
Rapport du projet de TP Analyse et Traitement d'image

5 FÉVRIER 2022

Nom et Prenom :

BAROUD YASMINE

KOULAL YIDHIR AGHILES

LABCHRI AMAYAS

ABCI FATIMA

Table des matières

Table des figures	0
1 Introduction	1
2 Conception du système	2
2.1 Système de détection de polypes	2
2.2 Modélisation des différentes étapes de système	2
3 Conclusion	11
Bibliographie13	

Table des figures

1	L'architecture de système de detection de polypes	2
2	Exemple d'application de filtre top-hat sur une image donnée	3
3	Exemple d'application de filtre bottom-hat sur une image donnée	4
4	Résultat d'application de filtre top-bottom hat sur une image donnée	4
5	Résultat d'application du filtre médian sur une image donnée	5
6	Domaine de couleur CIELAB	5
7	Domaine de couleur XYZ	6
8	Exemple d'application de CIELAB colour transformation pour les caractéristiques de couleur	6
9	Application de K-means sur notre image CIELAB	8
10	Application d'un seuillage sur l'image K-means	9
11	La binarisation de l'image	9
12	Application de la dilatation	10
13	Application de la fermeture	10
14	Transformation en RGB	10
15	LABCHRI Amayas	12
16	KOULAL Yidhir Aghiles	12
17	BAROUD Yasmine	12
18	ABCI Fatima	12

Deep CNN and geometric features-based gastrointestinal tract diseases detection and classification from wireless capsule endoscopy images

1 Introduction

Les infections gastro-intestinales (GIT) telles que les polypes, la maladie de Crohn, les ulcères, les saignements et le cancer sont aujourd'hui très fréquentes dans le monde entier. Bien qu'elles ne soient pas toujours sévères, elles peuvent dans certains cas s'avérer mortelles.

L'endoscopie capsulaire (WCE) est un moyen efficace d'investigation du GIT maladies. cependant celles-ci présentent de nombreuses limites étant donné les difficultés liées à la détection de polypes tels que la forme, la couleur, la texture, la taille et irrégularité de la lésion. Pour faire face à ces problèmes, plusieurs méthodes informatiques sont introduites dans le domaine de la vision par ordinateur avec des techniques d'intelligence artificiel, mais ils ont utilisé que des fonctionnalités artisanales qui produisent des fausses prédictions à plusieurs reprises.

Dans cet article, une nouvelle technique est appliquée par : Muhammad Sharif, Muhammad Attique Khan, Muhammad Rashid, Mussarat Yasmin, Farhat Afza and Urcun John Tanik en février 2019 suite à une recherche basée sur la fusion de deux méthodes : Deep CNN and geometric features-based gastrointestinal tract diseases detection. Initialement, les régions de la maladie sont extraites à partir des images endoscopiques données en utilisant une nouvelle approche appelée contrast-enhanced colour features. Par la suite, les caractéristiques sélectionnées seront classifiées par la méthode K-Nearest Neighbour.

Une base de données privée qui se compose de 5500 images endoscopiques est utilisé pour l'évaluation de la méthode posée : (http://www.depeca.uah.es/colonoscopy_dataset/)

2 Conception du système

2.1 Système de détection de polypes

Dans ce projet, nous allons présenter la première partie qui s'intéresse à la combinaison entre la méthode contrast stretching qui permet d'améliorer la zone d'intérêts et CIELAB colour features, dont le but de détecter et segmenter la lésion.

Le schéma suivant illustre les différentes étapes de notre projet :

