

Analyse d'image : caractérisation de textures d'images de gels lactés

Olivier Hibon

encadrants : David Legland et Xavier Gandibleux

Institut National de Recherche Agronomique
UMR Génie et Microbiologie des Procédés Alimentaires
Avenue Lucien Brétignières
CBAI - LGMPA BP 1
78850 THIVERVAL-GRIGNON – France
olivier.hibon@etu.univ-nantes.fr

Résumé Ce document présente des méthodes d'analyse d'images adaptées à la caractérisation de textures de gels lactés dans le but d'alimenter des modèles d'aliments. Les plages de pixels et les matrices de cooccurrence décrivent indifféremment les structures sombres ou claires à travers des attributs synthétiques. La covariance permet d'étudier l'organisation relative de deux structures identifiées d'un gel. La granulométrie par morphologie mathématique permet de mesurer une taille caractéristique de particule. Nous proposons des innovations en terme de méthode puis une critique des outils à travers des applications sur deux types de gel.

Remerciements

Je tiens à remercier David d'avoir bien voulu m'encadrer durant ce stage et pour ses précieux conseils. Merci à Nathalie, Sébastien, Julie, Alain et Steven pour leur forte contribution en connaissance des gels lactés, en idées, questions et critiques constructives. Merci à tous les autres collègues pour l'ambiance de travail conviviale.

1 Introduction

L'institut national de la recherche agronomique (INRA) est un organisme de recherche français. Il mène des recherches pour une alimentation saine et de qualité, pour une agriculture durable et compétitive, et pour un environnement préservé et valorisé ¹. L'Inra est, dans son domaine, le premier au niveau européen et le second au niveau mondial en terme du nombre de publications en sciences agricoles et en sciences de la plante et de l'animal. L'UMR Génie et microbiologie des procédés alimentaires (GMPA), basée à Grignon, mène un travail de recherche multidisciplinaire centré sur la connaissance, la caractérisation et l'amélioration de la qualité des produits alimentaires obtenus par fermentation. Cette unité travaille avec d'autres laboratoires sur des projets communs comme DREAM.

¹ <http://www.inra.fr>

Contexte du stage DREAM est un projet de recherche européen trans-disciplinaire dont le but est de développer des modèles standards d'aliments. Ceux-ci ont pour vocation de faciliter l'étude de la qualité nutritive et des risques/bénéfices dans la recherche et l'industrie agro-alimentaire. Ces modèles physiques et mathématiques doivent être réalistes et génériques. C'est à dire qu'ils doivent réaliser une description dynamique complète du processus de fabrication en utilisant les dernières innovations en science cognitive et systèmes complexes.

Les différents volets de DREAM sont répartis en huit *work packages* (WP) qui sont traités avec le concours de dix-huit laboratoires européens, publics et privés, et de deux multi-nationales (*Bongrain SA* et *United Biscuits Limited*). L'UMR GMPA intervient sur deux WP. Le WP4 concerne le développement proprement dit des modèles de gels lactés et le WP1 traite l'intégration et la reconstruction de connaissances à partir de modèles de différentes disciplines scientifiques et d'expertises techniques.

Dans le cadre du WP4, nous nous proposons d'analyser des images de gels lactés en extrayant des caractéristiques afin d'alimenter les modèles mathématiques. Ainsi, en relation avec les modélisateurs et les experts en gels lactés, nous allons déterminer quels sont les paramètres à extraire des images puis concevoir, développer et valider les outils adéquats. Dans l'idéal, ces paramètres doivent être reliés à des caractéristiques physiques, en particulier rhéologiques, pour faciliter leur interprétation et leur intégration dans les modèles.

Les gels lactés Un gel lacté est produit à partir de lait naturel ou recomposé contenant :

- perméat de lait (eau et chlorure de sodium)
- protéines sériques (solubles) et caséines (en suspension dans l'eau)
- lipides (matière grasse)

auxquels on peut rajouter de l'amidon (empois d'amidon de maïs cireux réticulé), mais aussi des carraghénanes ou d'autres agents gélifiants..

Ces gels sont dit *particulaires*, c'est à dire qu'ils sont formés par une agrégation de particules qui les composent (qui peuvent être elles-mêmes des agrégats de particules individuelles).

Les procédés de fabrication des laboratoires participants au projet sont tous différents mais ils comprennent le déclenchement et le contrôle d'une suite de quatre phénomènes importants pour la formation du gel. Ce sont ces phénomènes qui seront modélisés :

1. Traitement thermique (*TT*) : dénaturation des protéines sériques et formation d'agrégats
2. Acidification : formation de réseaux de caséines
3. Homogénéisation : formation de microstructures
4. Refroidissement : formation du gel final

Durant le processus de fabrication, des échantillons sont prélevés et des images sont enregistrées à travers un microscope confocal (CLSM pour *Confocal Laser Scanning Microscopy*) ou un microscope électronique à transmission (TEM

pour *Transmission Electron Microscopy*). On peut donc obtenir des images de gels très différentes selon le traitement qu'ils ont subi et leurs compositions.

Des images de textures de gel L'organisation microscopique d'un gel évolue très fortement durant sa fabrication puisque l'on part d'une solution pour arriver à des structures microscopiques et macroscopiques. Les textures que nous analyserons seront donc très variées comme on peut le voir sur la figure 1 page suivante.

Les images 1(a) et 1(b) montrent une solution de sérum d'albumine bovin 2 (SAB 2) ayant subi un traitement thermique. La seconde contient de la pectine, un agent gélifiant. On voit bien une nette différence par rapport à la première : il y a une agrégation des protéines et le début de la formation d'un réseau. Au contraire, la première ne présente aucune structure apparente.

L'image 1(c) est celle d'une solution contenant des protéines issues du lactosérum (WPI pour *Whey Protein Isolate*) et des grains d'amidon de maïs cireux réticulé (CWMS pour *Cross-linked Waxy Maize Starch*). Les grains d'amidon apparaissent en sombre et les agrégats de protéines en blanc, répartis majoritairement dans la phase inter-granuleuse tandis qu'une partie paraît adsorbée par l'amidon. Le fond de l'image, en gris, est la suspension de protéines dans l'eau.

Enfin l'image 1(d) permet d'observer l'interface des globules gras contenus dans un gel lacté. Les espaces libres étaient occupés par les lipides qui ont été évacués pendant la phase de préparation à l'observation. Cette phase a aussi introduit des artefacts (les points les plus sombres). Les agrégats sombres sont les micelles de caséines.

Comme on peut le voir sur les images 1(a), 1(b) et 1(d), on a du mal à distinguer les particules les unes des autres. C'est à dire qu'elles présentent des variations à une échelle inférieure à notre échelle d'investigation [26].

C'est pourquoi on se propose de décrire ces images en utilisant des outils d'analyse de texture.

Nous allons d'abord présenter un état de l'art de la caractérisation de texture. Celui-ci ne se veut pas exhaustif mais présente les méthodes qui nous ont semblé les plus aptes à résoudre notre problématique. Les notions de base de l'analyse d'images sont rappelées en annexe. Ensuite nous aborderons l'implémentation des outils permettant de mettre en œuvre les méthodes déjà existantes sélectionnées mais aussi les contributions que nous y apportons. Nous mettrons ensuite en application les méthodes d'analyse sur deux types de gels lactés. Enfin, nous conclurons ce rapport en faisant un bilan des méthodes employées ainsi que des travaux en cours et des perspectives qu'ils ouvrent.

2 Etat de l'art

Analyse de texture et analyse d'image Il faut considérer que l'analyse de texture est différentes de l'analyse dite d'image, qui consiste à caractériser la taille et la forme des particules. Analyser une texture signifie chercher et quantifier les corrélations et relations entre les niveaux de gris des pixels en fonction de la distance qui les sépare. Ces relations ne sont pas toujours faciles à interpréter.

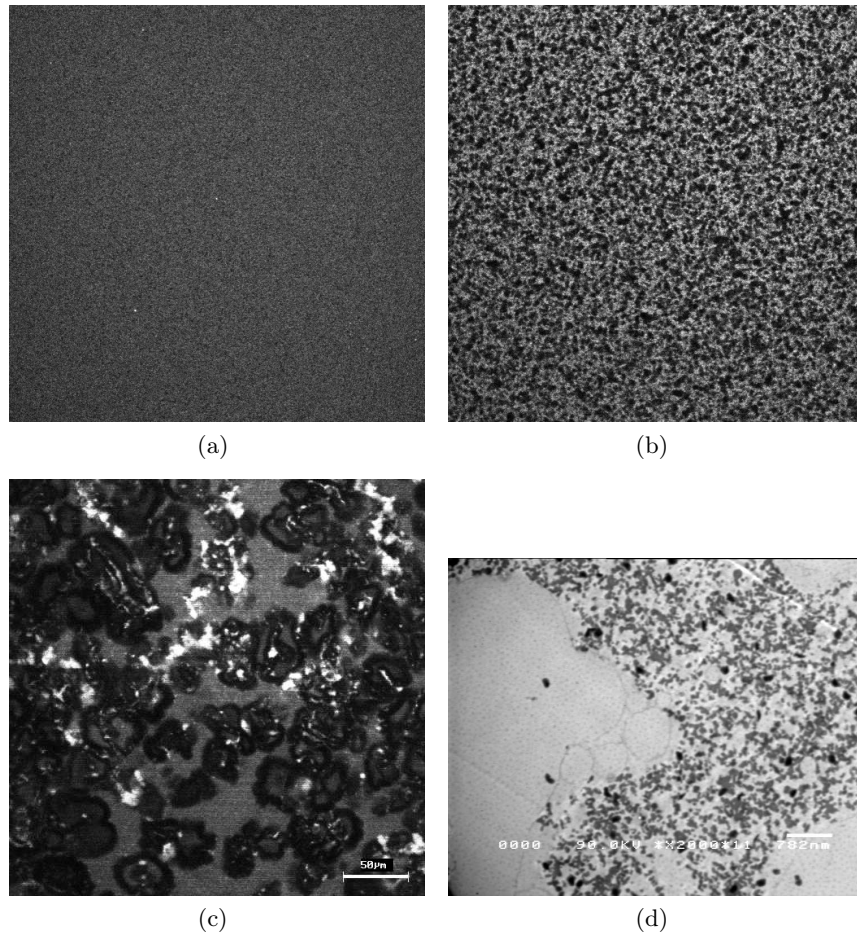


FIG. 1: Textures de gels obtenus avec différentes formulations : (a) SAB 2 et $TT - CLSM$, (b) SAB 2 / pectine 0.21% et $TT - CLSM$, (c) 0.5% WPI / 3% CWMS - CLSM, (d) interface d'un globule de gras - TEM

Pour ce faire, il est possible de s'entraîner sur des images synthétiques ou sur des images pour lesquelles il existe des connaissances d'expert.

