Rapport de Stage M2 STIC Image-Intelligence Artificielle

Segmentation et caractérisation de taches pigmentaires sur des images multispectrales de zone de peau : aide au dépistage de carcinome de la peau

UMR CNRS 6072 Equipe Image - ENSICAEN

LATROYES Clément

Encadrants:
Marinette REVENU
Olivier LEZORAY

Année 2011-2012

Remerciements

Je souhaiterais remercier Marinette Revenu et Olivier Lezoray pour m'avoir sélectionné pour réaliser ce stage, pour m'avoir encadré et donné de nombreux conseils durant celui-ci.

Je remercie également Abderrahim El Moataz, responsable de l'équipe Image du GREYC, pour m'avoir accueilli dans son équipe.

Je tiens également à remercier toute l'équipe Image du GREYC qui a facilité mon intégration au sein du groupe.

Table des matières

Introduction **6**

1 Présentation du stage **7**
1.1 Présentation du laboratoire 7
1.2 Présentation de l'équipe Image 8
1.3 Sujet du stage 8
1.3.1 Le projet ANR Melascan 8
1.3.2 Objectifs du stage 9

2 Contexte : bibliographie et données images **11**
2.1 Avancées sur l'analyse des cancers de la peau 11
2.2 Données images 12
2.2.1 Images d'Intuiskin 12
2.2.2 Images de Newtone 15

3 Méthode de segmentation de texture par HMT **17**
3.1 Présentation de la méthode 17
3.1.1 Rappel sur la transformée en ondelettes 17
3.1.2 Modélisation des données 18
3.1.3 Apprentissage des paramètres du modèle HMT 20
3.1.4 Segmentation multi-échelle par modèle HMT 20
3.1.5 Fusion interéchelle basée sur le contexte 21
3.2 Travail réalisé 21
3.2.1 Description du programme SEGRIT 22
3.2.2 Adaptation du code 24
3.2.3 Programmes de mise en oeuvre 24
3.3 Bilan 27
3.3.1 Points positifs 27
3.3.2 Difficultés 27

4 Méthode de segmentation par une chaîne de traitements d'images **29**
4.1 Méthode générale 29
4.2 Description des traitements 32

4.3 Bilan 34
4.3.1 Résultats 34
4.3.2 Difficultés rencontrées 35

5 Bilan général **36**
5.1 Organisation du travail 36
5.2 Apports du stage 37

Conclusion **38**

A Résultats de la segmentation par HMT **39**
A.1 Pré-traitements 39
A.1.1 Images d'Intuiskin 39
A.1.2 Images de Newtone 40
A.2 Segmentation par HMT 40
A.2.1 Images d'Intuiskin 42
A.2.2 Images de Newtone 44

B Segmentation par chaîne de traitements d'images **48**
B.1 Résultats 48
B.2 Programme 49

Références **52**

Table des figures

2.1 Série d'images de zone de peau à partir du dispositif d'acquisition d'Intuiskin. 13
2.2 Masque obtenu pour l'image 1 d'Intuiskin. 14
2.3 Egalisation d'histogramme pour l'image 1 d'Intuiskin. 15
2.4 Exécution du programme OrsaHomography entre l'image 1 et l'image 2. 15
2.5 Exemple de deux plans multispectraux pour les images de Newtone : 1) 530nm, polarisation croisée avec lumière visible ; 2) 590nm, sans polarisation avec éclairage UV. 16
2.6 Exemple de recalage : 1) image fournie par Newtone, plan 640nm, polarisation croisée avec lumière visible ; 2) résultat du calibrage avec notre formule ; 3) avec la formule de Michel Desvignes. 16

3.1 1) Gaussienne possédant une grande variance. 2) Gaussienne possédant une variance faible. 3) Mixture des deux courbes précédentes : approximation de la répartition des coefficients dans une décomposition en ondelettes. 19
3.2 Modélisation de la transformée en ondelettes : 1) les dépendances père-fils des sous-bandes de la transformée en ondelettes ; 2) la structure en *quadtree* du modèle, détaillé pour une sous-bande ; 3) le modèle HMT, détaillé pour une sous-bande. 19
3.3 Décomposition d'une image en carré dyadiques : 1) image divisée successivement en carrés dyadiques ; 2) structure en *quadtree* des carrés dyadiques. 21
3.4 Différents vecteurs de contexte utilisés. Les carrés dyadiques utilisés sont : 1) les voisins du fils ; 2) les voisins du père et le père ; 3) les voisins du fils, les voisins du père et le père. 22
3.5 Exemples d'imagettes : 1) textile ; 2) carcinome. 23
3.6 Exemples d'oppositions de texture avec une segmentation correspondante à un jeu d'hyperparamètres (le meilleur) : opposition (1) et segmentation (4) : opposition textile/peau ; opposition (2) et segmentation (5) : opposition peau/carcinome ; opposition (3) et segmentation (6) : opposition textile/carcinome. 23
3.7 Diagramme d'utilisation du programme SEGRIT : apprentissage des données. 26

3.8 Diagramme d'utilisation du programme SEGRIT : segmentation d'une image multitexture. 27

4.1 Etape de filtrage : 1) plan "3R" après descente en résolution ; 2) image après ouverture et fermeture par reconstruction ; 3) image après filtrage bilatéral. 30
4.2 1) Image après seuillage par minimisation de variance. 2) Image après remplissage du carcinome. 30
4.3 Etape de raffinage des frontières : 1) image après tracé de la frontière ; 2) image après raffinage. 30
4.4 Filtrage : 1) du plan 4 ; 2) du plan 9 ; 3) du plan 14. 4) Image multispectrale obtenue à partir des 3 plans. 31
4.5 Classification par l'algorithme des k-moyennes. 31
4.6 Segmentation à l'échelle 1/10 : 1) tracé des frontières sur les 2 séparations ; 2) raffinage des frontières. 32

5.1 Diagramme des tâches effectuées au cours de mon stage. 36

A.1 Pré-traitements sur les images d'Intuiskin : 1) image à recaler, ici l'image 1 ; 2) image après interpolation ; 3) image après recalage spatial ; 4) image 2, prise comme modèle pour le recalage. 39
A.2 Pré-traitements sur les images de Newtone : 1) plan 530nm, polarisation croisée avec lumière visible, avant calibrage ; 2) après calibrage ; 3) 590nm, sans polarisation avec éclairage UV, avant calibrage ; 4) après calibrage. 40
A.3 Premier test d'Intuiskin ("Test6") : 1) image 2 ; 2) vérité terrain. 42
A.4 Résultats de segmentation pour "Test6" : 1) 3 meilleurs classifieurs ; 2) 10 meilleurs classifieurs. 43
A.5 1) Image "Test6" avec les contours de la segmentation (3 meilleurs classifieurs). 2) Matrice de confusion correspondante. 43
A.6 Résultats de la segmentation avec "Test4" : 1) plan numéro 2 de la série d'images ; 2) vérité terrain ; 3) segmentation avec le meilleur classifieur ; 4) segmentation avec les deux meilleurs classifieurs. 44
A.7 Image fournie par Newtone ("N2") : 1) plan 580nm éclairage UV ; 2) vérité terrain. 45
A.8 Résultat de la segmentation avec "N2" pour les 2 meilleurs classifieurs. 45
A.9 Résultat de la segmentation avec "N4" : 1) plan correspondant à l'image ; 2) segmentation pour les 2 meilleurs classifieurs pris en compte. 46
A.10 Résultats de la segmentation avec "N2" avec 3 classes : 1) vérité terrain correspondante ; 2) segmentation pour le meilleur classifieur pris en compte ; 3) segmentation pour les 2 meilleurs classifieurs. 47

B.1 Résultats obtenus pour chaque série d'images : 1) "Test4" ; 2) "Test6" ; 3) "Test8-2" ; 4) "Test10-1". Les frontières apparaissent en blanc. . . . 48

Introduction

Ce rapport présente l'ensemble du travail réalisé lors de mon stage de Master 2 STIC Image-Intelligence Artificielle, qui s'est déroulé au sein du laboratoire GREYC (Groupe de Recherche en Informatique, Image, Automatique et Instrumentation de Caen), à Caen. Ce stage fait partie intrégrante d'un projet ANR nommé Melascan, dont le GREYC est partenaire. Les domaines qui sont abordés durant ce stage sont l'imagerie multispectrale pour les représentations des données, la segmentation et la classification de ces données.

L'imagerie médicale rassemble les différents moyens d'acquisition d'images du corps humain. Ces méthodes sont importantes car elles permettent d'obtenir des éléments essentiels sans avoir à réaliser d'interventions sur un patient. L'informatique rentre en ligne de compte lorsqu'il s'agit de réaliser des traitements sur les images obtenues, afin d'extraire les éléments nécessaires au médecin.

Le projet Melascan repose sur l'utilisation d'images dans l'aide au dépistage de carcinome de la peau. Depuis plus de cinquante ans, la fréquence de cancers cutanés augmente, surtout celle du mélanome. Une analyse de ces images permettrait d'aider les médecins dans leur diagnostic.

Ce rapport est composé de trois parties. Dans un premier temps, je présenterai le contexte et le sujet de ce stage, ainsi que le laboratoire où j'ai travaillé. Puis, j'aborderai le travail en lui-même. Après avoir expliqué les différentes notions importantes du stage, j'expliquerai les étapes qui ont constitué mon travail. Dans une dernière partie, ma reflexion portera sur les connaissances que ce stage m'a apporté et sur mes impressions personnelles.

1

Présentation du stage

1.1 Présentation du laboratoire

Mon stage s'est déroulé au sein du laboratoire de recherche GREYC (Groupe de Recherche en Informatique, Image, Automatique et Instrumentation de Caen). Celui-ci est rattaché à l'INS2I (Institut des Sciences Informatiques et de leurs Intéractions) et à l'INSIS (Institut des sciences de l'Ingénierie et des Systèmes) du CNRS. Le GREYC est dirigé par M. Mohammed M'Saad (directeur), MM. Frédéric Jurie et Abdel-Illah Mouaddib (directeurs adjoints). Le laboratoire possède plus de 239 membres permanents et non-permanents.

Le laboratoire est divisé en 8 équipes, ayant chacune des activités principales :

- Equipe Algorithmique, Modèles de calcul, Aléa, Cryptographie, Complexité :
  1. Modèles de calcul : logique et complexité ;
  2. Protection de l'information, codage et cryptographie ;
  3. Structures aléatoires et analyse des algorithmes.
- Equipe Constraints, Data mining and Graphs :
  1. Graphes, aspects algébriques et algorithmiques ;
  2. Contraintes, méthodes de résolution et d'optimisation ;
  3. Fouilles, représentations condensées et synthèse.
- Equipe Modèles, Agents et Décisions :
  1. Modèles, algorithmes et complexité du raisonnement ;
  2. Systèmes multi-agents, agents mobiles, modélisation et preuve de comportement ;
  3. Modèles et algorithmes pour la décision.
- Equipe Human Language Technology :
  1. Usages, intéractions, sémiotique ;
  2. Sémantique, rhétorique, discours ;

3. Multilinguisme, traduction, algorithmique du texte et méthodes différentielles.

- Equipe Image :
  1. Modélisation géométrique, variationnelle et stochastique pour le traitement d'images ;
  2. Extraction et gestion de connaissances.
- Equipe Automatique :
  1. Identification des systèmes non linéaires ;
  2. Observation des systèmes non linéaires ;
  3. Commande (sous contraintes, adaptative non linéaire) ;
  4. Méthodologie (transfert des résultats théoriques).
- Equipe Electronique :
  1. Microcapteurs à base d'oxydes fonctionnels et bruit en 1/f ;
  2. Bolométrie ;
  3. Magnétométrie.
- Equipe Monétique & Biométrie :
  1. Biométrie : conception, évalutation, protection ;
  2. Confiance : sécurisation de systèmes transactionnels, gestion de l'identité.

1.2 Présentation de l'équipe Image

Pour ce stage, j'ai été intégré dans l'équipe Image. Cette équipe est dirigée par M. Abderrahim El Moataz. Elle possède 46 membres, dont 14 doctorants. Les activités de l'équipe sont essentiellement tournées vers le développement de méthodes de traitement d'images portant sur des problèmes concrets, comme la mise en oeuvre de modèles de représentation d'images ou l'extraction et la gestion de connaissances en traitement et analyse d'images. Les travaux de l'équipe sont reconnus, notamment grâce à ses nombreuses publications d'audience internationale, son implication dans de nombreux projets nationaux ou contrats industriels. L'équipe a été impliquée dans de nombreux projets ANR, que ce soit en tant que partenaire ou en tant que coordinateur.

1.3 Sujet du stage

1.3.1 Le projet ANR Melascan

Depuis plus de 50 ans, la fréquence des cancers cutanés augmente, en particulier celle du mélanome. La mortalité associée à ce type de cancer est très importante (1er rang pour les cancers de la peau, 18ème rang total). Il est donc primordial pour les

médecins d'essayer de les détecter le plus tôt possible, car la chirurgie peut les guérir seulement à un stade précoce.

Le diagnostic est actuellement effectué par un clinicien, à partir d'examens visuels ou d'images numériques. Le principe appliqué est la règle ABCDE : Asymétrie, Bord, Couleur, Diamètre, Evolutivité. Selon les médecins, un mélanome est considéré comme malin si la lésion est asymétrique, à bords irréguliers, de couleur inhomogène, de diamètre supérieur à 6 mm, et s'il évolue.

Les médecins disposent de systèmes intégrés de dermoscopie numérique. Grâce à ce type de dispositif, ils obtiennent des images de taches pigmentaires qu'ils peuvent ensuite analyser. Cependant, cette méthode n'offre pas un diagnostic pour tous les cas. Les outils utilisés se basent sur les informations visuelles et n'apportent pas plus de renseignements sur la décision par rapport à la démarche humaine. Le projet Melascan cherche donc à résoudre ces problèmes. Voici les objectifs du projet Melascan :

- Point de vue scientifique :
  - Segmenter des images multispectrales : utilisation de graphes ou d'arbres de Markov cachés (HMT) afin d'exploiter ces images ;
  - Classification et aide à la décision : optimisation des paramètres de classifieurs non linéaires et combinaisons de classifieurs optimisés par boosting.
- Point de vue technologique :
  - Définir un dispositif d'acquisition composé d'une caméra portable combinant de nombreux filtres, avec une sonde permettant d'acquérir les propriétés physico-chimiques de la lésion ;
  - Définir des mesures objectives des données (vieillissement, paramètres physico-chimiques, interprétation de la sensibilité chromatique) ;
  - Mettre en oeuvre une stratégie de réseau collaboratif pour faire évoluer la base de données, améliorer l'outil d'aide à la décision et donner un accès à la télémédecine.

De nombreux partenaires sont associés à ce projet, que ce soit pour les dispositifs d'acquisition (IntuiSkin, Newtone, Cynove), l'expertise clinique (CHU de Grenoble, Lyon-Sud et Marseille), l'élaboration des règles d'appréciation des images (Newtone), la segmentation multispectrale (Gipsa-Lab, GREYC) et la classification (Gipsa-Lab).

1.3.2 Objectifs du stage

Le but du stage est de proposer une stratégie de traitement et d'analyse d'images pour réaliser la segmentation d'images : le but est d'extraire précisément la tache pigmentaire afin de séparer la lésion pigmentée de la peau saine. Les différentes étapes sont :

- Sur les images de zone de peau, proposer les traitements qui sont nécessaires pour l'étude de ces images.
- Tester les programmes créés sur la segmentation par HMT.

