



UNIVERSITE KASDI MERBAH-OUARGLA

N° d'ordre.....
N° de série.....

FACULTE DES SCIENCES ET TECHNOLOGIE ET SCIENCES DE LA MATIERE

DEPARTEMENT MATHEMATIQUE ET INFORMATIQUE

Mémoire

En vue de l'obtention du Diplôme de

MAGISTER

Spécialité : Informatique

Option : Technologie d'information et de communication

Par : Mme. Naima MERZOUGUI

THÈME

Un algorithme évolutionnaire pour la segmentation d'images basé sur le diagramme de Voronoï

Devant le jury :

| | | | |
|---------------------------|------|--------------|-----------|
| Dr. Ahmed KORICHI, | MCA, | Univ.Ouargla | Président |
| Dr. Kamal Eddine MELKEMI, | MCA, | Univ.Biskra | Encadreur |
| Dr. Ammar LAHLOUHI, | MCA, | Univ.Batna | Examineur |
| Dr. Zouhir MOKHTARI, | MCA, | Univ.Biskra | Examineur |

Soutenu publiquement le 28/06/2012

REMERCIEMENTS

Je tiens à remercier tout d'abord mon encadreur Dr. Kamal Eddine MELKEMI de m'avoir proposé un tel intéressant sujet, m'ouvrant ainsi les portes sur un domaine de recherche assez vivant.

Que les membres du jury Dr. Ahmed KORICHI, Dr. Ammar LAHLOUHI, et Dr. Zouhir MOKHTARI trouvent ici mes vifs remerciements d'avoir accepté évaluer ce travail et pour le temps qu'ils ont consacré pour la lecture du mémoire.

Dédicace

Mon père, tu m'as offert, le long de ta vie, le modèle idéal que je désirais atteindre.

Ma mère, c'est grâce à ta sagesse que j'ai pu tracer mon chemin dans cette vie.

*À mon époux, pour son continuel soutien et ses encouragements qui m'ont
toujours aidé pour avancer.*

À ma sœur Ghafia et son époux qui m'a apporté leurs conseils et leurs soutiens,

*À mes sœurs et mes frères, merci pour vos encouragements et votre aide
incontournable.*

À tous ceux qui ont contribué à l'aboutissement de ce travail.

Table des matières

| | |
|--|----|
| Table des figures | 6 |
| Table des tableaux..... | 8 |
| Table des abréviations..... | 9 |
| Introduction générale | 10 |
| Chapitre 1 Segmentation d'image | 14 |
| 1.1 Introduction..... | 14 |
| 1.2 Définition de la segmentation d'images..... | 14 |
| 1.3 Les approches de segmentation..... | 14 |
| 1.3.1 Approche contour..... | 15 |
| 1.3.1.1 Les méthodes dérivatives | 16 |
| 1.3.1.2 Les méthodes analytiques | 17 |
| 1.3.1.3 Les méthodes déformables | 18 |
| 1.3.2 Approche région | 18 |
| 1.3.2.1 La classification (clustering)..... | 20 |
| 1.3.2.2 Segmentation par croissance de région | 21 |
| 1.3.2.3 Approche par division-fusion..... | 22 |
| 1. Le quad-tree | 23 |
| 2. Le graphe d'adjacence des régions | 24 |
| 3. Le diagramme de Voronoï | 25 |
| 1.3.3 Approche coopérative | 26 |
| 1.4 Conclusion | 28 |
| Chapitre 2 Méthodes d'optimisation | 30 |
| 2.1 Introduction..... | 30 |
| 2.2 Algorithme génétique..... | 30 |
| 2.3 Recuit Simulé | 34 |
| 2.4 K-means | 37 |
| 2.5 Conclusion | 38 |
| Chapitre 3 Segmentation d'images et diagramme de Voronoï..... | 40 |
| 3.1 Introduction..... | 40 |
| 3.2 Définitions | 40 |
| 3.3 Propriétés du diagramme de Voronoï..... | 41 |
| 3.4 Triangulation de Delaunay | 42 |
| 3.5 Construction du diagramme de Voronoï..... | 43 |
| 3.6 Segmentation d'images par des algorithmes de Voronoï | 44 |

| | | |
|---|---|----|
| 3.7 | Travaux existants | 45 |
| 3.8 | Conclusion | 46 |
| Chapitre 4 Approche proposée | | 48 |
| 4.1 | Introduction..... | 48 |
| 4.2 | Objectifs..... | 48 |
| 4.3 | Conception | 49 |
| 4.3.1 | Extraction des points de contour | 50 |
| 4.3.2 | Initialisation, construction et évaluation de diagramme de Voronoï..... | 50 |
| 4.3.3 | Algorithme Génétique | 53 |
| 4.3.4 | Extraction de régions..... | 57 |
| 4.4 | Mise en œuvre..... | 58 |
| 4.4.1 | Structure de Diagramme de Voronoï | 58 |
| 4.4.2 | Processus de notre approche | 59 |
| 4.5 | Algorithmes de segmentation implémentés pour la comparaison | 60 |
| 4.5.1 | Algorithme Recuit Simulé | 60 |
| 4.5.2 | Algorithme K-means | 63 |
| 4.6 | Résultats expérimentaux..... | 64 |
| 4.6.1 | Paramètres d'initialisation..... | 64 |
| 4.6.2 | Résultats de segmentation | 65 |
| 4.6.2.1 | Segmentation des images synthétiques..... | 66 |
| 1) | Image synthétique 1 | 66 |
| 2) | Image synthétique 2 | 67 |
| 3) | Image synthétique 3 | 68 |
| 4) | Image synthétique 4 | 69 |
| 5) | Image synthétique 5 | 70 |
| 6) | Synthèse | 71 |
| 4.6.2.2 | Segmentation des images non synthétiques..... | 71 |
| 1) | Segmentation de l'image Muscle | 71 |
| 2) | Segmentation de l'image Maison | 72 |
| 3) | Synthèse | 73 |
| 4.7 | Conclusion | 73 |
| Conclusion générale et perspectives | | 75 |
| Bibliographie..... | | 77 |
| ANNEXE | | 81 |

Table des figures

| | |
|---|----|
| Figure 1.1 : Principales méthodes de segmentation d'image..... | 15 |
| Figure 1.2: processus de division de l'image I utilisant le quad-tree..... | 23 |
| Figure 1.3: image d'étiquettes et son graphe d'adjacence | 24 |
| Figure 1.4: Exemple de diagramme de Voronoï..... | 25 |
| Figure 1.5: Principe de la coopération séquentielle | 26 |
| Figure 1.6 : Principe de la coopération des résultats | 27 |
| Figure 1.7 : Principe de la coopération mutuelle | 27 |
| Figure 2.1: Exemple de reproduction grâce aux principaux types de croisement | 32 |
| Figure 2.2 : Opérateur de mutation sur un chromosome de 6 bits..... | 32 |
| Figure 2.3 : Schéma du principe des algorithmes génétiques | 33 |
| Figure 2.4 : Le principe de l'algorithme de recuit simulé l'accentuation des minima suite à la décroissance de la température. | 35 |
| Figure 2.5 : Schéma du principe de l'algorithme K-means | 37 |
| Figure 3.1: Schéma d'un diagramme de Voronoï..... | 41 |
| Figure 3.2: Trois arêtes autour d'un sommet de Voronoï..... | 41 |
| Figure 3.3: Trois arêtes autour d'un sommet de Voronoï..... | 42 |
| Figure 3.4: Passage du diagramme de Voronoï à la triangulation de Delaunay | 42 |
| Figure 3.5 : Principe de la méthode présentée dans [Melkemi, 92]..... | 44 |
| Figure 4.1 : Résultat de segmentation par la méthode division-fusion..... | 49 |
| Figure 4.2 : Initialisation de germes générer aléatoirement qui se diffèrent des points de contour..... | 51 |
| Figure 4.3 : Diagramme de Voronoï (avec 30 germes) | 51 |
| Figure 4.4 : l'affectation du pixel à la région adéquate sans destruction du contour .. | 52 |
| Figure 4.5 : Schéma du croisement uniforme aux points $i=2$, $j=4$ générés aléatoirement..... | 54 |
| Figure 4.6 : Croisement de deux individus | 54 |
| Figure 4.7 : Illustration de la mutation..... | 56 |
| Figure 4.8 : Mémorisation du diagramme de Voronoï sous forme d'une image | 58 |
| Figure 4.9 : Processus de notre approche..... | 59 |
| Figure 4.10 : Démonstration de suppression et d'insertion de site | 62 |
| Figure 4.11 : Image synthétique 1..... | 66 |
| Figure 4.12 : Image synthétique 2..... | 67 |

| | |
|--|----|
| Figure 4.13 : Image synthétique 3..... | 68 |
| Figure 4.14 : Image synthétique 4..... | 69 |
| Figure 4.15 : Image synthétique 5..... | 70 |
| Figure 4.16 : Image Muscle | 71 |
| Figure 4.17 : Image maison | 72 |

Table des tableaux

| | |
|---|----|
| Tableau 1.1 : Avantages et limites de l'approche par croissance de région | 22 |
| Tableau 2.1: Algorithme classique de recuit simulé..... | 36 |
| Tableau 4.1 : Résultats de segmentation par contour (Laplacien)..... | 50 |
| Tableau 4.2 : Algorithme génétique..... | 57 |
| Tableau 4.3 : Procédure Extraction de régions similaires..... | 57 |
| Tableau 4.4: Algorithme de segmentation d'images par diagramme de Voronoï | 60 |
| Tableau 4.5: Procédure GENERER | 61 |
| Tableau 4.6 : Résultats de segmentation de l'image synthétique 1 | 66 |
| Tableau 4.7 : Résultats de segmentation de l'image synthétique 2 | 67 |
| Tableau 4.8 : Résultats de segmentation de l'image synthétique 3 | 68 |
| Tableau 4.9 : Résultats de segmentation de l'image synthétique 4 | 69 |
| Tableau 4.10 : Résultats de segmentation de l'image synthétique 5 | 70 |
| Tableau 4.11 : Résultats de segmentation de l'image muscles | 72 |
| Tableau 4.12 : Résultats de segmentation de l'image maison | 73 |

Table des abréviations

S.....Segmentation

I.....Image

R_i.....Région numéro *i*

AG.....Algorithme Génétique

RS.....Recuit Simulé

DV.....Diagramme de Voronoï

DVSEG.....Segmentation d'image par digramme de Voronoï

Introduction générale

L'information visuelle est sans doute la plus riche des différentes sources d'informations disponibles. Un intérêt sans cesse croissant est suscité par la conception des systèmes de vision pour l'interprétation automatique de scènes.

Une description compacte d'une image, plus exploitable que l'ensemble des pixels est engendré par une étape fondamentale dans la plupart des systèmes de vision par ordinateur. Pour atteindre cet objectif, une grande variété de techniques dites de «segmentation d'images » ont vu le jour. Elles peuvent être définies ainsi: "*La segmentation des images consiste à rassembler les pixels de ces images qui partagent une même propriété pour établir des régions connexes*" [Sadgal, 05].

Ces techniques sont généralement fondées sur la recherche des discontinuités locales (détection de contours) ou sur la détection de zones de l'image présentant des caractéristiques d'homogénéité (extraction de régions) [Mong, 90]. Ces deux approches sont duales en ce sens qu'une région définit une ligne par son contour et qu'une ligne fermée définit une région. Elles amènent cependant à des algorithmes différents et ne fournissent pas les mêmes résultats. Une autre approche, appelée approche coopérative, consiste en une coopération entre ses deux approches [Chu et al., 93].

Nous considérons que le problème de la segmentation d'image est un cas particulier du problème de partitionnement des données. Ce dernier étant un problème NP-Complet, ces problèmes peuvent être exprimés sous la forme générale d'un "problème d'optimisation".

Les algorithmes génétiques (AG) [Holland, 75] [Goldberg, 07] et le recuit simulé (RS) [Kirkpatrick et al., 83] étant deux techniques d'optimisation stochastique travaillant sur les mêmes types de problèmes, où le recuit simulé converge généralement plus vite vers la solution optimale lorsque le problème est de taille raisonnable. Toutefois, il ne donne qu'une solution. A l'inverse, les algorithmes génétiques fournissent plusieurs solutions quasi-optimales mais au prix d'un temps de convergence généralement plus long.

Nous avons présenté dans ce mémoire une nouvelle approche de segmentation d'images, en utilisant un algorithme d'optimisation à savoir l'algorithme génétique.

Notre approche est complémentaire aux méthodes réalisées dans le domaine de segmentation d'image basée sur une partition en polygone de Voronoï [Melkemi, 92]. Le principe est similaire à celui de la segmentation d'images par construction du diagramme de Voronoï et se diffère au niveau de la stratégie de détermination d'un nombre de polygones vérifiant un critère d'homogénéité.

Dans cette approche coopérative, nous avons combiné la méthode du Laplacien pour la détection des points de contour avec un algorithme d'optimisation stochastique basé sur le principe de Charles Darwin à savoir : l'algorithme génétique. Cette approche s'inscrit dans la classe des algorithmes de segmentation Division/Fusion. Après avoir utilisé une amélioration de l'image, l'étape de division se fait par une division de l'image à segmenter en polygones de Voronoï guidée par un processus génétique. Puis une étape d'extraction de régions similaires est appliquée comme phase de fusion.

Nous avons commencé notre travail par un état de l'art sur les méthodes de segmentation d'images. Puis nous avons donné une description générale des trois algorithmes d'optimisation utilisés à savoir l'algorithme génétique, le recuit simulé et le K-means [Theiler et al., 97]. Ensuite, nous avons étudié les principes des diagrammes de Voronoï et enfin nous avons présenté la démarche de l'approche proposée. Nous avons implémenté les trois algorithmes cités en se basant sur une structure de diagramme de Voronoï pour des raisons de comparaisons.

Ce mémoire est organisé en quatre chapitres :

- Le premier chapitre présente une synthèse bibliographique sur les différentes approches de segmentation d'image.
- Dans le deuxième chapitre nous décrivons brièvement le principe de base des méthodes d'optimisation à savoir l'algorithme génétique, le recuit simulé et le k-means.
- Le troisième chapitre présente le diagramme de Voronoï, son dual, et ses propriétés, ainsi que son utilisation pour la segmentation d'image.

- Le quatrième chapitre décrit la conception de notre approche et son implémentation en langage C++, suivi par une expérimentation sur quelques images afin d'évaluer notre approche en comparant les différents résultats obtenus.

Nous concluons finalement ce modeste travail par l'identification des perspectives qui s'ouvrent devant notre recherche afin de montrer son étendue.

Chapitre 1

Chapitre 1 Segmentation d'image

1.1 Introduction

La segmentation est le cœur d'un système d'analyse automatique d'images. Elle intervient dans de nombreuses applications importantes, comme l'indexation d'une base de données d'images, le suivi et l'estimation de mouvement dans une séquence vidéo, et l'interprétation automatique d'images biomédicales et satellitaires, etc.

La segmentation d'images est en fait un traitement de bas niveau qui consiste à partitionner une image en régions (ensembles de pixels) appartenant à une même structure (objets ou scène). La qualité de la segmentation mesurée par sa précision de localisation (partition des régions) a une influence directe sur les performances des applications ultérieures.

Dans ce chapitre, nous présentons un bref survol des techniques existantes en donnant leur fonctionnement général.

1.2 Définition de la segmentation d'images

Nous pouvons adopter la définition suivante pour la segmentation :

"La segmentation est un traitement de bas niveau qui consiste à créer une partition de l'image A en sous-ensembles R_i , appelés régions tels qu'aucune région ne soit vide, l'intersection entre deux régions soit vide et l'ensemble des régions recouvre toute l'image. Une région est un ensemble de pixels connexes ayant des propriétés communes qui les différencient des pixels des régions voisines." [Cocquerez et al.,95].

La segmentation d'image sert à fournir des régions homogènes (selon un critère donné), de réduire le bruit et de localiser de manière précise les contours des régions.

1.3 Les approches de segmentation

Dans la littérature, nous avons trouvé plusieurs méthodes de segmentation qui s'intègre généralement dans trois approches principales : approche par contours, approche par régions, et approche coopérative.

Nous avons essayé de proposer une classification de ces méthodes selon le schéma suivant :

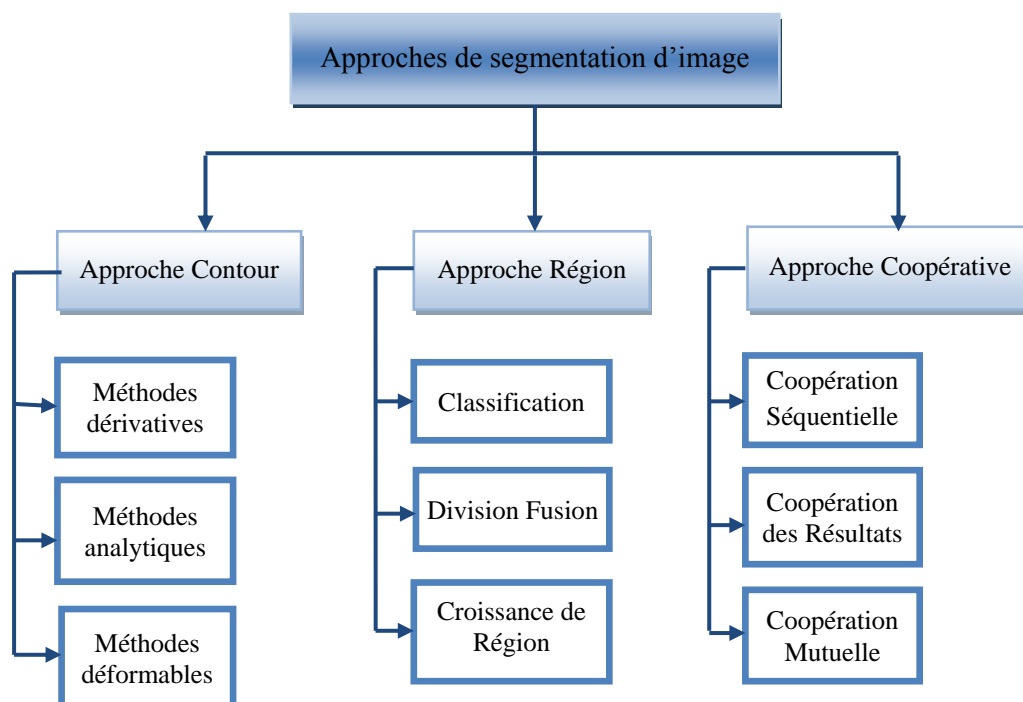


Figure 1.1 : Principales méthodes de segmentation d'image

Dans ce qui suit, on va présenter une description des différentes approches :

1.3.1 Approche contour

Les méthodes basées contours sont parmi les méthodes les plus classiques en segmentation d'images. Ces méthodes supposent généralement un modèle a priori des discontinuités recherchées et opèrent de manière très localisée.