2.1 Méthodologie générale

Initialement, l'analyse de texture s'est appuyée sur les statistiques du premier ordre données par l'*histogramme des niveaux de gris*. Elles donnent une bonne description des niveaux de gris comme la moyenne, la variance, l'asymétrie, etc (*cf* A.3). C'est donc une caractérisation de la distribution des pixels en niveaux de gris, mais qui ne prend pas en compte la distribution spatiale des pixels [10].

Julesz (1962) avait postulé que l’œil humain ne pouvait pas discriminer deux textures si celles-ci possédaient les mêmes distributions de probabilité pour le premier et le second ordre. Même s’il a trouvé lui même des contre-exemples [17], les statistiques de premier et de second ordre sont les plus utilisées pour la caractérisation de texture, en particulier à travers les méthodes de *plages de pixels* (cf 2.2) et les *matrices de cooccurrences* (cf 2.3).

Nous présenterons ensuite l’utilisation de la morphologie mathématique (cf 2.4), pour construire des courbes granulométriques, inspirée des méthodes d’étude de la *granulométrie* des particules en géologie. Nous pourrions ainsi quantifier la distribution en taille des objets ou particules présentent dans l’image. Cette méthode peut être employée après segmentation, lorsque tous les éléments sont classifiés, mais aussi sur les images en niveaux de gris. Les résultats ne dépendent alors plus de la technique et de la qualité de la segmentation/classification de l’images.

La texture d’un gel dépend en partie de sa micro-structure qui est résultante des interactions entre ses constituants. Nous avons donc besoin d’étudier l’organisation spatiale d’une structure ou l’organisation relative de deux structures. La *covariance* et la *covariance croisée* sont des outils, là encore issus de la morphologie mathématique, adaptés à ces besoins (cf 2.5).

2.2 Longueurs de plage

La matrice des isosegments, ou plages (en anglais GLPRM : Gray Level Pixel-Run Matrix), est un outil intéressant pour l’analyse d’images. Les résultats ne sont pas toujours probants mais sa simplicité de mise en œuvre en fait un outil populaire. Nous allons d’abord expliquer la construction des isosegments, puis nous présenterons les deux approches permettant d’exploiter cette construction.

Un isosegment est un ensemble de pixels consécutifs dans une direction donnée θ ayant le même niveau de gris, modulo un seuil T de variation maximale au sein d’une plage choisi par l’utilisateur [34]. On choisit en général les directions orthogonales (0° , 90°) ou diagonales (45° , 135°).

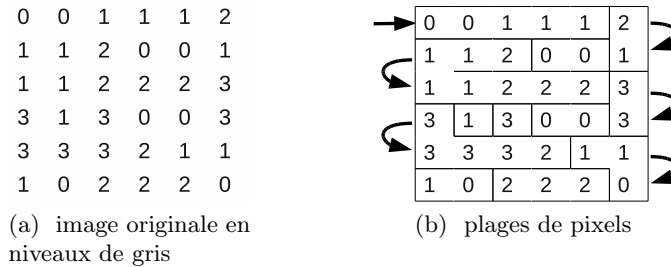


FIG. 2: Illustration de la construction des plages de pixels pour la direction $\theta = 0$ et le seuil $T = 1$

À partir de cette construction, on peut s'intéresser à la longueur moyenne d'une plage de pixels, l'écart type, la variance, etc. Cela peut donner des indications utiles pour discriminer des images mais il n'est pas trivial de relier ces attributs à des caractéristiques physiques.

La démarche classique d'analyse consiste à stocker les informations de plages de pixels dans une matrice $Q(k, l)$ où k est le niveau de gris représentatif d'une plage de pixels et l est la longueur de la plage [12]. Le niveau de gris représentatif peut être le niveau moyen, médian, etc. des pixels de la plage. À partir de $Q(k, l)$, on calcule plusieurs attributs synthétiques permettant de caractériser l'image. Les deux plus parlants sont : la *non-uniformité*, calculée par

$$\frac{\sum_k (\sum_l Q(k, l))^2}{\sum_k \sum_l Q(k, l)}$$

qui quantifie la distribution des niveaux de gris, et le *pourcentage de plage*

$$\frac{\sum_k \sum_l Q(k, l)}{\sum_k \sum_l l \times Q(k, l)}$$

qui quantifie l'aspect granuleux de l'image.

Le paramètre de seuil T permet d'analyser l'image à différents niveaux de détails [13]. Trouver la ou les valeurs les plus significatives a un fort impact sur la qualité des résultats. Il n'existe pas, dans la littérature, de méthode pour trouver la valeur optimale [34]. C'est pourquoi nous avons choisit de faire varier T pour observer l'évolution des attributs en fonction du seuil. Cette évolution peut ensuite être synthétisée par une pente à l'origine, une exponentielle, etc.

On peut jouer sur le paramètre d'angle θ de deux manières : si l'image présente des changements de directions, on fixe $\theta = 0$ [14]. En revanche, dans le cas d'image à caractère anisotrope, on fera prendre à θ toutes les valeurs de son ensemble de définition [9].

Le calcul des plages de pixels se fait rarement à partir de l'image originale. Le nombre de niveaux de gris de l'image est en général important (255) donc on le réduit à une valeur beaucoup plus faible comme 16, 32, etc. C'est un paramètre sur lequel il est possible de jouer, en concordance avec le seuil, pour analyser l'image à différentes échelles.

2.3 Matrice de cooccurrence

Les matrices de cooccurrence sont un des outils les plus utilisés pour effectuer une analyse statistique d'une image, en particulier pour celles de type texture. Le principe général est de calculer le nombre de transitions entre niveaux de gris.

Construction de la matrice de cooccurrence La matrice de cooccurrence MC_t de la région R d'une image I est construite pour tout couple de niveaux de gris (i, j) de la façon suivante :

$$MC_t(i, j) = \text{card}\{(s, s + t) \in R^2 | I(s) = i, I(s + t) = j\}$$

C'est à dire que pour un vecteur t donné, on compte le nombre de transitions d'une valeur de gris i à une valeur de gris j , et on référence cette valeur dans la matrice des transitions. En pratique, on réduit le nombre de niveaux de gris L à 16 ou 32 [27]. MC_t est donc une matrice $L \times L$.

Une matrice de cooccurrence MC est fonction de deux paramètres : θ est la direction du vecteur dont l'origine et l'extrémité sont deux pixels et d est la distance entre les deux pixels. On choisit $\theta \in \{0^\circ, 45^\circ, 90^\circ, 135^\circ\}$ et d selon la résolution et le type de texture.

Si on a des informations sur une taille moyenne des particules présentes sur l'image, on peut prendre d de cet ordre. En cas de manque d'information, on choisira $d = 1$ [34] ou un groupe de différentes valeurs [20]. On notera t le vecteur défini par (θ, d) .

On peut comparer les trois textures de gels présentées en figure 3 page suivante. Leurs surfaces de cooccurrence sont nettement différentes. La matrice de cooccurrence de la texture 3(e) est la seule dont les valeurs non-nulles sont réparties sur toute la surface alors que pour les textures 3(a) et 3(c), ces valeurs restent au voisinage de la diagonale. Cela traduit pour cette première un contraste plus élevé, c'est à dire un grand nombre de transitions entre des niveaux de gris très différents. Les valeurs non-nulles de la matrice de cooccurrence de la texture 3(a) sont moins étalées sur la diagonale que celles de la texture 3(c) ce qui nous permet de dire que la dynamique est plus faible.

Exploitation de la matrice de cooccurrence L'analyse visuelle des surfaces de cooccurrence n'est ni évidente pour l'humain, ni facilement manipulable par un ordinateur. C'est pourquoi on préfère s'intéresser à des attributs numériques calculés directement à partir de la matrice de cooccurrence. Ils sont appelés *indices de texture du second ordre*. Haralick a proposé 14 attributs pouvant être extraits [16]. Nous décrirons les plus importants. Lorsqu'on échoue à caractériser une texture avec ceux-ci, alors on emploie aussi ceux qui ne sont pas décrits ici [34].

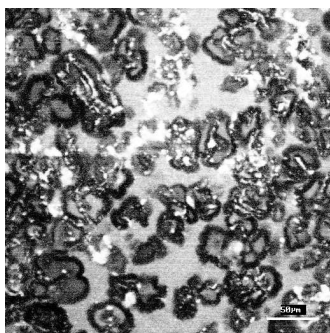
Enfin il y a deux écoles pour rendre les indices de plusieurs images comparables :

Normaliser la matrice de cooccurrence : on la normalise par la fonction

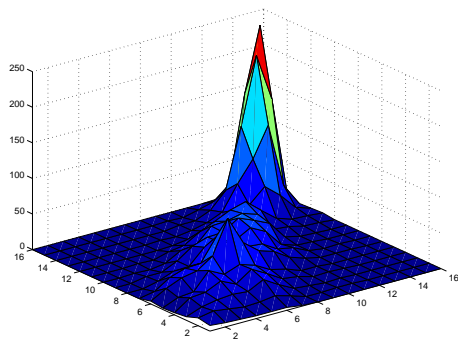
$$MC_{t,s}(i, j) = \frac{MC_t(i, j)}{S}$$

où le paramètre de normalisation S est généralement $N_c = \sum_i \sum_j MC_t(i, j)$ [29]. Les ensembles de définition des indices de texture sont alors connus.

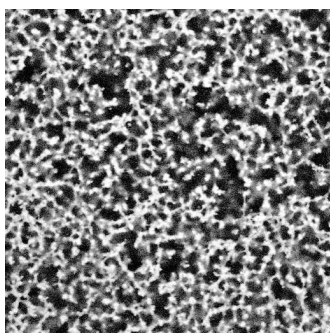
Calculer des indices de textures normalisés : la matrice de cooccurrence n'est pas normalisée mais chaque indice de texture l'est. Tous les ensembles de définitions des attributs sont identiques et égales à $[0, 1]$ [5]. C'est cette approche que nous allons présenter.