- Trouver quelles sont les bandes (représentations couleurs) et les bases d'ondelettes qui donnent les meilleures segmentations.
- Développement d'une seconde méthode de segmentation.

Les images de taches pigmentaires étant très texturées, la segmentation d'une image de peau en taches pigmentaires et en zone de peau saine consiste en l'identification de régions de texture homogène. Plusieurs modèles peuvent convenir. Le premier est un modèle d'arbre de Markov caché, qui combine les informations de textures intra et inter-échelles obtenues sur des représentations par ondelettes. La seconde méthode de segmentation employée sera basée sur des opérations de traitements d'images.

2

Contexte : bibliographie et données images

Dans cette partie, nous allons développer les différentes méthodes en matière d'analyse d'images de cancers de la peau, puis expliquer quelles sont les données images sur lesquelles nous avons travaillé durant ce stage.

2.1 Avancées sur l'analyse des cancers de la peau

Beaucoup de méthodes ont été utilisées pour réaliser des analyses d'images de cancer de la peau. Voici un descriptif de ces méthodes. Elles sont issues d'un numéro spécial sur l'imagerie médicale dédiée au mélanome (*Computerized Medical Imaging and Graphics*, 2011).

- Renforcement des couleurs : l'une des méthodes est basée sur la correction des couleurs avec le modèle HSV [Iyatomi et al, 2011]. Des modèles de régression linéaire pour chaque canal sont construits, ce qui permet un ajustement automatique de la teinte et de la saturation. La seconde repose sur un schéma de normalisation en 2 étapes [Schaefer et al, 2011]. Elle supprime les variations de couleur et renforce le contraste des images en combinant les normalisations du GreyWorld et MaxRGB.

- Segmentation : plusieurs approches sur la segmentation existent. La première est une approche basée seuillage [Garnavi et al, 2011]. Après avoir déterminé le canal qui maximise la séparation entre la peau saine et le mélanome, on applique une combinaison de 2 méthodes de seuillage pour localiser la lésion. La seconde améliore la précision de la détection de frontière par Watershed ou ligne de partage des eaux [Wang et al, 2011]. La troisième perfectionne les GVF (Gradient Vector Flow) [H. Zhou et al, 2011].

- Extraction de caractéristiques : plusieurs approches ont également été proposées.

La première décrit une nouvelle méthode basée sur les graphes [Sadeghi et al, 2011], qui doit permettre d'extraire des réseaux de pigments depuis des images de dermoscopie. La seconde met en oeuvre la classification des lésions de la peau basée sur des caractéristiques de "granularité" [Stoecker et al, 2011]. La troisième propose une classification à l'aide de zones blanches présentes sur les images [Dalal et al, 2011]. Enfin, la dernière méthode extrait les caractéristiques de courbure à partir d'images 3D acquises à l'aide d'un système stéréo-photométrique [Y. Zhou et al, 2011].

Une autre approche exploite la méthode ABCDE. Elle a été décrite par Stolz et al [Stolz et al, 1994]. La tache est analysée selon différents critères (Asymétrie, Bord, Couleur, Diamètre, Evolutivité). Pour chaque critère, un score est déterminé selon les caractéristiques de la lésion. En additionnant tous les scores, le résultat obtenu (entre 1 et 8,9) permet de dire si la lésion est dangereuse pour l'homme ou non (par exemple, une lésion obtenant un score au-dessus de 5,45 peut être considérée comme un mélanome).

2.2 Données images

Nos expérimentations portent sur des images de peau venant de deux entreprises : Intuiskin, située à Grenoble, et Newtone, située à Lyon. Elles travaillent chacune sur leur propre dispositif d'acquisition. L'obtention des images de zones de peau suit un protocole précis. Par exemple, le chirurgien qui prend les prises ne doit pas bouger l'échantillon durant l'acquisition. Les images fournies vont constituer les composantes couleurs qui seront l'un des paramètres de nos expérimentations. La caméra étant en phase de test, les images ont été prises sur des exérèses (prélèvements de zone de peau). Nous allons réaliser les segmentations en comparant les deux types d'images. Voici une description des deux séries d'images.

2.2.1 Images d'Intuiskin

Pour une zone de peau, Intuiskin nous a envoyé une série de 6 images. Elles ont été prises dans le visible, mais selon différents flash et filtres. La taille des images est de 3888×2592 pixels. Voici les différents aspects techniques correspondant à l'acquisition (images correspondantes sur la figure 2.1).

1. Visible, flash polarisé selon une direction mais pas de polariseur devant l'objectif ;
2. Visible, flash polarisé selon une direction polariseur croisé devant l'objectif ;
3. Visible, flash polarisé selon une direction polariseur parallèle devant l'objectif ;
4. Visible, flash avec filtre à 390nm, avec un tout petit peu d'IR à 680nm, réception à 500nm et plus par un miroir interférentiel devant l'objectif ;
5. Visible, flash avec filtre à 365nm, avec un tout petit peu d'IR à 680nm, réception dans tout le visible (le capteur ne capte pas en dessous de 400nm) ;

6. Visible, flash avec filtre à 650nm (IR), réception à 500nm et plus par un miroir interférentiel devant l'objectif.

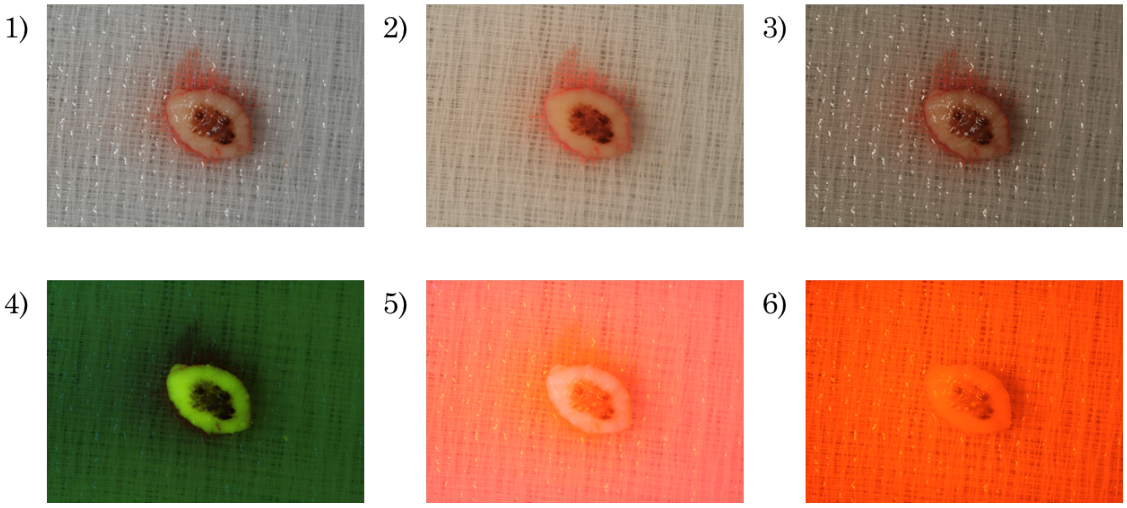


FIGURE 2.1 – Série d'images de zone de peau à partir du dispositif d'acquisition d'Intuiskin.

Pour obtenir un choix plus large de composantes couleurs, les images ont été séparées en 3 plans, ce qui permet d'obtenir un choix de 18 plans pour les jeux d'hyperparamètres.

Les séries d'images fournies par Intuiskin présentent des défauts à corriger. Dans les séries images, malgré l'effort réalisé par le chirurgien pour ne pas bouger la caméra entre les différentes prises, il est tout de même possible d'avoir un décalage qui peut aller jusqu'à 10 pixels. D'autre part, sur toutes les images sauf la deuxième, on peut apercevoir des petites zones blanches clairsemées. Ce sont des reflets. Ils risquent de gêner l'apprentissage des données.

Pré-traitements : travail réalisé

Elimination des reflets Pour enlever les reflets des images, la méthode choisie est celle d'une interpolation par inpainting utilisant les EDP (Equations aux Dérivées Partielles) de diffusion anisotrope [Tschumperlé, 2005].

Pour réaliser cette interpolation, il faut tout d'abord créer un masque pour chacune des images à traiter. Ce masque va correspondre aux emplacements des reflets. Ces masques sont obtenus par seuillage. Pour chaque image ayant des reflets (désignées auparavant), nous avons mené des tests afin de déterminer quel est le meilleur seuil pour obtenir le maximum de reflets. Après avoir obtenu ces valeurs, nous avons seuillé les images correspondantes pour obtenir un masque. Le masque final est obtenu par dilatation avec un élément structurant carré de taille 5. A la fin de cette étape, nous avons á notre disposition 5 masques. Un exemple est présenté en figure 2.2.

Nous allons utiliser ces masques pour procéder à l'interpolation. Chaque plan est traité indépendamment des autres, un masque est associé aux 3 plans de l'image de base. Avec l'aide de G'MIC, une bibliothèque créée par David Tschumperlé (membre de l'équipe Image du GREYC) [G'MIC], nous avons pu rechercher les meilleurs paramètres pour la fonction d'interpolation.

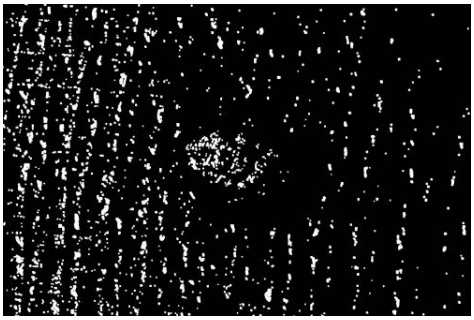


FIGURE 2.2 – Masque obtenu pour l'image 1 d'Intuiskin.

Recalage spatial L'acquisition d'images sans bouger la caméra est très difficile, puisqu'il faut changer les filtres entre les prises. Il y a donc un léger décalage entre les différentes images. Il est nécessaire de procéder à un recalage pour que la segmentation se déroule bien. Il a été décidé de recaler les images 1, 3, 4, 5 et 6 par rapport à celle qui n'a pas de reflets, la numéro 2.

Le programme utilisé a été créé dans les laboratoires MAP5 et IMAGINE/LIGM, localisés à Paris. Il est associé à l'article "Automatic Homographic Registration of a Pair of Images, with A Contrario Elimination of Outliers" [Moisan, Moulon et Monasse, 2012]. Julien Rabin, maître de conférence dans l'équipe Image, a participé au développement de cette méthode [Rabin, 2009]. Le programme utilise un modèle d'homographie entre deux images. On calcule d'abord les descripteurs SIFT pour des points d'intérêt obtenus à partir d'une représentation en espace-échelle de l'image, puis on cherche les correspondances entre ces valeurs avec un algorithme RANSAC optimisé.

Dans un premier temps, nous avons utilisé le programme sur les images originales. Parfois, le programme ne détectait pas assez de correspondances entre deux images et ne calculait donc pas les images finales. Pour régler ce problème, nous avons réhaussé le contraste des images par égalisation d'histogramme (exemple en figure 2.3). Grâce à ce traitement, le programme détecte assez de points de correspondance entre les images.

Lorsque le programme a terminé, il fournit une matrice de transformation rigide, mais présentant des aspects non linéaires, puisqu'elle n'est pas symétrique. Nous avons donc appliqué cette matrice de transformation sur chacun des pixels afin d'obtenir une nouvelle image recalée, sur l'image 2. Un exemple de matrice de transformation est la matrice H de la figure 2.4 (dernière ligne).

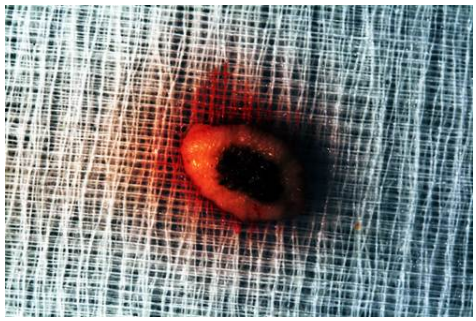


FIGURE 2.3 – Egalisation d'histogramme pour l'image 1 d'Intuiskin.

```
sift:: 1st image: 15488 keypoints
sift:: 2nd image: 12806 keypoints
sift:: matches: 4194
Remove 514/4194 duplicate matches, keeping 3680
  nfa=-11963.2 inliers=3605 precision=36.969 im1 (iter=0,sample=1659,2737,2777,3405)
  nfa=-15232.6 inliers=3616 precision=13.2738 im1 (iter=5,sample=3245,1802,3677,566)
  nfa=-16372.6 inliers=3624 precision=9.38011 im2 (iter=8,sample=2913,495,1442,1683)
  nfa=-17089.8 inliers=3634 precision=7.62518 im1 (iter=36,sample=1624,477,3637,3317)
  nfa=-17167.3 inliers=3606 precision=7.01686 im2 (iter=61,sample=3666,69,2558,1960)
  nfa=-17724.6 inliers=3633 precision=6.22123 im1 (iter=159,sample=635,1244,3337,907)
  nfa=-18019 inliers=3620 precision=5.50864 im1 (iter=414,sample=1774,434,2828,2913)
  nfa=-18081.1 inliers=3636 precision=5.59267 im2 (iter=471,sample=2586,3200,340,294)
Before refinement: Average/max error: 2.37843/5.59267
After  refinement: Average/max error: 2.20224/7.30498
H=[ 1.00021 -0.00416495 -5.92407;  -0.000752961 0.996438 -5.58373;  3.41988e-07 -1.71013e-06 1 ]
```

FIGURE 2.4 – Exécution du programme OrsaHomography entre l'image 1 et l'image 2.

2.2.2 Images de Newtone

Newtone a mis à notre disposition des images multispectrales. Les piles fournies sont composées de 31 images, allant de 400nm à 700nm (par 10nm). L'entreprise a acquis deux séries d'images. Une série est acquise en polarisation croisée avec lumière visible. L'autre est acquise sans polarisation avec un éclairage UV (avec signal en visible à partir de 490nm). La taille des images est de 1036×1168 pixels. Un exemple d'images est en figure 2.5.

Si l'on combine les deux séries d'images, Newtone nous propose donc un choix de 62 composantes couleurs à tester pour la segmentation.

Les images brutes envoyées par Newtone doivent être corrigées avant d'être traitées. Un recalage colorimétrique à partir de mires sur les deux séries d'images est nécessaire afin de pouvoir les utiliser correctement.

Recalage colorimétrique : travail réalisé Pour réaliser ce recalage, des mires noire et blanche sont à notre disposition. Le première correction que nous avons effectuée a été celle-ci :

$$image\ finale = 255 \times \frac{image - mire\ blanche\ lissée}{mire\ blanche\ lissée - mire\ noire\ lissée}.$$

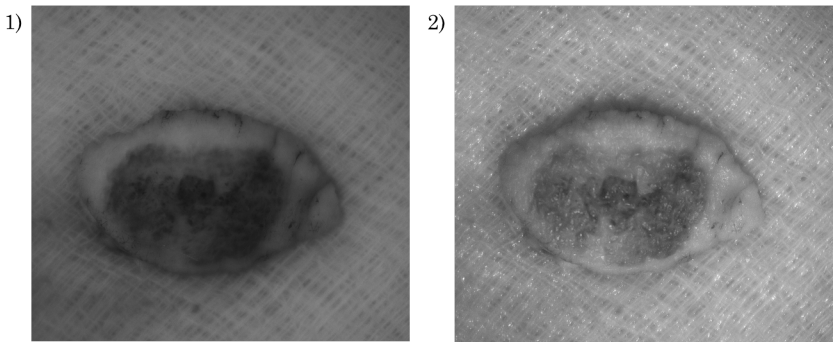


FIGURE 2.5 – Exemple de deux plans multispectraux pour les images de Newtone : 1) 530nm, polarisation croisée avec lumière visible ; 2) 590nm, sans polarisation avec éclairage UV.