Les méthodes de segmentation basées sur l'approche contour ont donc pour objectif de trouver les lieux de fortes variations du niveau de gris. Un nombre important de méthodes a été développé. Ces méthodes s'appuient sur la détection des discontinuités dans l'image et peuvent être divisées en trois classes : les méthodes dérivatives, les méthodes analytiques et les méthodes déformables.

Nous présentons quelques principales méthodes :

1.3.1.1 Les méthodes dérivatives

- **L'approche gradient**

Ce type de détecteur se base sur la première dérivée de l'image I en chacun de ces points dans les deux directions horizontale et verticale. Un point de contours aura une amplitude A(i,j) et une direction Dir (i,j).

$$\frac{\delta I(i,j)}{\delta x} = I_x(i,j); \quad \frac{\delta I(i,j)}{\delta y} = I_y(i,j); \quad (1.1)$$

$$A(i,j) = \sqrt{(I_x(i,j) * I_x(i,j)) + (I_y(i,j) * I_y(i,j))} \quad (1.2)$$

$$Dir(i,j) = arctg(I_y(i,j)/I_x(i,j)) \quad (1.3)$$

La détermination des points contours est ramenée dans un premier temps à la recherche de filtre linéaire permettant d'estimer le gradient en chaque point.

De nombreux opérateurs sont ainsi apparus dans la littérature parmi lesquels nous pouvons citer les masques de Sobel, Prewit, Robertetc

La valeur du gradient est ainsi disponible en tout point de l'image permettant d'effectuer une recherche des maxima locaux. Ceux-ci correspondent aux passages par zéro de la dérivée seconde dans la direction du gradient ou encore aux points contours recherchés.

- **L'approche Laplacien**

Ce type de détection de contour se base sur la dérivée seconde de l'image. Il est défini par :

$$\Delta^2 = \frac{\delta^2}{\delta x^2} + \frac{\delta^2}{\delta y^2} \quad (1.4)$$

Contrairement au gradient, le Laplacien permet d'obtenir des contours fermés et d'un pixel d'épaisseur, par contre il a l'inconvénient d'être plus sensible au bruit que le gradient. Le Laplacien est déterminé en chaque point de l'image par filtrage linéaire. Les points contours sont alors assimilés au passage par zéro du Laplacien.

Ces deux méthodes (Approche Gradient et Laplacien) semblent inefficaces, si l'amplitude du gradient aux points de contours varie fortement selon les parties de l'image. Il n'existe pas de seuil s permettant la sélection des points contour sans sélectionner ceux dus au bruit. Le Laplacien augmente le bruit présent dans l'image car il s'agit d'une méthode dérivative.

1.3.1.2 Les méthodes analytiques

- **Approche de Canny**

Canny [Canny, 86], a proposé un filtre déterminé analytiquement à partir de trois critères :

1. garantir une bonne détection : c'est-à-dire une réponse forte même à de faibles contours,
2. garantir une bonne localisation,
3. réponse unique : l'opérateur doit donner une réponse unique aux mêmes types de contours.

La solution qui vérifie ces trois critères, proposée par Canny est la suivante :

$$f(x) = a_1 e^{ax} \sin(wx) + a_2 e^{ax} \cos(wx) + a_3 e^{-ax} \sin(wx) + a_4 e^{-ax} \cos(wx) \quad (1.5)$$

Canny a développé une forme mathématique pour les critères concernant la performance du détecteur.

- **Approche de Deriche**

Au filtre de Canny, nous préférons souvent le détecteur de Deriche [Deriche, 87], qui répond exactement aux mêmes critères de qualité que celui de Canny, mais qui possède une réponse impulsionnelle finie. Il a pu donc être synthétisé de façon récursive particulièrement efficace. Le filtre de Deriche a une expression générale de la forme :

$$f(x) = -ce^{-ax} \sin(wx) \quad (1.6)$$

a , w et c sont des réels positifs.

1.3.1.3 Les méthodes déformables

Les modèles déformables, introduits par Kass [Kass et al., 87] sont aussi connus sous les noms de « snakes » ou « contours actifs ».

L'intérêt principal des contours actifs est de détecter des objets dans une image en utilisant les techniques d'évolution de courbes. L'idée est de partir d'une courbe initiale, généralement un carré ou un cercle, et de la déformer jusqu'à obtenir le contour de l'objet.

En effet, celui-ci présente quelques inconvénients tels que la sensibilité à l'initialisation, au bruit, et le réglage difficile de ses différents paramètres.

1.3.2 Approche région

Contrairement aux techniques d'extraction des contours, La segmentation en régions homogènes est basée sur les propriétés intrinsèques des régions. Le choix de ces propriétés détermine ce qu'on appelle "critère de segmentation". Pour segmenter l'image en régions, ces critères peuvent être la valeur de niveau de gris [Sezgin et al.,04], de la couleur [Lucchese et al., 01], de la texture [Materka et al., 98], ou une combinaison de plusieurs informations [Thai et al., 99].

D'une manière formelle nous pouvons définir la région par l'ensemble connexe de points répondants au même critère d'homogénéité. Le formalisme de la régionalisation a été introduit par Horowitz et Pavlidis, et est le fondement de base d'un grand nombre de techniques de segmentation en régions.

Une segmentation S d'une image I relativement à un prédicat $Pred$ [Horowitz76] est une partition de I en n ensembles disjoints non vides R_1, R_2, \dots, R_n tels que :

$$\left\{ \begin{array}{l} \textcircled{1}. I = \cup_{i=1..n} R_i. \\ \textcircled{2}. \forall j \in \{1, \dots, n\}, R_j \text{ est un ensemble connexe.} \\ \textcircled{3}. \forall j \in \{1, \dots, n\}, Pred(R_j) = \text{vrai.} \\ \textcircled{4}. \forall j, k \in \{1, \dots, n\}; j \neq k, R_j \text{ adjacent à } R_k \Rightarrow Pred(R_j \cup R_k) = \text{faux.} \end{array} \right. \quad (1.7)$$

La première condition implique que chaque point de l'image appartient à une seule région. La deuxième condition est une contrainte de connexité imposée aux

régions. La troisième condition demande que les régions de l'image segmentée soient homogènes. La condition quatre exprime que les régions vérifiant le prédicat d'homogénéité, ont une taille maximale.

Il est important de remarquer que ❶, ❷, ❸ et ❹ ne définissent pas une segmentation unique [Mong, 90].

On désigne par C la fonction caractérisant la qualité globale d'une segmentation S [Mong90], et par Q une fonction qui caractérise la qualité locale d'une segmentation (d'une région ou un élément de S). La valeur Q peut être prise comme la variance des niveaux de gris d'une région :

$$Q(R) = \sum_{(r,k) \in R} [I(r,k) - m]^2 / \text{Card}(R) \quad (1.8)$$

Où $I(r,k)$ est le niveau de gris du pixel (r,k) de l'image I , m est la moyenne et $\text{Card}(R)$ désigne la cardinalité de l'ensemble de pixels de la région R .

La fonction C est définie en fonction de Q par :

$$C(S) = C(Q(R_1), \dots, Q(R_n)) \quad (1.9)$$

Nous ajoutons aux axiomes ❶, ❷, ❸ et ❹ la condition d'optimisation suivante [Mong, 90]:

❺. Parmi toutes les segmentations S vérifiant les conditions ❶, ❷, ❸ et ❹ présentées dans la définition de la segmentation, on cherche une segmentation S_{opt} qui optimise la fonction de qualité C . C'est à dire, trouver S_{opt} tel que :

$$C(S_{opt}) \leq C(S) \quad \forall S \in S(I) \quad (1.10)$$

Avec $S(I)$ est l'ensemble de toutes les segmentations possibles de I (exemple de C : la moyenne arithmétique de $Q(R_1), \dots, Q(R_n)$).

La contrainte précédente réduit le problème d'indétermination de la modélisation donnée par les axiomes ❶, ❷, ❸ et ❹ .

Remarque concernant le prédicat d'homogénéité :

Il n'est pas facile de déterminer les critères d'homogénéité d'une approche de segmentation en appliquant à une grande classe d'images. Parmi les critères utilisés par plusieurs méthodes de segmentation, on cite la variance des niveaux de gris associé à une région R donnée par :

$$\text{Pred}(R) = \begin{cases} \text{vrai} & \text{si } Q(R) < \alpha_1 \\ \text{faux} & \text{sinon} \end{cases} \quad (1.11)$$

Où α_1 est le seuil.

Le résultat de la segmentation par région est une image « d'étiquettes » dans laquelle chaque pixel est affecté d'un numéro correspondant au numéro de la région à laquelle il appartient dans l'image initiale. À partir de cette image « d'étiquettes » et de l'image originale il est possible de déterminer les divers attributs de chaque région.

Généralement, nous distinguons trois familles d'algorithmes pour l'approche région : les méthodes de classification qui consistent à regrouper et à classer les pixels d'une image en classes en fonction de leurs propriétés, les méthodes de croissance de régions qui agrègent les pixels voisins selon le critère d'homogénéité; et les méthodes qui divisent ou fusionnent les régions en fonction du critère choisi.

1.3.2.1 La classification (clustering)

Cette méthode consiste à regrouper et à classer les pixels d'une image en classes en fonction de leurs propriétés. A chaque point de l'image est associé un vecteur d'attributs. La classification est alors effectuée sur ces vecteurs d'attributs de façon à aboutir à un nombre restreint de régions homogènes au sein de l'image.

Donc la classification est définie comme une procédure dans laquelle les pixels similaire d'une image sont identifiées et regroupés dans une même classe. Il existe deux grandes tendances:

- **La classification non supervisée** : Elle vise à séparer automatiquement l'image en clusters sans aucune connaissance a priori sur les classes. elle se base sur une mesure de distance entre les vecteurs d'attributs. Les algorithmes les plus

fréquemment cités dans la littérature pour cette catégorie sont K-means, Isodata, et Fuzzy c-means...

- **La classification supervisée** : Elle s'opère à partir de la connaissance de chacune des classes définies par une approche probabiliste. Elle se base sur l'apprentissage de propriétés discriminantes sur un échantillon de données déjà classées. Les algorithmes de cette catégorie sont Minimum-Distance-to-Means, Likelihood et Parallelopiped.

L'inconvénient des méthodes de classification est qu'elles sont très sensibles au bruit.

1.3.2.2 Segmentation par croissance de région

La croissance s'effectue à partir de pixels initiaux appelés « germes ». Ces germes peuvent être sélectionnés de façon aléatoire ou automatique [Cocquerez et al., 95]. Lors d'une itération du processus, les pixels voisins à la région sont étudiés. S'ils vérifient les conditions d'homogénéité (critère défini au préalable), le pixel sera alors affilié dans la région. Les pixels non intégrés aux régions peuvent générer eux-mêmes de nouvelles régions ou être quand même adoptés à la région la plus proche (cas du bruit dans une image par exemple). Généralement, une mesure de similarité peut être évaluée par un calcul de distance entre les attributs du pixel candidat et ceux de la région. Lorsqu'une région intègre un nouvel élément, ses attributs sont alors remis à jour. La croissance de région s'interrompt lorsque tous les pixels voisins aux régions ont été affectés. Nous citerons dans ce qui suit quelques travaux illustratifs :

Chassery et Garbay [Chassery et al., 84] selon des critères de forme et de couleur, ils isolent les régions de l'image. Un pixel est fusionné avec une région candidate si la mesure de différence colorimétrique est inférieure à un certain seuil. Carron [Carron.,95] propose des critères de fusion des pixels aux régions produits sur des règles floues. Tremeau et Borel [Tremeau et al., 97] proposent différents critères d'homogénéité dans l'espace RVB. D'abord, ils génèrent un certain nombre de régions par le processus de croissance de régions et ensuite ils fusionnent toutes les régions qui ont la même distribution colorimétrique.

Un algorithme de segmentation d'images couleurs est proposé par Meyer [Meyer,92] consiste en une croissance de régions à partir de marqueurs identifiant l'intérieur des régions. Ainsi un pixel est fusionné avec la région la plus proche (i.e. similaire) en se

basant sur le calcul d'une distance qui représente la différence de couleur entre ce pixel et les régions voisines.

Dans le tableau suivant, nous présentons quelques avantages et limites de l'approche par croissance de régions.

| Avantages | Limites |
|--|--|
| <ul style="list-style-type: none"> • D'être simple et rapide. • Elle permet la segmentation d'objet à topologie complexe. • Elle préserve la forme de chaque région de l'image. | <ul style="list-style-type: none"> • Une mauvaise sélection des germes ou un choix du critère de similarité mal adapté peuvent entraîner des phénomènes de sous-segmentation¹ ou de sur-segmentation². • Il peut y avoir des pixels qui ne peuvent pas être classés. |

Tableau 1.1 : Avantages et limites de l'approche par croissance de région

1.3.2.3 Approche par division-fusion

L'algorithme division-fusion appelé aussi « Split and Merge » a été proposé par Horowitz et Pavlidis [Horowitz, 76], il est encore actuellement un des plus performants [Bres, 03]. Le processus est décomposé en deux étapes. L'image initiale peut être une première partition résultant d'une analyse grossière ou bien l'image brute. Dans la première étape, ou division, on analyse individuellement chaque région R_i . Si celle-ci ne vérifie pas le critère d'homogénéité, alors on divise cette région en blocs (le plus généralement en 4 quadrants) et l'on réitère le processus sur chaque sous-région prise individuellement, le découpage arbitraire peut conduire à ce que cette partition ne soit pas maximale.

Dans la deuxième étape, ou fusion, on étudie tous les couples de régions voisines (R_k, R_i) . Si l'union de ces deux régions vérifie le critère d'homogénéité, alors, on fusionne les régions.

¹ *Sous-segmentation* : intervient lorsqu'une région couvre plusieurs objets d'intérêt de classes différentes.

² *Sur-segmentation* : intervient quand les objets d'intérêt sont divisés en plusieurs régions à l'issue de la segmentation ce qui la rends de moins bonne qualité

Nous détaillons trois structures de données permettant d'effectuer cette approche :

1. Le quad-tree
2. Le graphe d'adjacence des régions
3. Le diagramme de Voronoï

1. Le quad-tree

Le quad-tree est une structure de données très commune de part sa simplicité et d'autre part son faible temps de calcul. Il est une arborescence dont la racine est l'image toute entière et dont chaque nœud parent (sauf les nœuds terminaux) possède exactement 4 fils. Il est défini de manière récursive: l'image est partagée d'abord en quatre blocs. À chacun de ces blocs est ensuite associé un nœud fils de la racine. Puis le processus de découpage en quatre est itéré pour chacun des fils sans chevauchement des blocs. L'analyse récursive s'arrête lorsque chaque sous-bloc respecte un prédicat d'homogénéité. Après cette phase de division des petites régions, certains blocs adjacents présentent des caractéristiques identiques d'où la nécessité de les fusionner. Cette fusion s'arrête lorsqu'il n'existe plus de couple qui respecte le prédicat de fusion.

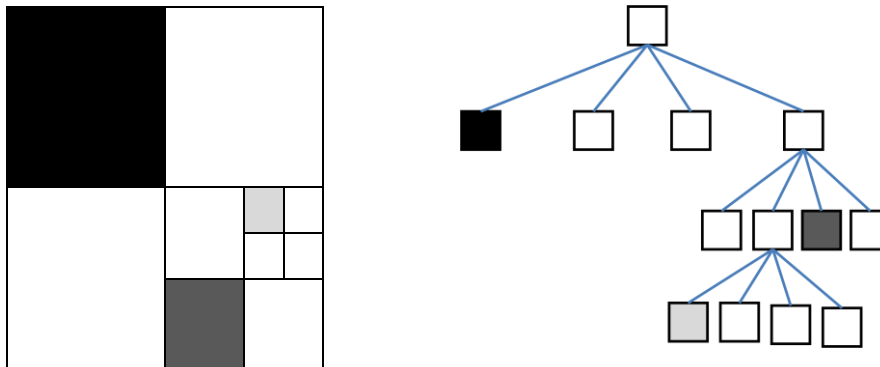


Figure 1.2: processus de division de l'image I utilisant le quad-tree

Inconvénients :

- La rigidité du découpage carré qu'il impose.
- Il conduit à un partitionnement global de l'image qui ne respecte pas toujours la forme des régions présentes dans l'image.

- La division par quad-tree fournit généralement une sur-segmentation car elle décompose le bloc en 4 sous-blocs en cas de non-homogénéité. Cependant, dans les dernières itérations, la décomposition en 4 sous-blocs n'est normalement pas nécessaire. En effet, parmi les 4 sous-blocs créés, plusieurs sont similaires.

2. Le graphe d'adjacence des régions

La fusion des régions ne s'opère pas nécessairement après un algorithme de division de l'image, mais peut être accomplie après un algorithme de segmentation ayant provoqué une sur-segmentation. Les approches de fusion se basent généralement sur l'analyse du graphe d'adjacence des régions ou RAG (Region Adjacency Graph). Les régions y sont représentées par les nœuds du graphe et l'information d'adjacence entre régions est symbolisée par les arêtes.

La figure 1.3 représente, à titre d'exemple, une image et son graphe d'adjacence de régions.

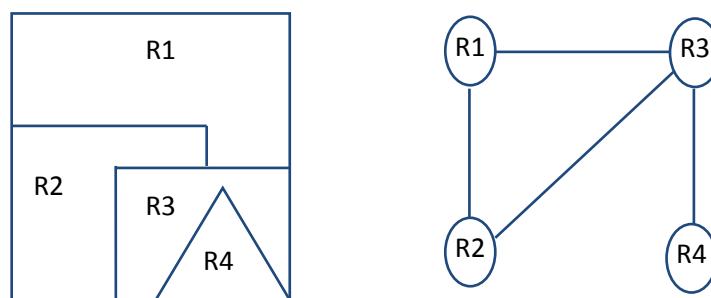


Figure 1.3: image d'étiquettes et son graphe d'adjacence

L'analyse du graphe d'adjacence de régions permet de fusionner des régions d'une image sur-segmentée. Le procédé consiste à fusionner deux nœuds reliés par une arête à condition qu'ils respectent un critère de fusion. Les méthodes d'analyse des graphes d'adjacence de régions se distinguent selon l'ordre de parcours des différents nœuds du graphe et selon les critères de fusion. A chaque itération, les régions reliées par l'arête qui porte la valeur minimale sont fusionnées. Les valeurs des arêtes sont mises à jour en fonction du nombre de pixels appartenant aux régions associées aux arêtes.

L'algorithme de fusion s'arrête lorsqu'un nombre d'itérations fixé préalablement est atteint ou lorsque les poids des arêtes atteignent une valeur limite.

Les inconvénients de cette méthode se situent à deux niveaux :

- Cette méthode dépend du critère de fusion qui peut influencer sur le résultat final de la segmentation,
- Elle peut introduire l'effet de sous-segmentation.