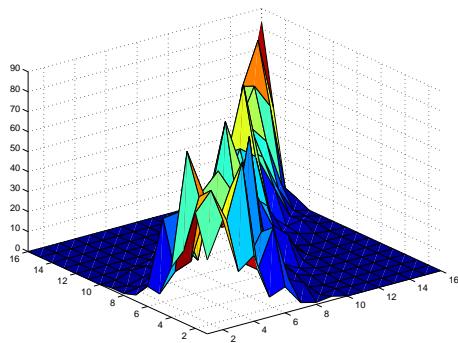
(a) 1,5% WPI / 3% CWMS



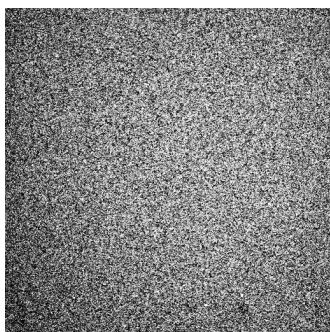
(b) matrice de cooccurrence de 1,5% WPI / 3% CWMS



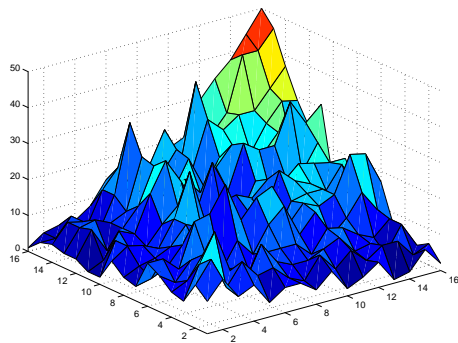
(c) SAB2 pectine 0,21%



(d) matrice de cooccurrence de SAB2 pectine 0,21%



(e) SAB2 pectine 0%



(f) matrice de cooccurrence de SAB2 pectine 0%

FIG. 3: matrices de cooccurrence de textures de gel calculées sur une fenêtre de 60×60 pixels pour $t = (0, 1)$ sur 16 niveaux de gris

Notation 1 Le nombre de couple $(s, s+t)$ d'une région R :

$$N_c = \sum_i \sum_j MC_t(i, j)$$

Notation 2 Moyennes pondérées en ligne ou en colonne :

$$m_x = \frac{1}{N_c} \sum_i \sum_j i \times MC_t(i, j)$$

$$m_y = \frac{1}{N_c} \sum_i \sum_j j \times MC_t(i, j)$$

Notation 3 Variance en ligne ou en colonne :

$$\sigma_x^2 = \frac{1}{N_c} \sum_i \sum_j (i - m_x)^2 MC_t(i, j)$$

$$\sigma_y^2 = \frac{1}{N_c} \sum_i \sum_j (j - m_y)^2 MC_t(i, j)$$

Definition 1. Homogénéité

$$\frac{1}{N_c^2} \sum_i \sum_j (MC_t(i, j))^2$$

L'homogénéité traduit le fait que l'on rencontre souvent ou non le même couple de pixels séparés par la translation t . Elle est élevée si l'image est un niveau de gris uniforme ou quand l'image est à motif de période d dans la direction θ .

Definition 2. Contraste

$$\frac{1}{N_c(L-1)^2} \sum_{k=0}^{L-1} k^2 \sum_{|i-j|=k} MC_t(i, j)$$

Le contraste est important quand on passe souvent d'un niveau de gris faible (resp. élevé) à un niveau de gris élevé (resp. faible). Cela est ici traduit en pondérant fortement les valeurs de MC_t éloignées de la diagonale. Inversement, le contraste est faible lorsque les termes de la matrice sont concentrés dans le voisinage de la diagonale.

Definition 3. Entropie

$$1 - \frac{1}{N_c \ln(N_c)} \sum_i \sum_j MC_t(i, j) \ln(MC_t(i, j)) \mathbb{1}_{MC_t(i, j)}$$

$$\text{où } \mathbb{1}_{MC_t(i, j)} = \begin{cases} 1 & \text{si } MC_t(i, j) \neq 0 \\ 0 & \text{sinon} \end{cases}$$

L'entropie caractérise la dispersion en espace et en valeurs des valeurs non-nulles dans MC_t . Elle est faible si les quelques couples de pixels sont bien représentés, et forte si la plupart des couples de pixels le sont peu. Cela donne donc une indication du désordre que l'on peut trouver dans l'image.

Definition 4. *Corrélation*

$$\frac{1}{N_c \sigma_x \sigma_y} \left| \sum_i \sum_j (i - m_x)(j - m_y) MC_t(a, b) \right|$$

La corrélation mesure les dépendances linéaires des pixels (*ie.* en ligne et en colonne).

Definition 5. *Directivité*

$$\frac{1}{N_c} \sum_i MC_t(i, i)$$

La directivité est importante si il y a de nombreux pixels de même niveaux de gris séparés par la translation t .

Definition 6. *Uniformité*

$$\frac{1}{N_c^2} \sum_i MC_t^2(i, i)$$

Cet indice est d'autant plus faible que les valeurs non-nulles de la diagonale de MC_t sont équiréparties. Plus l'indice est élevé, plus le nombre de niveaux de gris renvoyant à eux même par la translation t est faible.

Travailler avec un unique vecteur t donne des résultats dépendants des deux paramètres θ et d marquant donc un comportement anisotrope. Le choix de d a déjà été abordé plus haut mais pas celui de θ . En pratique, on calcul plusieurs matrices de cooccurrences par un choix de plusieurs valeurs de θ [10]. Les résultats sont plus complexes à étudier puisqu'on se retrouve devant un nombre d'indices de texture important. De plus, les attributs présentent des inter-dépendances.

2.4 Granulométrie par morphologie mathématique

La granulométrie est l'étude de la distribution statistique des tailles de particules. Cette discipline s'inspire de l'analyse granulométrique à base de tamisages successifs employée en géologie. Elle consiste à faire passer des éléments de matière finis ou fractionnés au travers de mailles calibrées de tamis. Les tamis sont superposés par tailles de mailles croissantes (plus large en haut et plus fin en bas). On mesure la quantité de matière retenue sur chaque tamis. Cette méthode de mesure est :

anti-extensive car ce qui est retenu par un tamis ne peut être qu'un sous-échantillon de l'échantillon d'entrée.

croissante car si on tamise seulement une partie P d'un échantillon E , on obtient un sous-échantillon de ce que l'on aurait obtenu en tamisant E .

idempotente car tamiser deux fois le même échantillon par le même tamis donne le même résultat.

Relation entre tamisages successifs et filtre morphologique Comme nous l'avons vu en A.1, l'ouverture morphologique est anti-extensive, croissante et idempotente. On a donc un parfait parallèle entre ces deux méthodes que l'on peut expliquer intuitivement de la façon suivante : nous avons vu que le filtrage d'une image par ouverture morphologique fait disparaître les objets qui sont plus petits que l'élément structurant, et ne modifie que légèrement les objets plus grand. Nous pouvons donc remplacer les tamis par une succession d'ouvertures morphologiques. Le calibre des mailles est remplacé par la taille et la forme de l'élément structurant [30].

La quantité de matière retenue dans un tamis est mesurée par la masse. Pour l'analyse granulométrique d'image, on emploie la mesure suivante :

Definition 7. Soit I une image en niveaux de gris de dimension $n \times m$. La quantité

$$\sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^m I(i, j)$$

est appelé volume de l'image et sera notée V_I

La courbe est ensuite normée et dérivée de la façon suivante :

$$g(i) = \frac{V_I(i) - V_I(i + 1)}{V_I(initial) - V_I(final)}$$

où $V_I(initial)$ est le volume original de l'image $V_I(final)$ est le volume après la dernière érosion.

Exploitation de la courbe de granulométrie La courbe de granulométrie présente des inflexions qui sont synonymes d'une disparition de particules d'une certaine taille. C'est pourquoi on porte plus d'attention à la dérivée de la fonction. Un maximum local de la dérivée pour une taille d'élément structurant correspond à un nombre important d'objets de taille équivalente. On peut voir deux pics sur la figure 4(b) : on peut donc estimer qu'un grand nombre d'objets ont un diamètre de 19 pixels ou 37 pixels. En pratique les pics ne sont pas si prononcés et il est parfois difficile d'interpréter la courbe. De plus, des objets peuvent se recouvrir partiellement. Cette méthode présente toutefois l'avantage de ne pas nécessiter de segmentation ni de classification. Une image en niveaux de gris est directement exploitable.

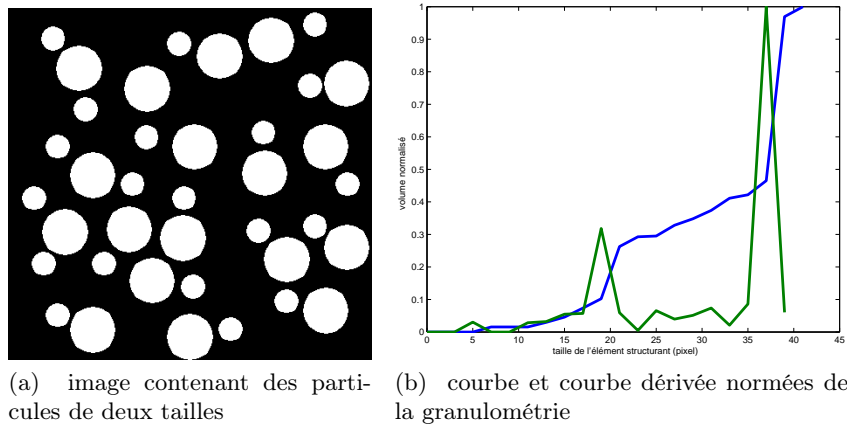


FIG. 4: Illustration de l'analyse granulométrique par morphologie mathématique

Le choix de l'élément structurant Comme nous l'avons vu, l'étude de la granulométrie par morphologie mathématique consiste à faire grossir un élément structurant petit à petit. Le choix de la forme est totalement libre du moment qu'il reste connexe. Selon que l'on souhaite étudier l'anisotropie d'une image ou non, l'élément structurant sera orienté ou non.

Par exemple, l'étude de l'orientation générale d'une structure fibreuse peut se faire par l'analyse granulométrique par morphologie avec un élément structurant de type segment orienté d'une épaisseur donnée. Notons que la discrétisation d'un segment orienté pose quelques problèmes en pratique, c'est pourquoi on se restreint en général aux directions 0° , 45° , 90° et 135° .

Pour une étude de la granulométrie indépendante de l'orientation, on choisit un élément structurant en forme de disque. Mais là encore, travailler avec une représentation discrète d'un disque n'est pas simple. Il existe de plusieurs méthodes pour approcher un disque continu mais toutes ne respectent pas le critère d'absorption. La recherche d'une approximation la plus isotrope respectant le critère d'absorption est une tâche délicate [30]. En pratique, on utilise une mauvaise approximation : le carré.

Exemple d'application Nous nous intéressons à la cinétique de l'accroissement de la porosité d'un gel laitier (de type présure) qui est connue pour s'opérer dans les heures suivant sa formation [22]. Très peu de méthodes permettent de quantifier ce phénomène de manière continue, si ce n'est la diffusion d'une molécule sonde par résonance magnétique nucléaire (RMN) dans la micro-structure du gel. Mais c'est une technique extrêmement coûteuse. La majorité des articles ont donc recours à une analyse visuelle d'images de microscopie. L'observation visuelle est subjective et qualitative. Elle n'est donc pas suffisante pour quantifier le phénomène.