Le problème de cette correction est qu'elle introduit des effets de dégradé sur le fond des images recalées, alors que les images originales n'en n'ont pas. Nous avons alors utilisé une autre correction (fournie par Michel Desvignes du Gipsa-Lab) :

$$image\ finale = 220 \times \frac{image}{mire\ blanche\ lissée}.$$

La mire blanche est lissée grâce à un filtre gaussien de taille 13×13 avec une variance de 1, puis on effectue une normalisation par 220. Les résultats obtenus sont meilleurs : l'effet de dégradé a disparu des images. La normalisation par 220 est la cause de cette disparition. Voici un exemple de recalage avec notre formule et celle de Michel Desvignes (figure 2.6)

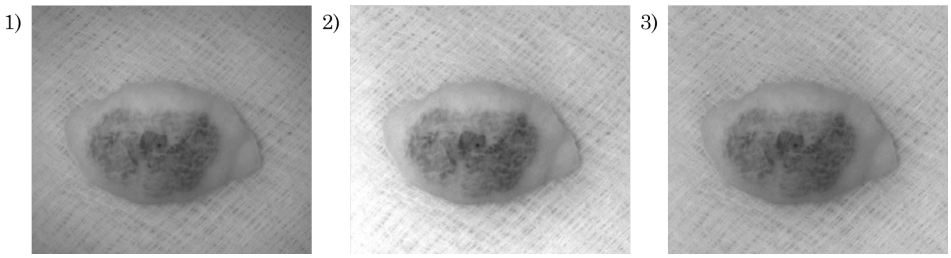


FIGURE 2.6 – Exemple de recalage : 1) image fournie par Newtone, plan 640nm, polarisation croisée avec lumière visible ; 2) résultat du calibrage avec notre formule ; 3) avec la formule de Michel Desvignes.

Les résultats des pré-traitements (Intuiskin et Newtone) sont présentés dans l'annexe A.

3

Méthode de segmentation de texture par HMT

Dans cette partie sont présentées les différentes méthodes implémentées et les outils utilisés lors de la segmentation des images de peau par HMT, ainsi que les résultats obtenus.

Cette méthode a été développée dans la thèse de Nicolas Signolle [Signolle, 2009]. L'architecture du système qu'il a conçu se nomme SEGRIT (SEgmentation de GRandes Images basées Textures). Cette segmentation repose sur l'utilisation de la transformée en ondelettes et des arbres de Markov cachés. Après avoir expliqué les différents concepts développés dans la thèse de Nicolas Signolle, nous verrons les modifications apportées pour adapter les programmes au projet, ainsi que le cheminement à suivre avant de segmenter une image multitexture.

3.1 Présentation de la méthode

La méthode de segmentation de textures utilisée par Nicolas Signolle est celle des arbres de Markov cachés (HMT). Elle permet de réaliser une segmentation de textures multi-résolution en utilisant les coefficients de la transformée en ondelettes discrètes. La distribution des coefficients à chaque échelle et entre les échelles est modélisée par un mélange de gaussiennes couplé à un arbre de Markov. Après un apprentissage de paramètres sur des textures pures, chaque pixel est segmenté, à plusieurs échelles par maximum de vraisemblance. Une fusion interéchelle des résultats de cette première segmentation est réalisée afin d'améliorer les résultats.

3.1.1 Rappel sur la transformée en ondelettes

La représentation en ondelettes est un outil mathématique très utilisé dans l'analyse du signal et de l'image. Elle possède des propriétés intéressantes du point de vue de la segmentation multitexture : détection des singularités, analyse multi-résolution, etc.

La transformée en ondelettes d'un signal à une dimension utilise des fonctions localisées en temps autour de u, et oscillant à une fréquence inversement proportionelle à s (facteur d'échelle). Les ondelettes sont générées par translation de u et contraction/dilatation de s à partir d'une seule fonction Ψ (fonction mère) :

$$\Psi_{(u,s)}(t) = \frac{1}{\sqrt{s}}\Psi\left(\frac{t-u}{s}\right).$$

Différentes bases d'ondelettes Pour analyser les textures d'une image à l'aide des ondelettes, il est important de choisir la fonction mère Ψ de manière à obtenir des coefficients proches de 0 pour les zones homogènes et des grands coefficients pour les singularités.

Ondelette de Haar Elle correspond à une approximation multi-résolution de fonctions constantes par morceaux. La fonction d'échelle est $\Phi = 1_{[0,1]}$. Le filtre h est donné par :

$$h[n] = \begin{cases} 1/\sqrt{2} & \text{pour } n = 0, 1 \\ 0 & \text{sinon.} \end{cases}$$

Voici l'expression de la fonction mère :

$$\Psi(t) = \begin{cases} -1 & \text{pour } 0 \leq t < 1/2 \\ 1 & \text{pour } 1/2 \leq t < 1 \\ 0 & \text{sinon.} \end{cases}$$

Ondelettes de Daubechies Elles ont un support de taille minimale ($2p$) pour un nombre p de moments nuls. $\widehat{h}$ est un polynôme trigonométrique défini par :

$$\widehat{h}(\omega) = \sqrt{2}\left(\frac{1+e^{-i\omega}}{2}\right)^p \cdot \sum_{k=0}^{p-1} r_k e^{-ik\omega}$$

avec r_k les coefficients d'un polynôme de degré $p-1$.

3.1.2 Modélisation des données

L'étude des coefficients issus d'une décomposition en ondelettes donne 3 propriétés. A chaque niveau de décimation, la valeur des coefficients dépend de la régularité du signal. Une singularité se traduit par un grand coefficient d'ondelettes, qui peut se propager à travers les échelles : il s'agit de la propriété de "persistance". Inversement, une zone ayant des valeurs variant peu donnera une série de petits coefficients. La deuxième propriété est le "clustering" : si un coefficient est petit ou grand, les coefficients adjacents seront du même type. La dernière propriété est la "compression" : il y a un petit nombre de grands coefficients et un grand nombre de petits coefficients.

La distribution des coefficients, pour une échelle et une sous-bande données, peut être approximée par une gaussienne. Elle est leptokurtique, elle présente un pic prononcé en 0 avec des queues lourdes.

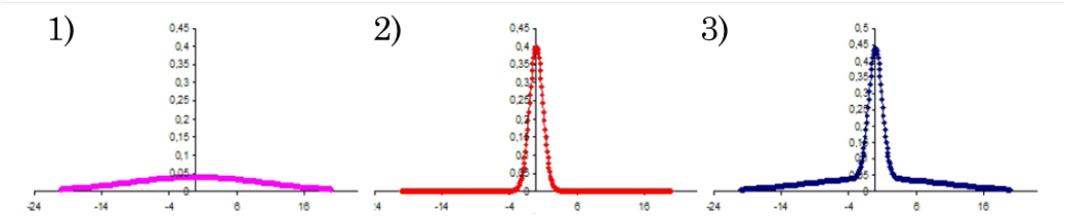


FIGURE 3.1 – 1) Gaussienne possédant une grande variance. 2) Gaussienne possédant une variance faible. 3) Mixture des deux courbes précédentes : approximation de la répartition des coefficients dans une décomposition en ondelettes.

Le modèle de Markov caché est un modèle statistique dans lequel le système est supposé être un processus Markovien avec des paramètres inconnus. Il est dit "caché" car l'émission d'une donnée à partir d'un état est aléatoire. L'évolution du système après l'instant t ne dépend que de la valeur de l'état où il se trouve à cet instant.

Nous pouvons définir deux états, un état P pour les petits coefficients et un état G pour les grands coefficients. Pour chaque échelle, la valeur d'un coefficient est dans l'un des deux états. Le modèle possède des paramètres intra-échelles et interéchelles. Les paramètres intra-échelles correspondent aux distributions des coefficients à chaque échelle. Ces paramètres sont la moyenne (μ), la variance (σ^2) et une fonction de masse (P_S).

Pour modéliser les dépendances interéchelles, le modèle utilise un arbre de Markov caché à une dépendance qui connecte les variables d'états cachées à travers les échelles.

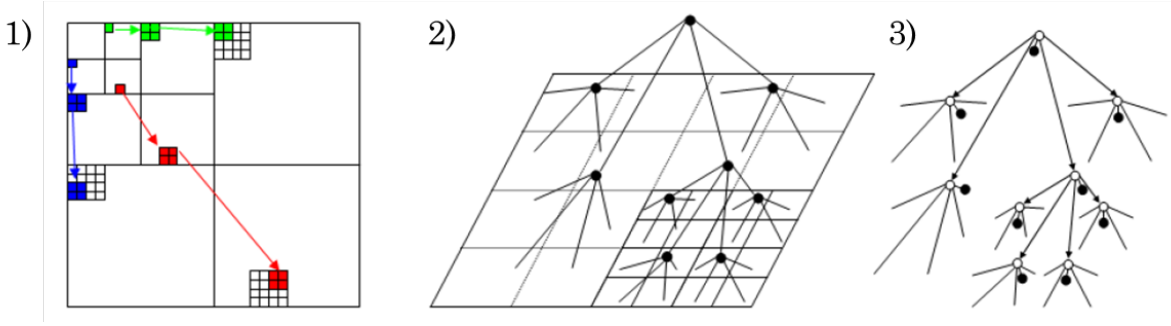


FIGURE 3.2 – Modélisation de la transformée en ondelettes : 1) les dépendances père-fils des sous-bandes de la transformée en ondelettes ; 2) la structure en *quadtree* du modèle, détaillé pour une sous-bande ; 3) le modèle HMT, détaillé pour une sous-bande.

Les dépendances entre les états sont modélisées avec des probabilités de transition

d'un état père à un état fils. Cette matrice est de la forme :

$$\begin{bmatrix} \epsilon_{f=P}^{p=P} & \epsilon_{f=G}^{p=P} \\ \epsilon_{f=P}^{p=G} & \epsilon_{f=G}^{p=G} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \epsilon_{f=P}^{p=P} & 1-\epsilon_{f=P}^{p=P} \\ 1-\epsilon_{f=G}^{p=G} & \epsilon_{f=G}^{p=G} \end{bmatrix},$$

où $\epsilon_{f=b}^{p=a}$ désigne la probabilité que le père soit à l'état a quand le fils est à l'état b.

Pour chaque échelle et pour chaque sous-bande, le modèle HMT possède un vecteur de paramètres qui est : $M := \{ \mu_m, \sigma_m^2, P_S(m), \epsilon^{mn} \}$ avec $m, n \in \{P, G\}$.

3.1.3 Apprentissage des paramètres du modèle HMT

Cette étape consiste en l'apprentissage des paramètres détaillés dans la partie précédente, pour chaque texture. Pour obtenir ces paramètres, on utilise des images ne présentant qu'une seule texture, on réalise la transformée en ondelettes sur ces images, puis on applique l'algorithme EM (Expectation Maximisation) [Crouse et al., 1998] pour obtenir le mélange de gaussiennes. Cet algorithme recherche les optima locaux de chaque jeu de paramètres. Il s'effectue en deux étapes : l'étape E calcule une vraisemblance à partir des paramètres actuels, puis l'étape M actualise les paramètres pour maximiser la vraisemblance. On applique cet algorithme jusqu'à la convergence de la vraisemblance.

3.1.4 Segmentation multi-échelle par modèle HMT

Des algorithmes de segmentation utilisent des fenêtres de classification. Mais le choix de la taille de la fenêtre est important. Si la fenêtre est grande, alors la fiabilité est meilleure, mais des pixels de classes différentes peuvent être présents dans la fenêtre. Les petites fenêtres diminuent le risque d'avoir des pixels de classes différentes, mais sont moins fiables. Choi utilise donc les deux types de fenêtres pour réaliser une segmentation multiéchelle [Choi et Baraniuk, 2001]. Les carrés dyadiques sont utilisés afin de bénéficier de fenêtres de tailles différentes. Ils ont une structure en *quadtree*.

En appliquant le modèle HMT aux coefficients issus de la transformée en ondelettes de l'image à segmenter, on peut ensuite déterminer la classe des carrés dyadiques (le modèle HMT a également une structure en *quadtree*). Pour obtenir la classification de chaque carré dyadique, il faut comparer les données obtenues lors de l'apprentissage et celles de la transformée en ondelettes de l'image à segmenter. Elle est effectuée par le calcul d'une fonction de vraisemblance :

$$f(T_i|M) = \sum_{m=P,G} f(T_i|S_i = m, M) \times p(S_i = m|M).$$

P et G correspondent aux variables d'état (respectivement petit et grand), $f()$ est la fonction de probabilité d'un évènement, $p()$ la loi de probabilité liée à une variable d'état. En considérant les sous-bandes de la transformée en ondelettes indépendantes, la fonction de vraisemblance d'un carré dyadique est donc :

$$f(d_i|M) = f(T_i^{LH}|M^{LH}) \cdot f(T_i^{HL}|M^{HL}) \cdot f(T_i^{HH}|M^{HH}),$$

avec M^{LH}, M^{HL}, et M^{HH} le vecteur de paramètres de chacune des sous-bandes.

La classification est obtenue par maximum de vraisemblance. Cette segmentation est qualifiée de "brute", car seuls les paramètres d'un carré dyadique sont pris en compte. Pour l'améliorer, Choi propose une étape de fusion interéchelle [Choi et Baraniuk].

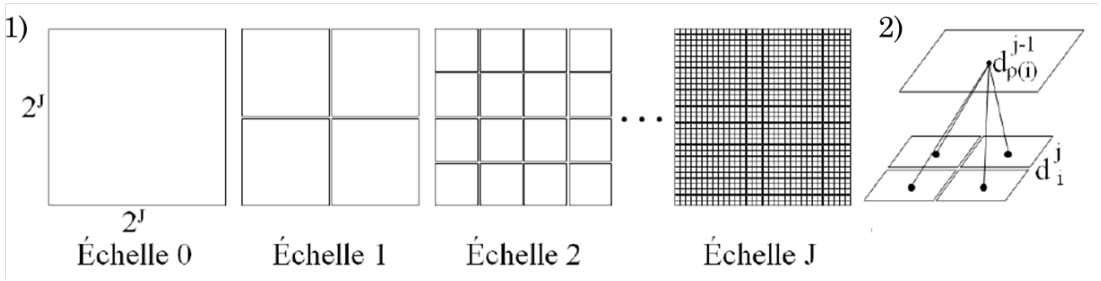


FIGURE 3.3 – Décomposition d'une image en carré dyadiques : 1) image divisée successivement en carrés dyadiques ; 2) structure en *quadtree* des carrés dyadiques.

3.1.5 Fusion interéchelle basée sur le contexte

Cette étape de fusion permet de modéliser les dépendances interéchelles entre les carrés dyadiques. Pour la prise de décision à une fine résolution, on va s'aider de l'information contenue à une résolution plus grossière, mais également du voisinage. Toutes ces données vont être modélisées dans un "vecteur de contexte". Les dépendances interéchelles sont modélisées par un nouvel arbre (arbre des Labels), et c'est à partir de cet arbre qu'une estimation du label de chaque pixel sera faite. Il existe plusieurs sortes de vecteurs de contexte (voir figure 3.4) [Fan et Xia, 2011].