3. Le diagramme de Voronoï

L'approche basée sur le diagramme de Voronoï peut être considérée comme une amélioration de la segmentation par analyse du quad-tree. La phase de division n'est plus réalisée par un découpage en régions de forme carrée, mais par un découpage en polygones de Voronoï qui s'adaptent aux formes des régions présentes dans l'image.

L'intérêt d'initialiser avec des polygones de Voronoï se justifie par une plus grande diversité de formes (polygones) vis-à-vis des carrés, tout en conservant un critère géométrique. Ces polygones sont soumis à des tests fondés sur des critères d'homogénéité et de similarité.

Le diagramme de Voronoï génère une partition de l'image à partir de germes. À chaque germe est associée une région de Voronoï constituée par l'ensemble de pixels les plus proches de ce germe. La décomposition de l'espace ainsi obtenue est connue sous le nom de partition de Voronoï.

La figure 1.4 montre un exemple de diagramme de Voronoï. Dans cette figure, les germes correspondent aux points rouges. Les pixels les plus proches d'un germe sont ceux qui sont inscrits dans le polygone noir centré sur le germe.

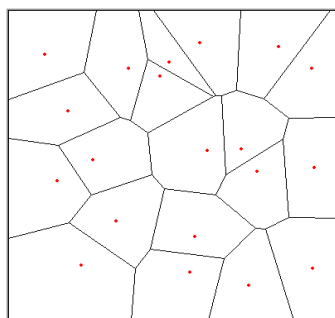


Figure 1.4: Exemple de diagramme de Voronoï

Inconvénient :

- L'initialisation des germes peut mener à des résultats de segmentation différents.

Nous détaillerons cette structure qui va être la base de notre travail dans le chapitre 3.

1.3.3 Approche coopérative

La segmentation par coopération régions-contours suscite un grand intérêt [Chu et al.93]. Elle consiste en une coopération entre la segmentation par régions et la segmentation par contours. Salotti [Salotti, 94] a également proposé une technique de coopération entre un détecteur de contours et un processus de croissance de régions par agrégation de pixels.

Globalement, une approche contour permet la localisation des contours non continus donc difficilement utilisables. En y joignant une approche région dont les caractéristiques sont l'obtention de zones fermées et homogènes, elle peut ainsi pallier les faiblesses de chacune des techniques : la faible précision du contour (approche région) et l'obtention de régions non fermées (approche contour).

Il existe trois formes de coopération région-contour [Sebari et al., 07] :

1. **Coopération séquentielle** : L'une des techniques de segmentation (région ou contour) est réalisée en premier lieu; son résultat va être exploité par l'autre technique pour renforcer la définition des critères ou des paramètres de la segmentation ; L'intégration de l'information provenant de la segmentation par contours dans une segmentation par régions est l'une des formes de coopération les plus courantes (Figure 1.5).

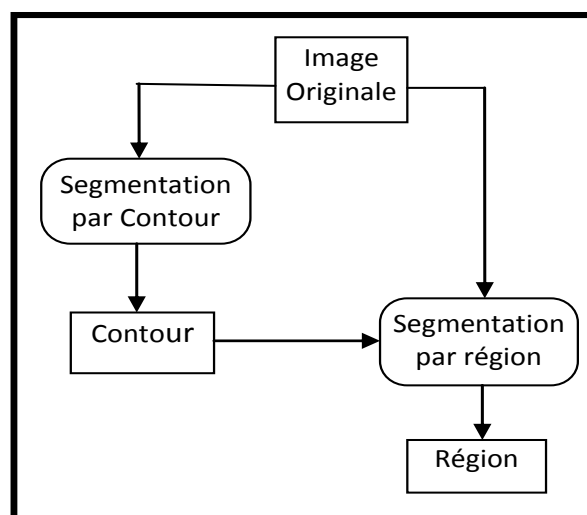


Figure 1.5: Principe de la coopération séquentielle

2. **Coopération des résultats :** Les deux types de segmentation seront réalisés indépendamment ; la coopération concernera leurs résultats qui seront intégrés afin d'atteindre une meilleure segmentation (Figure 1.6);

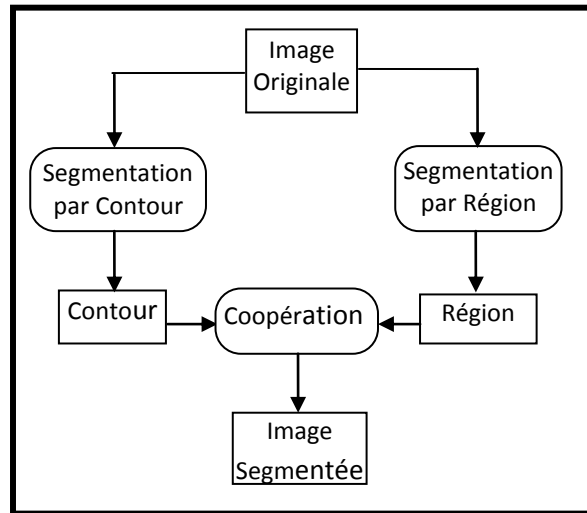


Figure 1.6 : Principe de la coopération des résultats

3. **Coopération mutuelle :** Les deux types de segmentation coopéreront mutuellement au cours de leur processus d'exécution (Figure1.7). La coopération permet de prendre des décisions plus sûres et plus fiables.

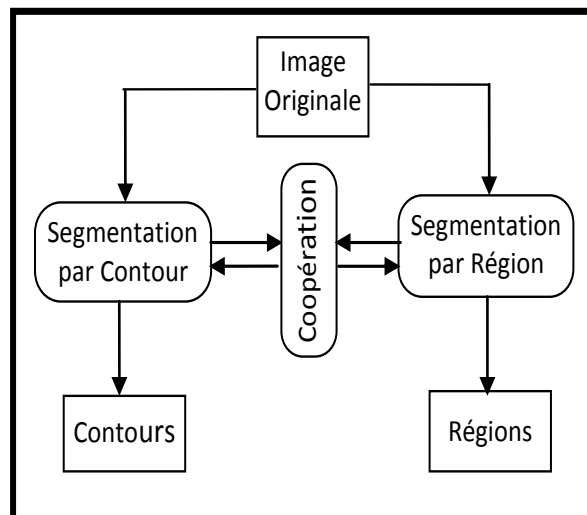


Figure 1.7 : Principe de la coopération mutuelle

1.4 Conclusion

Ce que nous avons présenté dans ce chapitre n'est qu'une présentation très générale et non exhaustive des méthodes de segmentation qui existent. A savoir celles de l'approche contour, de l'approche région ou de l'approche coopérative.

Nous remarquons d'après l'étude que nous avons fait, que les travaux actuels sur la segmentation d'image s'orientent vers l'approche coopérative, car elle donne des résultats plus intéressants par rapport aux deux autres approches (par région et par contour).

En plus, nous avons vu que le diagramme de Voronoï permet de remplacer la structure par celle de polygone convexe qui peut prendre diverse formes.

Et comme la segmentation d'une image peut être considérée comme un problème d'optimisation, dans le chapitre qui suit, nous présenterons quelques méthodes métaheuristiques pour résoudre ce problème.

Chapitre 2

Chapitre 2 Méthodes d'optimisation

2.1 Introduction

Les méthodes d'optimisation servent à minimiser une fonction objective, où les "métaheuristiques" d'optimisation sont des algorithmes généraux d'optimisation applicables à une grande variété de problèmes. Elles sont apparues à partir des années 80, dans le but de résoudre au mieux des problèmes d'optimisation.

L'application des métaheuristiques en traitement d'images a connu un succès particulier ces dernières années, grâce aux avancées technologiques en matière de calcul des machines.

Plus particulièrement, les métaheuristiques sont très utilisées ces dernières années en segmentation d'images. A titre d'exemple, nous citons l'algorithme génétique, le recuit simulé et le K-means qui sont l'objectif d'étude du présent chapitre.

2.2 Algorithme génétique

L'application des algorithmes génétiques à la segmentation d'images a été entreprise dans les années quatre-vingt-dix. A titre d'exemple, l'ouvrage de Bhanu [Bhanu, 94] et la thèse de Andrey [Andrey, 97] sont entièrement dédiés à ce sujet.

Dans [Bhanu, et al., 95], les auteurs ont proposé un système de segmentation de scènes qui optimise la qualité de l'image segmentée par le biais d'un algorithme génétique.

Dans [Andrey, 97], l'auteur a proposé une méthode de segmentation non supervisée basée sur "la relaxation sélectionniste", qui consiste à faire évoluer des populations d'unités capables de reconnaître des caractéristiques locales dans l'image. Au cours de cette évolution induite par un algorithme génétique, les populations envahissent progressivement, et de manière spécifique, les régions à segmenter.

Dans [Majdi et al., 06] les auteurs proposent un algorithme de segmentation basé sur l'hybridation d'un algorithme génétique avec un recuit simulé, pour initialiser l'algorithme EM (Espérance-Maximisation).

De manière générale, les algorithmes génétiques utilisent un même principe. Une population d'individus (*chromosomes*) correspondant à des solutions, évoluent en même temps comme dans l'évolution naturelle en biologie. Un chromosome est constitué de gènes qui contiennent les caractéristiques héréditaires de l'individu. Pour chacun des individus, nous mesurons sa faculté d'adaptation au milieu extérieur par le *fitness*. Les algorithmes génétiques s'appuient alors sur trois fonctionnalités :

1. Sélection : La sélection permet de favoriser les individus qui ont un meilleur *fitness* (pour nous le *fitness* sera la plus souvent la valeur de la fonction objective de la solution associée à l'individu).

Dans la littérature nous trouvons plusieurs méthodes de sélection. Dans ce qui suit, nous allons décrire trois méthodes:

- **La roulette :** A chacun des individus de la population est associé un secteur d'une roue. L'angle du secteur étant proportionnel à la qualité de l'individu qu'il représente. Vous tournez la roue et vous obtenez un individu. Les tirages des individus sont ainsi pondérés par leur qualité. Et presque logiquement, les meilleurs individus ont plus de chance d'être sélectionnés.
- **La sélection par rang:** Il faut trier la population en fonction de la qualité des individus puis leur attribuer à chacun un rang. Les individus de moins bonne qualité obtiennent un rang faible (à partir de 1). La suite de la méthode consiste uniquement en l'implémentation d'une roulette basée sur les rangs des individus. L'angle de chaque secteur de la roue sera proportionnel au rang de l'individu qu'il représente.
- **La sélection par tournoi:** Un tournoi consiste en une rencontre entre plusieurs individus pris au hasard dans la population. Le vainqueur du tournoi est l'individu de meilleure qualité. Vous pouvez choisir de ne conserver que le vainqueur comme vous pouvez choisir de conserver les 2 meilleurs individus ou les 3 meilleurs. A vous de voir, selon que vous souhaitez créer beaucoup de tournois, ou bien créer des tournois avec beaucoup de participants ou bien mettre en avant ceux qui gagnent les tournois haut la main.

2. Croisement : Le croisement combine deux solutions parents pour former un ou deux enfants (*offspring*) en essayant de conserver les “bonnes” caractéristiques des solutions parents.

Cet opérateur est appliqué avec un taux de probabilité défini à priori. Il existe différents types de croisement (une illustration est donnée dans la figure 2.1). Le croisement à un point, détermine aléatoirement un point de coupure et échange la deuxième partie des deux parents. Le croisement deux points (qui peut être étendu à x points) possède 2 points (ou x) de coupures qui sont déterminés aléatoirement. Enfin le croisement uniforme échange chaque bit avec une probabilité fixée à $\frac{1}{2}$.

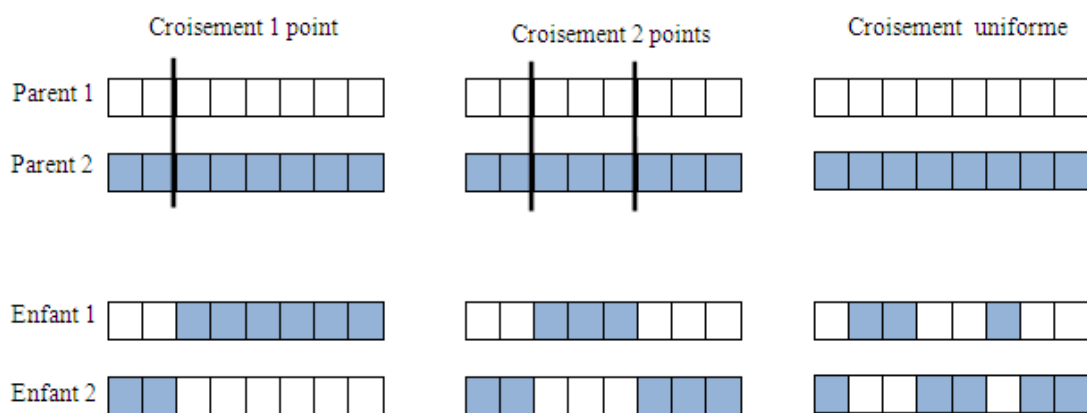


Figure 2.1: Exemple de reproduction grâce aux principaux types de croisement

3. Mutation : La mutation permet d’ajouter de la diversité à la population en mutant certaines caractéristiques (gènes) d’une solution.

Cet opérateur permet, aussi, d’éviter une convergence prématurée vers un optimum local. La mutation la plus simple sur un chromosome change un bit de façon aléatoire.

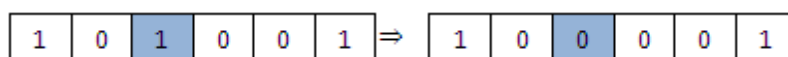


Figure 2.2 : Opérateur de mutation sur un chromosome de 6 bits

Le principe des algorithmes génétique est simple (voir figure 2.3). Il est basé sur trois phases :

1. La genèse = l'initialisation aléatoire d'individus pour la population de la première génération.
2. La reproduction= l'évolution des individus de la génération courante vers la suivante.
 - a. la sélection des individus reproducteurs.
 - b. le croisement génétique de ces individus pour la création de nouveaux individus.
 - c. la mutation de certains individus pour que le pool génétique ne s'affaiblisse pas.
 - d. l'évaluation des individus par le calcul de leur fitness.
3. Recueil du meilleur individu = recherche de l'individu le plus adapté selon les critères souhaités.

Les sous étapes 2 et 3 se répètent autant de fois qu'il y a besoin de générations (itérations de l'algorithme) pour satisfaire un critère d'arrêt. Celui-ci est défini avant que le processus ne commence. La solution est alors représentée par le meilleur individu de la dernière génération.

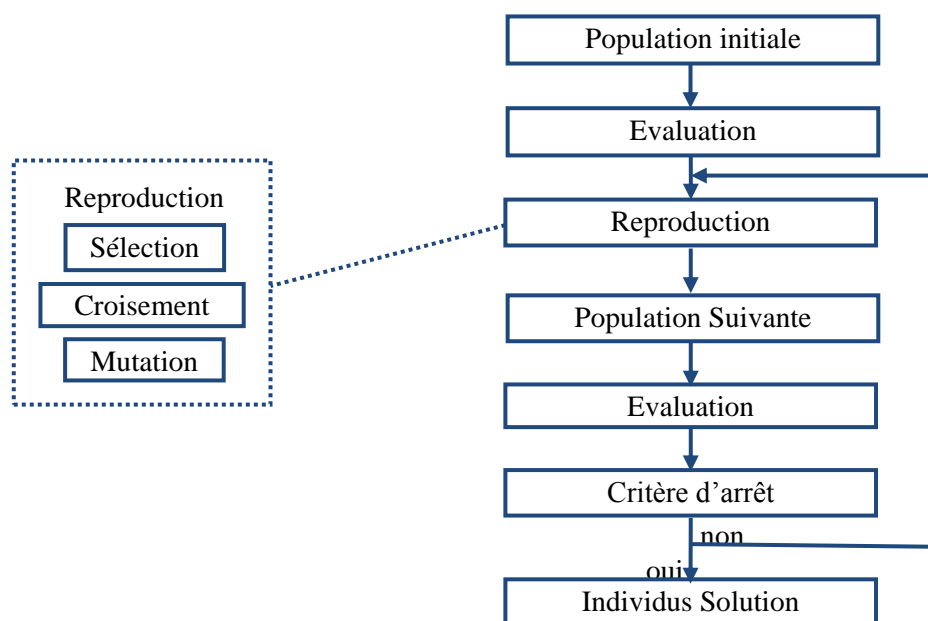


Figure 2.3 : Schéma du principe des algorithmes génétiques

2.3 Recuit Simulé

Le recuit simulé (RS) [VanL, 87] est une méthode de recherche locale proposée par Metropolis [Metr, 53]. Elle a été appliquée aux problèmes d'optimisation par Kirkpatrick et al [Kirkpatrick et al., 83].

L'algorithme du recuit simulé a été appliqué à la segmentation d'images par l'approche markovienne pour chercher les configurations les plus acceptables, correspondant aux états d'énergie minimale [Maitre, 03].

Pour la détection de contours, le recuit simulé a été utilisé par Jamieson *et al.* pour trouver les paramètres optimaux d'un modèle de contours basé sur les B-splines, [Jamieson et al., 03].

Le RS est une méthode heuristique d'optimisation globale qui distingue entre les différents optimaux locaux. A partir d'un point initial, l'algorithme fait un pas et la fonction objective est évaluée. Pour minimiser cette fonction, tout pas en pente est accepté et le processus répète la même tâche à partir du nouveau point. Un pas ascendant peut être accepté. Donc, l'algorithme peut éviter les optimaux locaux. Cette décision ascendante est prise par le critère de Métropolis. Comme le processus d'optimisation fonctionne, la longueur des pas décroît et l'algorithme se rapproche de l'optimum global. L'algorithme est assez robuste pour les problèmes combinatoires, car le nombre de suppositions, faites sur la fonction objective, est très limité.

Les quatre étapes de base pour la mise en œuvre du RS sont :

- 1). La définition de la configuration du système ;
- 2). Un mécanisme de génération ;
- 3). Le choix d'une fonction de minimisation du coût (la fonction objective H) qui est le but de la procédure;
- 4). Un paramètre de contrôle t appelé température et une procédure de refroidissement qui nous communiquent après plusieurs changements aléatoires dans la configuration dans un pas descendant chaque t pris. La tâche assignée à cette procédure exige la perspicacité plus profonde dans le problème des essais et erreurs de l'expérience.