Des images de microscopie électronique à balayage (MEB) sont effectuées 1h30, 4h30, 6h15 et 22h après gélification (*cf* figure 5). Une analyse granulomé-

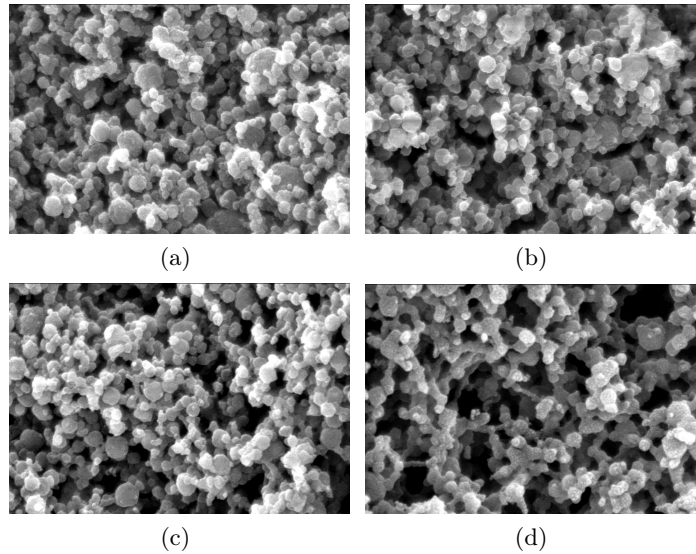


FIG. 5: Images de gels présures en refroidissements – microscope électronique à balayage (MEB) – au bout de : (a) 1h30, (b) 4h30, (c) 6h15, (d) 22h. (Extrait de [19])

trique est effectuée sur les images (2 images pour 5(a), 5(b) et 5(c), 3 pour 5(d)). Les courbes des dérivée de la granulométrie des images moyennes sont présentées figure 6 page suivante. Elles montrent qu'au bout de 4h30, le gel contient moins de trous de 10 à 14 μm de diamètre qu'à 6h15 mais plus qu'à 1h30. Cet ordre s'inverse pour les trous de taille supérieur. De plus, au bout de 22h, le gel contient moins de trous de 15 à 80 μm de diamètre qu'avant mais plus de trous de 105 à 140 μm de diamètre.

Ces mesures corroborent bien la connaissance empirique du phénomène concernant l'augmentation de la taille des trous au cours du temps qui suit la fin de la fabrication du gel. Enfin, sans plus rentrer dans les détails, le taux d'augmentation du diamètre des trous que l'on peut estimer est du même ordre que celui mesuré par la diffusion RMN.

La granulométrie par morphologie mathématique est donc un outil performant pour estimer un taille caractéristique de particules ou de trous d'une texture, et ce malgré les multiples biais de la mesure (technique de microscopie nécessitant de sécher l'échantillon, élément structurant carré, etc.).

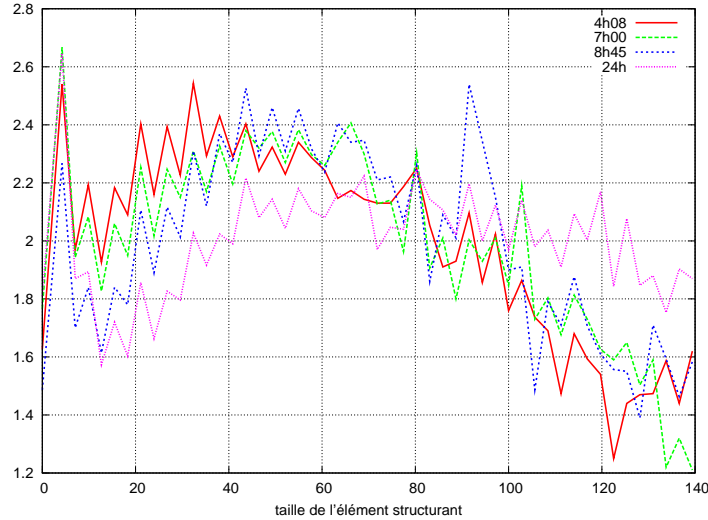


FIG. 6: Dérivée de la courbe de granulométrie : fermeture morphologique – disparition des trous – échelle en μm

2.5 Covariance

La covariance est un outil issu de la morphologie mathématique (*cf* A.1 et A.1) qui permet d'étudier l'organisation générale d'une structure dans l'image. C'est donc une méthode employée pour l'analyse d'image segmentée : l'image est partitionnée en plusieurs régions qui sont regroupées par classes. On distingue la covariance simple, qui étudie la dispersion ou organisation en structure d'une classe, de la covariance croisée ou rectangle, qui étudie l'organisation relative des structures de deux classes [7].

Covariance simple Calculer la covariance est analogue à analyser la probabilité de deux pixels distants de r de faire partie de régions d'une même classe (on parlera indifféremment de classe ou phase). C'est le principe du « hit-or-miss » .

Definition 8. On définit le fond de l'image par rapport à une famille de classes considérées. Soit la famille de classe considérées C_i . Le fond de l'image est défini par $(\bigcup_{V_i} C_i)^c$.

Definition 9. La covariance d'une phase Y s'obtient en choisissant au hasard deux points distants de r sur l'image. Le nombre de couples ainsi choisis dont au moins l'un des deux éléments appartient au fond de l'image est $N(ref, r)$ et celui dont les éléments appartiennent à la phase considérée est $N(Y, r)$. L'estimation de la covariance est définie par :

$$\hat{C}_Y(r) = \frac{N(Y, r)}{N(ref, r)}$$

Lorsque $r = 0$, $\hat{C}_Y(r)$ est une estimation de la fraction volumique de la phase Y dans l'image puisque les deux points du « hit-or-miss » sont confondus : on détermine ainsi le rapport entre le nombre de pixels qui appartiennent à la phase et le nombre de pixels total de l'image.

À fraction volumique égale, la pente est d'autant plus grande que la structure est fine. En effet, dans le cas d'une structure épaisse, il faut un espace entre les deux pixels plus important avant que la probabilité que ceux-ci tombent sur des phases différentes ne décroisse.

Ensuite on peut observer des ondulations de la courbe si la structure se répète avec une certaine période. Ces ondulations sont d'autant plus accentuées que la période est marquée (*cf* figure 7 page suivante).

Lorsque r devient très grand, les deux événements « le point a tombe sur la phase Y » et « le point b tombe sur la phase Y » deviennent indépendants. Les probabilités associées à ces événements sont donc multipliées. On a donc

$$\lim_{r \rightarrow +\infty} = (\hat{C}_Y(0))^2$$

Cette limite est appelée *valeur de référence* (en anglais : *R-value*) car c'est la covariance attendue d'une phase à la structure complètement aléatoire [28]. Lorsque l'asymptote de la covariance s'écarte de l'asymptote théorique, on peut subodorer qu'il existe une macrostructure plus grande que le masque de mesure. Mais quand elle atteint l'asymptote théorique, on ne peut pas pour autant affirmer qu'il n'existe pas de macrostructure plus grande que le masque de mesure.

On voit donc que la courbe de covariance permet d'étudier quantitativement la dispersion d'une phase dans une image.

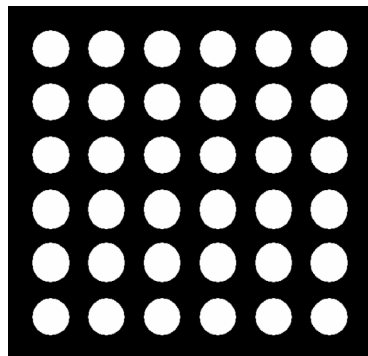
Covariance croisée ou rectangle Calculer la covariance croisée de deux phases est analogue à analyser la probabilité de deux pixels distants de r de faire partie de régions appartenant à chacune des phases.

Definition 10. La covariance croisée s'obtient en choisissant au hasard deux points distants de r sur l'image. Le nombre de couples ainsi choisis dont au moins un des deux éléments appartient au fond de l'image est $N(ref, r)$ et celui dont l'un des éléments appartient à la phase X et l'autre à la phase Y est $N(XY, r)$. L'estimation de la covariance croisée est :

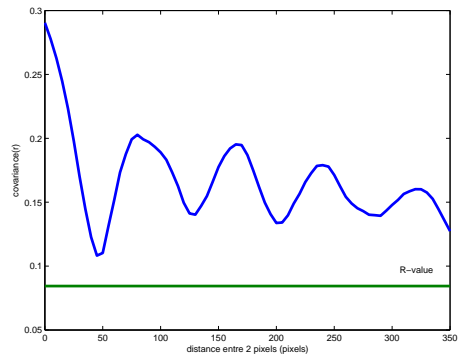
$$\hat{C}_{XY}(r) = \frac{N(XY, r)}{N(ref, r)}$$

Lorsque $r = 0$, $\hat{C}_{XY}(r) = 0$. En effet, les deux points du « hit-or-miss » sont confondus donc la probabilité qu'un point soit sur la phase X et l'autre sur la phase Y est nulle.