Après avoir décrit les aspects mathématiques de cette approche de segmentation, nous allons maintenant aborder le travail sur la segmentation des images de mélanomes.

3.2 Travail réalisé

L'un des premiers objectifs était de prendre en main le programme SEGRIT. Nous allons donc détailler dans un premier temps les fonctionnalités de ce programme avant d'expliquer les différentes expérimentations testées et tâches effectuées.

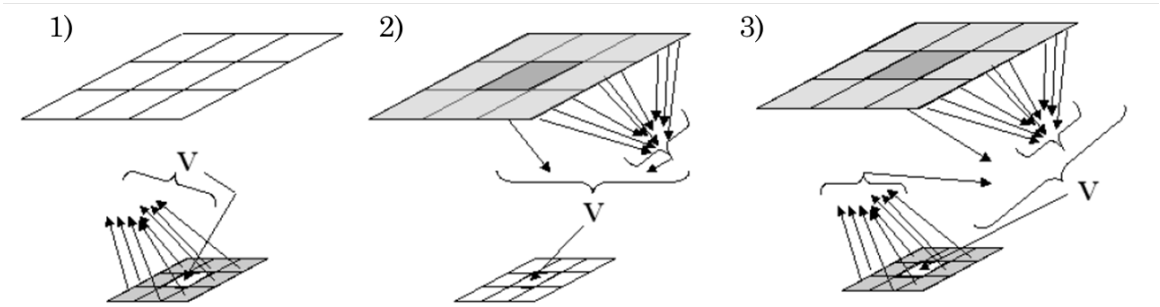


FIGURE 3.4 – Différents vecteurs de contexte utilisés. Les carrés dyadiques utilisés sont : 1) les voisins du fils ; 2) les voisins du père et le père ; 3) les voisins du fils, les voisins du père et le père.

3.2.1 Description du programme SEGRIT

Le programme SEGRIT a été créé par Nicolas Signolle lors de sa thèse. Nous allons décrire les différentes étapes à suivre dans le but d'obtenir la segmentation d'une image multitexture.

Les résultats de la segmentation dépendent des hyperparamètres. Le choix des hyperparamètres est important puisqu'il s'agit de l'un des objectifs du projet : savoir quelles sont les combinaisons permettant la meilleure segmentation. Les hyperparamètres testés sont la base d'ondelette et l'ordre utilisé pour la transformée, la composante couleur de l'image et le niveau de décimation.

Apprentissage des paramètres HMT

L'apprentissage est réalisé pour chacune des textures que nous pouvons retrouver dans l'image à segmenter. Pour chacune de ces textures, il faut créer une base d'imagettes de texture pure (figure 3.5). Ces imagettes vont nous permettre d'obtenir les différents paramètres HMT pour chaque texture, chaque échelle, chaque sous-bande et chaque jeu d'hyperparamètres choisis.

Segmentation des oppositions de textures 2 à 2

Une fois les paramètres HMT appris, il faut passer par une première étape de segmentation. Il faut segmenter des oppositions de textures 2 à 2. Pour certaines oppositions, les textures ont été récupérées séparément puis assemblées afin d'obtenir l'image d'opposition (comme par exemple pour le textile et le carcinome, car ces textures n'ont pas de frontières communes). Pour chaque jeu d'hyperparamètres et chaque opposition, on va obtenir un résultat de segmentation (figure 3.6).

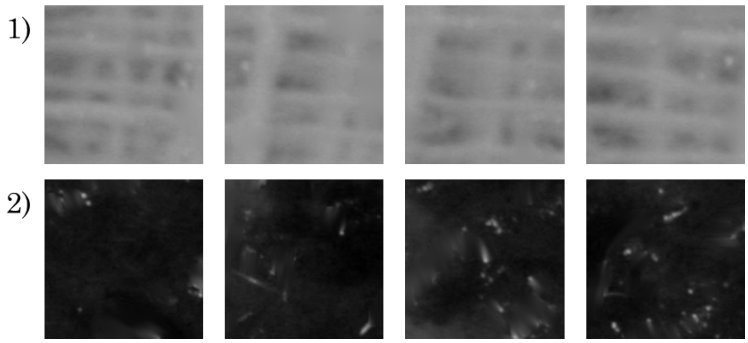


FIGURE 3.5 – Exemples d'imagettes : 1) textile ; 2) carcinome.

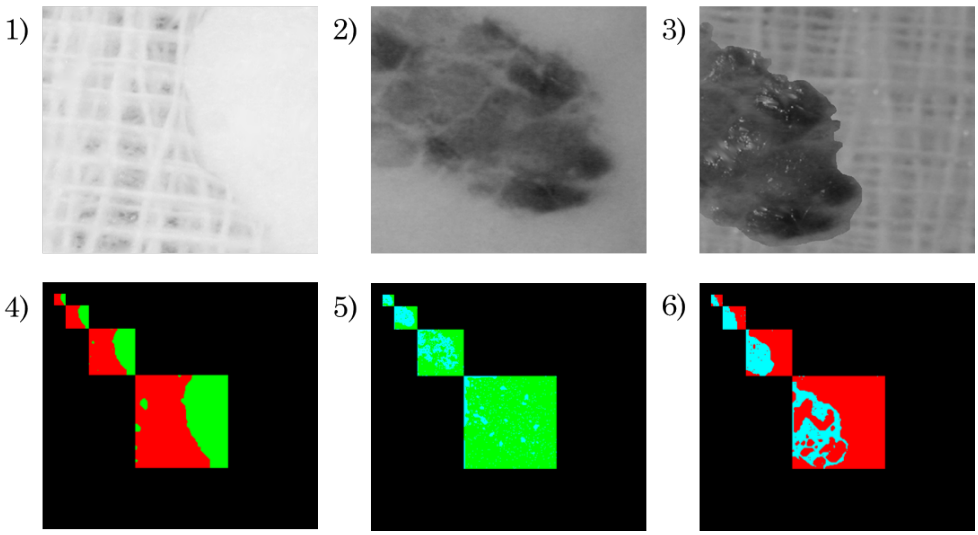


FIGURE 3.6 – Exemples d'oppositions de texture avec une segmentation correspondante à un jeu d'hyperparamètres (le meilleur) : opposition (1) et segmentation (4) : opposition textile/peau ; opposition (2) et segmentation (5) : opposition peau/carcinome ; opposition (3) et segmentation (6) : opposition textile/carcinome.

Comparaison

Les résultats de segmentation obtenus après la précédente phase vont être utilisés ici. Pour chacune des oppositions de textures, une vérité terrain (image correspondant à une véritable segmentation) va permettre de comparer les segmentations. Pour chaque jeu d'hyperparamètres et chaque opposition, le programme donne les matrices de confusion.

Extraction des meilleurs classifieurs

Les matrices de confusion obtenues à l'étape précédente sont importantes. Le programme détermine maintenant quels sont les meilleurs classifieurs. Pour chaque opposition de textures, on obtient un tableau qui recense les meilleurs classifieurs. Il faut

ensuite créer manuellement un fichier de combinaisons.

Segmentation des images multitextures

Grâce à ce fichier de combinaisons, le programme connait quelles sont les segmentations à effectuer. Une fois les segmentations réalisées, les échelles optimales sont déterminées, puis on extrait les sous-images correspondantes. Ensuite, un vote détermine à quelle classe appartient le pixel.

Voilà donc une description rapide des différentes phases du programme SEGRIT. Il est composé de nombreux exécutables, que l'on peut utiliser à travers des scripts shell. Dans un premier temps j'ai dû analyser le code pour essayer de comprendre d'où venaient les différents aspects mathématiques de la thèse de Nicolas Signolle. Je fus aidé par la présence de commentaires expliquant les différentes formules utilisées. J'ai également analysé les différents scripts shell qui permettent d'utiliser le programme. En effet, c'est à partir d'eux que sont lancés les différents traitements, donc il était nécessaire de les comprendre. Il fallait donc que je sois à l'aise avec le programme SEGRIT pour pouvoir l'adapter au projet.

3.2.2 Adaptation du code

Le code d'origine de SEGRIT est basé sur la segmentation de très grandes images. Il a été modifié auparavant par un étudiant pour qu'il puisse être utilisable avec des images de tailles normales. Les images ne sont pas du tout identiques du point de vue des textures à identifier. Le programme de Nicolas traite de cellules, alors que le projet Melascan traite d'images de zone de peau. Les termes utilisés ne sont pas les mêmes. Le changement du code a donc porté sur la modification des noms des classes (types de texture) codées explicitement dans les programmes. Pour faciliter l'usage des exécutables, il était nécessaire d'avoir accès à ces variables dans les scripts shell afin de ne pas avoir à recompiler le code plusieurs fois.

3.2.3 Programmes de mise en oeuvre

Les programmes que j'ai codés sont écrits en C++, et en shell pour les différents scripts. Le format des images utilisé est le format Pandore, une bibliothèque créé par le GREYC [Pandore]. Elle propose de nombreux outils ou fonctions sur le traitement des images. L'objectif est de créer des scripts permettant l'exécution des programmes de Nicolas, mais aussi l'élaboration des programmes favorisant les traitements secondaires, comme par exemple le recalage sur les images. Voici une description des programmes. Deux diagrammes d'utilisation sont présentés en figure 3.7 et 3.8.

- Script de création de répertoires : pour permettre le bon déroulement des étapes, les résultats des pré-traitements, de l'apprentissage et de la segmentation doivent être écrits dans les bons répertoires.
- Scripts et programmes de pré-traitements :
  - Images d'Intuiskin : script de création des masques, script réalisant l'interpolation, script de recalage qui utilise deux programmes : l'un collecte les valeurs de la matrice de transformation, et l'autre applique sur l'image les valeurs de la matrice.
  - Images de Newtone : script réalisant le recalage colorimétrique.
- Apprentissage des paramètres HMT : création d'un programme de création des imagettes de textures pures, et d'un script permettant de constituer toutes les imagettes. La localisation des imagettes de textures est définie manuellement dans l'une des images. Ensuite, on apprend les données sur ces imagettes. Un script va lancer l'exécutable pour chaque jeu d'hyperparamètres.
- Etape de segmentation des oppositions 2 à 2 : comme pour les imagettes, un script permet la création des images d'oppositions de textures. On peut ensuite lancer le script de lancement de la segmentation. Il lance le programme de segmentation-fusion.
- Comparaison multi-classes : script permettant de créer des fichiers Excel qui vont donner les différentes matrices de confusion. Une série de 3 fichiers csv par opposition de textures est fabriquée. L'un d'eux est nécessaire pour obtenir la liste des meilleurs classifieurs.
- Extraction des meilleures combinaisons : script permettant l'utilisation d'un programme allant rechercher les meilleures combinaisons (basées sur les meilleures matrices de confusion). Le résultat est un fichier de type "csv" représentant les meilleures combinaisons. Il y a un fichier par opposition de textures.
- Segmentation d'une image multitexture : après avoir créé manuellement un fichier de paramètres des meilleurs hyperparamètres, utilisation d'un script qui réalise la segmentation selon le choix du nombre de meilleurs classifieurs pris en compte.
- Elements de vérification de la segmentation : script qui trace tous les contours de la segmentation. Ils sont ensuite appliqués sur une image de zone de peau. Cela permet de comparer visuellement le résultat de la segmentation. Pour la comparaison numérique, j'ai créé un programme qui calcule la matrice de confusion entre la segmentation obtenue et la vérité terrain de l'image analysée.

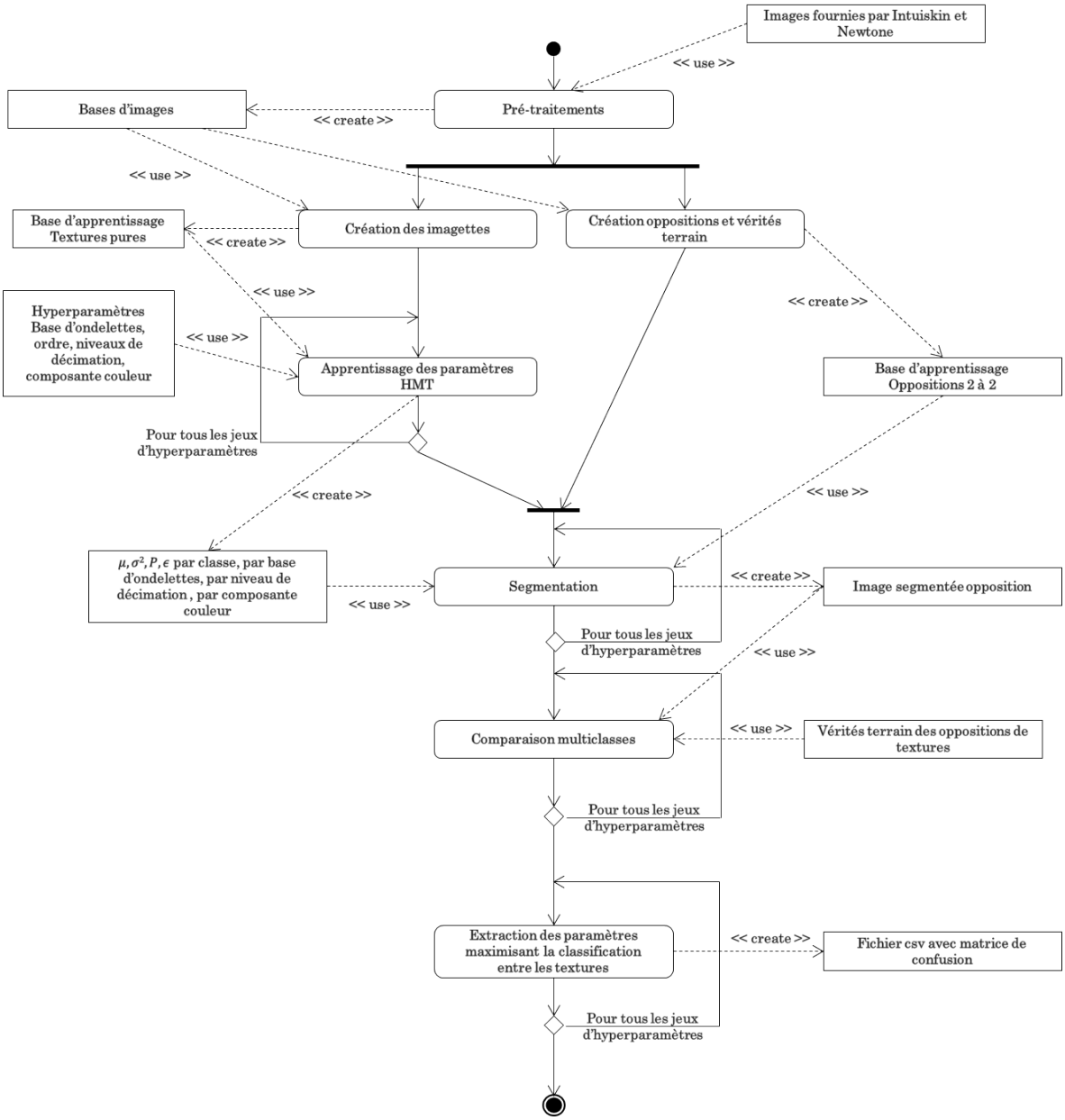


FIGURE 3.7 – Diagramme d'utilisation du programme SEGRIT : apprentissage des données.

