “The Leukemia Detection Using Segmentation Method by Thresholding,” *In Proceeding of the Second International Workshop on Signal Processing Applied to Rotating Machinery Diagnostics (SIGPROMD'2018)*, In Djelfa, Algeria, pp.156-161, April 2018.
- 3) A.Bouzid-Daho, M.Boughazi, B.Senouci “Multispectral Images Segmentation for Biomedical Applications Diagnosis: K-Means Oriented Approach” *In IEEE BioSMART 2017, 2nd International Conference on Bio-engineering for Smart Technologies*, In Paris, France, Aug. 30<sup>th</sup> - Sep. 1<sup>st</sup>, 2017.

## *Productions scientifiques*

**DOI:** [10.1109/BIOSMART.2017.8095341](https://doi.org/10.1109/BIOSMART.2017.8095341)

- 4) T. Hafs, L. Bennacer, A. Nait-Ali, M. Boughazi, and A. Bouzid-Daho “Online signature verification approach using Mellin transform and empirical mode decomposition” *IEEE BioSMART 2017, 2nd International Conference on Bio-engineering for Smart Technologies*, pp.1-6. In Paris, France, 2017. **DOI:** [10.1109/BIOSMART.2017.8095311](https://doi.org/10.1109/BIOSMART.2017.8095311)
- 5) Abdellatif Bouzid-Daho, and all, “Classification of Blood Cells by Method K-means,” *In Proceeding of the 3<sup>rd</sup> International Conference on Embedded Systems in Telecommunications and Instrumentation (ICESTI'16)*, In Annaba, Algeria, pp.19, October 2016.
- 6) Abdellatif Bouzid-Daho, and all, “Algorithmic Processing to Aid Leukemia Detection,” *In Abstract book of International Conference on Health Sciences and Medical Technologies (ICHSMT'2016)*, In Tlemcen, Algeria, Mehr publishing, pp.10, Septembre 2016.
- 7) Abdellatif Bouzid-Daho, and Mohamed Boughazi, “Segmentation of Textured Medical Images: Approach of the K-means,” *In Proceeding of the first International Conference on Computer Science's Complex Systems and their Applications (ICCSA'2016)*, In Oum El Bouaghi, Algeria, pp.156-161, April 2016.

## **Communications nationales**

- 1) Abdellatif Bouzid-Daho, et Mohamed Boughazi, “Développement d’une Segmentation et Classification de Bio-Images aide au Diagnostic Biomédical pour la Détection des Cellules Sanguines Anormales,” *2<sup>ème</sup> Journée Doctorale sur les Télécommunications, l’Instrumentation et la Biotechnologie Embarquées (JDTIBE'2017)*, Annaba, Algérie, Avril 2018.
- 2) Abdellatif Bouzid-Daho, and Mohamed Boughazi, “Segmentation of Abnormal Blood Cells Aid with the Biomedical Diagnosis,” *In Proceeding of 1<sup>st</sup> Algerian Multi-Conference on Computer, Electrical and Electronic Engineering (AMCEEE'2017)*, In Algiers, Algeria, April 2017.
- 3) Abdellatif Bouzid-Daho, et Mohamed Boughazi, “Approches Statistiques de Bio-Images aide au Diagnostic Biomédical pour la Détection des Cellules Sanguines Anormales,” *Recueil des résumés du Workshop Mathématiques en Images (MI'2017)*, M’Sila, Algérie, Avril 2017.
- 4) Abdellatif Bouzid-Daho, et Mohamed Boughazi, “Développement d’une

## *Productions scientifiques*

Segmentation et Classification de Bio-Images aide au Diagnostic Biomédical pour la Détection des Cellules Sanguines Anormales,” *1<sup>ère</sup> Journée Doctorale sur les Télécommunications, l’Instrumentation et la Biotechnologie Embarquées (JDTIBE’2017)*, Annaba, Algérie, Avril 2017.

- 5) Abdellatif Bouzid-Daho, et Mohamed Boughazi, “Segmentation of Bio-Images for Aid in the Detection of Abnormal Blood Cells,” *Recueil des résumés du 1<sup>er</sup> Séminaire National sur la Simulation Numérique dans les Sciences Appliquées (SNSA’2016)*, Guelma, Algérie, pp. 90, Décembre 2016.
- 6) Abdellatif Bouzid-Daho, Mohamed Boughazi, et Camel Tanougast, “Etude Statistique de Bio- Images dans le but de Détecter les Cellules Sanguines Anormales,” *Proceeding dans La première édition du Congrès Annuel sur les Sciences & Technologies Appliquées (CASTA’2016)*, Boumerdès, Algérie, Septembre 2016.