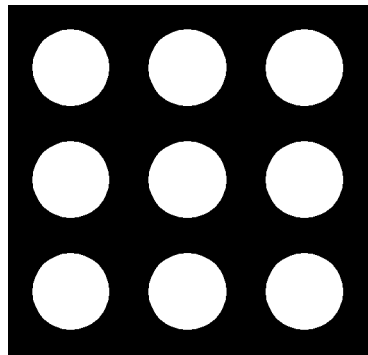
Lorsque la distance entre les points augmente, la probabilité que l'un des points soit sur la phase X et l'autre sur la phase Y augmente aussi. Lorsque



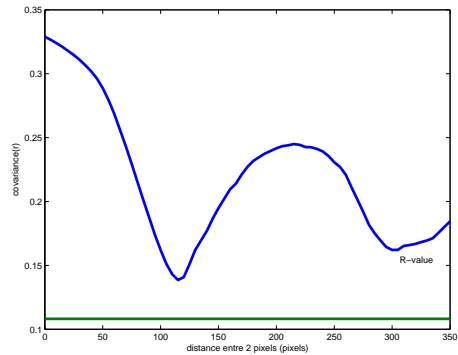
(a) réseaux de disques réguliers



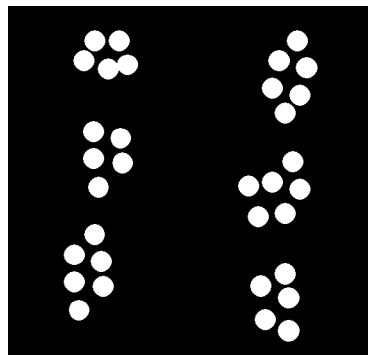
(b) courbe de covariance



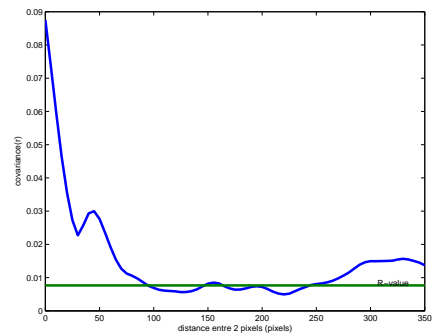
(c) réseaux de gros disques réguliers



(d) courbe de covariance

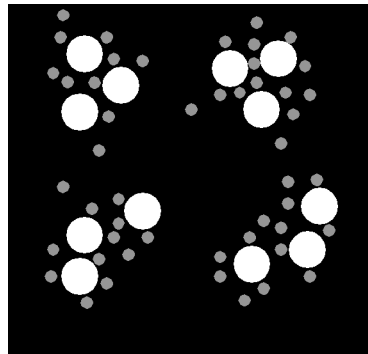


(e) réseaux de disques présentant une certaine périodicité

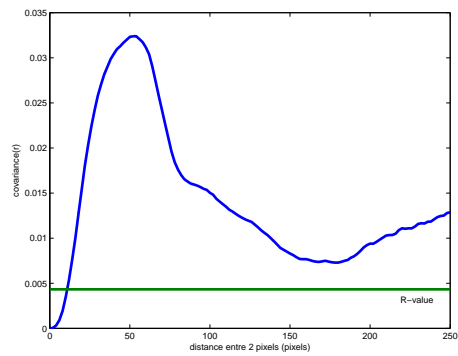


(f) courbe de covariance

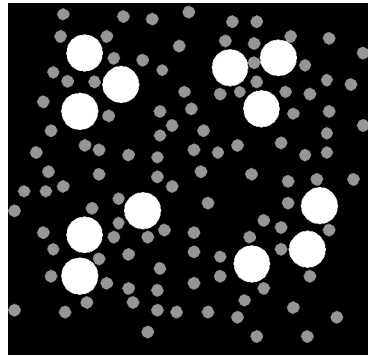
FIG. 7: Illustration des variations de la courbe de covariance en fonction de l'arrangement des structures



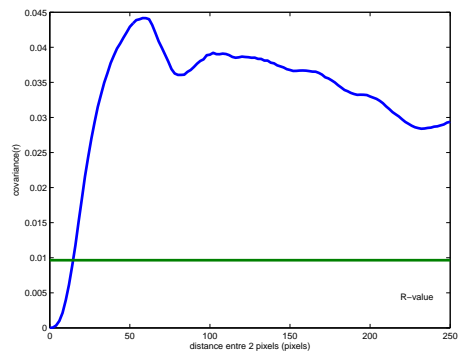
(a) réseaux de disques de deux phases



(b) courbe de covariance croisée



(c) réseaux de disques de deux phases



(d) courbe de covariance croisée

FIG. 8: Illustration des variations de la courbe de covariance croisée en fonction de l'arrangement relatif des structures

la covariance croisée est supérieur à la valeur de référence, on parle alors de corrélation de structure positive [28]. La valeur de référence de la covariance croisée des phases X et Y est définie comme la fraction volumique de la phase X multiplié par la fraction volumique de la phase Y (*cf* figure 8).

2.6 Outils statistique d'analyse de données

La plupart des outils d'analyse de textures génèrent un nombre de données important. Chaque donnée est la mesure d'un individu en fonction d'une variable ou composante.

Avec beaucoup de données, il n'est pas facile de mettre en évidence les variables les plus significatives. C'est pourquoi, on peut chercher des nouvelles composantes permettant de mieux exprimer les données. Elles permettent de

représenter les données de manière à mieux mettre en évidence les différences entre les individus et d'identifier les variables corrélées.

Analyse en composantes principales (ACP) L'analyse en composantes principales est une méthode factorielle faisant partie du groupe des méthodes descriptives multi-dimensionnelles. Elle permet de représenter les données dans un espace qui maximise l'inertie, c'est à dire la dispersion des points projetés sur les axes.

Nous décrirons dans un premier temps le principe de détermination itératif des composantes principales sans rentrer dans les détails calculatoires (problème de maximisation relaxé par la méthode de Lagrange, etc.). Nous expliquerons ensuite comment fixer le critère d'arrêt. Enfin, l'interprétation des résultats de l'ACP sera abordée.

Les données sont représentées par une matrice X de dimension $n \times p$, où n est le nombre d'individus et p le nombre de variables. On peut interpréter X comme un nuage de points dans un espace de dimension p . L'ACP peut être vue géométriquement comme la recherche d'un nouvel espace de représentation de ces points, pour lequel les axes principaux sont alignés avec les directions caractéristiques du nuage de points. En d'autres termes, le but de l'ACP est de décrire un maximum de variabilité avec un nombre (réduit) de nouvelles composantes $C_1 \dots C_k$, avec $C_{i=1\dots k}$ combinaison linéaire des variables d'origine $X_1 \dots X_p$ et $k \leq p$. Les $C_{i=1\dots k}$ doivent être deux à deux non corrélées, de variance décroissante, avec C_1 de variance maximale.

En travaillant sur le nuage de points, on définit C_1 comme l'une des droites parallèles à l'axe d'allongement maximal du nuage. Pour qu'elle soit déterminée de façon unique, on choisit celle passant par le centre de gravité G du nuage de point. La coordonnée du point i sur l'axe C_1 est notée c_1^i . Par construction de C_1 , les c_1^i sont le plus dispersés possible : leur variance est donc maximale. De même, après projection, C_1 est la droite qui conserve au mieux les distances entre les points : la distortion est minimale.

Le processus permettant de déterminer les composantes principales est itératif. À partir de C_1 , on cherche C_2 telle que :

- C_2 passe par G
- $C_2 \perp C_1$
- la variance des c_2^i est maximale.

C_1 et C_2 déterminent alors le plan de moindre distortion (*ie* après projection, les distances entre les points sont le mieux conservées). La détermination des $C_{i=3\dots k}$ suit le même principe.

Chaque valeur propre mesure la part de variance expliquée par l'axe correspondant. La variance expliquée par les n premières composantes principales est $\sum_{i=1}^n \lambda_i$. Le critère d'arrêt est satisfait lorsque la part de variance expliquée par les n premières composantes atteint un certain seuil. Si les variables sont fortement corrélées entre elles, un nombre réduit de composantes permet d'expliquer 80% à 90% de la variance totale.

L'interprétation des résultats d'une ACP est riche. En général, on projette les points sur les plans de moindre distortion (C_1, C_2 puis C_2, C_3 , etc.). Cela

permet d'essayer de trouver une signification à chaque composante principale en regardant ceux qui sont opposés sur un axe. En effet, rien ne garantit que deux points proches sur un plan le sont aussi dans l'espace [8], alors que deux points éloignés sur le plan le sont aussi dans l'espace. Les informations tirées sont donc : les variables qui expriment le plus les différences entre les individus, ainsi que les corrélations entre les différentes variables.

Enfin, l'ACP sert souvent de pré-traitement à d'autres méthodes d'analyse, comme ça peut être le cas pour l'analyse de variance à un ou plusieurs facteurs.

3 Outils développés

Le développement des outils s'est fait sous MATLAB² afin de profiter de la boîte à outils de traitement d'image et des programmes déjà développés en interne. Les programmes sont donc portables et peuvent être utilisés par tout possesseur d'une licence MATLAB, ce qui est le cas de la plupart des laboratoires de l'INRA. Une attention toute particulière a été portée sur les manuels d'utilisation des programmes, pour en faciliter l'adoption et l'utilisation, et sur la documentation du code pour en faciliter l'évolution et la maintenance.

Matrice de cooccurrence Le calcul de la matrice de cooccurrence d'une image par un vecteur donné fait partie des outils fournis par MATLAB. En revanche le calcul des attributs ne suit pas le choix de la méthode de normalisation que nous avons fait. Nous avons donc implémenté cette partie.

Le choix de la longueur du vecteur permettant de calculer la matrice de cooccurrence se fait en pratique à partir d'une connaissance *a priori* de l'image à analyser. Nous avons décidé de ne pas travailler de cette manière. Nous calculons les attributs synthétiques de nombreuses matrices de cooccurrences dont les constructions sont paramétrées par des vecteurs de différentes tailles. Non seulement cela permet de déterminer quelles sont les longueurs de vecteurs les plus appropriées pour discriminer ou corrélérer des images. Mais nous obtenons aussi plus d'informations en interprétant l'évolution des attributs synthétiques dans le « temps ».

Granulométrie Un outil éprouvé de calcul de courbes granulométriques sur une collection d'images existe déjà au sein de l'INRA. Nous avons rajouté le support de la granulométrie binaire à partir d'images segmentées ou en niveaux de gris. L'utilisateur choisit le niveau de gris correspondant à la phase qui l'intéresse, tous les pixels de niveaux de gris différents sont alors considérés comme le fond de l'image. Afin d'obtenir de plusieurs images des courbes de granulométrie comparables, la phase choisie devient blanche et le fond noir.

3.1 Plage de pixels

Le calcul des plages de pixels des paramètres est exposé section 2.2 page 5. Nous y avons évoqué les méthodes de balayage les plus utilisées. Elles nous

² <http://www.mathworks.com>

ont toutefois apparu avoir le gros défaut de très peu respecter les voisinages. En effet, de manière général, pour un voisinage de 4-connexité, seul la moitié sont conservés, et seulement un quart pour un voisinage de 8-connexité. C'est encore pire lorsque l'on élargit la notion de voisinage aux pixels à une distance supérieur à 1 (en nombre de pixels, que ce soit à l'horizontal ou en diagonale). Intuitivement, ces parcours traversent trop rapidement les structures présentent dans les images. De plus, il n'est pas évident que moyenner les attributs de différents balayages ait un sens.