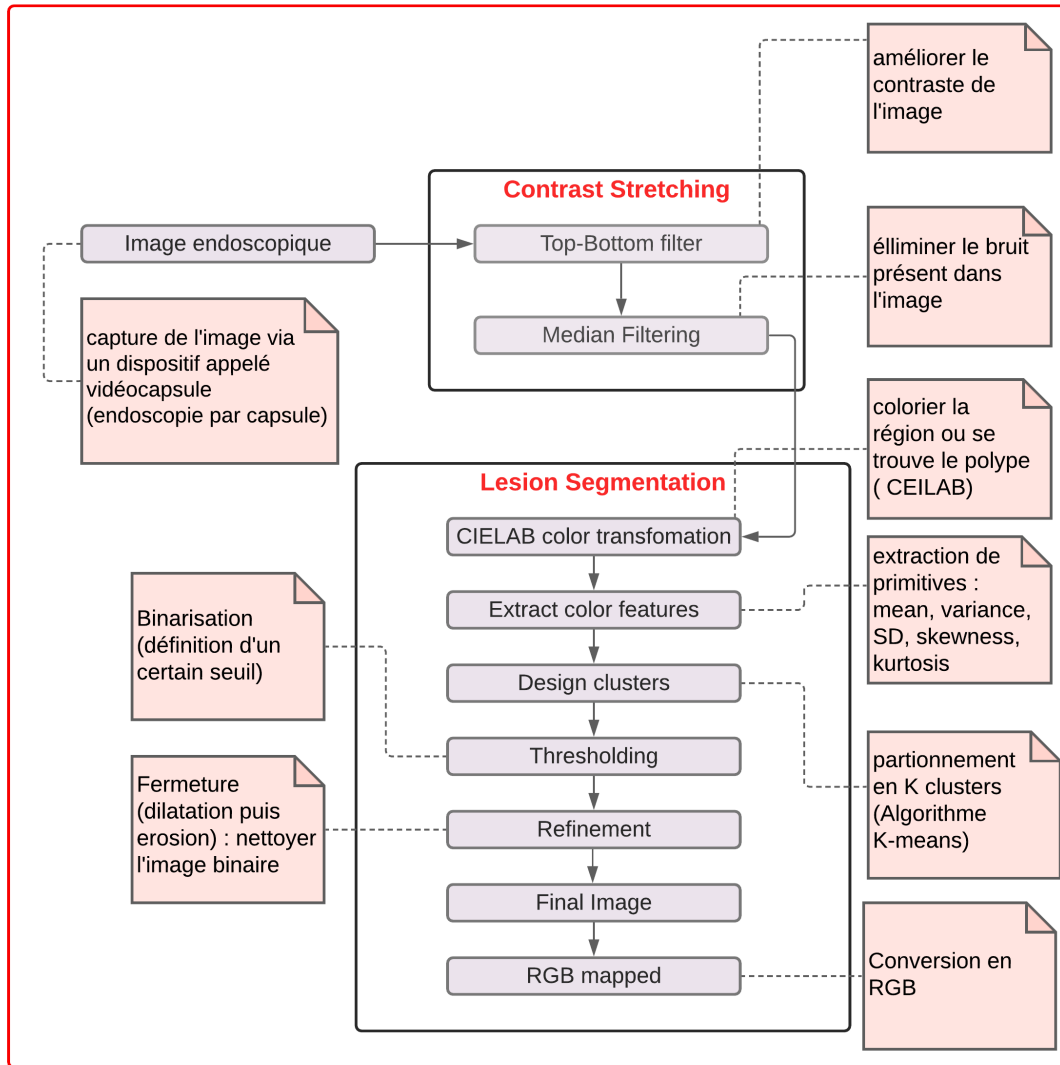


FIGURE 1 – L'architecture de système de détection de polypes

2.2 Modélisation des différentes étapes de système

2.2.1 Contrast-enhanced colour features (CHCF)

Les caractéristiques de couleurs sont très importantes dans le domaine du vision par ordinateur pour prédire un objet en fonction de sa couleur. Ils sont très utilisés dans le domaine de l'imagerie médicale spécialement pour la classification telles que le cancer de la peau, le tumeur, etc. Compte tenu de l'importance des caractéristiques de couleur, une nouvelle méthode CHCF est proposée qui est la combinaison de contrast stretching et CIELAB colour features.

Contrast stretching

C'est une étape de prétraitement pour l'amélioration de résultat d'un traitement ultérieur, tel que la détection des polypes à partir d'une image donnée.

Cette méthode permet de contrôler le contraste global de l'image d'entrée et améliorer le contraste local. Ce dernier, rend la zone de la lésion distincte par rapport à la région saine. Deux filtres d'étirement de contraste comme top-bottom hat sont mis en œuvre, et leurs résultats sont combinés dans une nouvelle image qui est ensuite améliorée grâce à un filtre médian.

La méthode décrite ci-dessus a pour but de :

- Rehausser le contraste local de la zone d'infection.
- Atténuer le bruit impulsionnel connu sous le nom "poivre et sel" à l'aide du filtre médian.

Pour cela nous avons expliqué ci dessous les différentes phases appliquées dans cette méthode :

Nous tenons à préciser que chaque filtre sera appliqué sur tout les canaux de l'image indépendamment des autres, afin d'obtenir de meilleurs résultats lors de l'application de chaque filtre.

1. Appliquer le filtre **Top-hat** pour améliorer la région de fore-ground :

Ce filtre est une transformation morphologique qui ouvre une image, puis soustrait l'image ouverte de l'image originale. Il est utilisé pour améliorer le contraste des objets clairs d'une image lorsque l'arrière-plan est sombre [Tophat].

La formule pour le calcul de ce dernier est la suivante :

$$T(f) = f - f \circ b \quad (1)$$

Où :

f : image.