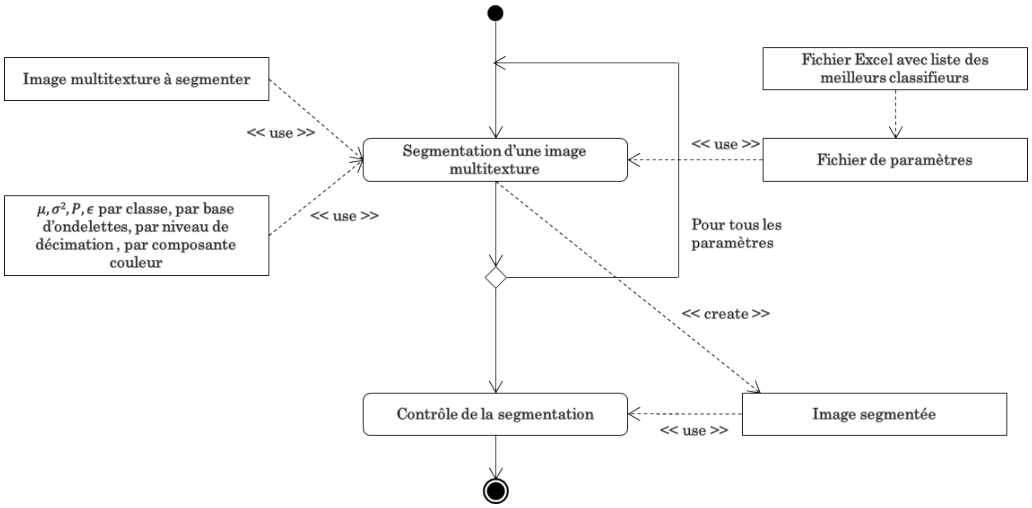


FIGURE 3.8 – Diagramme d'utilisation du programme SEGRIT : segmentation d'une image multitexture.

3.3 Bilan

Voici un premier bilan sur les résultats obtenus et les conclusions que l'on peut déduire de ceux-ci.

3.3.1 Points positifs

Dans un premier temps, voici les motifs de satisfaction sur cette première partie de stage :

- Le programme de segmentation fonctionne bien sur les images d'Intuiskin, un peu moins sur les images de Newtone. Dans les deux cas, la segmentation entre le textile et la peau est très bonne.
- Les temps de calcul de la segmentation (pour les oppositions et l'image multitexture) en elle-même sont assez courts. Les résultats ont été très rapides à obtenir.
- Pour chaque série d'images (Intuiskin et Newtone), nous avons maintenant une idée des composantes couleurs (plan couleur ou bande multispectrale) qui permettent une bonne segmentation.
- Nicolas Signolle a été présent lors de mon stage pour m'aider à comprendre certains codes complexes.

3.3.2 Difficultés

Voici les difficultés rencontrées :

- Comprendre le fonctionnement des programmes et des exécutables de Nicolas Signolle n'a pas été une tâche aisée.

- Si le temps de segmentation en lui-même est assez court, le temps des prétraitements et de l'apprentissage des données pour le modèle HMT est plus long.
- Le choix des tailles de la base d'apprentissage (imagettes de textures pures et oppositions de textures) est important. Si les images de base sont trop petites, alors les zones où l'on peut apprendre les textures pures seront trop petites également. De plus, il est préférable que chacune des textures présentes sur les oppositions 2 à 2 prennent 50% de la surface.
- Les images fournies par Newtone ne sont pas toutes de bonne qualité. Par exemple, sur une série d'images, les 5 premières images de la pile sont floues, alors que le reste de la pile propose des images nettes.
- Le programme de recalage spatial utilisé sur les images d'Intuiskin manque de précision (léger décalage), mais il reste le meilleur outil pour l'instant. Avec les images de base, le programme ne détectait pas sur toutes les images des points de correspondance. Avec le réhaussement de contraste, le nombre de non-détection est quasiment nul.

4

Méthode de segmentation par une chaîne de traitements d'images

Dans la partie précédente, nous avons utilisé les HMT pour réaliser la segmentation de nos images. Cette méthode est assez complexe, nous avons donc recherché une autre façon de séparer les différentes classes en élaborant une chaîne de traitements d'images. Nous avons travaillé uniquement sur les images de l'entreprise d'Intuiskin. Nous allons expliciter les différents opérateurs utilisés pour réaliser cette segmentation. Le programme est un script utilisant des opérateurs et des programmes développés sous Pandore, ainsi que des opérateurs G'MIC.

4.1 Méthode générale

Voici le cheminement global de la méthode implémentée. Les figures représentent les différents résultats intermédiaires obtenus pour les images "Test6".

La première partie du programme consiste en la séparation du textile et du reste (peau et carcinome).

- Dans un premier temps, nous réalisons une descente en résolution à partir des images de base. Nous réduisons de 20 fois la taille de nos images.
- Nous simplifions ensuite les textures. Sur les images obtenues, nous appliquons une ouverture par reconstruction, puis une fermeture par reconstruction. Un filtre bilatéral termine cette étape (figure 4.1).
- Nous utilisons ensuite un seuillage par minimisation de variance afin de ne conserver que 2 classes dans l'image.

Nous avons testé l'ensemble des plans images fournis par Intuiskin pour savoir lequel ou lesquels permettraient de segmenter au mieux le textile et le reste. Après plusieurs essais de combinaisons, il y a un plan qui a retenu notre attention et qui permet une bonne segmentation : le plan "3R" (voir annexe A.2.1).

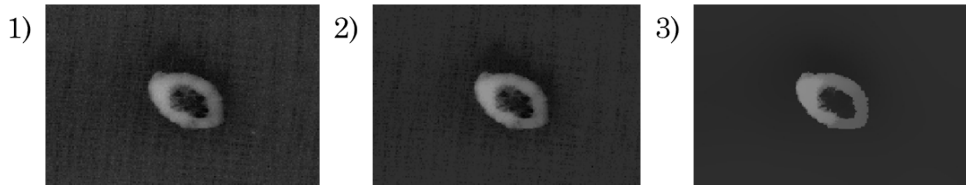


FIGURE 4.1 – Etape de filtrage : 1) plan "3R" après descente en résolution ; 2) image après ouverture et fermeture par reconstruction ; 3) image après filtrage bilatéral.

- A partir du résultat de cette première étape, nous obtenons le textile et le carcinome dans une première classe (couleur claire), et la peau dans une seconde classe (en couleur sombre). Pour intégrer le carcinome à la seconde classe, nous utilisons une méthode de remplissage de "trous" dans une image (figure 4.2). Le but est de n'avoir qu'une seule frontière.

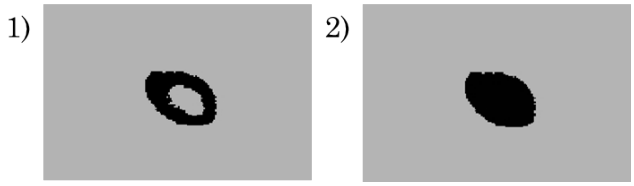


FIGURE 4.2 – 1) Image après seuillage par minimisation de variance. 2) Image après remplissage du carcinome.

- Après avoir labellisé notre image à deux classes, nous délimitons et traçons la frontière entre elles.
- Enfin, nous raffinons la frontière obtenue à l'aide d'un opérateur basé sur les graphes (figure 4.3).

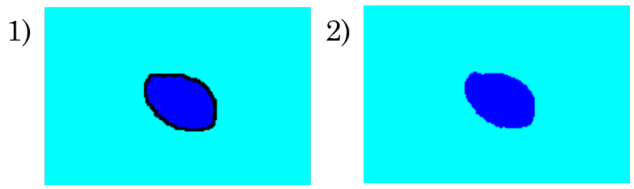


FIGURE 4.3 – Etape de raffinage des frontières : 1) image après tracé de la frontière ; 2) image après raffinage.

La seconde partie du programme consiste en la segmentation de la peau et du carcinome.

- Nous travaillons maintenant à l'échelle 1/10.

– Nous prenons 3 plans séparément, auxquels nous appliquons successivement 3 itérations d'un filtre de débruitage non local de taille 5×5 [Buades, Coll et Morel, 2008], puis un filtre bilatéral de taille 15×15 répété 2 fois [Tomasi et Manduchi, 1998]. Avec le résultat de ces 3 plans, nous formons une image multispectrale (figure 4.4).

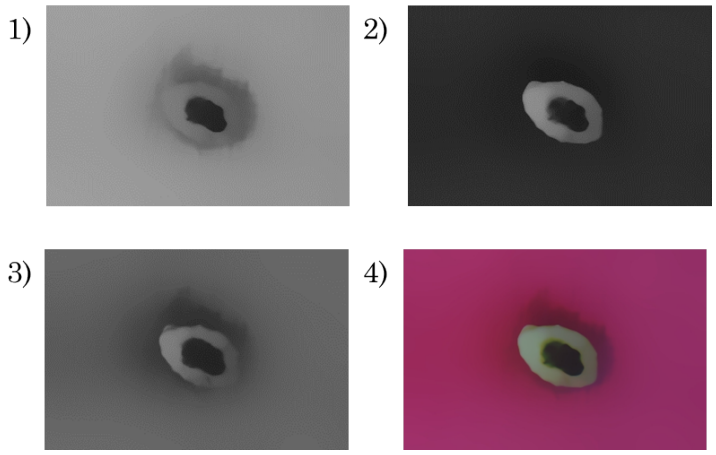


FIGURE 4.4 – Filtrage : 1) du plan 4 ; 2) du plan 9 ; 3) du plan 14. 4) Image multispectrale obtenue à partir des 3 plans.

– Après avoir formé un masque qui permet de ne pas traiter le textile, nous utilisons l'algorithme des k-moyennes sur l'image multispectrale. A partir de cette classification, nous ne retenons que la classe correspondant au carcinome (figure 4.5).

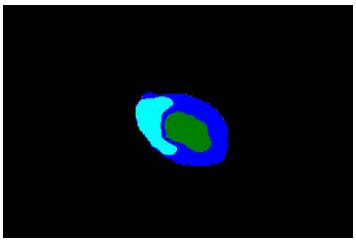


FIGURE 4.5 – Classification par l'algorithme des k-moyennes.

– Les contours sont raffinés de la même manière que les contours textile/peau.

Nous avons désormais les deux frontières : celle du textile et de la peau, et celle de la peau et du carcinome. Mais elles ne sont pas toutes les deux à la même échelle. Nous passons donc à la derniére étape qui permet d'obtenir la segmentation finale à l'échelle 1.

– Après avoir augmenté en résolution le résultat de la frontière textile/peau, nous déterminons les frontières puis les raffinons (figure 4.6).

– Nous revenons à l'échelle d'origine. Nous rééditons la même étape que précédemment pour éviter d'avoir des frontières en échelons dues à la pixellisation de la segmentation à basse échelle.

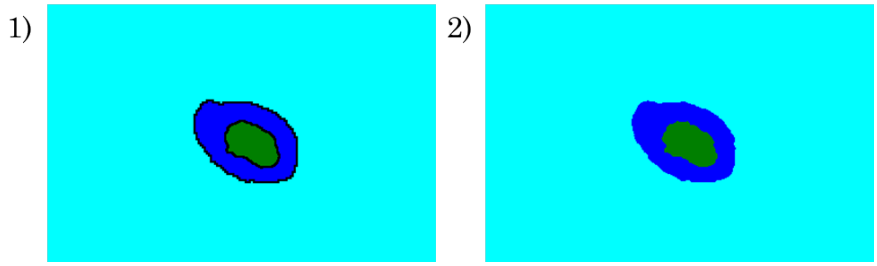


FIGURE 4.6 – Segmentation à l'échelle 1/10 : 1) tracé des frontières sur les 2 séparations ; 2) raffinage des frontières.

Les résultats globaux de quatre séries d'images sont présentés en annexe B1. Le code du programme est présenté en annexe B2.

4.2 Description des traitements

Nous allons présenter ici les différentes méthodes utilisées dans le programme de segmentation.

Descente en résolution Les images d'Intuiskin sont de très grandes tailles. Cela prendrait beaucoup de temps pour réaliser tous les traitements. Nous effectuons donc une descente en résolution. Cela correspond à une réduction de la taille de l'image. L'opérateur permettant la réduction de l'image utilise l'interpolation au plus proche voisin. Il s'agit de l'algorithme le plus simple et le plus rapide, mais il peut créer des effets de pavage.

Simplification de l'image La composition des textures de nos images est complexe. Nous cherchons donc à les simplifier au maximum pour que les traitements segmentent le mieux possible. Deux étapes différentes sont nécessaires. Dans un premier temps, nous allons procéder à une ouverture puis à une fermeture par reconstruction. Sur le résultat obtenu, nous appliquons un filtre bilatéral pour obtenir une image simple au niveau des textures.
Ouverture (resp. fermeture) par reconstruction : Il s'agit d'effectuer une reconstruction géodésique par dilatation (érosion) d'une image à partir d'une image de marqueurs. Pour construire l'image finale, il faut appliquer une série de dilatations (érosions) conditionnelles sur l'image de marqueurs en utilisant l'image d'origine comme image conditionnelle.

Filtre bilatéral : Le filtre bilatéral apporte une correction par rapport au filtre gaussien. Il permet de conserver les discontinuités tout en filtrant les zones uniformes. Le changement intervient par l'ajout d'un facteur multiplicatif qui dépend de la différence de niveaux de gris. Voici la formule du filtre bilatéral :

$$FB[I]_p = \frac{1}{W_p} \sum_{q \in S} G_{\sigma_s}(||p-q||)\ G_{\sigma_r}(|I_p - I_q|)\ Iq$$

avec σ_s la valeur du coefficient spatial et σ_r le coefficient de valeurs.

Seuillage par minimisation de variance La répartition de pixels en N classes est un problème classique de classification. Le choix des seuils s_i permet de détecter m classes auxquels on peut associer une taille t_i, une moyenne m_i et une variance v_i. Ces propriétés valent :

$$t_i = \sum_{Dj} H(j)\ ,\ m_i = \sum_{Dj} \frac{j \cdot H(j)}{t_i}\ ,\ v_i = \sum_{Dj} \frac{(j-m_i)^2 \cdot H(j)}{t_i}$$

où H est l'histogramme normalisé et $D_j = [s_{i-1}, s_i[$ est la gamme de niveau de gris pour la classe C. A partir de ces données statistiques, on obtient la variance intraclasse totale W :

$$W = \sum_i t_i \cdot v_i$$

Le meilleur seuillage est obtenu lorsque nous cherchons à minimiser cette variance W. Cette méthode est très performante pour des images ayant peu de classes, notamment lorsqu'il s'agit de binarisation.

Remplissage de la zone de carcinome Après les étapes précédentes, nous obtenons une image binarisée avec les classes du textile et du carcinome en noir et la peau en blanc. Le but de cette étape est d'associer les textures de peau et de carcinome afin de n'avoir que 2 textures : le textile et le reste. Pour ce faire, nous utilisons l'opérateur de dilatation par reconstruction. L'image de marqueur correspond à une image noire avec un contour blanc d'un pixel.