Introduction d'un nouveau type de parcours Pour nous affranchir de ce défaut ainsi que du caractère hautement anisotrope des balayages existants, nous avons choisis d'en proposer un nouveau. C'est un parcours basé sur la fractal de Hilbert [6] (*cf* figure 9). Il conserve une majorité des voisinages lors de la linéarisation de l'image comme on peut le voir sur le tableau suivant :

balayage	ligne	colonne	Hilbert
% de voisinages de l'image 2D conservés à la suite de la linéarisation	25	25	58

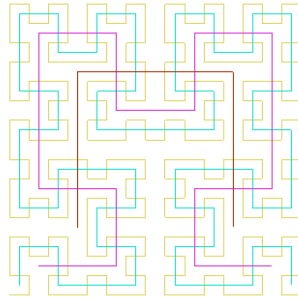


FIG. 9: Illustration des parcours de Hilbert d'ordres 1 (image 2×2) à 4 (image 16×16)

Bien que la nature fractal du parcours se prête à un algorithme récursif, nous avons choisis de l'implémenter de manière itérative pour des considérations d'occupation mémoire. En effet, la consommation mémoire du calcul du parcours de Hilbert de manière récursive est importante. Pour une image carrée I de dimension $n \times n$, l'algorithme récursif de base a besoin de $2 \log(n) / \log(4)$ niveaux de récursion. Le i^{ieme} niveau a un besoin de 4^i unités de mémoire. La consommation finale est donc de :

$$\sum_{i=1}^{2 \log_4(n)} 4^i$$

Au contraire, la consommation maximale de mémoire de notre implémentation (*cf* algo B page 48) est de n^2 unités de mémoire et sa complexité est en $O(n \log(n))$.

Une fois l'image linéarisée, la construction des plages suit toujours le même principe quelque soit le parcours utilisé. Elle ne dépend que des paramètres de seuil et de nombre de niveaux de gris.

Choix du seuil Le choix du seuil de variation maximal des niveaux de gris au sein d'une plage se fait en pratique à partir d'une connaissance *a priori* de l'image à analyser. Là encore, comme pour les matrices de cooccurrences, nous avons décidé de ne pas travailler de cette manière. Nous calculons les attributs synthétiques de nombreux découpages en plages de pixels dont les constructions sont paramétrées par différentes valeurs de seuil. Nous pouvons donc déterminer quelles sont les valeurs de seuil les plus appropriées pour discriminer ou corrélérer des images. Nous obtenons aussi plus d'informations en interprétant l'évolution des attributs synthétiques dans le « temps ».

3.2 Covariance

Il n'existe pas de méthode permettant de calculer la covariance de deux phases P_1 et P_2 (où P_1 peut être égale à P_2) de manière exacte : on se contente toujours d'une approximation. Néanmoins, on peut opposer deux manières d'estimer la covariance à partir d'une image segmentée. La méthode dite exhaustive emploie toutes les informations présentes dans l'image à l'aide d'un cercle osculant. Elle a l'avantage de présenter une bonne approximation mais au prix d'une forte complexité algorithmique. Elle permet d'obtenir une courbe de covariance assez précise. La méthode d'estimation relaxée, à base de translation, est plus rapide, ce qui présente un avantage pour traiter d'importantes collections de données, mais les résultats dépendent de la nature anisotrope ou non de l'image.

Par cercle osculant Le principe de cette méthode est exposé en algorithme 1 page suivante.

Pour que la méthode soit exhaustive, il faut utiliser une approximation de cercle discret adéquate. La réunion de tous les cercles d'un même centre c de rayon $r = 1 \dots n$ doit être un disque de centre c et de rayon n . En d'autres mots : en grandissant, le cercle osculant ne doit oublier aucun pixel au passage. C'est pour cela que nous avons choisi, parmi les nombreuses approximations de cercle discret qui existent, l'algorithme de tracé de cercle Andres [32]. De plus, c'est un algorithme très rapide (en $O(r)$), en particulier car il ne fait pas appel à des fonctions trigonométriques.

Intéressons nous maintenant à la complexité de l'algorithme complet. Soit I une image de dimension $n \times m$ et k le rayon maximum du cercle osculant. On va appeler k fois l'algorithme de Andres avec des rayons de 0 à k ce qui implique une complexité de $O(k^2)$. Puis on examine tous les pixels des cercles osculants placés en tous points de l'image : $O(k^2 \times n \times m)$. Finalement la complexité de l'algorithme exhaustif d'estimation de la covariance est en $O(k^2 \times (n \times m + 1))$.

Algorithme 1 : covariance(I, k, P_1, P_2)

Entrées : image I de dimension $n \times m$, rayon maximum du cercle osculant k ,
deux phases P_1 et P_2
Sorties : covariance(r) des phases P_1 et P_2
pour tout rayon $r = 0 \dots k$ **faire**
 générer un cercle discret C de rayon r ;
 pour tout pixel $p \in [1 \dots n] \times [1 \dots m]$ **faire**
 centrer C_p sur p ;
 pour tout pixel i de C_p **faire**
 si $p \in P_1$ et $i \in P_2$ **alors**
 compter un succès pour le « hit-or-miss » à distance r ;
 sinon
 compter un échec pour le « hit-or-miss » à distance r ;
 fin
 fin
 fin
 covariance(r) = nombre de succès / nombre d'échec du « hit-or-miss » ;
fin

Par translation L'estimation de la covariance par translation des deux phases P_1 et P_2 suit le principe suivant : on choisit un vecteur discret d'orientation θ et de longueur l . L'image originale I_o subit une translation par ce vecteur et donne I_t . Le nombre de succès du « hit-or-miss » est le nombre de points de I_o appartenant à la phase P_1 qui sont superposés à des points de I_t appartenant à la phase P_2 . Le nombre d'échecs du « hit-or-miss » est le nombre de points restant. En faisant varier la taille du vecteur, on obtient une estimation de la covariance en fonction de la distance.

L'estimation de la covariance est dépendante de la direction du vecteur porteur choisit. C'est donc intéressant pour étudier une image à caractère anisotrope. Néanmoins, ce n'est pas, en théorie, le cas des gels étudiés. Plus précisément, une grande population d'échantillons de gels issus d'un même procédé ne présentera pas de caractère anisotrope même si ça n'est pas le cas de chacun des échantillons. Il y a donc deux modes opératoires possibles pour obtenir des données fiables avec cet algorithme :

- Travailler avec une unique orientation du vecteur porteur. Il faut alors appliquer l'algorithme sur une grande quantité d'images et calculer une fonction de covariance moyenne.
Cette approche suppose que l'on ait à disposition un nombre d'images conséquent, ce qui n'est pas évident pour des causes d'organisation et de coûts.
- Répéter l'algorithme avec plusieurs orientations de vecteurs porteurs sur chaque échantillon et en tirer une fonction de covariance moyenne. Nous pouvons ainsi travailler avec moins d'images.
Néanmoins, calculer la covariance moyenne n'est pas facile. Par exemple, la covariance obtenue avec une orientation $\theta = 0^\circ$ n'est pas directement

moyennable avec une covariance obtenue avec une orientation $\theta = 45^\circ$. La première étant définie sur $[0, 1, 2 \dots k]$ et la seconde sur $[0, \sqrt{2}, 2\sqrt{2} \dots k\sqrt{2}]$.

4 Analyse des textures de gel acide

Le procédé de fabrication de gel acide du Valtion Teknillinen Tutkimuskeskus (VTT, Finlande) est le suivant :

Composition – Perméat de lait : lait déprotéiné ne contenant plus que du lactose (glucides) et des sels minéraux

- Transglutaminase (TG)
- Protéines sériques
- Matière grasse
- Glucono delta-lactone (GDL)
- Micelles de caséines

Traitements 1. Traitement thermique : dénaturation des protéines sériques qui forment alors des agrégats.

2. Acidification du milieu : formation d'un réseau de caséines
3. Homogénéisation : formation de la microstructure
4. Traitement thermique : inhibition l'agent acidifiant
5. Refroidissement : formation du gel

Les données À partir du procédé général, il a été tiré trois expériences pour étudier les rôles et l'influence du traitement thermique et de la transglutaminase sur la texture du produit final. Deux images ont été faites à la fin de chacune de ces expériences (*cf* figure 10 page suivante) qui sont :

- Mélange des produits *sans* TG et *sans* subir de traitement thermique (image 10(a)) que nous appellerons H0TG0.
- Mélange des produits *sans* TG subissant un traitement thermique (image 10(b)) que nous appellerons H1TG0.
- Mélange des produits *avec* TG subissant un traitement thermique (image 10(c)) que nous appellerons H1TG1.

Les images ont été prise en microscopie confocale. Les protéines figurent en clair et le fond de l'image, en noir, est la phase aqueuse.

Ce que l'on cherche à caractériser Les images des gels acides que nous avons obtenus ont été produites par microscopie confocale en ne marquant que les protéines. C'est pourquoi nous allons suivre deux axes de recherche.

Nous allons chercher à déterminer une taille caractéristique des agrégats de protéines. Cette taille de particules pourra ensuite être mise en relation avec la cinétique de coagulation ou encore permettre d'évaluer l'impact de facteurs – de traitement, composition et concentration – sur le gel final.

Nous allons aussi essayer de déterminer une largeur moyenne d'espace laissé libre entre les agrégats de protéines. Cette caractéristique pourra être mise en relation avec la cinétique de coagulation mais aussi avec le taux de diffusion des autres particules qui ne sont pas visibles sur l'image.

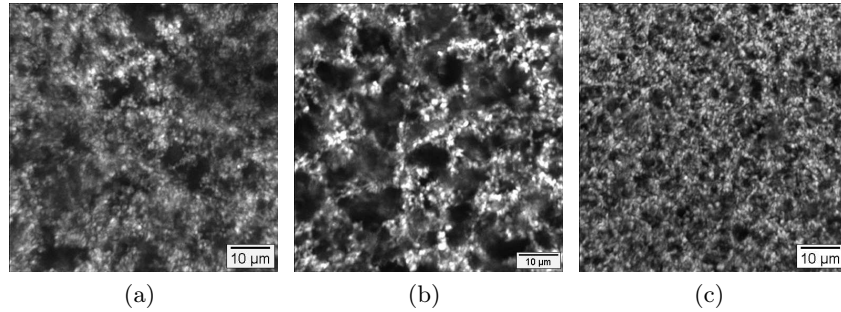


FIG. 10: Solutions contenant du perméat de lait, des protéines et des lipides : (a) sans TG ni traitement thermique (H0TG0), (b) sans TG mais avec traitement thermique (H1TG0), (c) avec TG et traitement thermique (H1TG1)

4.1 Analyse des images

Pour extraire les paramètres recherchés dans les images, nous allons dans un premier temps utiliser les méthodes de texture, c'est à dire les plages de pixels ainsi que les matrices de cooccurrence. Comme nous n'avons pas d'informations *a priori* sur une taille caractéristique de particules, nous ne pouvons pas raisonnablement choisir un unique paramètre pour ces méthodes. Les attributs caractéristiques du découpage en plages de pixels seront calculés pour plusieurs seuils, et nous calculerons des matrices de cooccurrence pour plusieurs longueurs de vecteur.