\circ : opération d'ouverture(opening).

b : l'élément structurant.

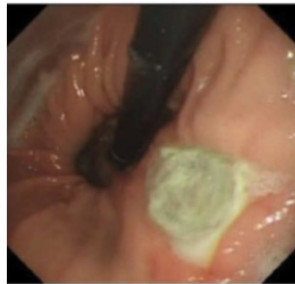


Image initiale



filtre top-hat

FIGURE 2 – Exemple d'application de filtre top-hat sur une image donnée

2. Appliquer le filtre **Bottom-hat** pour améliorer le contraste de back-ground :

Ce filtre est une transformation morphologique qui ferme une image, puis soustrait l'image originale de l'image fermée. Il est utilisé pour améliorer le contraste des éléments sombres d'une image lorsque l'arrière-plan est clair.

La formule pour le calcul de ce dernier est la suivante :

$$T(f) = f \bullet b - f \quad (2)$$

Où :

f : image.

\bullet : opération de fermeture(closing).

b : l'élément structurant.

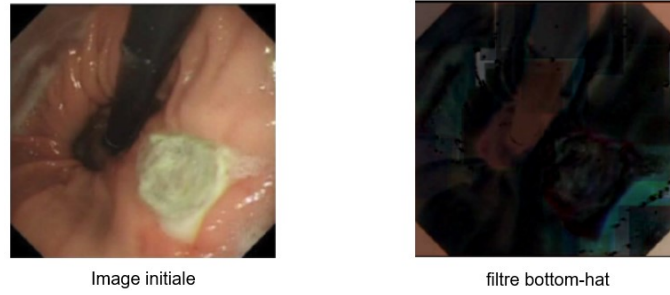


FIGURE 3 – Exemple d'application de filtre bottom-hat sur une image donnée

3. Combiner les informations des deux filtres **top** et **bottom_hat** en une seule image :
Cela consiste à additionner l'image originale avec l'image filtrée top-hat, par la suite, soustraire le résultat obtenu avec l'image filtrée bottom-hat comme montre la formule suivante :

$$Image_resultante = (Image_originale + Top_hat) - Bottom_hat. \quad (3)$$



FIGURE 4 – Résultat d'application de filtre top-bottom hat sur une image donnée

Top-Bottom hat sont calculés en utilisant la fonction **cv2.morphologyEx** de la librairie opencv comme suit :

Top-hat : **cv2.morphologyEx**(img, cv2.MORPH_TOPHAT, k)

Où :

k : L'élément structurant (35*35) (fixé expérimentalement).

Bottom-hat : **cv2.morphologyEx**(img, cv2.MORPH_BLACKHAT, k)

4. Appliquer le filtre **médian** :

C'est une technique de lissage non linéaire dont le principe est de classer les pixels voisins par ordre croissant des valeurs de niveaux de gris, puis affecter la valeur médiane au pixel centrale. Ce filtre va réduire tous les bruits présents dans l'image et notamment "le bruit sel et poivre", tout en conservant les contours de cette dernière. Cependant, il possède quelques inconvénients tel que la suppression des détails fins (qui ne sont pas du bruit), il crée aussi l'effet flou.

Où :

Filtre Median : **cv2.medianBlur**(img.astype('int16'), ksize=k)

k : L'élément structurant (5*5) (fixé expérimentalement).

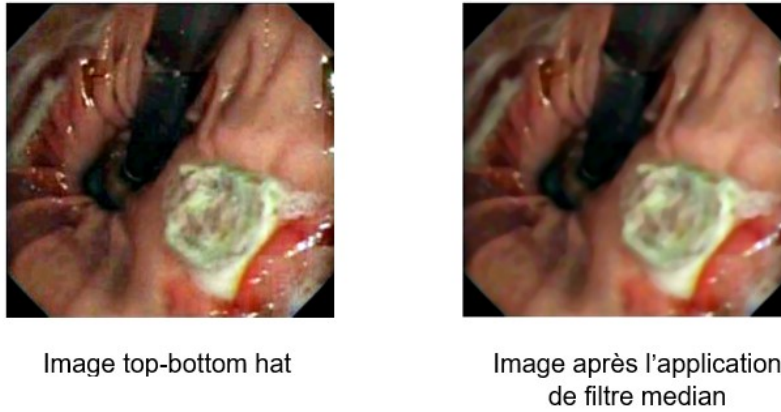


FIGURE 5 – Résultat d'application du filtre médian sur une image donnée

2.2.2 Lesion segmentation

L'espace colorimétrique CIELAB

CIELAB est un espace colorimétrique défini par la Commission internationale de l'éclairage en 1976, CIELAB est le plus utilisé en colorimétrie moderne car il est très bien adapté aux mesures de colorants ou de pigments.