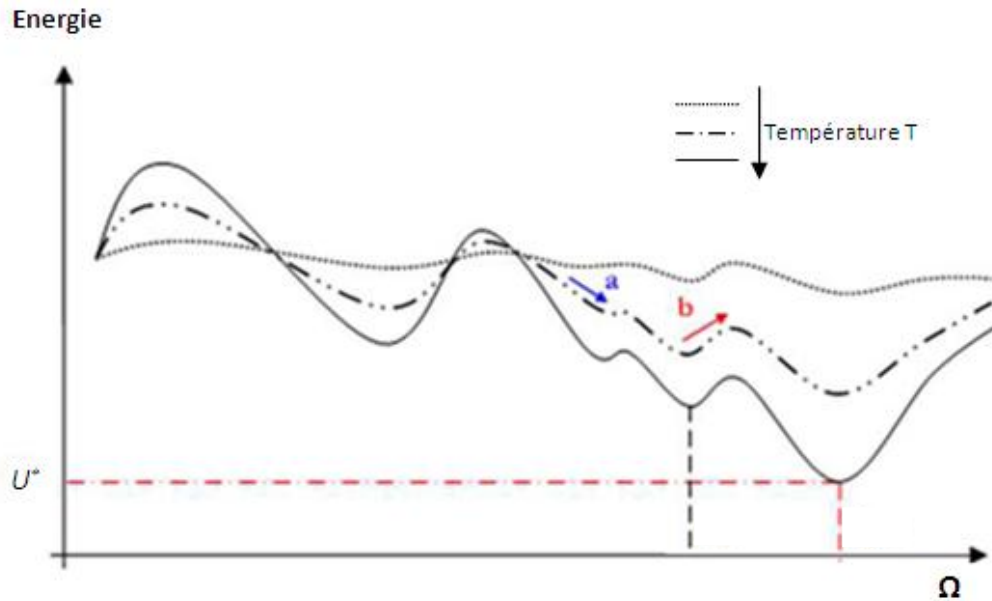


Figure 2.4 : Le principe de l'algorithme de recuit simulé l'accentuation des minima suite à la décroissance de la température.

La Figure 2.4 montre l'évolution énergétique au fur et à mesure de la décroissance en température. Au départ, toutes les configurations sont équiprobables puis les minima énergétiques apparaissent et s'accroissent.

L'algorithme du RS peut être formulé comme suit : Au début le processus définit une configuration initiale, ensuite il passe à exécuter une séquence d'itérations. Chaque itération est une sélection aléatoire d'une configuration extraite du voisinage de la configuration courante suivie d'une évaluation de la fonction objective.

Dans notre contexte, le voisinage est défini par le choix d'un mécanisme de génération, c.-à-d. une "prescription" produit une transition d'une configuration à une autre par une petite perturbation.

Soit $A \in \Omega$ la solution faisable. Ω est l'ensemble des solutions faisables.

Nous appelons $GENERER(A,B)$ une procédure produisant tous $B \in \Omega$ dans un certain ordre. La sortie d'une procédure de recherche locale, qui utilise $GENERER(A,B)$ est appelé un minimum local.

Il est supposé que la procédure $GENERER(A,B)$ génère aléatoirement $B \in \Omega$ avec un mécanisme de génération qu'on va définir plus tard.

Le principe du critère de Métropolis consiste à itérer les deux étapes suivantes :

- Posons $\Delta = H(B) - H(A)$ où H est la fonction objective.
- La probabilité que l'algorithme accepte B comme la nouvelle solution faisable courante est donnée par :

$$Prob\{B \text{ après } A\} = \begin{cases} 1 & \text{si } \Delta < 0 \\ e^{-\Delta/t} & \text{si } \Delta \geq 0 \end{cases} \quad \text{où } t \text{ un paramètre appelé température} \quad (2.1)$$

Un algorithme classique du recuit simulé [Colomi et al., 96] peut être présenté par le code suivant :

```

t := t0 ;
Répéter
  λ := VRAI;   V := A ;
  Répéter
    GENERER(A, B) ;
    Si H(B) < H(V) alors V := B ;
    Δ := H(B) - H(A) ;
    Si Δ < 0 alors A := B et λ := FAUX   Sinon Faire
      Générer aléatoirement q selon la loi uniforme sur [0;1];
    Si q < e-Δ/t alors   A := B et λ := FAUX
  Jusqu' à EQUILIBRE ;
  t := g(t) ;
Jusqu' à Δ ;
Extraire l ;

```

Tableau2.1: Algorithme classique de recuit simulé

Dans ce code : $g(t)$ est la règle de la mise à jour du paramètre t (température), il est souvent simple $t := a.t$ avec une constante $a < 1$ (en pratique $a=0.95$). **EQUILIBRE** est un sous programme utilisé pour décider quand t doit être mis à jour.

Quand l'espace des états est grand, l'algorithme nécessite un grand nombre d'itérations pour converger, et ça parce que les perturbations sont générées d'une manière aléatoire. Le fait d'accepter des configurations d'énergie supérieures permet d'éviter le problème des minima locaux de l'énergie.

2.4 K-means

L'algorithme de classification K-means a été développé par J. MacQueen (1967) et puis par J.A. Hartigan et M.A. Wong autour de 1975.

Dans [Theiler et al., 97], les auteurs ont proposé une approche simple variante de l'algorithme k-means, qui utilise les propriétés spatiales et spectrales de l'image.

L'algorithme *k-means* est l'algorithme de clustering le plus connu et le plus utilisé, du fait de sa simplicité de mise en œuvre. Il partitionne les données d'une image en **K** clusters (classes). L'algorithme renvoie une partition des données, dans laquelle les objets à l'intérieur de chaque cluster sont aussi proches que possible les uns des autres et aussi loin que possible des objets des autres clusters. Chaque cluster de la partition est défini par ses objets et son centroïde (le centroïde représente la moyenne du cluster).

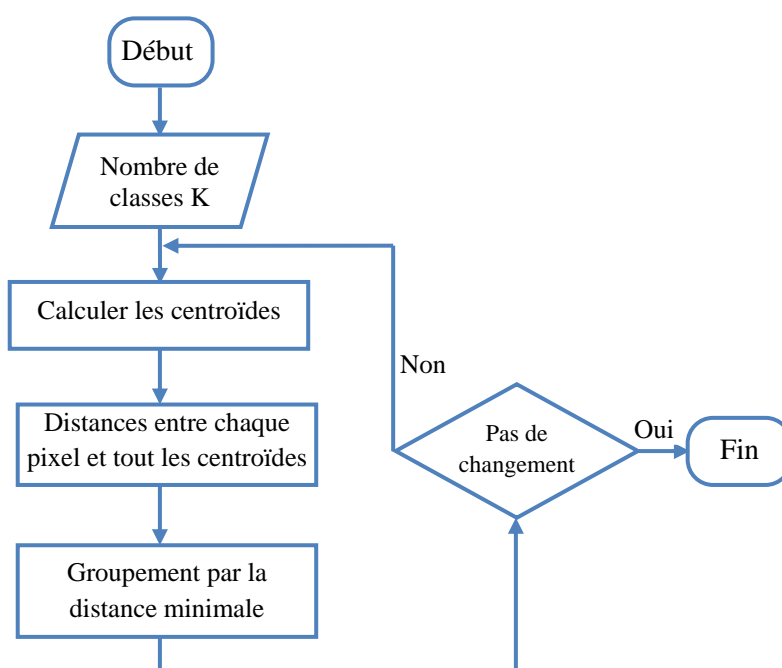


Figure 2.5 : Schéma du principe de l'algorithme K-means

Le k-means est un algorithme itératif qui minimise la somme des distances entre chaque objet et le centroïde de son cluster. La position initiale des centroïdes conditionne le résultat final. K-means change les objets de cluster jusqu'à ce que la somme ne puisse plus diminuer. Le résultat est un ensemble de clusters compacts et

clairement séparés, sous réserve d'avoir choisi la bonne valeur **K** du nombre de clusters.

Les principales étapes de l'algorithme k-means sont :

1. Choix aléatoire de la position initiale des **K** clusters.
2. (Ré-)Affecter les objets à un cluster suivant un critère de minimisation des distances (généralement selon une mesure de distance euclidienne).
3. Une fois tous les objets placés, recalculer les **K** centroïdes.
4. Répéter les étapes 2 et 3 jusqu'à ce que plus aucune ré-affectation ne soit faite.

2.5 Conclusion

Il y a une pléthore d'algorithmes de segmentation d'images. La méthode universelle performante dans tous les cas de figure n'existe pas. Exposer et explorer toutes les méthodes de segmentation, dépasseraient le cadre de ce travail. Nous nous sommes intéressés dans nos travaux à l'algorithme génétique et recuit simulé, que nous devons implémenter dans notre approche.

Nous avons également présenté la méthode de segmentation K-means dans le but d'avoir une évaluation de la qualité de la segmentation.

Puisque notre approche utilisera ces algorithmes et qui se base sur une structure de diagramme de Voronoï donc une étude détaillée sur cette structure sera l'objectif du chapitre suivant.

Chapitre 3

Chapitre 3 Segmentation d'images et diagramme de Voronoï

3.1 Introduction

Nous avons vu précédemment différentes méthodes de segmentation d'image. Dans ce chapitre nous décrivons un nouveau type de segmentation, qui s'adapte au contenu de l'image et qui est calculé à partir d'un ensemble de points positionnés n'importe où sur le support de l'image, c'est la segmentation par diagramme de Voronoï.

En effet, ce chapitre commence à donner une définition à un diagramme de Voronoï et ses propriétés. Puis, il présente son dual nommé triangulation de Delaunay suivi par la présentation des différentes approches de sa construction. Ensuite, il décrit un algorithme général de segmentation d'image par diagramme de Voronoï. Ce présent chapitre se termine par la citation de quelques travaux de segmentation basés sur ce diagramme.

3.2 Définitions

Soit $S = \{M_1, \dots, M_n\}$ un ensemble de points du plan euclidien \mathbf{R}^2 .

Nous appelons polygone de Voronoï associé au point M_i , l'ensemble de points du plan les plus proches de M_i que des autres points de S . On peut écrire :

$$P(M_i) = \{ M \in \mathbf{R}^2 / d(M, M_i) < d(M, M_j) \quad \forall j \quad j \neq i \} \quad (3.1)$$

Où d est la distance euclidienne dans \mathbf{R}^2 .

Nous appelons diagramme de Voronoï de S , noté $DV(S)$, le graphe planaire formé par les frontières des polygones $P(M_j)$.

$$DV(S) = \{ M \in \mathbf{R}^2 ; \exists i, j, i \neq j / M \in \text{Fr}(P(M_i)) \text{ et } M \in \text{Fr}(P(M_j)) \} \quad (3.2)$$

Les frontières sont notées $Fr(P(M_i))$. Les M_i sont appelées les germes ou les sites - voir figure 3.1-

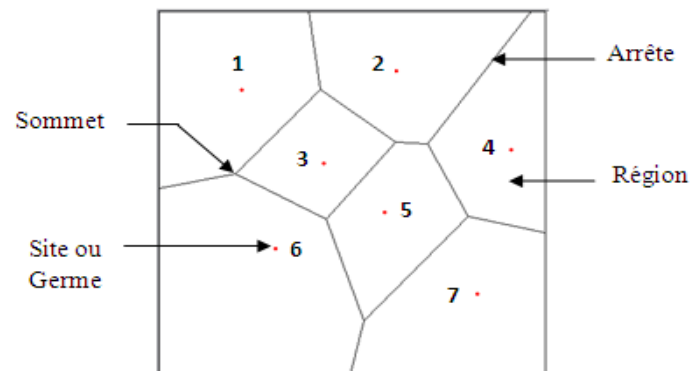


Figure 3.1: Schéma d'un diagramme de Voronoï

3.3 Propriétés du diagramme de Voronoï

Le diagramme de Voronoï vérifie un certain nombre de propriétés importantes pour sa construction et son exploitation. Parmi ces propriétés, on peut citer :

- Chaque sommet du diagramme de Voronoï est le point de rencontre de trois arêtes de Voronoï (figure 3.2).

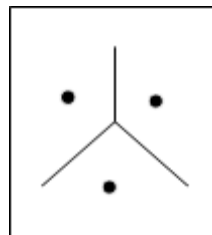


Figure 3.2: Trois arêtes autour d'un sommet de Voronoï.

- Un sommet de Voronoï est équidistant de 3 sites.
- Pour chaque sommet S du diagramme de Voronoï, le cercle passant par les trois points voisins à ce sommet, ne contient aucun autre point de P . Ce cercle est appelé *Cercle de Delaunay*(figure 3.3).

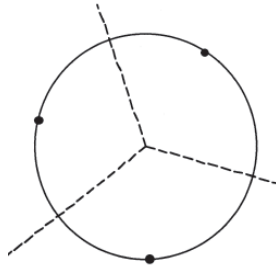


Figure 3.3: Trois arêtes autour d'un sommet de Voronoï.

- Une arête de Voronoï est une partie de la médiatrice séparant deux germes de l'ensemble S .
- Les frontières de deux régions de Voronoï ont au plus une arête commune.
- Une arête de Voronoï est constituée soit d'un segment de droite reliant deux sommets soit d'une demi droite dont l'extrémité est un sommet de Voronoï.
- La Triangulation de Delaunay et le Diagramme de Voronoï peuvent être étendus à un ensemble de sites dans l'espace (3D).

3.4 Triangulation de Delaunay

Nous définissons la triangulation de Delaunay d'un ensemble de points du plan comme étant le dual du diagramme de Voronoï correspondant.

La construction de la triangulation de Delaunay est réalisée en reliant par un segment toutes les paires de points dont les régions de Voronoï correspondantes sont adjacentes (c'est-à-dire séparées par une arête de Voronoï) (figure 3.4).

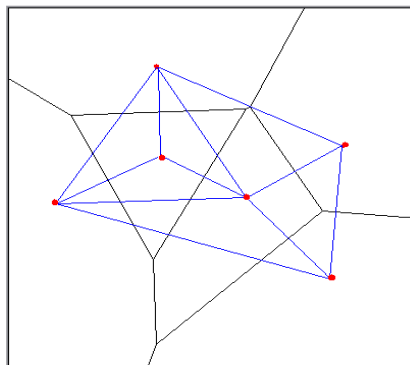


Figure 3.4: Passage du diagramme de Voronoï à la triangulation de Delaunay

La triangulation de Delaunay présente plusieurs propriétés :

- elle est unique ;
- elle est complète ;
- les cercles passant par les trois sommets de chaque triangle ne contiennent aucun autre point en leur intérieur.

3.5 Construction du diagramme de Voronoï

Il existe principalement deux approches algorithmiques de construction des DV :

- **L'approche récursive** connue sous le nom de «*Divide and Conquere* » [Preparata et al., 88], cette approche est basée sur le paradigme fondamental en algorithmique stipulant qu'un problème est divisé d'une manière récursive en des sous-problèmes; la solution du problème original consiste à fusionner les solutions des sous-problèmes.

Les étapes principales de l'algorithme de cette approche :

1. Division : diviser un problème original en plusieurs sous problèmes ;
2. Construction récursive des sous diagrammes résoudre chacun des sous problèmes avec la même stratégie ;
3. Fusion : fusionner les solutions de tous les sous problèmes afin d'obtenir la solution du problème original.

- **L'approche itérative (Incrémentation)**, elle est proposée par Green et Sibson (en 1975), puis elle était améliorée par Ohya et Murota (en 1984) permet de construire un nouveau diagramme à partir d'un diagramme déjà existant. Cette approche est adaptée à l'environnement de construction dynamique où on a besoin d'ajouter aléatoirement un germe dans un ensemble de germes existants.

L'inconvénient majeur de l'approche récursive réside dans le fait qu'elle ne peut s'adapter au problème de mise à jour du DV par insertion de nouveaux points. Contrairement aux algorithmes de la deuxième approche (itérative) qui sont adaptés pour réaliser la croissance de régions.

3.6 Segmentation d'images par des algorithmes de Voronoï

La segmentation d'images par la partition en polygones de Voronoï s'inscrit dans l'approche de segmentation par divisions-fusions. Ce type d'algorithmes a été suggérer et valider dans [Melkemi, 92].

Dans la figure suivante un schéma explique les principales étapes de cet algorithme :

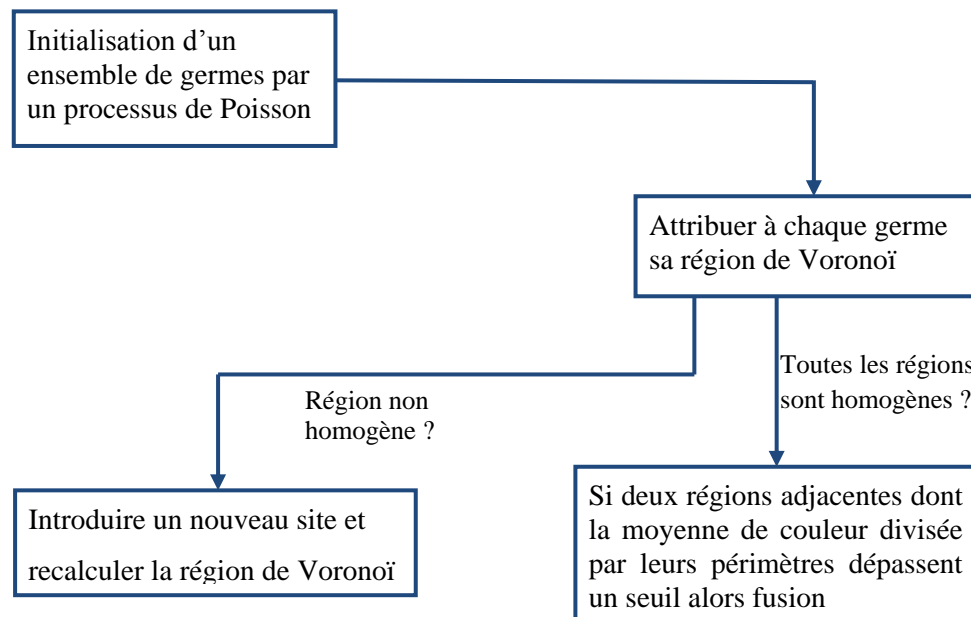


Figure 3.5 : Principe de la méthode présentée dans [Melkemi, 92].

Cet algorithme comporte une étape d'initialisation, une étape de division suivie d'une étape de fusion :

- **Initialisation** : Des germes sont positionnés et répartis uniformément dans l'image grâce à un processus de Poisson. A chaque germe est associée une région dont les frontières sont établies grâce à un diagramme de Voronoï.
- **Division** : Un prédicat d'homogénéité est calculé pour chaque région et les régions non homogènes sont divisées par introduction de nouveaux germes. Le diagramme de Voronoï est remis à jour et le processus de division est réitéré jusqu'à ce que toutes les régions de Voronoï respectent un prédicat d'homogénéité.

- **Fusion** : Les germes qui ne correspondent pas à un objet dans l'image sont éliminés dans cette dernière étape. Ainsi, les régions adjacentes dont les couleurs moyennes sont proches et pour lesquelles la longueur de la frontière commune divisée par la somme de leurs périmètres est inférieure à un seuil sont fusionnées.

Inconvénients :

- Difficulté d'ajustement du seuil de fusion,
- et résultats influencés par l'initialisation des germes.