Enfin, nous mettrons en œuvre l'analyse granulométrie qui nous permettra d'étudier les agrégats de protéines ainsi que les trous.

Pré-traitements Afin de limiter les biais de mesures, nous découpons la partie des images contenant l'échelle. Nous recadrons aussi le reste car un artefact est présent sur toute la bordure. Il y a donc une perte d'information mais que l'on considère comme négligeable car, les images étant en haute résolution, la part de pixels supprimée est faible.

Enfin, pour simuler le fait d'avoir suffisamment d'image pour chaque modalité, nous coupons chacune de nos images en quatre parties de mêmes dimensions. Cela nous permet d'analyser huit images par mode. C'est un choix critiquable d'un point de vue statistique puisque nous avons pour chaque mode deux groupes de quatre sous-images provenant d'une même région du gel. Il n'y a donc pas réelle indépendance entre les images mais les résultats sont tout de même plus facilement exploitables de cette manière.

Analyse de texture Une partie des résultats des méthodes d'analyse de texture par matrice de cooccurrences et plages de pixels est exposée figure 11 page suivante. Nous avons choisit de ne montrer qu'un attribut par méthode.

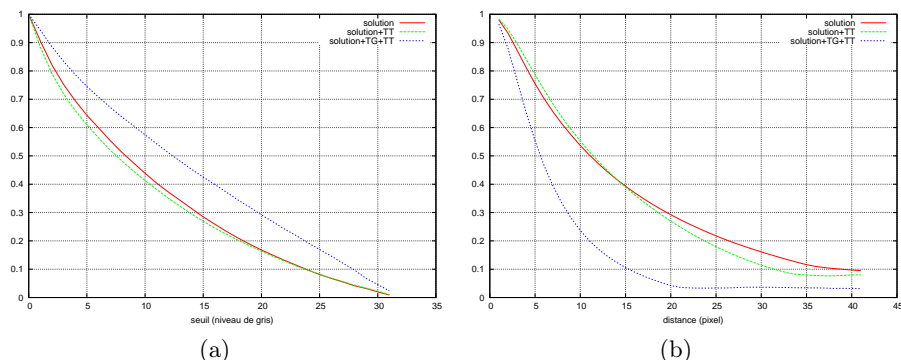


FIG. 11: Analyse de texture sur des images en 32 niveaux de gris : (a) non-uniformité – plages de pixels, (b) corrélation – matrice de cooccurrence

Le premier phénomène que l'on remarque est la nette discrimination entre le gel contenant de la TG et ceux n'en contenant pas. Avec TG, la décroissance de la non-uniformité est linéaire. Cela s'explique par l'aspect de la texture qui est le même à tout endroit de l'image. Les plages de pixels de toute l'image sont à peu près découpées de la même manière. Sur ce même gel, la décroissance de la corrélation est bien plus rapide que pour les gels sans TG. C'est à dire qu'à partir d'un pixel, on est moins capable de prédire le niveau de gris des pixels situés à une certaine distance. En particulier on atteint le minimum dès que deux points sont séparés par une distance de 20 pixels. Cela traduit bien le fait qu'il n'y a pas de zone homogène plus sombre ou plus claire (des densités de particules plus importantes) que le reste de l'image. L'aspect global de la texture de gel H1TG1 est homogène, ce qui est l'aspect attendu d'un gel qui a pris.

Il est plus délicat d'expliquer les différences entre H0TG0 et H1TG0. Pour des seuil de 0 à 20 niveaux de gris, le découpage en plages est plus uniforme sur la texture de H1TG0. En effet, la structure de ces gels a déjà une certaine organisation : on a des zones sombres et un début de maillage de zones contenant des agrégats de protéines en plus grande densité. Ces observations sont corroborées par les courbes de corrélations : des points de l'image distants de 1 à 10 sont plus corrélés dans H1TG0 – on reste dans une structure – tandis qu'ils le sont moins pour des distance supérieurs à 20 pixels – on sort de la structure.

Cette analyse est intéressante de plusieurs points de vue. Elle montre bien qu'il est judicieux de regarder l'évolution des attributs en fonction d'un paramètre (taille ou seuil) plutôt que de chercher une valeur de paramètre idéale. Une taille caractéristique de structure peut ainsi être mise en évidence. De plus, nous avons l'idée de synthétiser ces courbes par une pente à l'origine ou une exponentielle. Cela permettrait d'obtenir des paramètres synthétiques décrivant l'évolution des attributs de textures. Nous pourrions ainsi ne pas nous contenter d'une seule estimation d'attribut dépendant d'un choix de paramètre mais d'un

attribut plus représentatif. Ces données synthétique nous semble plus adaptées pour être ensuite employées dans des méthodes de classification, clustering et autres méthodes d’analyse statistiques.

Analyse de la granulométrie Les résultats de l’analyse granulométrique sont présentés figure 12. Nous allons d’abord nous intéresser à la phase inter-protéique du gel (12(a)) puis à cette phase proprement dite (12(b)).

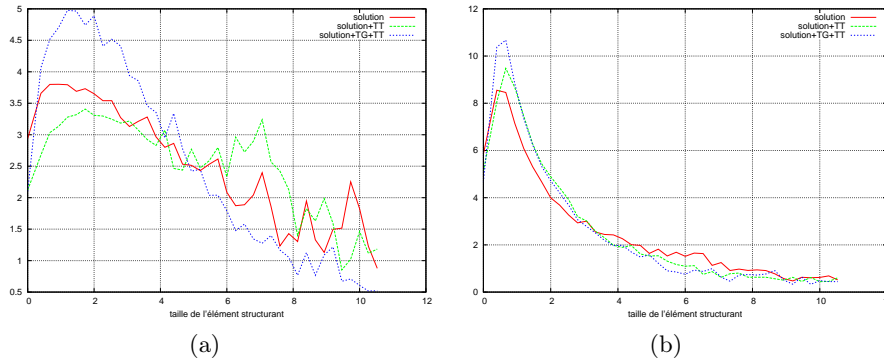


FIG. 12: Courbes des dérivées moyennes de la granulométrie des gels acides – échelle en μm : (a) fermeture, (b) ouverture

Les dérivées de la granulométrie de la fermeture morphologique montrent que le gel H1TG1 contient plus de petit trous – $0,5$ à $4\mu\text{m}$ de diamètres – que les gels ne contenant pas de TG. Parmi ces deux derniers, c’est H1TG0 qui contient le moins de petit trous. Si on s’intéresse aux trous plus gros – de 6 à $8\mu\text{m}$ de diamètres, les courbes montrent bien que H1TG0 est celui qui en contient le plus. C’est cohérent avec les résultats de l’analyse de texture qui montraient la présence de structures dans cette image, sans toutefois pouvoir en préciser la nature. Au contraire, la courbe de granulométrie H1TG1 ne présente aucun pic à cet endroit. La taille de ses (petits) trous est assez uniforme, ce qui est encore cohérent avec les résultats ci-dessus.

L’analyse des dérivées de la granulométrie de l’ouverture morphologique est limpide : les uniques pics des courbes sont situés au même endroit. On a donc une distribution de taille des particules claires fortement centrée sur $0,5 - 1\mu\text{m}$. Donc, quels que soient les traitements subits et la composition des trois gels, les agrégats de protéines ont tous une taille similaire. En revanche, la distribution en nombre n’est pas la même. Il y en a plus dans H1TG0 que dans H0TG0, mais moins que dans H1TG1. Ces résultats nous permettent donc de mettre en relation le taux de coagulation des protéines, et donc de la rhéologie, avec les facteurs du procédé.

Nous avons ici analysé visuellement les courbes de granulométrie. Cela reste faisable car la quantité de modalités, et donc de courbes, est faible. Quand nous aurons des images à différents moments du procédé et avec plusieurs facteurs (concentrations des produits, etc.), il sera plus difficile de trouver les tailles d'éléments structurant pour lesquelles les différences de variations de granulométrie sont significatives. Nous utiliserons alors des méthodes de statistiques exploratoire comme l'analyse en composante principale et l'analyse de variance.

5 Analyse des textures de gel neutre

Le procédé de fabrication de gel neutre du laboratoire de l'INRA de Nantes est le suivant :

Composition de la partie 1 – Eau

- Carraghénanes
- Protéines
- Sucre

Composition de la partie 2 – Perméat de lait

- Eau
- Protéines
- Lipides

- Traitements**
1. Traitement thermique à 90° de la partie 1 : gonflement de l'amidon
 2. Émulsion à 60° de la seconde partie suivie d'un homogénéisation
 3. Mélange à chaud (90°) des deux parties avec cisaillements peu violents : formation de la microstructure
 4. Refroidissement : formation du gel

5.1 Les données

Les images fournies par l'INRA de Nantes sont prises en microscopie confocale. Deux des composés sont marqués : les globules gras et les protéines. Chacun fluoresce donc lorsqu'il est éclairé par une certaine longueur d'onde du laser du microscope. L'image résultante est alors constituée de deux canaux que l'on considère comme les deux premiers canaux d'une image RGB.

- les globules de gras sont visibles en clair sur le canal R(ed), tandis que les grains d'amidon et les protéines – en agrégats et en solution – apparaissent en sombre.
- les protéines sont visibles en clair sur le canal G(reen), tandis que les globules de gras et les grains d'amidon sont visibles en sombre.

L'interprétation de l'image complète est donc la suivante :

- en rouge : les globules gras
- en vert clair : les protéines
- en vert foncé : la solution (contenant en outre les protéines diluées)

– en sombre : les grains d’amidon

Les images ont été prises à la fin de procédés pilotes, à deux niveaux de zoom différents (*cf* figure 13).

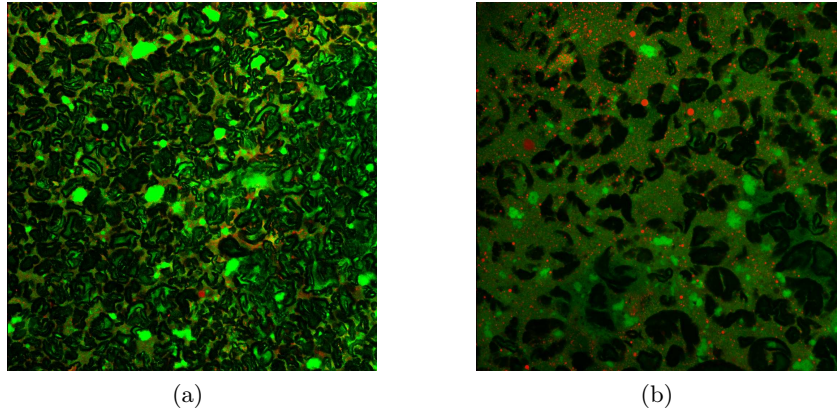


FIG. 13: Images de gels neutres après fabrication : (a) zoom 5×20 , (b) zoom 5×40

Ce que l'on cherche à caractériser Nous allons chercher à caractériser deux aspects différents liés aux paramètres rhéologiques.