L'espace colorimétrique **CIELAB** s'inscrit dans une sphère légèrement aplatie (fig 6). L'axe vertical L^* , correspond à la clarté ou luminosité, suivant une échelle qui varie de 0 à 100. La valeur 100, localisée en haut de l'axe, représente le blanc ou la réflexion totale; la valeur 0, en bas, le noir ou l'absorption totale. Donc L^* correspond à l'échelle des neutres c-à-d absence de couleurs.

Dans chaque plan horizontal de la sphère, qui représente une valeur donnée de clarté L^* , deux axes servent à positionner les coordonnées de chromaticité qui est une valeur représentant la qualité d'une couleur sans comprendre sa luminance :

L'axe — $a^*/+a^*$ pour le vert et le rouge, et l'axe — $b^*/+b^*$ pour le bleu et le jaune. La teinte et la saturation d'une couleur donnée seront déterminées par les coordonnées cartésiennes a^* , b^* .

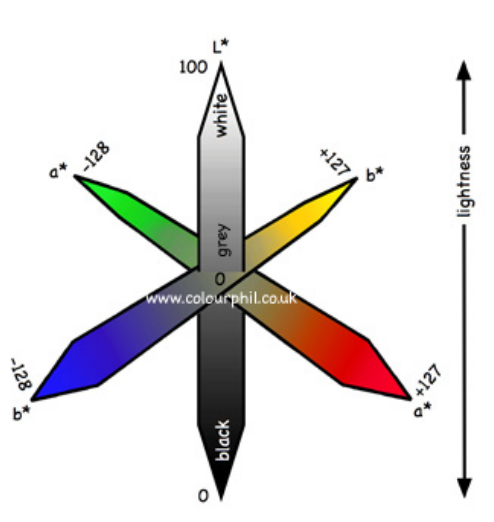


FIGURE 6 – Domaine de couleur CIELAB

Afin de faire une conversion du domaine de couleur **RGB** au domaine de couleur **CIELAB**, il est impératif de passer par le domaine de couleur **XYZ**.

L'espace colorimétrique XYZ :

Pour éviter les poids négatifs, la CIE a mis en oeuvre un système dérivé de RGB, appelé XYZ, où tous les poids sont positifs.

Il est défini à partir d'une transformation linéaire sur l'espace RGB telle que toutes les couleurs du spectre visible soient contenues dans le triangle xyz.

Les coordonnées XYZ des couleurs naturelles ont ainsi toujours des valeurs positives[2].

Pour passer du domaine **RGB** au domaine **XYZ** nous appliquons la transformation suivante (figure 7) :

$$\begin{bmatrix} X \\ Y \\ Z \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0.4124 & 0.3576 & 0.1805 \\ 0.2126 & 0.7152 & 0.0722 \\ 0.0193 & 0.1192 & 0.9505 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} R_{\text{linear}} \\ G_{\text{linear}} \\ B_{\text{linear}} \end{bmatrix}$$

FIGURE 7 – Domaine de couleur XYZ

Calculs des coordonnées $L^*a^*b^*$:

Les coordonnées L^*, a^*, b^* sont calculées à partir des coordonnées XYZ :

$$L^* = 116 (Y/Y_n)^{1/3} - 16$$

$$a^* = 500 [(X/X_n)^{1/3} - (Y/Y_n)^{1/3}]$$

$$b^* = 500 [(Y/Y_n)^{1/3} - (Z/Z_n)^{1/3}]$$

X, Y et Z sont les composantes correspondant de la transformation RGB en XYZ.

X_n et Y_n sont les composantes du point blanc de référence qui est un ensemble de coordonnées de chromaticité qui servent à définir la couleur « blanche » dans la capture.

Il est conçu pour se rapprocher de la vision humaine, Il est moins uniforme dans les axes de couleur, mais est utile pour prédire de petites différences de couleur.

Les caractéristiques de couleur sont très importantes dans le domaine de la vision par ordinateur, elles sont utilisées généralement dans la classification comme c'est le cas pour la détection de polypes.