3.7 Travaux existants

Dans cette section, nous rappelons quelques travaux basés sur l'utilisation du diagramme de Voronoï [Melkemi, 92].

La géométrie algorithmique est le premier domaine d'application du diagramme de Voronoï [Toussaint, 80]. En outre, le diagramme de Voronoï est un outil utilisé également pour résoudre des problèmes d'optimisation géographique, [Asano, 85]. Dans le domaine de reconnaissance de forme, le diagramme de Voronoï et son dual jouent un rôle important. Le diagramme de Voronoï a été utilisé pour l'identification de formes présentes dans une image binaire [Kubler, 89]. Dans le domaine de l'analyse des scènes de biologie, le diagramme représente un outil topographique pour l'étude de la sociologie cellulaire. Il est exploité pour étudier la distribution et la dépendance entre les cellules. Nous trouvons dans [Marcelpoil, 91] les détails de cette approche.

AHUJA [Ahuja, 85], a introduit une technique pour le codage et la compression d'images binaires. L'image est représentée approximativement par un pavage en polygones de Voronoï, où chaque polygone reçoit la valeur image majoritaire des points qu'il contient. Ce travail a été étendu par la suite aux images de niveaux de gris [Rom, 88]. La triangulation de Delaunay, le "dual" de diagramme de Voronoï, est utilisé pour le codage d'images en niveaux de gris.

Dans la thèse [Melkemi, 92], l'auteur utilise le diagramme de Voronoï pour résoudre le problème de segmentation d'images, ainsi que le problème de détection d'événements en imagerie multi sources. Il examine deux approches : la première

approche fonctionne selon le principe de la méthode Division-Fusion et qui est utilisé pour détecter les différences entre des images acquises dans différents domaines de radiométrie. La deuxième approche, il a proposé un algorithme de calcul d'une approximation du diagramme de Voronoï généralisé, cet algorithme est basé sur l'approche coopérative entre la détection de contour et la détection de région.

Arbelaez [Arbelaez, 04] a proposé une approche qui consiste à modéliser la segmentation d'une image comme une partition de Voronoï, il a étudié le problème de la segmentation de bas niveau pour les images couleur.

3.8 Conclusion

L'intérêt porté aux diagrammes de Voronoï réside dans la simplicité de la définition du diagramme de Voronoï, les régions de Voronoï se retrouvent dans la nature, ils ont des propriétés mathématiques intéressantes et surprenantes, et il existe des algorithmes efficaces pour construire les diagrammes de Voronoï, en plus la structure duale du diagramme de Voronoï (la triangulation de Delaunay) admet elle aussi de très bonnes propriétés géométriques et topologiques.

En effet, le Diagramme de Voronoï constitue l'outil de base utilisé pour la réalisation de notre approche de segmentation, qu'on doit présenter dans le chapitre suivant.

Chapitre 4

Chapitre 4 Approche proposée

4.1 Introduction

Dans ce chapitre nous détaillons notre approche de segmentation d'images que nous appelons "DVSEG" (Segmentation par Diagramme de Voronoï), où on doit présenter un algorithme d'optimisation pour la segmentation d'image, à savoir algorithme génétique(AG), basé sur une partition de Voronoï.

Nous inspirons des travaux menés par [Melkemi, 92] sur les diagrammes de Voronoï, et en exploitant les avantages de l'approche coopérative, nous avons intégré un algorithme de segmentation par contour dans notre approche afin d'améliorer les résultats de segmentation, et diminuer le temps d'exécution.

Nous avons implémenté aussi deux algorithmes à savoir le recuit simulé (RS) et le K-means pour raison de comparaison entre les résultats de ces algorithmes et ceux de notre approche.

Dans ce chapitre, nous allons commencer par la description du principe de chaque étape de notre approche. Ensuite nous détaillerons sa mise en œuvre en expliquant la structure de données que nous avons conçues, ainsi que le processus général de cette approche. Puis nous expliquerons le principe des algorithmes implémentés. Nous terminerons par une expérimentation de notre système sur quelques images de test afin de comparer les résultats obtenus par différents algorithmes à savoir algorithme génétique(AG), recuit simulé (RS) et le K-means.

4.2 Objectifs

- Utiliser la structure "diagramme de Voronoï" pour la segmentation d'images.
- Implémenter un algorithme de détection de contour.
- Présenter notre nouvelle approche de segmentation d'images.
- Implémenter les algorithmes AG, RS et le K-means.
- Expérimenter l'application pour faire une étude comparative entre les algorithmes implémentés.

4.3 Conception

La segmentation en régions de Voronoï provoque une perte d'information dans les contours. Cette perte pourra être supprimée par coopération de type région-contour. C'est une amélioration qui devra être importante et complètement adaptée à notre approche.

Dans la figure suivante l'exemple de segmentation par l'algorithme division-fusion (cf. paragraphe 3.6) utilisant les diagrammes de Voronoï, nous montre que les résultats sont meilleurs avec la détection de contour et dans un temps plus court que celui sans la détection de contour.

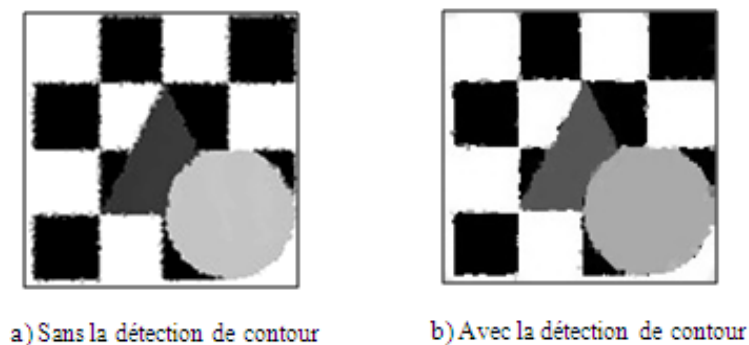


Figure 4.1 : Résultat de segmentation par la méthode division-fusion

Les paramètres : 1000 régions, seuil d'homogénéité=20.

Ainsi, notre approche se situe dans l'approche coopérative où on utilise un algorithme de segmentation par contour (Laplacien), et un algorithme de segmentation par région guidée par un processus génétique.

Notre approche s'inscrit dans la classe des algorithmes de segmentation Division/Fusion. Nous commençons par l'extraction des points de contour, l'image doit être segmentée en première phase par l'algorithme de DV, ceci nécessite une initialisation des germes, construction puis évaluation du DV à condition que les germes soit différents des points de contour. Nous appliquons par la suite un algorithme d'optimisation utilisant le principe des AG. Nous utilisons ensuite une étape d'extraction de régions similaires comme phase de fusion.

4.3.1 Extraction des points de contour

Nous procédons notre approche par une segmentation par contour pour déterminer les points de contour dans l'image, qui sont utilisé par la suite dans la phase construction de diagramme de Voronoï.

Dans le tableau suivant nous voyons le résultat de l'exemple de segmentation par contour, où nous avons appliqué l'algorithme Laplacien (cf. paragraphe 1.3.1.1). Les points de contour sont présentés en blanc.

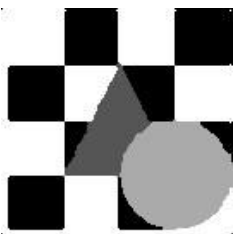
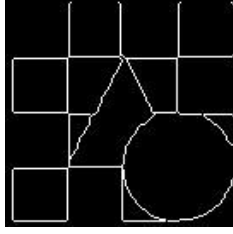

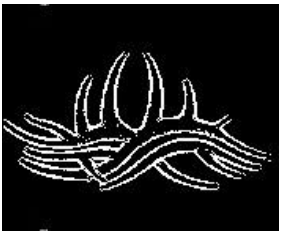
| Image à segmenter | Segmentation par contour |
|---|--|
|  |  |
|  |  |

Tableau 4.1 : Résultats de segmentation par contour (Laplacien)

4.3.2 Initialisation, construction et évaluation de diagramme de Voronoï

A/ Etape initialisation : cette étape consiste à créer une population initiale composée de m individus S_1, S_2, \dots, S_m . et chaque individu contient n germes.

$$S_i = (g_{i1} - g_{i2} - \dots - g_{ik} - \dots - g_{in}) \quad (4.1)$$

Où $i \in \{1, \dots, m\}$ et g_{ik} est le germe (ou site) k de l'individu i générer aléatoirement par un processus de Poisson (décrit dans l'ANNEXE), tel que chaque germe généré doit être différent d'un point de contour.

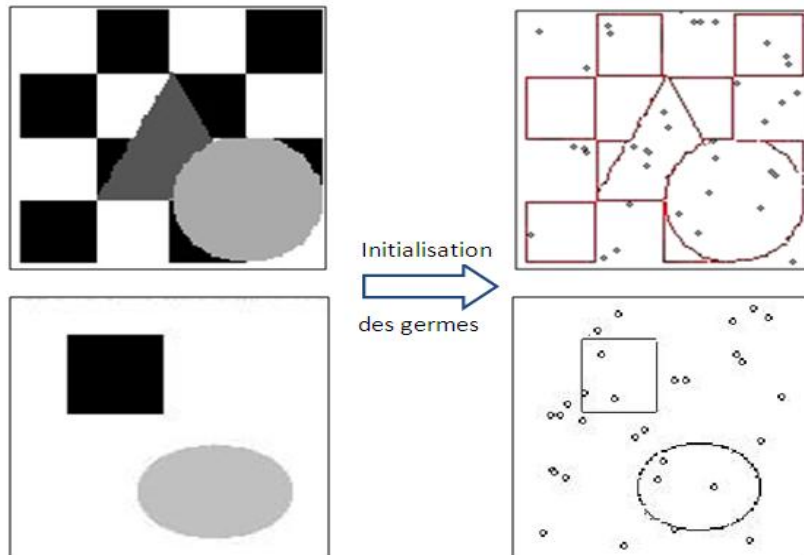


Figure 4.2 : Initialisation de germes générer aléatoirement qui se diffèrent des points de contour.

B/ Construction de diagramme de Voronoï : A chaque germe g_{ik} est associée une région (ou cellule) de Voronoï. Une région de Voronoï k est l'ensemble des points qui sont plus proches du point g_{ik} . On appelle cette partition *Diagramme de Voronoï*. Pour la tracer on se base sur le fait que la frontière entre les cellules de Voronoï de deux germes distincts se situe forcément sur la médiatrice qui sépare ces deux germes. En effet, les points de cette médiatrice sont équidistants des deux germes.

Nous utilisons notre système DVSEG, nous obtenons le résultat illustré dans la figure suivante, qui présente une partition de Voronoï (les polygones sont colorés aléatoirement).



Figure 4.3 : Diagramme de Voronoï (avec 30 germes)

Dans notre cas, nous affectons chaque pixel au site le plus proche tel que le segment de ligne (présenté par une ligne pointer dans la figure ci-dessous) entre ce point et ce site ne contient pas un point de contour, afin qu'un contour ne soit pas détruit par une région. Voici un exemple illustratif :

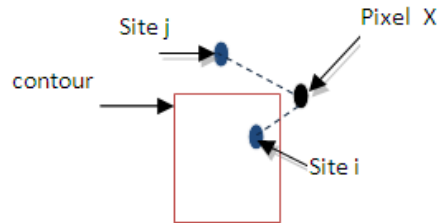


Figure 4.4 : l'affectation du pixel à la région adéquate sans destruction du contour

Nous n'affectons pas le pixel X au site i, malgré que ce soit le site le plus proche, et nous l'affectons au site j.

C/ Etape évaluation : Après la construction du DV de chacun de ces individus, une étape d'évaluation des individus produit est nécessaire, dont le but est l'évaluation de l'homogénéité des polygones (associé aux sites) pour chaque individu D . pour ce faire, nous allons utiliser la variance des niveaux de gris associé à une région. Ce calcul s'effectue de la manière suivante:

$$h(g_i) = \sum_{(l,k) \in P_i} (I(l,k) - m)^2 / \text{card}(P_i) \quad (4.2)$$

Où $D = (g_1, \dots, g_n)$ est un individu de la population, P_i est un polygone associé à g_i , $I(l,k)$ est le niveau de gris du pixel (l,k) de l'image I , m est la valeur moyenne des niveaux de gris affectés au polygone P_i . $\text{Card}(P_i)$ est le nombre maximum de pixels de P_i .

La fonction d'évaluation H , qui caractérise la qualité globale d'une segmentation d'une image, est donnée par la relation:

$$H(D) = \left(\sum_{i=1 \dots n} h(g_i) \right) / n \quad (4.3)$$

Donc, l'évaluation se fait à deux niveaux : une évaluation locale de chaque polygone du diagramme et une autre globale de la qualité de la segmentation.

On désigne par **NPH** le *nombre de polygones homogènes* du DV associé à l'individu.

$$NPH(D) = \sum_{i=1..n} 1(h(g_i)) \quad (4.4)$$

Où $\mathbf{1}_x$ est la fonction indicatrice au seuil α .

$$\mathbf{1}_x = \begin{cases} 1 & \text{si } x < \alpha \\ 0 & \text{sinon} \end{cases} \quad \text{où } \alpha \text{ est un seuil.} \quad (4.5)$$

On note par **MFE** le *minimum* des valeurs de la fonction d'évaluation des individus d'une génération. Son expression est la suivante :

$$MFE = \min_{i=1..m} (H(S_i)) \quad (4.6)$$

Où S_i est un individu d'une génération G .

4.3.3 Algorithme Génétique

L'ensemble d'individus générées précédemment représente l'espace des solutions Ω , où chaque individu représente une configuration (chaque individu ou solution est obtenu par l'ensemencement de n points dans l'image).

Nous reproduisons, alors, ces solutions en croisant les meilleurs d'entre elles. Nous combinons ainsi les solutions partielles pour créer de nouvelles solutions meilleures.

Les étapes de cet algorithme :

A/ Etape de sélection : La sélection est une étape essentielle dans l'algorithme, puisqu'elle guide l'évolution vers les zones de meilleure fitness. Sans la sélection, un algorithme génétique ne ferait guère mieux qu'une recherche aléatoire. Les sélections les plus populaires sont la sélection proportionnelle, par rang linéaire et de tournoi.

Dans notre étude, nous utilisons la sélection tournoi qui consiste à choisir K individus au hasard et le meilleur sera sélectionné. Notre choix repose sur le fait que, d'une part la sélection proportionnelle dans le cadre pratique de populations

de petite taille par rapport à la taille de l'espace, peut bloquer la convergence (le cas de notre étude). D'autre part, la sélection tournoi donne les mêmes espérances que la sélection par le rang, mais permet une plus grande variance [Kall99].

B/ Etape du croisement : A chacun des deux parents sélectionnés on applique un croisement uniforme aux points i et j ($i, j \in \{1, \dots, n\}$) générés aléatoirement (Voir Figures 4.6 et 4.7). Ce type de croisement a été prouvé comme étant plus efficace dans plusieurs cas.

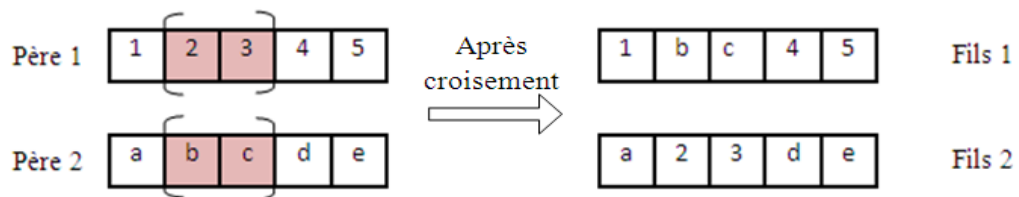


Figure 4.5 : Schéma du croisement uniforme aux points $i=2, j=4$ générés aléatoirement.

Exemple: Soient les deux individus 1-2-3-4-5 et a-b-c-d-e. Le croisement des deux individus (figure 4.7).

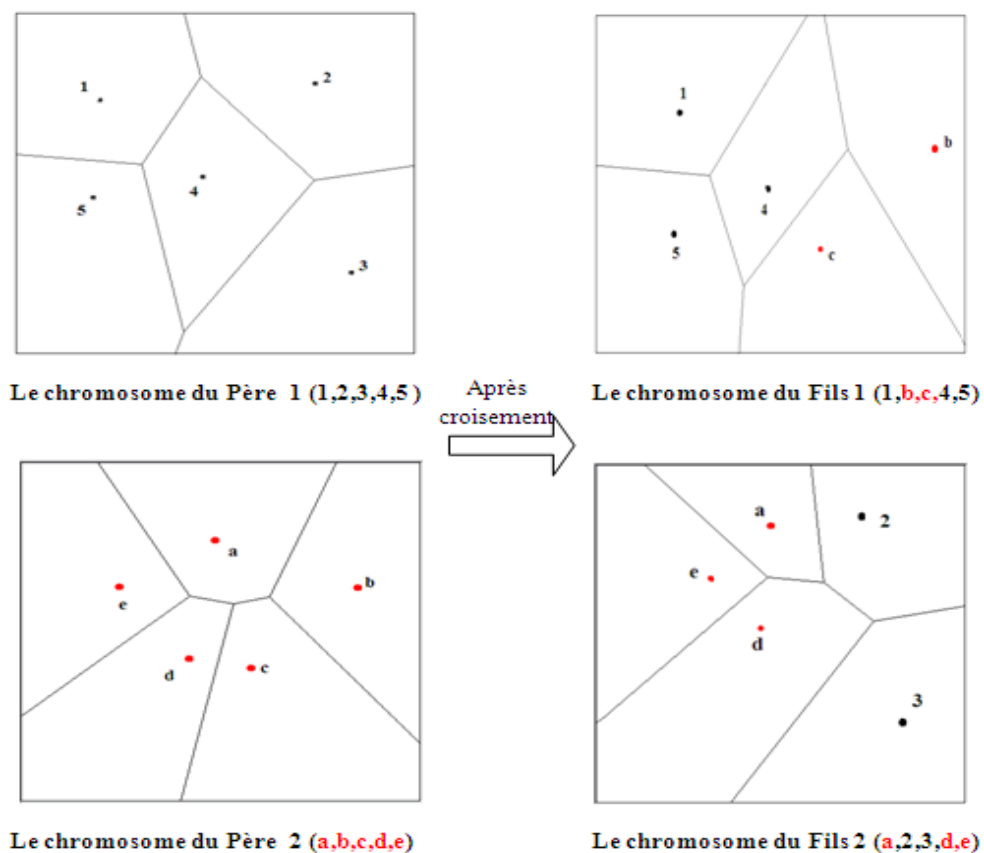


Figure 4.6 : Croisement de deux individus A= 1-2-3-4-5 et B=a-b-c-d-e. aux points $i=2$ et $j=4$.