- Pour réaliser notre approche, nous considérons à des fins d'étude un ensemble de données d'images supervisées publiques de cellules sanguines fournies par le service d'hématologie de l'Hôpital du CHU, Angers, France. Cette base de données donne des images de microscope sanguin typiques obtenues à partir de l'examen au microscope optique de lames de sang qui fournit des informations qualitatives et quantitatives importantes concernant la présence de pathologies hématologiques comme le montre ci-dessous, sont acquises de la base de données **hematocell** présentées à l'adresse :

<http://www.hematocell.fr/index.php/banque-dimages>

The screenshot displays the Hematocell.fr website interface. At the top, the logo 'Hematocell.fr' is prominently displayed, along with the text 'LABORATOIRE D'HÉMATOLOGIE DU CHU D'ANGERS'. To the right, the logos for 'université angers' and 'FACULTÉ DE MÉDECINE' are visible. Below the header, a navigation menu includes links for 'Accueil', 'Les cellules du sang et de la moelle osseuse', 'Anomalies cytologiques observées au cours de... Etiologie de ...', 'Observations biocliniques commentées', 'Enseignement de l'hématologie cellulaire', and 'Banque d'images'. A search bar with the text 'Recherche...' and a magnifying glass icon is also present.

The main content area is titled 'Banque d'images' and features a search input field with a 'Rechercher' button. Below this, a grid of ten microscopic images is shown, each with a corresponding label:

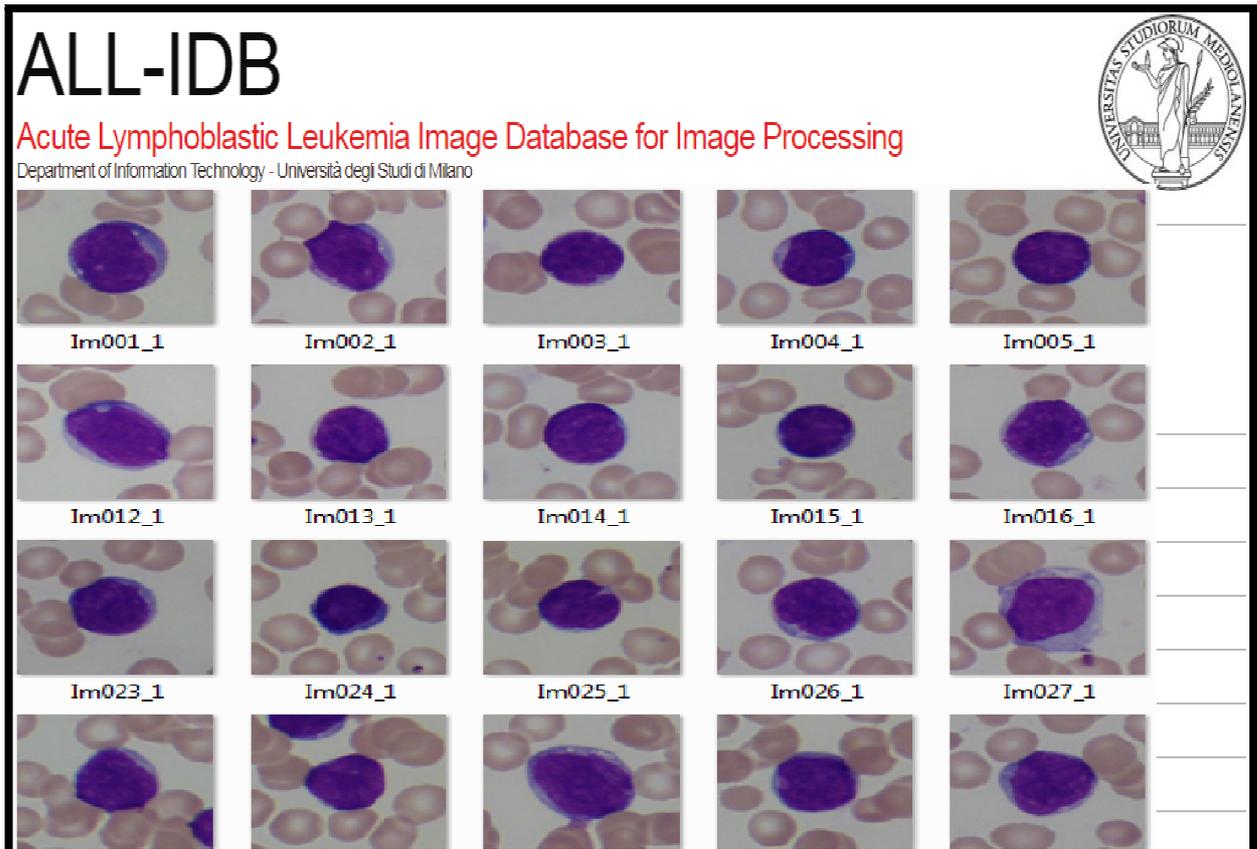
- LA à promyélocytes - sang
- LA à promyélocytes - moelle
- LAM3 - moelle
- LAM3 - moelle
- LAM3 avec t(15;17) - moelle
- polynucléaires basophiles - sang normal
- polynucléaires éosinophiles - sang normal
- Monocytes - sang normal
- LMC - Sang - faible grossissement
- LMC - Sang

---

Annexe B

---

- La deuxième banque de bio-images utilisées dans ce travail sont acquises de la base de données **ALL-IDB** est un ensemble d'images microscopiques d'échantillons de sang, spécialement conçu pour l'évaluation et comparaison d'algorithmes de segmentation et de classification d'images. Présentées à l'adresse : <http://homes.di.unimi.it/scotti/all/>