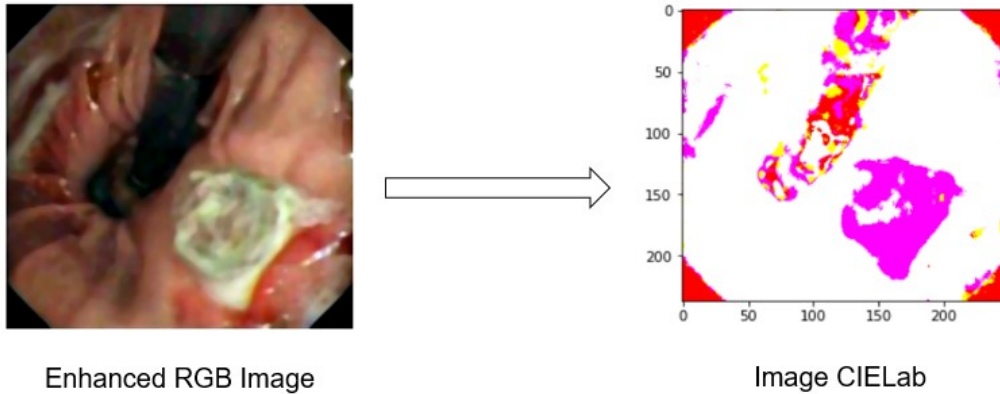


FIGURE 8 – Exemple d'application de CIELAB colour transformation pour les caractéristiques de couleur

Pour la méthode suivie dans l'article, les caractéristiques de couleur comme la moyenne, la variance, l'écart-type(SD), skewness et kurtosis sont combinées dans un vecteur nommé fused de taille 1027x 1. Ensuite, MD est calculée qui sera utilisée comme valeur de pondération pour créer les clusters. Les caractéristiques(features) qui sont supérieures ou égales à la valeur de weight sont affectées au cluster C1 et les autres sont affectés au cluster C2. Les clusters d'une image sont des zones qui appartiennent à une même catégorie dont le but est de regrouper le polype vers un segment à part et regrouper le reste des zones dans un segment à part. Ensuite, ils ont calculé la probabilité conditionnelle à partir des deux clusters obtenus pour sélectionner la plus petite valeur de probabilité. Enfin, une valeur de seuil basée sur la probabilité conditionnelle est utilisée dans la segmentation finale.

Ces primitives (features) et leurs formules mathématiques sont présentées ci-dessous :

Mean : Représente la moyenne des pixels dans l'image.

$$Mean = \check{f} = \frac{f_1, f_2, f_3, \dots, f_n}{N} = \sum_{i=1}^N \frac{f_i}{N} \quad (4)$$

Où :

f : image après l'application de cielab.

N : taille de l'image.

Variance : Permet de mesurer la dispersion des valeurs des pixels autour de la moyenne de ces pixels .

$$variance = \frac{\sum_{i=1}^N (f_i - \check{f})^2}{N - 1} \quad (5)$$

Ecart type : Représente la répartition d'une variable aléatoire autour de sa moyenne.

$$SD = \sqrt{variance} \quad (6)$$

Kurtosis : Ce terme aplatissement est utilisé dans la théorie des probabilités et les statistiques. Il décrit le pic d'une distribution de fréquence. Il est aussi utilisé en traitement d'image car il permet d'interpréter les valeurs d'aplatissement en combinaison avec la mesure du bruit et de la résolution. Des valeurs d'aplatissement élevées doivent aller de pair avec un faible bruit et une faible résolution. Dans ce cas, les algorithmes de débruitage sont très implacables aux basses fréquences, mais au prix de perdre la capacité de résoudre les structures et les textures fines. Si les valeurs d'aplatissement sont faibles, il y a deux possibilités :

- Un bruit clairement visible et un bon résultat en résolution pourraient être un indicateur d'algorithmes de netteté.
- S'il y a un faible bruit et un bon résultat en résolution, ce serait le meilleur des cas.

$$Kurtosis = \frac{\sum_{i=1}^N \frac{(f_i - \check{f})^4}{N}}{SD^4} \quad (7)$$

Skewness : Désigne le taux d'asymétrie des données d'une image. On distingue trois cas de skewness :

1. Si le taux d'asymétrie est égal à 0 alors l'histogramme de l'image est symétrique à la moyenne (c-à-d une distribution symétrique des données).
2. Un skewness positif : Indique une distribution décalée à droite de la médiane. Donc médiane est plus petite que la moyenne.
3. Un skewness négatif : Indique une distribution décalée à gauche de la médiane. Donc médiane est plus grande que la moyenne.

$$Skewness = \frac{n}{(n-1)(n-2)} \sum_{i=1}^N \frac{(f_i - \check{f})^3}{SD} \quad (8)$$

fused : Désigne le vecteur de caractéristique de couleur fusionnée de taille 1×1027 qui viennent des 512×2 valeurs représentant l'espace de couleur Lab : **L** : luminance entre 0 et 100, **a** et **b** les couleurs entre -128 et +128 en prenant un saut de 0.5 pour les a et b, rajoutons les 3 metriques. **j** montre l'extrait de paramètres de caractéristiques de couleur et M représente le nombre total de paramètres de couleur.