Le test après croisement consiste à voir ce que le croisement des descendants à amélioré la qualité des segmentations de la nouvelle population. Cette amélioration est provoquée soit par le premier descendant ou par le second descendant :

$$H(D_1) < MFE \quad \text{ou} \quad H(D_2) < MFE \quad (4.7)$$

Si ce test est vérifié l'un des descendants sera inséré à la génération en cours. Sinon le processus refait la phase de croisement. Après le croisement le MFE sera mis à jour.

C/ Etape de mutation : La mutation joue le rôle de bruit et empêche l'évolution de se figer. Elle permet d'assurer une recherche aussi bien globale que locale, selon le poids et le nombre des gènes mutés. De plus, elle garantit mathématiquement que l'optimum global peut être atteint.

Dans notre algorithme nous avons au départ un nombre de points tirés aléatoirement. Les coordonnées sont réarrangées par l'opérateur croisement qui laisse les données fixes et ne varie pas. Ce qui bloque l'évolution de l'algorithme. Pour cela, nous allons utiliser une mutation du genre perturbation aléatoire gaussienne des coordonnées des points (voir figure (4.8)).

Un individu D est sélectionné pour la mutation par la probabilité $H(D)/\sum_{1..m} H(D_i)$.

Cette mutation consiste à changer un ou plusieurs sites suivant le principe de la perturbation aléatoire gaussienne des coordonnées des points comme suit :

Soit $g_k=(X(g_k),Y(g_k))$ le site choisi pour la mutation. Ainsi, la mutation est donnée par :

$$\begin{cases} X(g_k) := X(g_k) + [\delta_x] \\ Y(g_k) := Y(g_k) + [\delta_y] \end{cases} \quad (4.8)$$

Où δ_x (resp. δ_y) est générée aléatoirement par la distribution de gaussienne $N(0, m_x, \delta_x^2)$ (resp. $N(0, m_y, \delta_y^2)$) avec m_x et m_y sont les moyennes, δ_x^2 et δ_y^2 sont les variances.

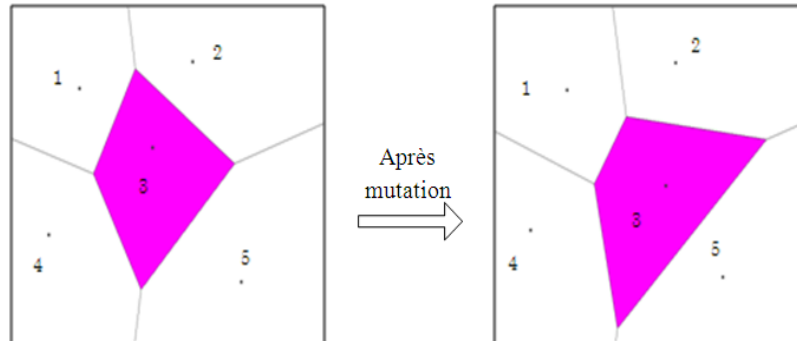


Figure 4.7 : Illustration de la mutation.

Après la phase de mutation, la condition $H(D_0) < MFE$ sera évaluée. Si cette condition est vraie l'individu D_0 sera inséré dans la population en cours et le **MFE** sera mis à jour. Sinon le processus refait toute la phase reproduction (sélection, croisement).

Le résultat de cet algorithme est présenté par l'individu D_{opt} , où D_{opt} vérifie :

$$H(D_{opt}) = \min_{j=1..m} H(D_j) \quad (4.9)$$

La description du principe général de l'algorithme génétique est donnée dans le tableau suivant :

| |
|---|
| <p>Algorithme Génétique ;</p> <p>Début</p> <p>Initialisation et Construction des DV pour chaque individu ;</p> <p>Evaluation ;</p> <p>Tant que $(\forall D \in P / NPH(D) \neq n \text{ ou } MFE < C_0)$ Faire</p> <p>Début</p> <p>Label: Sélection ;</p> <p>Croisement ;</p> <p>Construction des DV ;</p> <p>Evaluation ;</p> <p>Si il ya une amélioration Alors MAJ de P et du MFE</p> |
|---|


```

        Sinon Aller à Label ;
Mutation ;
Construction des DV ;
Evaluation ;
Si il ya une amélioration Alors MAJ de  $P$  et du  $MFE$ 
Sinon Aller à Label ;
Fin;
Fin;

```

Tableau 4.2 : Algorithme génétique

Tel que : D : un individu de la population P ;

NPH : Nombre de Polygones Homogènes;

MFE : Minimum de la Fonction d'Evaluation;

C_0 : seuil d'homogénéité de région ;

4.3.4 Extraction de régions

Après la convergence de l'algorithme appliqué, le processus passera à la phase extraction de régions similaires.

Cette phase d'extraction est la suivante : à partir d'un polygone initial, nous effectuons les tests de similarité entre ce polygone et les polygones voisins. Chaque polygone voisin vérifiant le critère de similarité est inséré dans les régions.

La procédure d'extraction de régions est réalisée à partir du graphe d'adjacence associé au résultat obtenu comme suit :

```

Construire le graphe d'adjacence du diagramme de Voronoi;
Pour  $i:=1..n-1$  faire
Début
    Pour toute région  $R_j$  adjacente et similaire à  $R_i$  faire
        insérer  $R_j$  à  $R_i$  ;
        MAJ du graphe d'adjacence;
Fin;

```

Tableau 4.3 : Procédure Extraction de régions similaires

Le graphe d'adjacence de régions est une structure de données permettant de représenter les régions d'une image par un graphe. Chaque nœud de ce graphe d'adjacence représente une région et chaque arête une adjacence entre deux régions. Deux nœuds reliés par une arête sont désignés comme "adjacents".

4.4 Mise en œuvre

4.4.1 Structure de Diagramme de Voronoï

Au niveau de la structure de données du diagramme de Voronoï:

- l'image est représentée par une matrice déterminant les niveaux de gris des pixels constituant l'image.
- Une liste représente l'ensemble d'individus où chaque individu pointe vers une liste de ses polygones.
- Dans un individu, chaque polygone est déterminé par un germe, où à chaque germe est associé un indice permettant de l'identifier.
- L'affectation des pixels au polygone dans un individu est représenté par une matrice de trois dimensions qui correspond au : numéro d'individu, le X et le Y du point.

Pour calculer les attributs d'homogénéité associés à chaque polygone, nous générons le diagramme sous forme d'une image. Nous associons à chaque point d'un polygone le numéro de son germe. Un exemple d'un tel diagramme est fourni en figure 4.10.

```

2  2  2  1  1  1  1  1
2  2  2  2  1  1  1  1
2  2  2  2  1  1  *  1
2  2  *  2  2  1  1  1
4  2  2  2  3  3  1  1
4  4  2  2  3  3  3  3
*  4  4  3  3  *  3  3
4  4  4  3  3  3  3  3

```

Figure 4.8 : Mémorisation du diagramme de Voronoï sous forme d'une image

(*) désigne la position du germe et sa région est l'ensemble des points ayant le numéro du germe.

Les attributs caractérisant un polygone sont :

- Le numéro de son germe.
- Le nombre de pixels appartenant à ce polygone.
- La moyenne des niveaux de gris des points situés à l'intérieur.
- Et la variance des niveaux de gris qui caractérise l'homogénéité de polygone.

Un individu d'une génération est caractérisé par :

- Le nombre de régions qui le construit.
- Le nombre de polygones homogènes (NPH).
- La fonction d'évaluation (FE) qui caractérise la qualité globale de segmentation d'image.

Le test de convergence de l'algorithme dépend au minimum des valeurs de la fonction d'évaluation des individus (MFE), et au NPH .

4.4.2 Processus de notre approche

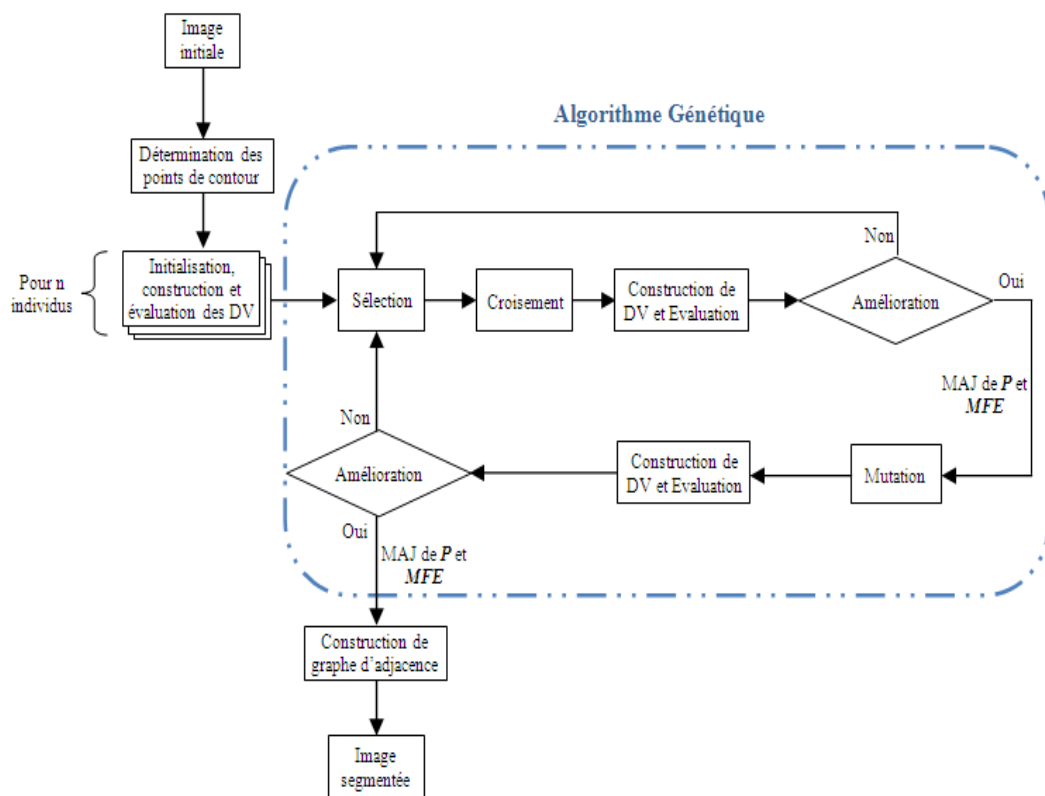


Figure 4.9 : Processus de notre approche

Le système de segmentation proposé que nous appelons "DVSEG" (Segmentation par Diagramme de Voronoï), dont le processus des différentes étapes est présenté dans la figure 4.9, est dérivé de l'approche coopérative (contour-région). Nous intégrons la méthode du Laplacien avec un algorithme basé sur le principe génétique, on met en œuvre la structure du diagramme de Voronoï pour segmenter des images en niveau de gris.

La structure générale de notre algorithme peut être décrite comme suit :

| |
|--|
| <p>Algorithme DVSEG;</p> <p>Début</p> <p>Extraction des points de contour;</p> <p>Initialisation et construction des diagrammes de Voronoï;</p> <p>Evaluation;</p> <p>Segmentation par Algorithme Génétique;</p> <p>Extraction de régions;</p> <p>Evaluation;</p> <p>Fin.</p> |
|--|

Tableau 4.4: Algorithme de segmentation d'images par diagramme de Voronoï

4.5 Algorithmes de segmentation implémentés pour la comparaison

4.5.1 Algorithme Recuit Simulé

L'algorithme du recuit simulé s'articule autour de deux boucles. La première est la boucle de décroissance de la température qui, lorsque le système est figé, décroît la température. La seconde est la boucle de stabilisation qui itère tant que le système n'est pas figé. Le système est dit figé lorsqu'un nombre prédéfini de modifications élémentaires consécutives a été rejeté par la règle d'acceptation de Metropolis.

L'algorithme RS débute avec une température très élevée permettant d'accepter un grand nombre de configuration, la température est diminuée ce qui a pour conséquence de diminuer le nombre de configurations testées. Le système s'approche alors petit à petit de sa configuration optimale pour les basses températures, (toutes les configurations acceptés sont très proches les unes des autres). La configuration finale représente la solution du problème.

Alors, les paramètres de l'algorithme RS la température initiale et le coefficient de décroissance de la température ont une influence sur le temps de convergence du système vers une configuration stable.

Dans notre cas, le mécanisme de génération des configurations consiste à raffiner la qualité de la segmentation initiale d'une manière accélérée. Cette méthode repose essentiellement sur une technique de changement locale afin de l'améliorer. Cette politique du changement locale consiste à remplacer un site jugé mal placé appelé site inutile donné par un autre site meilleur. Pour ce faire, nous présentons ici une assise théorique qui assure la faisabilité du changement.

Soit $A=(a_1, \dots, a_n)$ une configuration ; a_1, a_2, \dots, a_n sont des sites .

Le changement local de A consiste à supprimer un site inutile et insérer un site pour diviser un polygone non homogène.

La procédure de génération d'une configuration GENERER est donnée par le code suivant :

| |
|--|
| <p>Procédure GENERER</p> <p>Début</p> <p> $B := A$;</p> <p> Chercher et supprimer un site a_k inutile ;</p> <p> MAJ le DV associé à $\{a_1, \dots, a_{k-1}, a_{k+1}, \dots, a_n\}$;</p> <p> Insérer un site s à la configuration A ;</p> <p> $b_k := s$; MAJ du DV associé à B; Evaluer $H(B)$;</p> <p>Fin ;</p> |
|--|

Tableau 4.5: Procédure GENERER

A/ Suppression d'un site inutile

Soit $A=(a_1, \dots, a_n) \in P$. Nous disons que a_k est un site inutile si son polygone associé $P(a_k)$ vérifie les conditions suivantes :

- 1) Le polygone $P(a_k)$ associé au germe a_k est homogène (cf. équation 4.2).
- 2) Si le polygone voisin est homogène alors la différence entre les moyennes du polygones $P(a_k)$ et du polygone voisin est inférieur à un seuil fixé noté α . On dit que les deux polygones sont similaires.

- 3) La somme des longueurs des arêtes séparant le polygone $P(a_k)$ et les polygones voisins non homogènes, normalisée par le périmètre est inférieure à un seuil fixé.

Formellement, ceci se traduit par les conditions :

- 1) $\text{Pred}(a_k)$ est vrai.
 2) $\forall a_j \in \{a_1, \dots, a_{k-1}, a_{k+1}, \dots, a_n\}$, a_j est un site voisin de a_k et $\text{Pred}(a_j)$ est vrai
 alors :

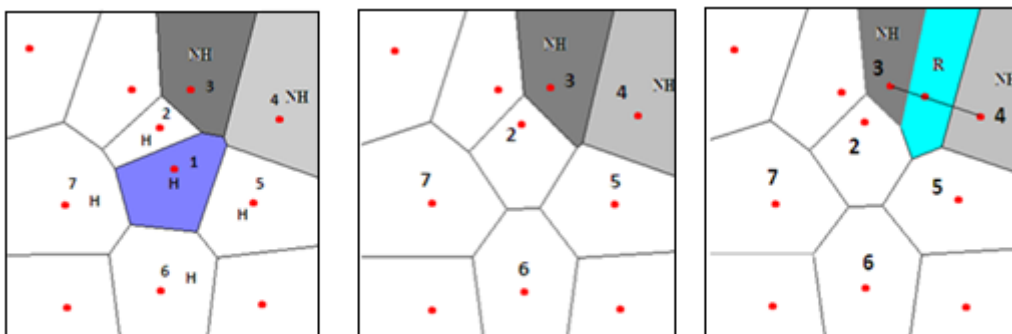
$$\text{Pr}(a_k, a_j) < \alpha \quad (4.10)$$

(où (4.10) est le critère de similarité et $\text{Pr}(a_k, a_j) = |m(a_k) - m(a_j)|$ où $m(a_k)$ est la moyenne des niveaux de gris des pixels du polygone a_k : c-à-d les deux polygones ont le même niveau de gris).

- 3) Soit a_j un site voisin de a_k $j \neq k$.

$$\frac{\sum_{\text{non Pred}(a_j)} L(a_k, a_j)}{\sum_{a_j \text{ voisin de } a_k} L(a_k, a_j)} < \text{seuil} \quad (4.11)$$

D'où $L(a_k, a_j)$ est la longueur de l'arête séparant $P(a_k)$ et $P(a_j)$. Le seuil est pris très faible (en pratique $\in [0.01, 0.05]$) afin d'éviter de générer des grandes régions non homogènes.



(a) Avant suppression (b) Après suppression du site 1. (c) Insertion du site g.

Figure 4.10 : Démonstration de suppression et d'insertion de site

Dans la figure 4.10, les sites voisins 1-2-3-4-5-6-7 contiennent un site inutile 1, ils deviennent R-2-3-4-5-6-7 après suppression du site 1 (voir b) et insertion du site R (voir c). (H : homogène et NH : non homogène).

B/ Insertion d'un site

Après suppression d'un site inutile et après mise à jour du DV associé à l'ensemble des sites non supprimés. Soit $W = \{w_1, w_2, \dots, w_{k-1}\}$ cette configuration (w_i sont les sites). Nous insérons un autre site dans une position afin d'assurer l'amélioration de notre fonction objective (voir figure 4.10.b). Nous pouvons définir plusieurs façons d'insertion du site. Nous allons choisir la manière suivante (voir Figure 4.10.c).

Nous cherchons $w_j \in W$ qui vérifie les deux conditions :

- $\text{Pred}(w_j)$ est faux.
- $\text{Card } P(w_j) = \max_{i=1..k-1} \text{Card}(w_i)$

Nous choisissons un site w_1 voisin non homogène de w_j et nous traçons le segment $w_j w_1$. Nous insérons aléatoirement notre nouveau site w_k dans une position du segment à l'intérieur de $P(w_j)$.

4.5.2 Algorithme K-means

Le principe de cet algorithme est comme suit :

Nous affectons chaque pixel à la région la plus proche où la distance entre le pixel et le germe de cette région est minimale (i.e effectuer une partition de Voronoi).

Puis nous itérons comme suit: les centres des différentes régions sont recalculés et chaque pixel est de nouveau affecté à une région en fonction du centre le plus proche. La convergence est atteinte lorsque les centres sont fixes, le processus est comme suit :

- **Mise à jour des centres des classes**

Nous recalculons le centre de chaque région ($\overline{\mu}_k$); il est donné par :

$$\vec{\mu}_k = \frac{\sum_{i=1}^n \vec{d}_i}{n} \quad (4.12)$$

Tel que :

- n : le nombre de pixel qui appartient à la région k .
- \vec{d}_i : le pixel i .

- **Test de convergence**

Nous répétons le processus :

- ✓ Calculer la distance.
- ✓ Affecter les pixels.
- ✓ Mise à jour des centres des régions.

Jusqu'à ce que le critère d'arrêt est satisfait, nous nous arrêtons si :

$$\forall k: \vec{\mu}_k(q+1) = \vec{\mu}_k(q). \quad k = 1, \dots, K \quad (4.13)$$

Tel que :

- k : la région k ($k=1, \dots, K$).
- q : l'itération q .