Raffinage des contours Cette étape permet d'obtenir des contours plus proches de la réalité. Dans un premier temps, nous traçons les frontières en les fixant à 0, ce qui crée une zone d'incertitude. Il faut ensuite déterminer la classe de chaque pixel de cette zone d'incertitude. Pour le réaliser, nous utilisons une méthode de classification semi-supervisée qui peut se formaliser à l'aide de graphes [Ta, 2009]. On considère $G = (V, E, w)$ un graphe pondéré qui représente les données à traiter. La classification semi-supervisée des sommets V revient à regrouper et classer ces données en c classes. L'ensemble des sommets V est composé de sommets labélisés et non labélisés. Il faut estimer les sommets non marqués à partir de ceux qui le sont. Nous décrivons chaque

pixel par un vecteur d'attributs obtenu à partir d'un patch de taille 3×3. Le graphe est construit en connectant chaque pixel à ses 8 plus proches voisins dans un voisinage 7×7.

Pour résoudre le problème d'interpolation du label, la minimisation suivante est utilisée, qui correspond aux modèles p-Tv isotrope [Ta, 2009] :

$$\min_{f \in \mathcal{H}(V)} \frac{1}{p} \sum_{u \in V} ||(\nabla_w f(u)||_2^p + \sum_{u \in V} \frac{\lambda(u)}{2} (f(u) - f^0(u))^2.$$

Algorithme des k-moyennes Dans notre programme, nous utilisons l'algorithme des k-moyennes afin de réaliser la segmentation entre le carcinome et la peau. L'algorithme des k-moyennes est une méthode de partitionnement de données, qui classe chaque observation selon la partition avec la moyenne la plus proche. Nous l'utilisons avec un masque prenant en compte uniquement la peau et le carcinome.

4.3 Bilan

4.3.1 Résultats

Les tests ont été effectués sur 4 séries d'images : "Test4", "Test6", "Test8-2" et "Test10-1". Les résultats obtenus avec cette méthode de segmentation sont globalement bons. Les matrices de confusion pour chacun des compartiments testés sont correctes, sauf pour le carcinome pour "Test10-1". Les tables 4.1 et 4.2 présentent les matrices de confusion moyennes obtenues pour les séries d'images "Test4", "Test6", "Test8-2" et "Test10-1" pour les deux méthodes de segmentation.

En comparaison avec la méthode HMT, le résultat est moins satisfaisant au niveau de la peau, mais le textile et le carcinome sont mieux classés, avec des pourcentages supérieurs de respectivement 4,7% et 9%. Dans les deux cas, les pourcentages moyens sont diminués par la série "Test10-1" qui ne proposent pas des résultats aussi performants que les autres séries.

C'est une méthode qui, avec d'autres traitements, pourrait être encore plus précise, mais la qualité des images et les différences colorimétriques entre mélanomes font qu'il est difficile de trouver une meilleure solution.

	textile	peau	carcinome
textile	99,703775	0,296225	0,000000
peau	16,685790	77,886666	5,427544
carcinome	0,000000	30,892346	69,107654

Table 4.1 – Matrice de confusion moyenne obtenue pour chaque série d'images, avec la segmentation par chaîne de traitements d'images.

	textile	peau	carcinome
textile	95,04144725	2,434112	2,5244405
peau	5,52343125	92,55495675	1,921612
carcinome	0,97483875	38,47178275	60,55337875

TABLE 4.2 – Matrice de confusion moyenne obtenue pour chaque série d'images, avec la segmentation par HMT.

4.3.2 Difficultés rencontrées

La difficulté principale dans l'élaboration du programme était de rechercher les bons paramètres. Tout d'abord, d'un point de vue image, il s'agissait de repérer les bons plans permettant la meilleure segmentation possible. Sur les 18 plans que propose Intuiskin, la plupart d'entre eux ont très vite été éliminés, mais pour avoir un excellent résultat, beaucoup de tests ont été nécessaires. L'autre difficulté majeure réside dans l'affectation des paramètres pour chaque opérateur. En réalisant les opérations sur différentes séries d'images, certaines pouvaient être excellentes, et d'autres ne pas convenir.

5

Bilan général

5.1 Organisation du travail

Avec mes deux tuteurs, nous avons tenu des réunions régulières, pour discuter de mon travail et des résultats obtenus. Sur la figure 5.1 est présenté un diagramme montrant l'organisation de mon travail.

	Mars	Avril	Mai	Juin	Juillet	Aout	Sept.
Documentation							
Développement							
Tests							
Rédaction							
Présentation					4		12

FIGURE 5.1 – Diagramme des tâches effectuées au cours de mon stage.

La première phase du stage correspond à la prise de connaissance de la thèse de Nicolas Signolle sur la segmentation par HMT, mais aussi des caractéristiques des bibliothèques Pandore et G'MIC. Le développement rassemble les périodes durant lesquelles j'ai créé mes programmes. Il y a eu deux parties dans cette phase : la segmentation par HMT et celle par chaîne de traitements d'images. De nombreuses phases de tests ont été organisées, surtout pour la segmentation par HMT. Les différents tests correspondent aux différentes séries d'images que les entreprises nous ont fournies, ainsi qu'aux pré-traitements. La plupart du temps, les phases de développement et de tests coincident puisque je testais directement mes programmes après les avoir écrits. Pour ce stage, deux présentations ont été prévues. La première a eu lieu avec M. Franck Marzani début juillet. Il s'agissait de présenter les différents aspects de mon stage. La seconde est le 12 septembre et il s'agit de la soutenance de stage.

5.2 Apports du stage

Lors de ce stage, j'ai été très motivé par la reprise de l'étude de Nicolas Signolle. Après un certain temps d'adaptation à la bibliothèque Pandore, j'ai pu comprendre le fonctionnement de ses travaux, puis réaliser moi-même les programmes permettant la segmentation de nos images pour le projet Melascan. Avec la segmentation par HMT, j'ai pu voir comment étaient mises en oeuvre avec un exemple concret les notions de chaînes de Markov et d'ondelettes que j'ai apprises cette année. D'autres notions ont été abordées tout le long de ce stage et j'ai pu les mettre en pratique dans mes travaux. Ces 6 mois furent une véritable initiation à la recherche, j'ai pu m'enrichir d'une expérience qui ne sera que bénéfique pour moi dans le futur.

Conclusion

Le projet ANR Melascan vise à aider les médecins dans le dépistage de carcinome de la peau. Plusieurs axes de travail sont en cours de réalisation. Celui qui m'a été confié est de réaliser la segmentation d'images de peau provenant d'images acquises à partir de différentes caméras. Ce stage a été divisé en deux parties. La première partie du travail s'est essentiellement tournée vers la thèse de Nicolas Signolle. Après avoir assimilé les différents concepts mathématiques qui lui sont liés, je me suis consacré à la modification de ses programmes et à la création de scripts afin de pouvoir utiliser correctement son outil sur nos images. La seconde tâche est le développement d'une autre méthode de segmentation, basée sur le traitement d'images, à partir des opérateurs Pandore et G'MIC.

Les résultats obtenus, que ce soit pour l'une ou pour l'autre des segmentations, sont de très bonnes bases pour la suite du projet. Nous avons sélectionné, à l'aide de nos expérimentations, quels étaient les types d'images qui sont les plus propices à réaliser nos classifications. Nous avons vu que la qualité des images avaient une influence sur les résultats. L'intérêt d'avoir deux méthodes est de pouvoir les combiner afin d'obtenir un résultat optimal. Le projet est maintenant en attente d'images de peau directement prises sur le patient (sans textile) afin d'adapter les programmes conçus.

Annexe A

Résultats de la segmentation par HMT

A.1 Pré-traitements

A.1.1 Images d'Intuiskin

Sur la figure A.1 sont présentés les résultats des pré-traitements effectués sur les images d'Intuiskin, qui comprennent une étape éliminant les reflets par interpolation et un recalage spatial.

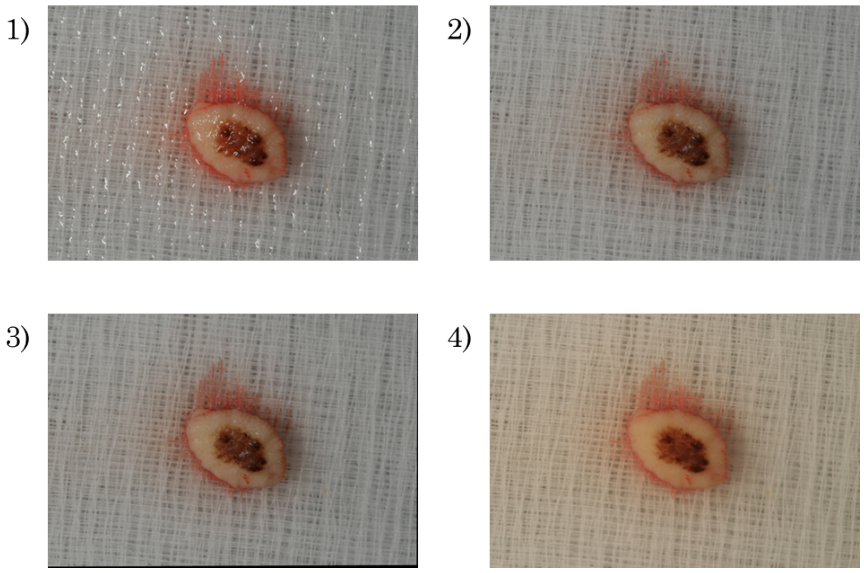


FIGURE A.1 – Pré-traitements sur les images d'Intuiskin : 1) image à recaler, ici l'image 1 ; 2) image après interpolation ; 3) image après recalage spatial ; 4) image 2, prise comme modèle pour le recalage.

A.1.2 Images de Newtone

Sur la figure A.2 sont présentés les résultats du recalage colorimétrique sur les images de Newtone.

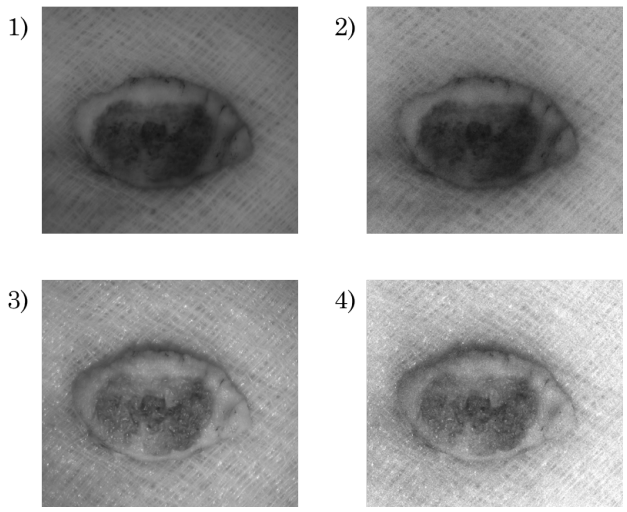


FIGURE A.2 – Pré-traitements sur les images de Newtone : 1) plan 530nm, polarisation croisée avec lumière visible, avant calibrage ; 2) après calibrage ; 3) 590nm, sans polarisation avec éclairage UV, avant calibrage ; 4) après calibrage.

A.2 Segmentation par HMT

Voici les résultats obtenus pour les segmentations. Tout d'abord, nous allons exposer l'ensemble des paramètres qui sont à prendre en compte pour l'ensemble des segmentations. Dans un premier temps, les images présentent une exérèse de peau, que l'on a placée sur du textile. Il y a 3 classes à prendre en compte dans la segmentation : le textile, la peau et le carcinome. Pour les images de Newtone, l'expérimentation a été effectuée pour 4 classes : le carcinome est séparé en deux classes, la "périphérie" et le centre. Chacune de ces classes possède un code couleur (pour la visualisation) et un numéro.

- Classe "textile" : rouge (255,0,0), classe 0 ;
- Classe "peau" : vert (0,255,0), classe 1 ;
- Classe "carcinome" : cyan (0,255,255), classe 2 ;
- Classe "carcinome central" : bleu (0,0,255), classe 3.

Les hyperparamètres testés ont été les suivants :

- Bases d'ondelettes utilisées : Haar (ordre 0), Daubechies (ordre 2), Burt (ordre 0) ;

– La composante couleur sur laquelle est appliquée la transformée en ondelettes : ensemble des plans d'Intuiskin ou de Newtone ;
– Le nombre de décimation : 5 ou 6 selon la taille des imagettes.

L'ensemble des tests réalisés est répertorié dans la table 4.1. Intuiskin et Newtone nous ont fourni des images provenant de différentes zones de peau. Pour chaque zone de peau, les deux entreprises ont réalisé leur propre acquisition, de manière à comparer les résultats de segmentation. Le nom des images pour Intuiskin a le préfixe "Test" suivi d'un numéro de série. Pour Newtone, il s'agit de "N" et du même numéro de série. Les premiers tests ont été réalisés sur "Test6". Nous n'avions pas encore les images de Newtone à notre disposition. Lorsque ce fut le cas, Newtone n'avait pas les acquisitions de "N6". Nous avons modifié notre plan d'expérimentation en conséquence.

Séries d'images	Etapes	Problèmes rencontrés
Test6, Intuiskin, 3 classes	– Création des bases d'apprentissage – Travail sur le recalage spatial et les reflets – Création des bonnes bases d'apprentissage – Segmentation	– Recalage : le programme ne fonctionne pas directement pour toutes les images d'une série – Il s'agit de la première série de tests, donc beaucoup d'ajustements étaient nécessaires avant d'arriver à un résultat final
N2, Newtone, 4 classes	– Calibrage des images avec la première formule – Création des bases d'apprentissage – Calibrage des images avec la seconde formule – Création des nouvelles bases d'apprentissage – Segmentation	– Le premier calibrage des images étant mauvais, la première base d'apprentissage était totalement fausse
N4 - N8.1 - N8.2 - N10.1, Newtone, 4 classes	– Segmentation avec la base d'apprentissage de N2	
Test4 - Test8.1 - Test8.2 - Test10.1, Intuiskin, 3 classes	– Segmentation avec la base d'apprentissage de Test6	– Le logiciel de recalage n'a pas fonctionné pour toutes les images de la série Test8.1
N2, Newtone, 3 classes	– Nouvelles bases d'apprentissage (opposition de textures 2 à 2) – Segmentation	

Table A.1 – Tableau des tests de segmentation.

A.2.1 Images d'Intuiskin

Les premiers tests ont été réalisés sur les images d'Intuiskin. La première série d'images utilisée est celle présentée en figure 2.1. Un rappel de la zone de peau que l'on cherche à segmenter est en figure A.3, avec sa vérité terrain.

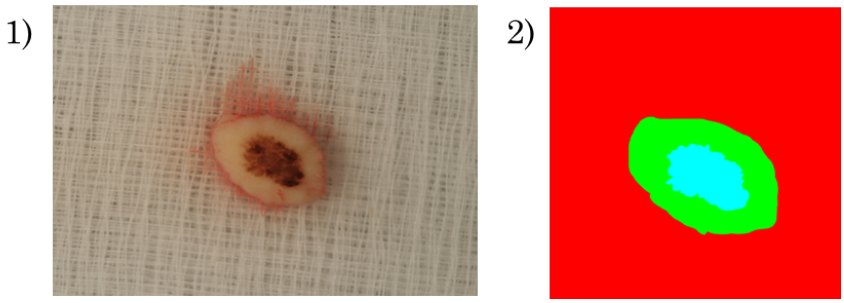


FIGURE A.3 – Premier test d'Intuiskin ("Test6") : 1) image 2 ; 2) vérité terrain.