$$\xi fused = \sum_{i=1}^M [f_j] \quad (9)$$

Ensuite, le MD du vecteur fused est calculé comme le montre l'équation suivante :

$$MD = \sum_{i=1}^N \frac{|f_i - \check{f}|}{N} \quad (10)$$

Mais dans notre cas, nous avons opté pour une autre méthode de segmentation qui est k-means. K-means permet la décomposition d'une image en K segments homogènes ayant des caractéristiques communes appelés clusters, la valeur de K est choisie de façon à mettre en évidence les zones intéressantes de l'image. Une fois l'image est segmentée, nous passons à sa binarisation qui n'est autre que la transformation de cette dernière en image contenant seulement deux valeurs, 0 ou 255 pour une meilleure visualisation du cluster contenant le polype. Enfin pour conclure, nous calculons la fermeture (dilatation suivie d'une érosion) de l'image binaire dans le but d'éliminer les petites particules isolées ou petits trous de celle-ci, et nous affichons l'image finale après l'avoir convertie en RGB.

K-means

K-means est un algorithme de clustering non supervisé. Il permet de regrouper en K clusters les éléments similaires du dataset. Le fonctionnement de K-means est comme suit :

1. Choisir un nombre de clusters K en fonction des données de l'utilisateur et de ce qu'il cherche à accomplir.
2. choisir aléatoirement K centroïdes c'est-à-dire les centres de clusters.
3. Calculer la distance entre les points de données et les centres de chacun des clusters en utilisant soit la méthode classique basée sur la distance euclidienne ou autre.
4. Affecter chaque point de données au cluster dont il est le plus proche de son centroïde (distance minimale).
5. Choisir une autre fois K centroïdes.
6. Répéter les étapes 3, 4 et 5 jusqu'à atteindre le nombre d'itérations fixé au départ ou bien stabilisation des centroïdes.

Il faut savoir que pour un même jeu de données, K-means peut trouver des clusters différents, étant donné que le choix des tous premiers K centroïdes se fait de façon aléatoire [1]. La figure ci-dessous montre l'effet d'application de K-means.

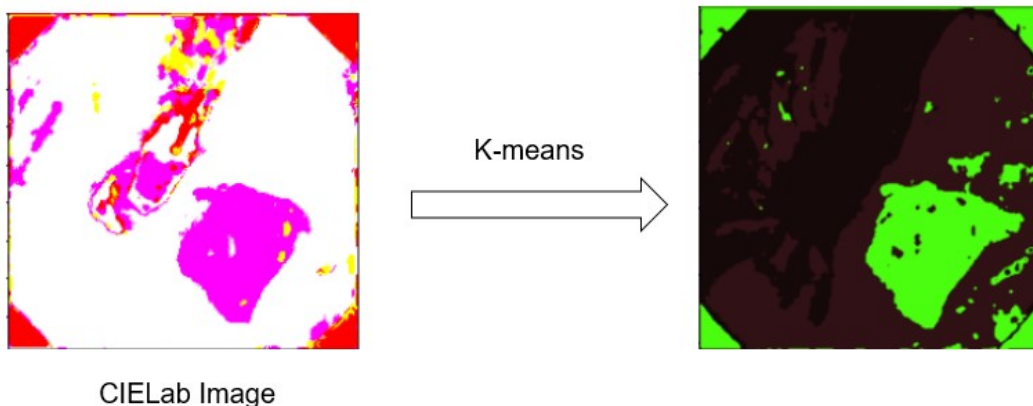


FIGURE 9 – Application de K-means sur notre image CIELAB

Nous allons ensuite appliquer un thresholding sur l'image obtenu, on va donc avoir la zone du polype en blanc et le reste en noir. La figure ci-dessous montre l'effet d'application d'un seuillage sur l'image K-means.