Annexe C

■ Structure de l'algorithme (k-means)

```

Input: données( $X_1, \dots, X_n$ ) nombre de clusters  $k$ 

Algorithme k-means :


Itération :  $t \leftarrow 0$ 
/* Initialisation : */
Initialiser les centres des classes :  $\Psi^{(0)} = (\mu_1^{(0)}, \dots, \mu_k^{(0)})$ 
/* */

Nombre d'itérations max :  $\text{maxIter} \leftarrow 1000$ 
Fixer un seuil petit pour le test de convergence :  $\epsilon > 0$  ; e.g,  $\epsilon = 10^{-6}$ 
Distorsion:  $J^{(t)} \leftarrow +\infty$ 
/* K-means */

while ((converge  $\neq 0$ ) and ( $t \leq \text{maxIter}$ )) do
    /* Étape affectation */
    for  $i \leftarrow 1$  to  $n$  do
        for  $k \leftarrow 1$  to  $k$  do
            Calculer  $z_{ik}^{(t)}$  à l'aide de l'équation ci-dessous:
            
$$z_{ik}^{(t)} = \begin{cases} 1 & \text{si } k = \arg \min_{z \in \{1, \dots, k\}} \|x_i - \mu_k\|^2 \\ 0 & \text{sinon.} \end{cases}$$

        end
    end
    /* Étape recalage (recalcule des centres) */
    for  $k \leftarrow 1$  to  $k$  do
        Calculer  $\mu_k^{(t+1)}$  à l'aide de l'équation ci-dessous:
        
$$\mu_k^{(t+1)} = \frac{\sum_{i=1}^n z_{ik}^{(t)} x_i}{\sum_{i=1}^n z_{ik}^{(t)}}$$

        for  $j \leftarrow 1$  to  $d$  do
            | Calculer  $\mu_{kj}^{(t+1)}$ 
        end
    end
     $t \leftarrow t + 1$  (itération suivante)
    /*Test de convergence*/
    Calculer la distorsion  $J^{(t+1)}$  à l'aide de l'équation ci-dessous:
    
$$J(\mu_1, \dots, \mu_k, z) = \sum_{k=1}^k \sum_{i=1}^n z_{ik} \|x_i - \mu_k\|^2$$

    (if ( $\frac{|J^{(t+1)} - J^{(t)}|}{|J^{(t)}|} \leq \epsilon$ ) ( $t \geq \text{maxIter}$ )) then
        | converge = 1
    end
end
Result: les classes ( $z_1, \dots, z_n$ ) et les centres des classes ( $\mu_1, \dots, \mu_k$ )

```

- Structure de l'algorithme (fuzzy c-means)

**Début**

1. Initialiser  $U = [u_{ij}]$  matrice  $U_{(0)}$ .

2. A la k-étape : calculer les centres  $C_{(k)} = [c_j]$  avec  $U_{(k)}$

$$c_j = \frac{\sum_{i=1}^N u_{ij}^m \cdot x_i}{\sum_{i=1}^N u_{ij}^m}$$

3. Mise à jour de  $U_{(k)}$  ,  $U_{(k+1)}$

$$u_i^{j=1} C_{k=1} \|x_i - c_j\| \|x_i - c_k\|^{2m-1}$$

4. Si  $\|U_{(k+1)} - U_{(k)}\| < \varepsilon$  ( $0 < \varepsilon < 1$ ), alors STOP, sinon le retour à l'étape 2.

**Fin**

---

## Annexe E

---

- Structure de l'algorithme (region growing)

**Fonction** croissance (image Image, image Pixels Non Traites, pixel  $(X_{seed}, Y_{seed})$ , image ImRes, entier Label Région)

Allocation Liste, Elt

Moyenne  $\leftarrow 0$  //moyenne d'intensité de la région en cours de formation

booléen CritLocal  $\leftarrow 0$

booléen CritGlobal  $\leftarrow 0$

**If** Pixels Non Traites  $(X_{seed}, Y_{seed})$  **do**

Insérer  $(X_{seed}, Y_{seed})$  dans Liste

**end**

**While** Liste non vide Extraire  $(X_0, Y_0)$  de Liste

**If** Pixels Non Traites  $(X_0, Y_0) = 1$  **do**

ImRes  $(X_0, Y_0) \leftarrow$  Label Région

Mise à jour de Moyenne

Pixels Non Traites  $(X_0, Y_0) \leftarrow 0$

**For** tout  $(X_v, Y_v)$  voisin de  $(X_0, Y_0)$  **do**

**If**  $(X_v, Y_v)$  n'existe pas dans Liste **do**

CritLocal  $\leftarrow$  critère Homogénéité (Image  $(X_v, Y_v)$ , Image  $(X_0, Y_0)$ ) // renvoie 1 **if**

Homogénéité

CritGlobal  $\leftarrow$  critère Homogénéité (Image  $(X_v, Y_v)$ , Moyenne)

**If** CritLocal et CritGlobal **do**

insérer  $(X_v, Y_v)$  dans Liste

**end**

**end**

**end**

**end**