A partir des 18 images, nous avons créé une première base d'imagettes de textures pures, de taille 128×128, et une seconde pour les oppositions de textures, de taille 512×512.

Après déroulement du programme de segmentation, on peut créer les fichiers de combinaisons. La table A.2) présente les 2 meilleurs classifieurs par opposition de textures. Dans ce tableau, une ligne correspond à un classifieur. Une ligne de ce tableau signifie que la segmentation de l'image avec les hyperparamètres de cette ligne pour l'opposition considérée a été très bonne. Voici à quoi correspondent les entrées du tableau par ordre d'apparition : résolution, composante couleur, base d'ondelette, numéro de la première classe confrontée, proportion de pixels bien classés lors de l'opposition de textures 2 à 2 pour la première classe confrontée, numéro de la seconde classe, proportion de pixels bien classés lors de l'opposition de textures 2 à 2 pour la seconde classe confrontée.

64	5R	Haar	0	98.437500	1	95.875000
64	5G	Haar	0	98.557692	1	95.437500
32	1R	DB2	1	90.232559	2	94.949495
32	0R	Haar	1	85.348838	2	96.801347
64	0R	DB2	0	94.014769	2	94.681550
32	3R	Haar	0	85.959438	2	98.694517

TABLE A.2 – Tableau des 2 meilleurs classifieurs pour chaque opposition de classes.

La valeur du niveau de résolution est obtenue grâce à la taille des images d'opposition de textures. Ensuite, le code correspond à la composante couleur, c'est-à-dire au plan utilisé pour la transformée en ondelettes. Pour Intuiskin, le chiffre correspond au numéro de l'image (en pratique, de 0 à 5) et la lettre au plan correspondant à la décomposition.

Pour Newtone, le nombre correspond au numéro du plan (0 pour 400nm, 31 pour 700nm), avec les deux lettres "CP" ou "UV" pour la série d'images.

Les résultats de la segmentation sont présentés en figure A.4. L'appellation dans la légende "meilleurs classifieurs" signifie que le programme va déterminer par vote, à partir des segmentations correspondantes à chaque classifieur, à quelle classe le pixel appartient. Le nombre de meilleurs classifieurs pris en compte dans nos tests sont 1, 2, 3, 5 et 10.

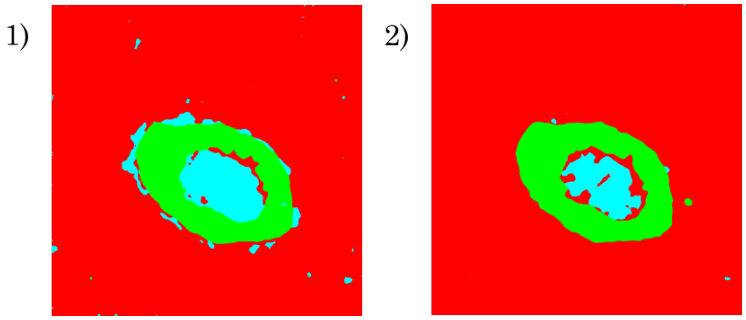
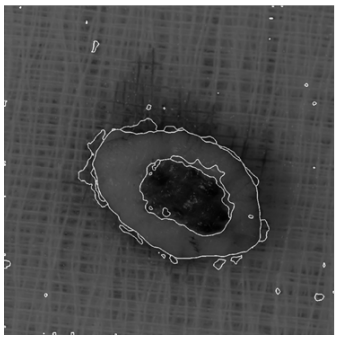


FIGURE A.4 – Résultats de segmentation pour "Test6" : 1) 3 meilleurs classifieurs ; 2) 10 meilleurs classifieurs.

Lorsque que l'on compare les segmentations obtenues, le résultat semble assez cohérent avec la vérité terrain. Cette impression est confirmée par l'image des contours et la matrice de confusion (figure A.5).

1)



2)

	textile	peau	carcinome
textile	98,311621	0,084229	1,60415
peau	9,868293	86,170459	3,961248
carcinome	2,216241	4,972427	92,811332

FIGURE A.5 – 1) Image "Test6" avec les contours de la segmentation (3 meilleurs classifieurs). 2) Matrice de confusion correspondante.

Après avoir réalisé les tests sur une première série d'images, nous avons décidé de tester le programme sur une deuxième zone de peau, nommée "Test4". Ce test nous

renseignera sur la robustesse du programme par rapport aux textures qui ne sont pas identiques entre toutes les zones de peau. Nous allons réutiliser le modèle appris avec la première série pour segmenter cette nouvelle image. L'image et sa vérité terrain sont en figure A.6, ainsi que les résultats obtenus.

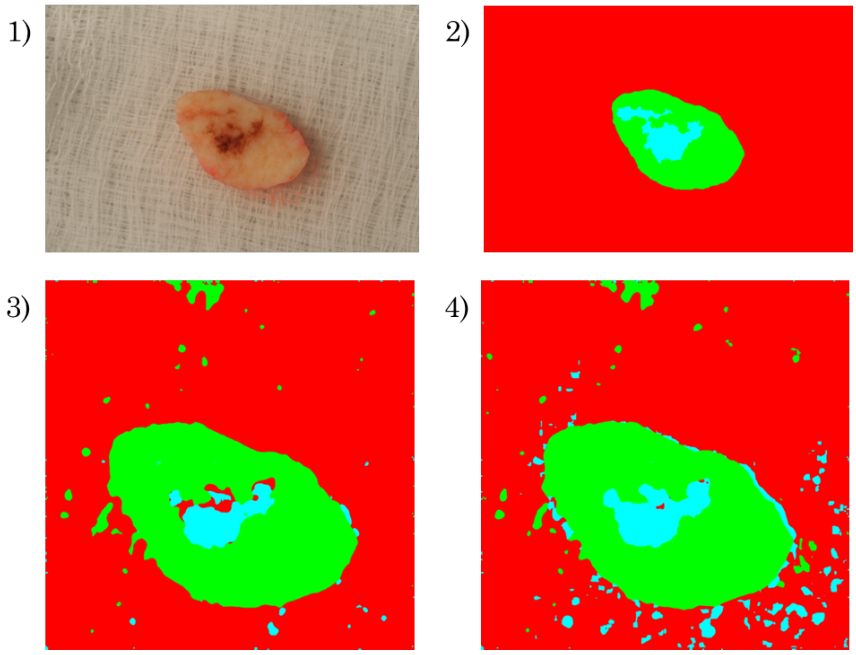


FIGURE A.6 – Résultats de la segmentation avec "Test4" : 1) plan numéro 2 de la série d'images ; 2) vérité terrain ; 3) segmentation avec le meilleur classifieur ; 4) segmentation avec les deux meilleurs classifieurs.

Les résultats de la segmentation sont satisfaisants. Le programme délimite assez bien les différentes classes.

A.2.2 Images de Newtone

Nous avons également fait une série de tests sur les images de Newtone. En effet, comme les séries d'images ne sont pas identiques (nombre de plans proposés et technique d'acquisition), il est intéressant de voir si l'une des séries d'images réalise une segmentation plus intéressante. Voici en figure A.7, l'image que l'on souhaite segmenter, avec sa vérité terrain.

La taille des images étant différente, les dimensions des bases d'apprentissage ne sont pas les mêmes. La base d'imagettes de textures pures est de taille 64×64, et celle pour les oppositions de textures est de taille 128×128.

Le tableau des deux meilleurs classifieurs pour chaque opposition est présenté dans la table A.3. Il y a plus de lignes que pour le tableau des classifieurs d'Intuiskin puisqu'il y a une classe de plus à segmenter, donc 3 oppositions de textures supplémentaires.

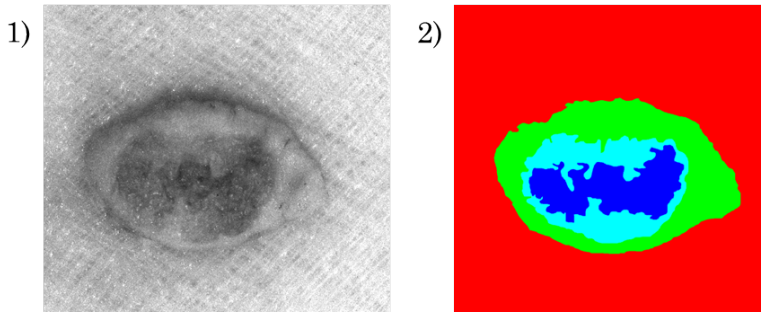


FIGURE A.7 – Image fournie par Newtone ("N2") : 1) plan 580nm éclairage UV ; 2) vérité terrain.

16	30CP	Haar	0	99.295775	1	95.614035
16	24CP	Haar	0	98.591549	1	93.859650
32	28CP	Haar	0	99.605263	2	91.666667
32	3CP	Haar	0	99.605263	2	91.287879
16	19UV	DB2	0	96.774194	3	100.000000
32	3CP	Haar	0	99.736842	3	91.287879
16	23CP	Burt	1	90.506330	2	88.775510
16	17CP	DB2	1	95.569620	2	80.612245
32	3CP	Haar	1	100.000000	3	92.651757
32	22CP	Burt	1	95.077356	3	96.805112
16	10UV	Burt	2	86.046512	3	86.614173
16	29UV	DB2	2	72.093023	3	96.850394

TABLE A.3 – Tableau des 2 meilleurs classifieurs pour chaque opposition de classes, pour les images "N2" de Newtone.

Le meilleur résultat de segmentation est présenté en figure A.8.

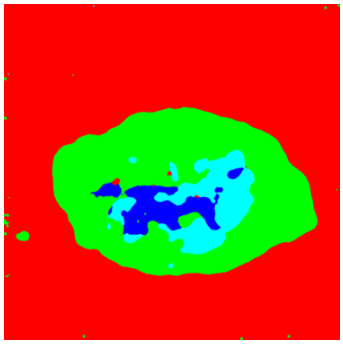


FIGURE A.8 – Résultat de la segmentation avec "N2" pour les 2 meilleurs classifieurs.

Le meilleur résultat obtenu est moyen. La segmentation entre le textile et la peau est quasi parfaite, mais celle entre la peau et le carcinome extérieur, et celle entre les

deux carcinomes, ne donnent pas entière satisfaction. La matrice de confusion en table A.4 le confirme.

	textile	peau	carcinome ext.	carcinome central
textile	99,007689	0,988518	0,003793	0
peau	4,305618	95,451848	0,242534	0
carcinome ext.	0,531908	73,316942	23,522037	2,629113
carcinome central	0,301863	19,713981	42,41791	37,566246

TABLE A.4 – Matrice de confusion pour les images "N2" de Newtone.

Comme pour les images d'Intuiskin, nous avons décidé de tester la même base d'apprentissage, donc les mêmes classifieurs, sur une autre série d'images (nommé "N4") de Newtone. La meilleure segmentation est présentée en figure A.9.

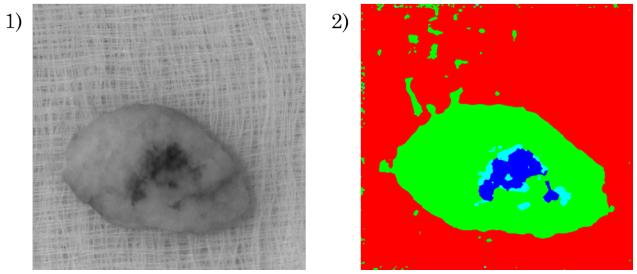


FIGURE A.9 – Résultat de la segmentation avec "N4" : 1) plan correspondant à l'image ; 2) segmentation pour les 2 meilleurs classifieurs pris en compte.

Le résultat obtenu est satisfaisant. Le programme reconnait les différentes classes. Malheureusement, pour cette image, Michel Desvignes ne nous a pas fourni de vérité terrain permettant de vérifier la segmentation, notamment au niveau de la séparation entre le carcinome périphérique et central.

A ce moment là des tests, je me suis posé la question de la taille des imagettes. En effet, plus les imagettes de textures pures et d'opposition sont petites, plus on perd de détails car les décimations sont trop petites. Le test suivant a donc été de prendre des tailles plus grandes pour nos images d'apprentissage. Mais pour avoir des images de textures pures plus grandes, il a fallu passer à une segmentation en 3 classes. Les deux classes du carcinome ont été regroupées. Cette seconde base d'apprentissage sur "N2" est donc composée de textures pures de taille 128×128, et d'oppositions de textures de taille 256×256. Puisqu'il s'agit d'une nouvelle base, l'ensemble des opérations a été exécuté de nouveau. Les résultats de cette seconde segmentation sont en figure A.10.

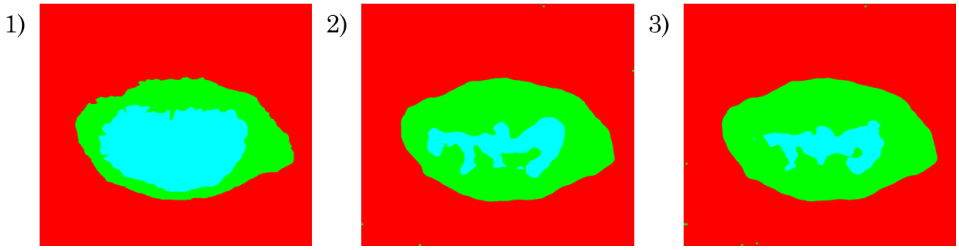


FIGURE A.10 – Résultats de la segmentation avec "N2" avec 3 classes : 1) vérité terrain correspondante ; 2) segmentation pour le meilleur classifieur pris en compte ; 3) segmentation pour les 2 meilleurs classifieurs.

Les segmentations obtenues ne sont pas très bonnes. Le programme ne reconnait qu'environ 50% du carcinome.

Annexe B

Segmentation par chaîne de traitements d'images

B.1 Résultats

Voici les segmentations obtenues pour les quatre séries d'images à l'aide du programme créé.

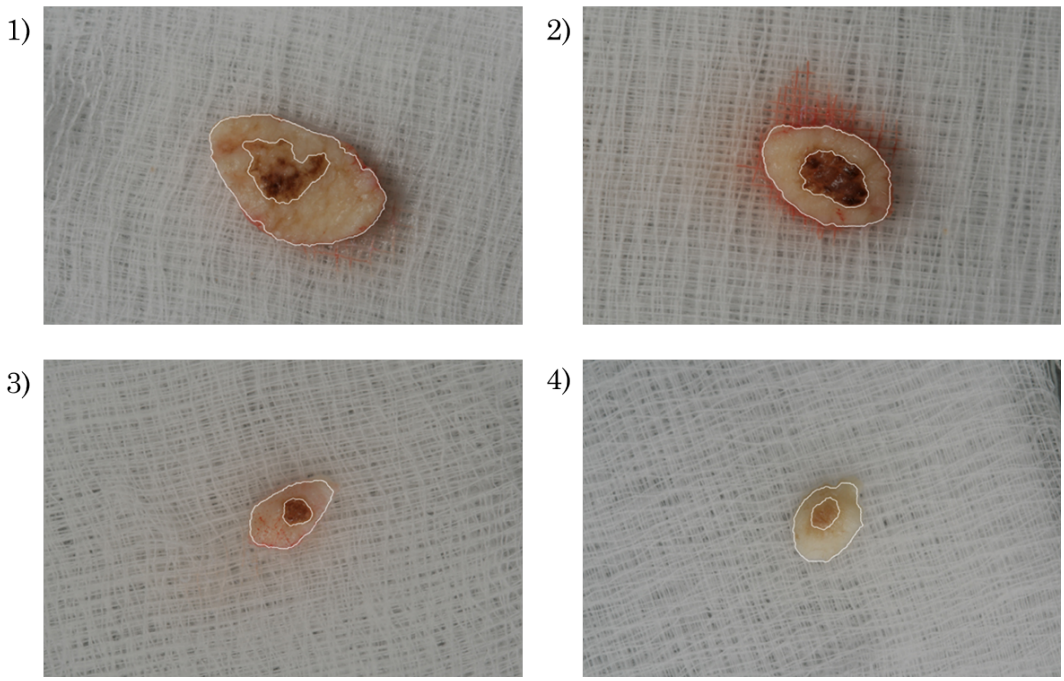


FIGURE B.1 – Résultats obtenus pour chaque série d'images : 1) "Test4" ; 2) "Test6" ; 3) "Test8-2" ; 4) "Test10-1". Les frontières apparaissent en blanc.