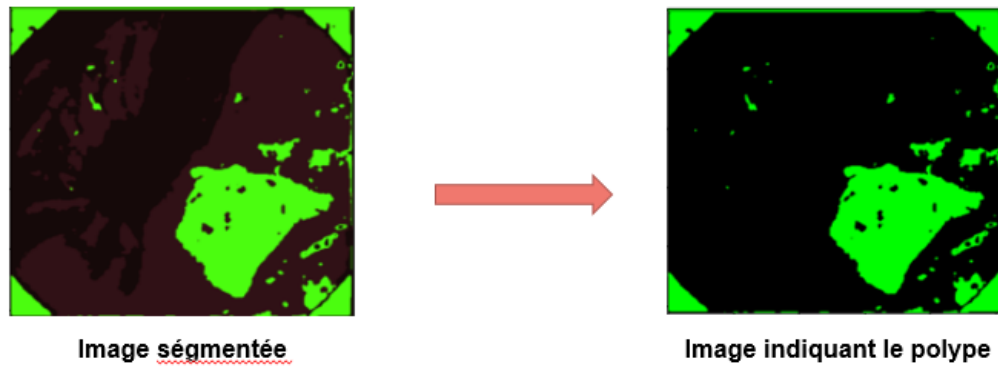


FIGURE 10 – Application d'un seuillage sur l'image K-means

Ensuite, nous allons appliquer une fermeture sur l'image threshold. La figure ci-dessous montre le résultat de la binarisation sur l'image.

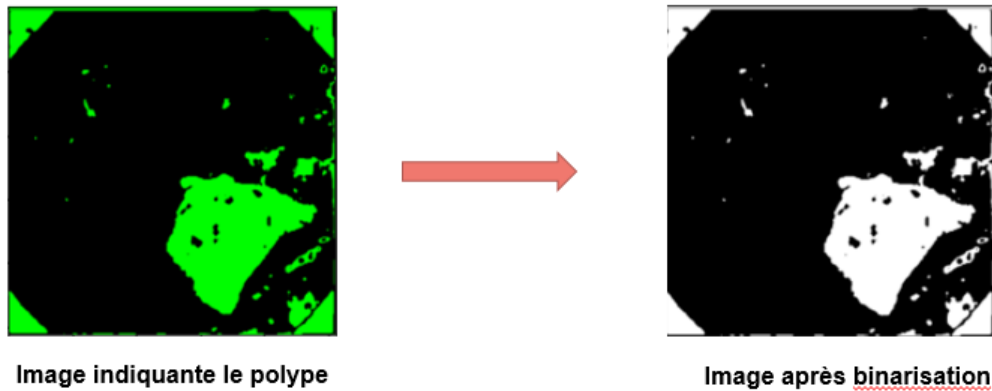


FIGURE 11 – La binarisation de l'image

La fermeture est une opération qui implique l'utilisation de deux filtres morphologiques dans cet ordre : dilatation suivie d'une érosion.

Les filtres morphologiques sont des filtres qui s'intéressent à la forme plutôt qu'au détail.

Dilatation : Il s'agit d'effectuer un balayage de l'image par un élément structurant (fenêtre) avec utilisation du OU logique entre les voisins d'un pixel. On place le centre de la fenêtre sur le pixel courant et on effectue un OU logique sur les pixels environnants. Si le résultat est 1, le pixel est mis à 1 sinon le résultat est 0, le pixel est conservé.

L'application du filtre dilatation va élargir l'épaisseur de contour, fermer les trous et remplit les vides pour avoir que la partie polype. La figure suivante montre le résultat d'application d'une dilatation.

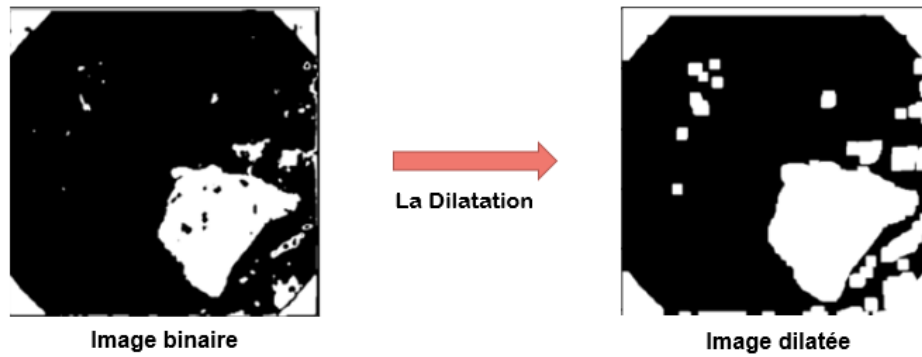


FIGURE 12 – Application de la dilatation

Erosion : Il s'agit d'effectuer un « et » logique entre les voisins d'un pixel. On place le centre de la fenêtre sur le pixel courant. On effectue un ET logique sur les pixels environnants. Si le résultat est 1, le pixel est conservé, si le résultat est 0, le pixel est mis à 0. L'application du filtre erosion va réduire l'épaisseur des objets et élargir les trous et les vides. La figure suivante montre le résultat d'application d'erosion sur l'image.