C'est à dire le centre de la région k à l'itération « q » est similaire au centre de la même région à l'itération « $q+1$ », donc pas de changement de partition d'une itération à une autre.

4.6 Résultats expérimentaux

Dans cette section, nous présentons nos résultats numériques. Il s'agit de tester notre approche de segmentation sur des images en niveau de gris et de mettre en évidence l'influence des paramètres d'initialisation utilisés.

Des résultats sur plusieurs types d'images seront présentés et des études comparatives permettront alors de tirer quelques conclusions.

4.6.1 Paramètres d'initialisation

Avant d'entamer la segmentation, il faut expliquer les différents paramètres nécessaires à cette dernière.

- **Seuil d'homogénéité d'une région,**
- **Seuil de similarité entre deux régions voisines.**

Ces deux paramètres sont nécessaires pour la construction de diagramme de voronoï. Le reste des paramètres nécessaires à l'exécution des algorithmes de segmentation implémentés :

- **Nombre d'individus.**
- **Nombre de régions.**

Quelques paramètres de l'algorithme RS nous avons fixé leurs valeurs :

- **Température initiale=20.**
- **Taux de refroidissement=0,9.**
- **Température finale=0,5.**

Nous avons fixé ces paramètres après avoir expérimenté plusieurs valeurs, ceci dans le but d'obtenir des résultats optimum.

4.6.2 Résultats de segmentation

Dans ce qui suit, nous présentons les résultats de segmentation par les différents algorithmes implémentés sur différentes images, en indiquant les différents paramètres de chaque méthode.

Nous avons calculé après l'exécution de chaque algorithme sur différentes images : le pourcentage des polygones homogènes par rapport à tous les polygones générées (%NPH) qui se diffère selon l'algorithme appliqué et selon le seuil d'homogénéité qui est déterminé par l'utilisateur. En plus nous avons illustré la valeur de la *fonction objective* que nous avons cherché à minimiser (MFE) pour un bon résultat. Nous avons classé les images utilisés en deux catégories à savoir images synthétique et non synthétiques.

4.6.2.1 Segmentation des images synthétiques

1) Image synthétique 1

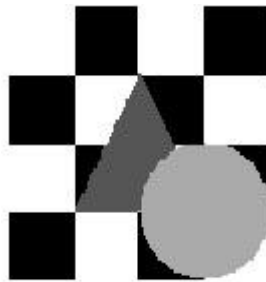


Figure 4.11 : Image synthétique 1

Les paramètres :

- Nombre de régions=3000.
- Nombre d'individus=10.
- Seuil d'homogénéité d'une région=15,
- Seuil de similarité entre deux régions voisins=65.

| | AG | RS | KM |
|----------------------------|--------------------------|--------------------------|--------------------------|
| Avant extraction de région | | | |
| Après extraction de région | | | |
| | NPH%=94,74%, MFE=1838 | NPH%=93,32%, MFE=2044 | NPH%=93,61%, MFE=2224 |

Tableau 4.6 : Résultats de segmentation de l'image synthétique 1

2) Image synthétique 2

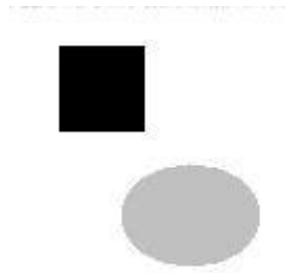


Figure 4.12 : Image synthétique 2

Les paramètres :

- Nombre de régions=3000.
- Nombre d'individus=10.
- Seuil d'homogénéité d'une région=4,
- Seuil de similarité entre deux régions voisins=60.

| | AG | RS | K-means |
|----------------------------|-----------------------|-----------------------|-----------------------|
| Avant extraction de région | | | |
| Après extraction de région | | | |
| | NPH=90,9%, MFE=383 | NPH=89,1%, MFE=384 | NPH=88,4%, MFE=414 |

Tableau 4.7 : Résultats de segmentation de l'image synthétique 2

3) Image synthétique 3

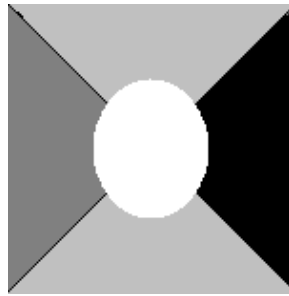


Figure 4.13 : Image synthétique 3

Les paramètres :

- Nombre de régions=3000.
- Nombre d'individus=10.
- Seuil d'homogénéité d'une région=8,
- Seuil de similarité entre deux régions voisins=50.

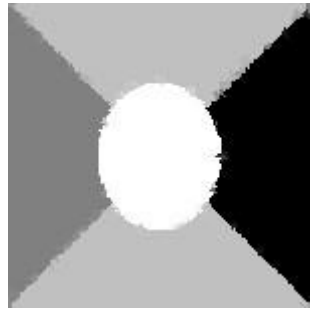
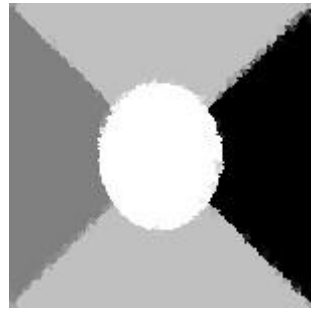
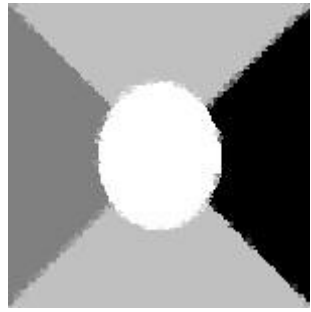
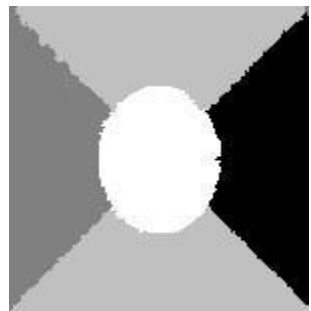
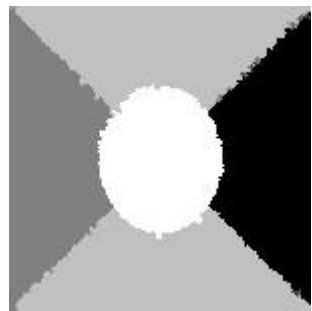
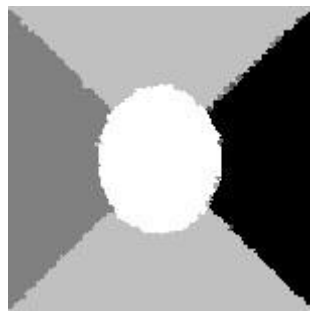
| | AG | RS | KM |
|----------------------------|---|--|---|
| Avant extraction de région |  |  |  |
| Après extraction de région |  |  |  |
| | NPH%=89,92%, MFE=1325 | NPH%=85,37%, MFE=2021 | NPH%=86,38%, MFE=2155 |

Tableau 4.8 : Résultats de segmentation de l'image synthétique 3

4) Image synthétique 4

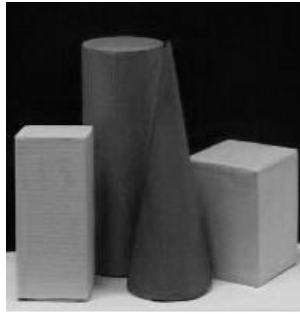


Figure 4.14 : Image synthétique 4

Les paramètres :

- Nombre de régions=3000.
- Nombre d'individus=10.
- Seuil d'homogénéité d'une région=10,
- Seuil de similarité entre deux régions voisins=8.

| | AG | RS | KM |
|----------------------------|------------------------|------------------------|------------------------|
| Avant extraction de région | | | |
| Après extraction de région | | | |
| | NPH%=72,3%, MFE=224 | NPH%=66,4%, MFE=235 | NPH%=66,5%, MFE=256 |

Tableau 4.9 : Résultats de segmentation de l'image synthétique 4

5) Image synthétique 5



Figure 4.15 : Image synthétique 5

Les paramètres :

- Nombre de régions=2000.
- Nombre d'individus=10.
- Seuil d'homogénéité d'une région=4,
- Seuil de similarité entre deux régions voisins=110.


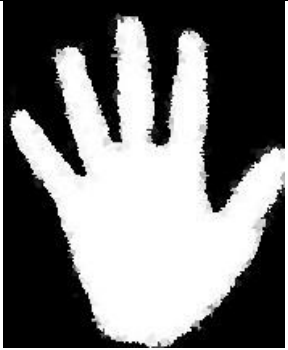




| | AG | RS | KM |
|----------------------------|---|--|---|
| Avant extraction de région |  |  |  |
| Après extraction de région |  |  |  |
| | NPH%=89,09%, MFE=924 | NPH%=86,32%, MFE=1199 | NPH%=87,41%, MFE=1211 |

Tableau 4.10 : Résultats de segmentation de l'image synthétique 5

6) Synthèse

Nous remarquons que le résultat de l'algorithme AG possède le plus grand nombre de polygones homogène, il atteint le minimum de la fonction d'évaluation par rapport aux résultats des autres algorithmes. Alors nous pouvons dire que la qualité de la segmentation en utilisant l'algorithme génétique est excellente que celle utilisant l'algorithme recuit simulé, qui est à son tour meilleur que le résultat de K-means. (Sachant que l'exécution de ce dernier est plus rapide que les autres, et l'algorithme génétique est plus lente en temps d'exécution).

4.6.2.2 Segmentation des images non synthétiques

1) Segmentation de l'image Muscle

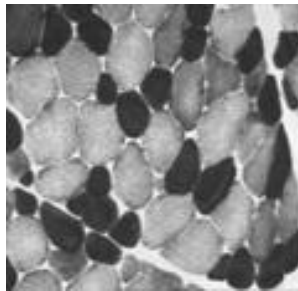
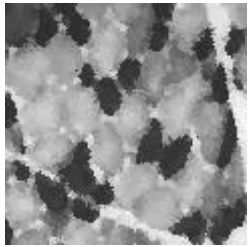
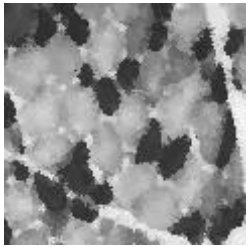
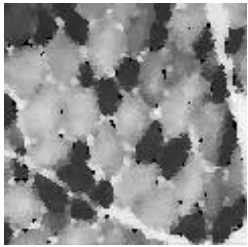


Figure 4.16 : Image Muscle

Les paramètres :

- Nombre de régions=3000.
- Nombre d'individus=10.
- Seuil d'homogénéité d'une région=5,
- Seuil de similarité entre deux régions voisins=8.

| | AG | RS | K-means |
|----------------------------------|---|--|---|
| Avant Extraction de Région |  |  |  |

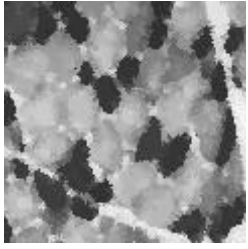
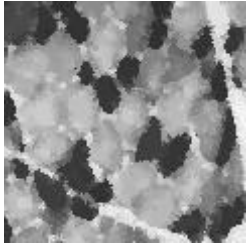
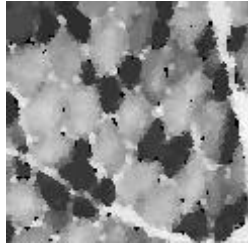
| | | | |
|----------------------------------|---|--|---|
| Après Extraction de Région |  |  |  |
| | NPH%=58,93%, MFE=890 | NPH%=54,34%, MFE=933 | NPH%=38,18%, MFE=1158 |

Tableau 4.11 : Résultats de segmentation de l'image muscles




2) Segmentation de l'image Maison



Figure 4.17 : Image maison

Les paramètres :

- Nombre de régions=3000.
- Nombre d'individus=10.
- Seuil d'homogénéité d'une région=8,
- Seuil de similarité entre deux régions voisins=15.

| | AG | RS | K-means |
|----------------------------------|---|--|---|
| Avant extraction de région |  |  |  |




| | | | |
|----------------------------|---|--|---|
| Après extraction de région |  |  |  |
| | NPH%=60,5%, MFE=458 | NPH%=58,6%, MFE=515 | NPH%=45,83%, MFE=690 |

Tableau 4 .12 : Résultats de segmentation de l'image maison

3) Synthèse

D'après les valeurs de NPH et MFE, nous remarquons que les images segmentées de cette catégorie sont bonne, mais quand on les compare à celles de la première catégorie, elles sont moins nettes.

Nous remarquons aussi que les résultats de segmentation par l'algorithme génétique sont toujours meilleurs que les autres, et le K-means donne des résultats moins satisfaisant dans un temps d'exécution faible par rapport aux deux autres algorithmes.

Nous devons mentionner une autre remarque qui est que plus il y a de détails dans l'image plus le temps d'exécution est long et moins les résultats sont satisfaisant.

4.7 Conclusion

Les méthodes de segmentation évolutionnaire basé le diagramme de Voronoï permet d'obtenir de bons résultats dans différents types d'images surtout pour les images synthétiques. Ces résultats dépendent grandement du nombre de germes initiaux, et les paramètres (seuil d'homogénéité et le seuil de similarité) qui se diffèrent selon le détail de l'image. En effet, le temps de segmentation est très important et augmente considérablement avec la taille de l'image, le nombre de germes initiaux et le détail de l'image.

L'avantage de notre approche réside dans l'exploitation, dès l'initialisation, des informations obtenues par la détection de contour qui permet d'éviter la construction de régions non homogènes autour des contours, donc une réduction de temps obtenue.

Les algorithmes du Recuit Simulé et Algorithme Génétique présentés dans ce chapitre sont lentes mais théoriquement optimales. En revanche, l'algorithme K-means ne garanti pas de la convergence vers un optimum global cependant il permet une segmentation dans un temps d'exécution très rapide.

De ce fait, nous pouvons conclure que l'algorithme génétique par diagramme de Voronoï donne d'excellents résultats pour différentes images dans un temps acceptable notamment en tenant compte de la coopération avec l'approche contour.

Conclusion générale et perspectives

Les problèmes les plus importants en traitement et analyse d'images font suite à l'isolation des différentes entités qui composent celle-ci. Cette opération, pratiquement obligatoire dans tous les systèmes de vision artificielle, est la segmentation. Les nombreux travaux qui lui ont été consacrés sont fortement conditionnés par la qualité de l'interprétation.

De manière non exhaustive, nous avons présenté dans le premier chapitre un panorama des diverses méthodes de segmentation utilisées pour segmenter les images en niveaux de gris. A savoir les méthodes basées contour, les méthodes basées région et les méthodes coopératives.

Dans le deuxième chapitre, nous avons présenté le principe général de trois algorithmes d'optimisation à savoir l'algorithme génétique, l'algorithme recuit simulé et l'algorithme K-means. Comme il existe différentes structures utilisées pour les algorithmes de segmentation, nous avons choisi les diagrammes de Voronoï que nous avons détaillé dans le troisième chapitre, en donnant leurs principes et avantages.

Dans le dernier chapitre, nous avons présenté notre approche (DVSEG) de segmentation d'images basée sur une partition en polygone de Voronoï, qui s'intègre dans l'approche coopérative. Nous avons implémenté trois algorithmes d'optimisation, à savoir l'algorithme génétique, recuit simulé et le K-means.

Afin d'évaluer la validité et la performance de notre nouvelle approche (DVSEG), nous avons expérimenté notre système sur différentes images. Les résultats expérimentaux sont très encourageants et montrent clairement la robustesse d'une telle approche.

D'après les résultats obtenus par différentes expériences appliquées sur différents types images, nous avons conclu que la méthode de segmentation de Voronoï est une méthode qui permet d'obtenir de bons résultats qu'on peut améliorer. Ces résultats dépendent grandement du nombre de germes initiaux. Cependant la remarque qu'on doit faire est que le temps de segmentation est important et augmente avec la taille de l'image et le nombre de germes initiaux.

Les résultats obtenus sont dans leurs globalités acceptables, tout en confirmant la supériorité de l'algorithme génétique sur les autres algorithmes en termes de qualité mais ses performances en termes de temps d'exécution en font une cible de critiques.

Notre approche nécessite le réglage de nombreux seuils et paramètres, tels que le nombre de germes initiaux, le seuil d'homogénéité, le critère de similarité et les critères d'arrêt. L'ajustement de ces paramètres est délicat, de telle sorte qu'il est difficile de prévoir si nous aboutirons à une sous-segmentation ou à une sur-segmentation de l'image.

Ce travail se voit ouvert à plusieurs extensions dont les principales sont les suivantes :

1. Pour les images complexes, l'approche *Laplacien* est sensible au bruit et, généralement, ne produit pas des contours fermés, car il s'agit d'une méthode dérivative. Pour cela nous proposons de la modifier par l'approche *Derish* (cf. paragraphe 1.3.1.2) qui est plus optimale et moins sensible au bruit à cause de sa propriété d'être paramétrable par un facteur d'échelle α qui contrôle le degré de lissage.
2. D'après Grenfenstette [Grefenstette,93] mentionne que les algorithmes génétiques peuvent être combinés avec les techniques de recherche locale, en plus, il a donnée des exemples de mise en œuvre réussie des algorithmes génétiques hybrides pour la segmentation d'images. Pour cela, nous proposons de combiner l'algorithme génétique avec le recuit simulé sur la base de diagramme de Voronoï, pour améliorer l'aptitude de quelques individus par des changements locaux d'une façon accélérée.
3. Les algorithmes évolutionnaires sont des algorithmes coûteux en temps de calcul, mais il est facile de voir que l'étape la plus coûteuse est l'évaluation de la performance de toute une population, cette étape est constituée de calculs totalement indépendants entre eux. Il semble donc facile de les paralléliser, soit par une simple parallélisation du calcul de performance, ou bien la distribution complète de la population sur les divers processeurs disponibles.