B.2 Programme

Programme de segmentation des images d'Intuiskin par chaîne de traitements d'images.

```
#! /bin/bash
echo image $1
rm -Rf res
mkdir res
name=`basename $1 .pan`
echo extraction tissu / peau
#on retient la bande numero 9
i=9
#extraire une bande
pgetslice $i $1.pan ./res/a.pan
#enleve le tour du au recalage
pextractsubimage 35 35 0 3800 2520 0 ./res/a.pan ./res/b.pan
#descente en resolution
prescale 0.05 0.05 1 ./res/b.pan ./res/b.pan

# -- Simplification de l'image --
#ouverture par reconstruction
perosion 2 3 ./res/b.pan ./res/b-1.pan
pdilatation 2 3 ./res/b-1.pan ./res/b-2.pan
pdilatationreconstruction 8 ./res/b-2.pan ./res/b.pan ./res/b-3.pan
#fermeture par reconstruction
pdilatation 2 3 ./res/b-3.pan ./res/b-1.pan
perosion 2 3 ./res/b-1.pan ./res/b-2pan
perosionreconstruction 8 ./res/b-2.pan ./res/b-3.pan ./res/b-3.pan
#filtre bilateral
gmic -v - -i ./res/b-3.pan -repeat 3 -bilateral[-1] 10,10 -done -o ./res/bb.pan
pim2uc ./res/bb.pan ./res/c.pan
#seuillage minimisation de la variance
pfisher 0 2 ./res/c.pan ./res/$name"_f".pan
if [ $i -eq 9 ]
then
        pinverse ./res/$name"_f".pan ./res/$name"_f".pan
fi
pim2sl ./res/$name"_f".pan ./res/$name"_f".pan
paddcst 1 ./res/$name"_f".pan ./res/$name"_f".pan
#enlever les trous
psetcst 0 ./res/$name"_f".pan ./res/g.pan
psetborder 1 1 1 1 1 1 255 ./res/g.pan ./res/g.pan
pdilatationreconstruction 8 ./res/g.pan ./res/$name"_f".pan ./res/$name"_s".pan
plabeling 8 ./res/$name"_s".pan ./res/reg.pan
plabelselection 1 ./res/reg.pan ./res/masque.pan
#rafinner les frontieres de la peau a 0.05
./operators/impositionFrontieres 8 ./res/reg.pan ./res/reg.pan
perosion 2 2 -m ./res/masque.pan ./res/reg.pan ./res/reg2.pan
./operators/isotropiclabels 2 1 40 4 30 0 2 0 ./res/b.pan ./res/reg2.pan ./res/$name"
    _regp".pan 2> /dev/null
#creer image couleur
for j in 0 1 2
do
        pgetslice $j $1.pan ./res/a$j.pan
        pextractsubimage 35 35 0 3800 2520 0 ./res/a$j.pan ./res/b$j.pan
        prescale 0.05 0.05 1 ./res/b$j.pan ./res/b$j.pan
done
pimg2imc 0 ./res/b0.pan ./res/b1.pan ./res/b2.pan ./res/couleur.pan
./operators/frontiereCouleur 255 255 255 ./res/$name"_regp".pan ./res/couleur.pan ./
    res/$name"_frp".pan

echo extraction peau / melanome
#Labeliser avec le textile a 1 et l'interieur a 2
plabeling 8 ./res/$name"_regp".pan ./res/$name"_regp".pan
```

```
prg2im ./res/$name"_regp".pan ./res/$name"_masque".pan
pbinarization 2 255 ./res/$name"_masque".pan ./res/$name"_masque".pan

pand ./res/b.pan ./res/$name"_masque".pan ./res/$name"_peau"$i.pan
plabelselection 2 ./res/$name"_regp".pan ./res/masque.pan
prescale 2 2 1 ./res/masque.pan ./res/masque.pan
prescale 2 2 1 ./res/$name"_masque".pan ./res/$name"_masque".pan
for j in 4 9 14
do
        pgetslice $j $1.pan ./res/a$j.pan
        pextractsubimage 35 35 0 3800 2520 0 ./res/a$j.pan ./res/b$j.pan
        prescale 0.1 0.1 1 ./res/b$j.pan ./res/b$j.pan
        gmic -v - -i ./res/b$j.pan -repeat 3 -denoise[-1] 5,5,8 -done -o ./res/bb$j.
            pan
        gmic -v - -i ./res/bb$j.pan -repeat 2 -bilateral[-1] 15,15 -done -o ./res/bb$j
            .pan
        pim2uc ./res/bb$j.pan ./res/bb$j.pan
done

pimg2imx 3 ./res/bb4.pan ./res/bb9.pan ./res/bb14.pan ./res/bbx.pan
pimg2imx 3 ./res/b4.pan ./res/b9.pan ./res/b14.pan ./res/bx.pan

./operators/K-Means/bin/K-Means 3 ./res/bbx.pan ./res/masque.pan ./res/$name"_regCarc"
    .pan

plabelselection 3 ./res/$name"_regCarc".pan ./res/carc.pan
prg2im ./res/carc.pan ./res/carc.pan
paddcst 1 ./res/carc.pan ./res/carc.pan
plabeling 8 ./res/carc.pan ./res/carc.pan
cp ./res/carc.pan ./res/carc2.pan
plabelselection 1 ./res/carc.pan ./res/masque.pan
perosion 2 2 ./res/masque.pan ./res/a.pan
prg2im ./res/a.pan ./res/a.pan
prg2im ./res/carc.pan ./res/carc.pan
padd ./res/a.pan ./res/carc.pan ./res/b.pan
paddcst -1 ./res/b.pan ./res/c.pan
pim2rg ./res/c.pan ./res/c.pan
plabeling 8 ./res/c.pan ./res/carc.pan
#rafiner le carninome a 0.1
./operators/isotropiclabels 2 1 10 4 30 0 1 0 ./res/bx.pan ./res/carc.pan ./res/$name"
    _regCarc".pan 2> /dev/null
#creer image couleur
for j in 0 1 2
do
        pgetslice $j $1.pan ./res/a$j.pan
        pextractsubimage 35 35 0 3800 2520 0 ./res/a$j.pan ./res/b$j.pan
        prescale 0.1 0.1 1 ./res/b$j.pan ./res/b$j.pan
done
pimg2imc 0 ./res/b0.pan ./res/b1.pan ./res/b2.pan ./res/couleur.pan
./operators/frontiereCouleur 255 255 255 ./res/$name"_regCarc".pan ./res/couleur.pan
    ./res/$name"_frc".pan
#mettre dans une meme image peau (upscale) + carcinome
plabelselection 1 ./res/$name"_regCarc".pan ./res/fond.pan
prg2im ./res/fond.pan ./res/fond.pan
pinverse ./res/fond.pan ./res/fond.pan
prescale 2 2 1 ./res/$name"_regp".pan ./res/$name"_regp".pan
prg2im ./res/$name"_regp".pan ./res/reg.pan
padd ./res/reg.pan ./res/fond.pan ./res/segFinale.pan
pim2rg ./res/segFinale.pan ./res/segFinale.pan
#rafiner tous les contours a 0.1
./operators/impositionFrontieres 8 ./res/segFinale.pan ./res/reg.pan
perosion 2 1 ./res/reg.pan ./res/reg2.pan
./operators/isotropiclabels 2 1 20 4 30 1 3 8 ./res/bx.pan ./res/reg2.pan ./res/$name"
    _regf".pan 2> /dev/null
```

```
./operators/frontiereCouleur 255 255 255 ./res/$name"_regf".pan ./res/couleur.pan ./
    res/$name"_frs".pan

#upscaling a l'echelle 1
echo upscaling
prescale 10 10 1 ./res/$name"_regf".pan ./res/segFinale.pan
for j in 0 1 2 4 9 14
do
        pgetslice $j $1.pan ./res/a$j.pan
        pextractsubimage 35 35 0 3800 2520 0 ./res/a$j.pan ./res/b$j.pan
done
pimg2imc 0 ./res/b0.pan ./res/b1.pan ./res/b2.pan ./res/couleur.pan
pimg2imx 3 ./res/b4.pan ./res/b9.pan ./res/b14.pan ./res/bx.pan

./operators/impositionFrontieres 8 ./res/segFinale.pan ./res/reg.pan
perosion 2 6 ./res/reg.pan ./res/reg2.pan
echo rafinement final des contours
./operators/isotropiclabelsMasked 2 1 20 4 30 1 3 8 ./res/bx.pan ./res/reg2.pan ./res/
    segFinale.pan 2> /dev/null

./operators/frontiereCouleur 0 255 0 ./res/segFinale.pan ./res/couleur.pan ./res/$name
    "_frs".pan

gmic -v --i ./res/$name"_frs".pan -o ./$name"_seg".jpg
```

Références

[Buades, Coll et Morel, 2008] Antoni Buades, Bartomeu Coll et Jean-Michel Morel. Nonlocal Image and Movie Denoising. *International Journal of Computer Vision*, vol.76(2), pages 123-139, 2008. 31

[Choi et Baraniuk, 2001] Hyeokho Choi et Richard G. Baraniuk. Multiscale image segmentation using wavelet-domain hidden Markov models. *IEEE Transactions on Image Processing*, 10(9) pages 1309-1321, 2001. 20, 21

[Crouse et al., 1998] Matthew S. Crouse, Robert D. Novak et Richard G. Baraniuk. Wavelet-based statistical signal processing using hidden Markov models. *IEEE Transactions on Signal Processing*, 46 pages 886-902, 1998. 20

[Dalal et al., 2011] Ankur Dalal, Randy H. Moss, R. Joe Stanley, William V. Stoecker, Kapil Gupta, David A. Calcara, Jin Xu, Bijaya Shrestha, Rhett Drugge, Joseph M. Malters, Lindall A. Perry. Concentric decile segmentation of white and hypopigmented areas in dermoscopy images of skin lesions allows discrimination of malignant melanoma. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, pages 148-154, 2011. 12

[Fan et Xia, 2011] Guoliang Fan et Xiang-Gen Xia. A joint multicontext and multiscale approach to bayesian image segmentation. *IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing*, 39(12) pages 2680-2688, 2011. 21

[Garnavi et al., 2011] Rahil Garnavi, Mohammad Aldeen, M. Emre Celebi, George Varigos, Sue Finch. Border detection in dermoscopy images using hybrid thresholding on optimized color channels. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, pages 105-115, 2011. 11

[G'MIC] G'MIC (GREYC's Magic Image Converter) :
http ://gmic.sourceforge.net/index.shtml. 14

[Iyatomi et al., 2011] Hitoshi Iyatomi, M. Emre Celebi, Gerald Schaefer, Masaru Tanaka. Automated color calibration method for dermoscopy images. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, pages 89-98, 2011. 11

[Moisan, Moulon et Monasse, 2012] Lionel Moisan, Pierre Moulon, Pascal Monasse. Automatic Homographic Registration of a Pair of Images, with A Contrario Elimination of Outliers. *Image Processing On Line*. 2012. 14

[Pandore] Pandore : A library of image processing operators (Version 6.4). Laboratoire GREYC. Software : http ://www.greyc.ensicaen.fr/˜regis/Pandore, accessed June 2012.

[Rabin, 2009] Julien Rabin. *Approches robustes pour la comparaison d'images et la reconnaissance d'objets*. Thèse de doctorat, Télécom ParisTech, Paris, France, Décembre 2009. 14

[Sadeghi et al., 2011] Maryam Sadeghi, Majid Razmara, Tim K. Lee, M.Stella Atkins. A novel method for detection of pigment network in dermoscopic images using graphs. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, pages 137-143, 2011. 12

[Schaefer et al., 2011] Gerald Schaefer, Maher I. Rajab, M. Emre Celebi, Hitoshi Iyatomi. Colour and contrast enhancement for improved skin lesion segmentation. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, pages 99-104, 2011. 11

[Signolle, 2009] Nicolas Signolle. *Approches multiéchelles pour la segmentation de très grandes images : Application à la quantification de biomarqueurs en histopathologie cancérologique*. Thèse de doctorat, Université de Caen-Basse Normandie, Caen, France, Novembre 2009. 17

[Stoecker et al., 2011] William V. Stoecker, Mark Wronkiewiecz, Raeed Chowdhury, R. Joe Stanley, Jin Xu, Austin Bangert, Bijaya Shrestha, David A. Calcara, Harold S. Rabinovitz, Margaret Oliviero, Fatimah Ahmed, Lindall A. Perry, Rhett Drugge. Detection of granularity in dermoscopy images of malignant melanoma using color and texture features. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, pages 144-147, 2011. 12

[Stolz et al., 1994] Stolz, Riemann, Cognetta, Pillet, Abmayr, Hölzel, et al. ABCD rule of Dermatoscopy : a new practical method for early recognition of malignant melanoma. *Eur J Dermatol*, 1994. 12

[Ta, 2009] Vinh Thong Ta. *Equations aux différences partielles définies sur des graphes pour le traitement d'images et de données*. Thèse de doctorat, Université de Caen-Basse Normandie, Caen, France, Decembre 2009. 33, 34

[Tomasi et Manduchi, 1998] Carlo Tomasi et Roberto Manduchi. Bilateral Filtering for Gray and Color Images. *ICCV*, pages 839-846, 1998. 31

[Tschumperlé, 2005] David Tschumperlé. Vector-Valued Image Regularization with PDE's : A Common Framework for Different Applications. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*. Vol. 27, No. 4, 506-517, 2005. 13

[Wang et al., 2011] Hanzheng Wang, Randy H. Moss, Xiaohe Chen, R. Joe Stanley, William V. Stoecker, M. Emre Celebi, Joseph M. Malters, James M. Grichnik, Ashfaq A. Marghoob, Harold S. Rabinovitz, Scott W. Menzies, Thomas M. Szalapski. Modified watershed technique and post-processing for segmentation of skin lesions in dermoscopy images. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, pages 116-120, 2011. 11

[H. Zhou et al., 2011] Huiyu Zhou, Gerald Schaefer, M. Emre Celebi, Faquan Lin, Tangwei Liu. Gradient vector flow with mean shift for skin lesion segmentation. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, pages 121-127, 2011. 11

[Y. Zhou et al., 2011] Yu Zhou, Melvyn Smith, Lyndon Smith, Abdul Farooq, Robert Warr. Enhanced 3D curvature pattern and melanoma diagnosis. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, pages 155-165, 2011. 12