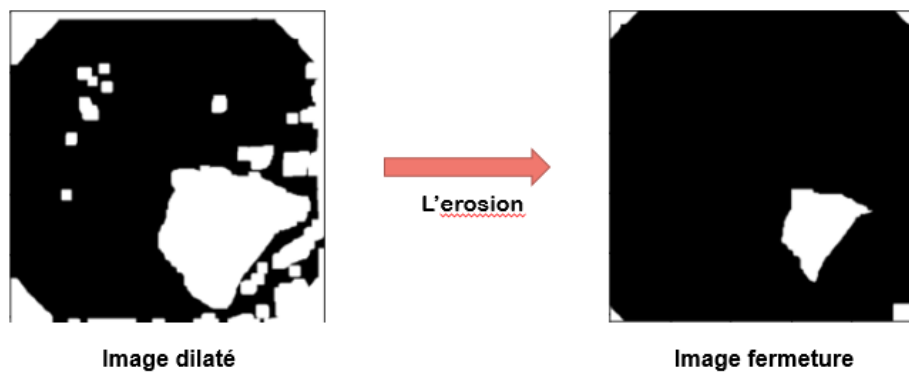


FIGURE 13 – Application de la fermeture

On va maintenant transformer l'image obtenu dans la fermeture au format RGB. La figure ci-dessous montre le résultat de transformation

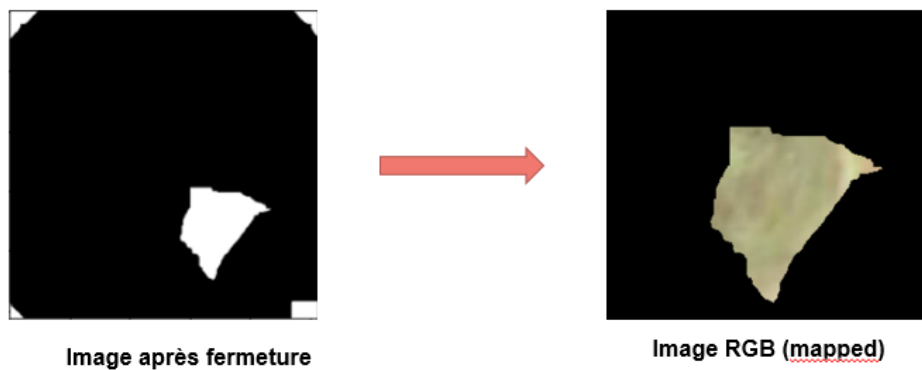


FIGURE 14 – Transformation en RGB

3 Conclusion

La ségmentation est une des techniques les plus utilisées en vision par ordinateur. Nous avons tout au long de ce projet voulu reproduire la démarche introduite par les auteurs dans le but de détecter des infections testinales (polype), nous avons utilisé le domaine de couleur **CIELAB** pour séparer la zone du polype du reste de l'image, ensuite l'utilisation de l'approche K-means afin de segmenter notre polype du reste de l'image.

Nous avons obtenu des résultats remarquables lors de notre expérimentation. Cependant, sur des images ayant des déformations importantes ou bien des régions à forte reflets car n'oublions pas que les images du dataset sont des images prises dans un intestin. De ce fait même si on augmente plus le contraste d'une image, il se peut qu'au bout d'un certain seuil nous déformons l'image plus que nous l'améliorons. Afin d'y remédier, les auteurs ont ajouté une deuxième étape fondamentale dans leur recherche, cette méthode (approche) repose sur la construction d'un réseau de neurones convolutif aussi appelé "**CNN**", ces méthodes sont des méthodes de intelligence artificielle très utilisées dans le domaine de la vision par ordinateur, pour faciliter les choses disant que ces réseaux vont suivre un entraînement sur un ensemble d'images, afin de créer un modèle qui pourra affirmer si une zone est un polype ou non.

Ce sujet est très important, pas seulement dans le but de développer l'informatique ou de voir si une approche est mieux qu'une autre, mais elle est importante dans le sens où on peut sauver des vies humaines si on arrive à repérer ces infections à temps.

La réalisation de ce projet nous a permis d'assimiler les différentes notions abordées en cours, comme le pré-traitement d'image (application des filtres), la couleur et nous avons pu nous approfondir encore plus sur la notion de ségmentation.

Les membres du projet :



FIGURE 15 – LABCHRI Amayas



FIGURE 16 – KOULAL Yidhir Aghiles



FIGURE 17 – BAROUD Yasmine



FIGURE 18 – ABCI Fatima

Bibliographie

- [1] Chandan K. Reddy CHARU C. AGGARWAL. *Data Mining and Knowledge Discovery*. Data Mining and Knowledge Discovery Series. University of Minnesota Department of Computer Science and Engineering Minneapolis, Minnesota, U.S.A.
- [2] *Cielab transform*. cielab. URL : <http://www.bruce.lindbloom.com/>.