Bibliographie

- [Ahuja, 85] N. Ahuja, B. An, B. Schachte. *Image representation using Voronoi tessellation*, Comp. Vision Graphics, Image Processing, Vol. 29, 286-295,(1985).
- [Andrey, 97] Andrey, P., *Segmentation d'images par algorithmes génétiques*. Thèse de doctorat. Université Paris7. Décembre 1997, Paris.
- [Angot, 99] François Angot « *Segmentation d'images 2D et 3D, application à la quantification d'images histologiques et cytologiques obtenues par microscopie* » thèse de Doctorat de l'Université de Caen, Spécialité : Traitement du signal et des images, soutenue le 2 février 1999.
- [Arbelaez, 04] Pablo Andrés Arbeláez , Laurent D. Cohen, « *Segmentation d'images couleur par partitions de Voronoï* » traitement du signal 2004_volume 21_numéro spécial L'image numérique couleur.
- [Asano, 85] Asano, M.Edahiro, H.Imai, M.Iri and K.Murota, «*Practical use of Bucketing Techniques in Computational Geometry*». Computational geometry. G.T.Toussaint ed.Elsevier Science Publishers (North-Holland), pp 153-195,1985.
- [Aurenhammer, 91] F. Aurenhammer. *Voronoi diagrams - a survey of a fundamental geometric data structure*. ACM Computing Surveys, 33(3):345{405, 1991.
- [Benois et al., 92] J. Benois and D. Barba, "*Image segmentation by region-contour cooperation for image coding*", Proceedings of the 11th IAPR International Conference on Image, Speech and Signal Analysis, 3, p. 331--334, 1992.
- [Bertin, 94] Eteinne Bertin, « *Diagramme de voronoï 2D et 3D : application en analyse d'image* » thèse de doctorat, université Joseph Fourier-Grenoble I, soutenu le 25 janvier 1994
- [Bertin, 95] Etienne Bertin, « *Un modèle de partitionnement Optimal en Imagerie* »'le 15^{ième} Colloque Grets-Juan-Les-Pins , du 18 au 21 septembre 1995.
- [Bhanu, 94] Bhanu, B., *Genetic Learning for adaptive image segmentation*. USA: Kluwer Academic Publishers, 1994.
- [Bhanu et al., 95] Bhanu, B., Lee, S. and Das, S., *Adaptive image segmentation using genetic and hybrid search methods*. IEEE Trans. on Aerospace and electronic syst. 1995, Vol. 31,4, pp. 1268-1291.
- [Bres,03] S.Bres, J.Jolion et F.Lebourgeois, *Traitement et analyse des images numériques*, Sermes Sciencepublication,2003.
- [Canny, 86] J. Canny, "A computational approach to edge detection", IEEE Trans. On Pattern Analysis and Machine Intelligence, vol. 8, n°6, p. 679-698, novembre 1986.
- [Carron, 95] T. Carron , *Segmentation d'images couleur dans la base Teinte-Luminance-Saturation : approche numérique et symbolique*. Thèse de doctorat, Université de Savoie, Décembre 1995.

- [Chassery et al., 84] J.M. Chassery et C. Garbay, *An iterative segmentation method based on a contextual color and shape criterion*. Dans IEEE Trans. PAMI 6, pp. 794-800 1984.
- [Chassery et al., 91] Chassery, J. M. et Melkemi, M. *Diagramme de Voronoï appliqué à la segmentation d'images et à la détection d'événements en imageries multisources*. Traitement du Signal, vol. 8, no 3, p. 155-163, (1991)
- [Chu et al., 93] Chu C. C. and Aggarwal J. K. (1993). "*The integration of image segmentation maps using region and edge information*". IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence. Vol. 15(12), pp. 1241-1252.
- [Cocquerez et al., 95] J.-P. Cocquerez et S. Philipp. « *Analyse d'Images : filtrage et segmentation* ». Masson, 1995
- [Colorni et al., 96] A. Colorni, M. Dorigo, F. Maffioli, V. Maniezzo, G. Righini, M. Trubian, *Heuristics from nature hard combinatorial optimisation problems*. Published in International Transactions in Operational Research, 3, 1. 1-21, 1996.
- [Deriche, 87] R. Deriche, "*Using Canny's criteria to derive a recursively implemented optimal edge detector*", International Journal of Computer Vision, p. 167-187, 1987.
- [Fontaine, 01] Michaël Fontaine, «*Segmentation non supervisée d'images couleur par analyse de la connexité des pixels* » thèse de doctorat, université de LILLE , Discipline : Automatique et Informatique Industrielle. Soutenue le 18 décembre 2001.
- [Goldberg, 89] D.E.Goldberg, "*Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning*". Publisher: Addison Wesley , (1989).
- [Gonzalez et al., 93] R. Gonzalez et R. Woods, *Digital image processing*. Dans Addison-Wesley Publishing Company, Reading, MA 1993.
- [Grefenstette, 93] J.J. Grefenstette. Genetic algorithms and machine learning. In COLT, pages 3–4, 1993.
- [Haralick et al., 85] R. Haralick et L. Shapiro, *Image segmentation techniques*. Computer Vision Graphics Image Processing, vol. 29, pp. 100-132 1985.
- [Holland, 75] Holland J. H., *Adaptation in Natural and Artificial Systems*, University of Michigan Press, Ann Arbor, Michigan, 1975.
- [Horowitz, 76] S.L. Horowitz et T.PAVLIDIS "*Picture segmentation by traversal algorithm*". J. ACM, 23, 368 – 388, 1976.
- [Jamieson et al., 03] Jamieson, M., Fieguth, P. and Lee, L. J., *Parametric Contour Estimation by Simulated Annealing*. Proc. of Int. Conf. on Image Process. (ICIP03). pp. 449-452, Vol. 3, September 14-17 2003, Barcelona (Spain).
- [Kall, 99] L.Kallel. *Convergence des algorithmes génétiques : aspects spatiaux et temporels*. Thèse de doctorat (spécialité : Mathématiques Appliquées) de l'école polytechnique sous la direction de Marc Schoenauer. Soutenue le 5 Février 1999.
- [Kanai, 98] Y. Kanai, *Image Segmentation Using Intensity and Color Information*. Dans The International Society for Optical Engineering Proc. SPIE - Visual Communications and Image Processing, vol. 28-30, pp. 709-720 1998.

- [Kass et al., 87] Kass, M., Witkin, A. et Terzopoulos, D. (1987). *Snakes : active contour models*. International Journal of Computer Vision, 1(4): 321–331.
- [Kirkpatrick et al., 83] S. Kirkpatrick, C.D. Gelatt Jr., M.P. Vecchi, "Optimization by Simulated Annealing," Science, 220, 1983, pp. 671-680.
- [Klein, 89] R. Klein. *Concrete and abstract Voronoï diagrams*. Lecture Notes in Computer Science, Springer Verlag ed., 1989
- [Kubler, 89] O.Kubler, F.Klein, R.Ogniewicz and U.Kienholz, *Isolation and identification of abutting and overlapping objects in binary images»* Proc. Of the 5th Internat. Conf. on Image Analysis and proc., pp 340-347, 20-22 sept.,1989, Positano, Italy.
- [Lucchese et al., 01] Lucchese L. and Mitra S. K. (2001). "Color image segmentation: A state-of-the-art survey". Proc. of the Indian National Science Academy (INSA-A). Vol. **67-A**(2), pp. 207-221.
- [Maitre, 03] Maitre, H. (coordinateur), *Le traitement des images*. Paris : Hermes, 2003.
- [Majdi et al., 06] Majdi. Nasab, Analoui, M. and Delp, E. J., *Decomposition parameters of mixture gaussian model using genetic and maximum likelihood algorithms on dental images*. Pattern Recognition Letters. 2006, Vol. 27, pp. 1522-1536.
- [Marcepoil, 91] R.Marcepoil, Y.Usson, J.M.Chassery, "Segmentation Morphologique incluant des paramètres d'ordre et desordre : Quantification par Diagramme de Voronoi et application à la sociologie cellulaire. 967-972, AFCET RFIA, 8^e Congrès1991.
- [Materka et al., 98] Materka A. and Strzelecki M. (1998). "Texture Analysis Methods - A review". Bruxelles, Technical University of Lodz, Institute of Electronics.
- [Melkemi, 92] Mahmoud Melkemi. "Approches génétiques par modeles de voronoi en segmentation d'image". Université Joseph Fourier Grenoble1, Fervrier 1992.
- [Metr, 53] N. Metropolis, A. Rosenbluth, M. Rosenbluth, A. Teller, E. Teller, "Equation of State Calculation by Fast Computing Machines," J. of Chem. Physics 21, 1953, pp. 1087-1092.
- [Meyer, 92] F. Meyer, *Color image segmentation*. Dans Proceedings of the 4th Conference Image Processing and its Applications, pp.303-306 1992.
- [Mong, 90] O. Monga. *Segmentation d'images : Où en sommes nous ?*. Rapport de recherche n° 1216. INRIA Recquencourt. Avril 1990.
- [Nguyen, 09] Giap Nguyen, "Extraction de zones d'intérêts dans une image de textures", Rapport de stage, Laboratoire Informatique, Image et Interaction (L3I), Université de La Rochelle, le 30 aout 2009.
- [Ohya et al., 84] Ohya, T.,hi,M., and Murota, K. (1984) *A fast Voronoï diagram algonthrn with quaternary tree bucketing*. Information Processing Letters, vol. 18, p. 227-231.
- [Pavlidis, 77] Pavlidis, T. (1977) *Structural pattern recognition*. Springer Verlag Editions.
- [Preparata et al., 88] F.P. Preparata and M.I.S. Shamos. *Computational Geometry, an Introduction*. Springer Verlag, NewYork, 1988.

- [Rom, 88] H.Rom and S.Peleg *Image representation using Voronoi tessellation: Adaptive and secure.*, Proceed. Of Computer Vision and pattern Recognition, Ann Arbor. Michigan, pp 282-285, 1988.
- [Sadgal, 05] Mohammed Sadgal, Aziz El Fazziki, Abdellah Ait Ouahman: *Aerial image processing and object recognition*. The Visual Computer 21(1-2): 118-123 (2005)
- [Salotti, 94] J.M. Salotti, « *Gestion des informations dans les premières étapes de la vision par ordinateur* », Thèse de doctorat, Institut National Polytechnique de Grenoble, 1994.
- [Sebari et al., 07] Imane Sebari et Dong-Chen HE « *Les approches de segmentation d'image par coopération régions-contours* ». Centre d'applications et de recherches en télédétection (CARTEL), Département de géomatique appliquée, Université de Sherbrooke, 2500, boulevard de l'Université, Sherbrooke (Québec), Canada J1K 2R1 Revue Télédétection, 2007, vol. 7, n° 1-2-3-4, p. 499-506.
- [Sezgin et al., 04] Sezgin M. and Sankur B. (2004). "Survey over image thresholding techniques and quantitative performance evaluation". Journal of Electronic Imaging. Vol. 13(1), pp. 146-165.
- [Theiler et al., 97] James Theiler and Galen Gisler, "A contiguity-enhanced k-means clustering algorithm for unsupervised multispectral image segmentation", Proc SPIE 3159. pgs 108--118, 1997.
- [Toussaint, 80] G.T Toussaint, *the relative neighborhood graph of finite planar set*, Pattern Recognition, pp, 1324-1347, 1980.
- [Tremeau, 97] A. Tremeau, N. Borel, *A Region Growing and Merging Algorithm to Color Segmentation*. Dans Pattern Recognition, vol. 30, no. 7, pp. 1191-1204 1997.
- [VanL, 87] P.J.M. Van Laarhoven, E.H.L. Aarts, *Simulated Annealing : Theory and Applications*, D. Reidel Publ. Co., 1987.
- [Xavier, 08] Xavier Philippeau, « *Segmentation en régions* » Date de publication : 05/01/2008 disponible au site developpez.com.
- [Xavier, 97] Xavier Hüe « *Genetic Algorithms for optimisation, Background and applications* » Edinburgh Parallel Computing Centre, version 1.0 February 1997. available from: <http://www.epcc.ed.ac.uk/epcc-tec/documents/>
- [Zhaoyang, 89] L.Zhaoyang, *Application of Delaunay triangulation in image coding*. The 5th Internat. Conf. on Image Analysis and Processing pp.49-53 Positano, Italy 20-22 sep. 1989.
- [Zhang et al., 04] Zhang, X.-W., Song, J., Lyu, M. R. et Cai, S. (2004). *Extraction of karyocytes and their components from microscopic bone marrow images based on regional color features*. Pattern Recognition, 37:351–361.
- [Zhu et al., 96] Zhu, S. et Yuille, A. (1996). *Region competition: Unifying snakes, region growing, and bayes/mdl for multiband image segmentation*. IEEE Trans. On Pattern Analysis and Machine Intelligence, 18(9):884–900.

ANNEXE

Le processus de POISSON est défini de la manière suivante :

Définition :

1. Le nombre d'événements, dans une région planeaire A d'aire $F(A)$, suit une distribution de POISSON de paramètre $\lambda.F(A)$.
2. Etant donnés n événements x_i dans une région A , les x_i forment un échantillon de la loi uniforme sur A .

Un algorithme de simulation d'une variable aléatoire suivant la loi de POISSON est défini en appliquant le théorème suivant :

Théorème :

Soit (X_n) $n \geq 1$ une suite de variables aléatoires réelles indépendantes de loi exponentielle de paramètre λ . On définit une variable N par :

- $N=0$ si $X_1 > 1$.
- $N=k$ si $X_1 + X_2 + \dots + X_k \leq 1$ et $X_1 + X_2 + \dots + X_k + X_{k+1} > 1$.

Alors N est une variable aléatoire de la loi de POISSON de paramètre λ . L'algorithme fondé sur l'application du théorème précédent est décrit de la manière suivante :

```
int poisson(float  $\lambda$ )
{
    int N = -1 ;
    float s = -1 ;
    float v = 0 ;
    float q = exp(- $\lambda$ ) ; //  $\lambda$  est la moyenne de la loi de Poisson
    float u = random() ; // tirage d'un nombre compris entre 0 et 1
                        //suivant la loi uniforme
    Tant que s <= u Faire
        N = N + 1 ;
        v = v + puiss( $\lambda$  ,N)/fact(N) ; //puiss( $\lambda$ ,N) signifie  $\lambda$  à la
                                    //puissance N et fact(N) est
```

```

//la factorielle de N
    s = v*q ;
FinTantque
return N ;
}
```

N est l'observation de POISSON cherchée

Résumé

La segmentation d'images constitue une partie prépondérante d'un système de reconnaissance. Elle peut être définie comme étant toute technique permettant de partitionner une image selon un ou des critère(s) d'homogénéité. Elle peut se faire en se basant sur : La couleur, la texture, la forme....,

Nous avons proposé un système à base des diagrammes de Voronoï à même de segmenter des images en niveau de gris. Cette approche s'inscrit dans la classe des algorithmes de segmentation Division/Fusion.

Dans cette approche, nous combinons la méthode du Laplacien pour la détection des points de contour avec un algorithme d'optimisation stochastique basé sur le principe de Charles Darwin à savoir : l'algorithme génétique. Après avoir utilisé une amélioration de l'image, l'étape de division se fait par une division de l'image à segmenter en polygones de Voronoï guidée par un processus génétique. Puis une étape d'extraction de régions similaires est appliquée comme phase de fusion.

Nous avons commencé notre travail par un état de l'art sur les méthodes de segmentation d'images. Puis nous avons donné une description générale des trois algorithmes d'optimisation utilisés à savoir l'algorithme génétique, le recuit simulé et le K-means. Ensuite, nous avons étudié les principes des diagrammes de Voronoï et enfin elle a présenté la démarche de l'approche proposée. La candidate a implémenté les trois algorithmes cités en se basant sur une structure de diagramme de Voronoï pour des raisons de comparaisons.

En effet, une étude comparative des premiers résultats obtenus démontre que l'algorithme génétique donne de bons et acceptables résultats pour différentes images surtout synthétiques, mais l'algorithme reste lent en matière de temps d'exécution. Cette étude expérimentale a démontré aussi que les résultats obtenus par le recuit simulé sont mieux que ceux trouvés avec le K-means ce qui confirme la théorie des deux méthodes.

Mots clés : segmentation d'image, division et fusion, diagramme de Voronoï, algorithme génétique.

Abstract

Image segmentation is a major part of a recognition system. It can be defined as any technique for partitioning an image according to one or many test (s) of homogeneity. It can be based on: color, texture, shape...

We have proposed a system based on Voronoï diagrams able to segment images in grayscale. This approach fits in a class of algorithms of segmentation Split / Merge.

In this approach, we combine the method of the Laplacian for the detection of edge points with a stochastic optimization algorithm based on the principle of Charles Darwin namely the genetic algorithm. After using an image enhancement, the division step is done by a division of the image to be segmented into Voronoï polygons guided by a genetic process. Then a step of extracting similar regions is applied as fusion phase.

We started our work by a state of the art on methods of image segmentation. Then we gave a general description of the three optimization algorithms used namely genetic algorithms, simulated annealing and the K-means. Then we studied the principles of Voronoï diagrams and finally we presented the procedure of the proposed approach. Based on a structure of Voronoï diagram, we have implemented the three algorithms mentioned above for reasons of comparison.

Indeed, a comparative study of early results showed that the genetic algorithm gives good and acceptable results for different images mainly synthetic, but the algorithm remains slow in terms of execution time. This experimental study also showed that the results obtained by simulated annealing are better than those found with the K-means, which confirms the theory of the two methods.

Key words: image segmentation, split and merge, Voronoï diagram, genetic algorithm.

ملخص

إن عملية تجزئة الصور قسم رئيسي من نظام التعرف. يمكن تعريفها بأنها أي تقنية لتقسيم صورة وفقا لمعيار تجانس واحد أو أكثر. ويمكن أن تستند إلى: اللون والملمس والشكل و...

إقترحنا نظاما مبنيا على مخططات فورونوي قادر على تجزئة الصور حسب التدرجات الرمادية. يلائم هذا النهج فئة من خوارزميات التجزئة من نوع تقسيم-اندماج.

في هذه المقاربة، نجتمع بين طريقة اللابلاسي للكشف عن نقاط الحواف و استعمال خوارزمية أمثلة عشوائية قائمة على مبدأ لتشارلز داروين وهي الخوارزمية الجينية. بعد استخدام تحسين للصورة، تتم مرحلة التقسيم بتقطيع الصورة المراد تجزئتها إلى مصلعات فورونوي و هذا بالإستناد إلى عملية وراثية. بعدها يتم تطبيق مرحلة استخراج المناطق المتماثلة وهي مرحلة الاندماج.

بدأنا عملنا بإعطاء نظرة مرجعية (وصف حال) عن أساليب تجزئة الصور. ثم أعطينا وصفا عاما لخوارزميات التحسين الثلاث المستخدمة و هي الخوارزميات الجينية و التلدين المحاكى و الوسائل-ك. ثم درسنا مبادئ مخططات فورونوي وأخيرا قدمنا إجراءات المقاربة المقترحة. لقد قمنا بتنفيذ الخوارزميات الثلاثة المذكورة أعلاه استنادا إلى هيكل مخطط فورونوي سعيا منا لإجراء دراسة مقارنة.

في الواقع، أظهرت دراسة مقارنة للنتائج الأولية المتحصل عليها أن الخوارزمية الجينية تعطي نتائج جيدة ومقبولة لصور مختلفة، و خاصة الاصطناعية منها، ولكن الخوارزمية بطيئة من حيث وقت التنفيذ. أظهرت هذه الدراسة التجريبية كذلك أن النتائج المتحصل عليها باستعمال التلدين المحاكى هي أفضل من تلك التي وجدت باستخدام الوسائل-ك، وهو ما يؤكد نظرية الطريقتين.

الكلمات المفتاحية: تجزئة الصور، تقسيم-اندماج، مخطط فورونوي، الخوارزميات الجينية.