D’abord, de la même façon que pour les gels acides, nous allons essayer de quantifier l’espace libre du gel, c’est à dire l’espace entre les grains d’amidon. Selon la fraction volumique et la largeur de la structure constituée par cet espace, les autres particules auront des potentiels de diffusion différents, qui pourront ensuite être reliés à des caractéristiques physiques.

Ensuite nous chercherons à caractériser les organisations relatives entre les différents composés. Nous essaierons de déterminer s’il y a une distance caractéristique entre les différentes phases. Si c’est le cas, nous essaierons de la quantifier.

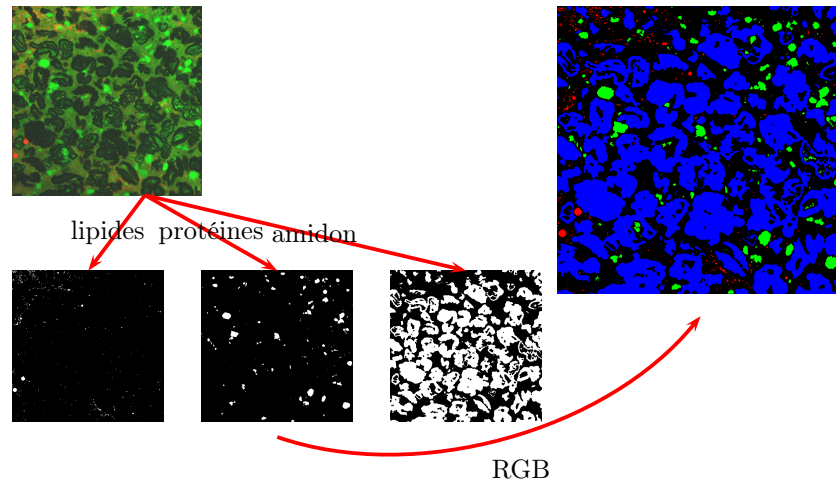
5.2 Analyse d’image

Pour caractériser les espaces libres du gel, nous utiliserons les outils de granulométrie. Mais comme les images sont constituées de trois phases et que nous ne voulons n’en considérer que deux – l’amidon et le reste, nous pré-traiterons l’image afin de pouvoir faire de la granulométrie binaire.

Ensuite nous étudierons les organisations relatives entre structures à l’aide de la covariance et de la covariance croisée. Cela nécessite aussi un pré-traitement de l’image. La méthode d’estimation de covariance utilisée est celle reposant

sur un vecteur porteur pour des contraintes de temps de calcul. Les covariances obtenues dans les directions verticale et horizontale sont moyennées.

Pré-traitement : segmentation La segmentation des images se fait par seuillage sur les deux canaux. Les seuils sont déterminés de manière empirique pour chaque image. Une nouvelle image ne contenant que quatre couleurs (fond, protéines, globules gras et amidons) est construite (*cf* figure suivante). En post-traitement de la segmentation, on fait une fermeture de la phase amidon pour reboucher les trous de petite taille qui apparaissent sur les grains.



Caractérisation de l'espace inter-granulaire Pour étudier l'espace du gel laissé libre par l'amidon, nous effectuons une fermeture de cette phase, c'est à dire une disparition progressive de l'espace inter-granulaire. Les résultats sont présentés figure 14 page suivante.

Les dérivées de la granulométrie présentent un aspect intéressant. Elles nous permettent de séparer les gels en deux groupes. Les deux premières, celles correspondant aux gels en zoom 5×20 présentent chacune un pic. Celui du premier gel (image 13(a)) est très marqué. Il est centré autour de 8 à 20 pixels ce qui donne une estimation de la largeur caractéristique de la structure de la phase complémentaire de l'amidon. Ce constat est corroboré par l'observation visuelle de la texture qui laisse à penser que les grains d'amidon sont proches les uns des autres et donc que l'espace libre est réduit et de faible largeur. On remarque aussi, de façon moins nette, un pic sur l'image du deuxième gel en zoom 5×20 . Cela met tout de même en évidence une largeur significative d'espace libre. En revanche la décroissance qui suit le pic est plus faible : la distribution en largeur de l'espace vide n'est pas aussi centrée.

Les deux courbes correspondantes aux images de gels en zoom 5×40 ne présentent pas de pic, quelle que soit la taille de l'élément structurant utilisé (hormis un bruit flagrant pour la taille maximale). La distribution en largeur des espaces laissés libres par l'amidon est dispersée. Ce phénomène est corroboré par

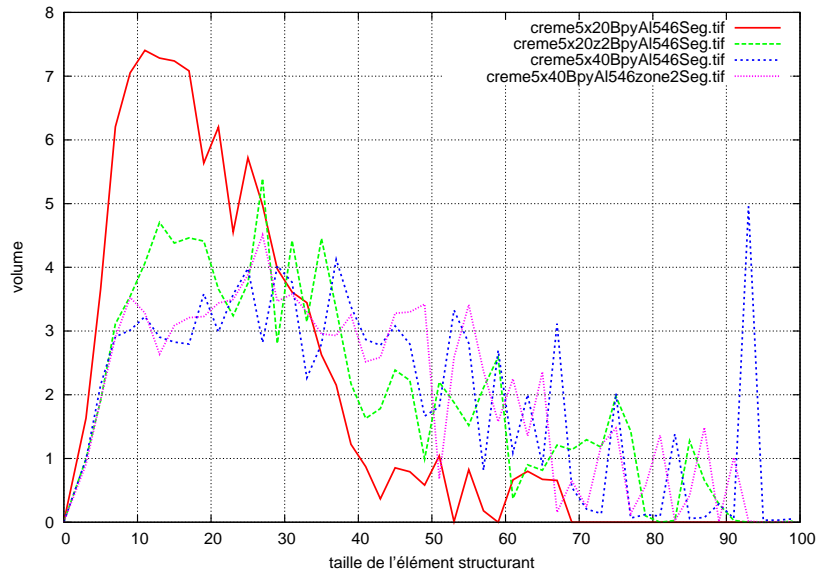


FIG. 14: granulométrie – échelle en pixels : fermeture de la phase « amidon »

une observation visuelle de l'image 13(b) : la concentration en amidon semble faible et aucune organisation de cette phase n'a l'air de s'être mise en place. La phase complémentaire n'est donc pas organisée non plus.

Ces informations sont intéressantes car elles permettent d'obtenir une information quantitative de la largeur caractéristique de l'espace libre quand cet espace est organisé. Des mesures de ce type peuvent être mises en corrélation avec des potentiels de diffusion de particules afin d'apporter des informations sur la structure du gel et donc de sa rhéologie. Lorsque l'espace libre n'est pas aussi organisé, nous obtenons toutefois une distribution des largeurs de cet espace qui peut s'avérer utile.

Caractérisation de l'organisation inter-structurelle Nous allons essayer de caractériser l'organisation des grains d'amidon dans l'image ainsi que l'organisation des protéines par rapport à l'amidon (*cf* figure 15 page suivante).

Le graphe 15(a) présente la covariance simple de la phase amidon et sa valeur de référence associée pour chaque image de gel neutre. Les courbes montrent à peu près toutes la même évolution de la covariance : elles décroissent assez rapidement vers la valeur de référence puis s'y stabilisent. Seule la covariance du dernier gel présente ensuite une évolution : un pic très arrondi autour de 150 à 250 pixels avec une covariance supérieure à la valeur de référence. On pourrait l'interpréter comme une distance privilégiée entre les grains d'amidon si le pic était plus marqué et si les grains d'amidon étaient moins déformés. De plus, nous n'avons pas réussi à déterminer une largeur d'espace libre caractéristique pour

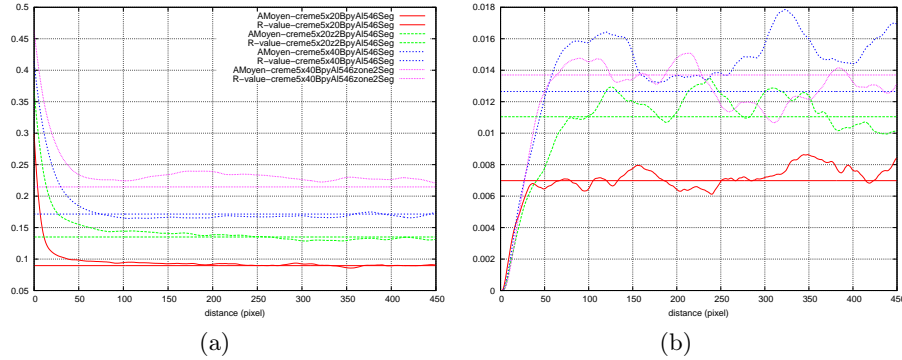


FIG. 15: Organisation des structures de gels neutres : (a) covariance simple de la phase amidon, (b) covariance croisée des phases amidon-protéine

ce gel. La covariance de la phase amidon ne nous apporte donc pas, à première vue, d'informations que l'on puisse mettre en relation avec la rhéologie.

Une explication est que la fraction volumique de l'amidon est tellement élevée – entre 30 et 45% – et la forme des grains très irrégulière que la probabilité que deux points séparés par une distance supérieur à 50 pixels appartiennent à la phase amidon est quasiment identique en toute région de l'image.

Le graphe 15(b) présente l'organisation relative des grains d'amidon avec les protéines. Les deux images de gels en zoom 5×40 montrent clairement un pic suivant la croissance initiale. Il y a donc beaucoup de protéines situées à une distances de 75 – 150 pixels des grains d'amidon. Les pics qui suivent apportent des informations de moins en moins fiables, leur interprétation est donc sujette à caution. En revanche, les deux autres gels ne montrent pas clairement de pic suivant la première croissance de la covariance, en particulier pour le premier. On pourrait donc penser que cela met en évidence l'absence d'organisation spécifique entre les deux structures.

Mais les variations des courbes présentes sur cette figure relativisent le crédit que l'on peut accorder à leur interprétation. Cela s'explique par la fraction volumique très faible des protéines. Les limites de ces outils sont encore plus flagrantes lorsqu'on étudie la covariance croisée protéines-globules gras. La covariance, qui semble bien fonctionner sur des images synthétiques est donc prise en défaut.

6 Conclusion et perspectives

Dans ce rapport, nous avons présenté les méthodes d'analyse de textures qui semblaient les plus adaptées à notre problématique. Nous avons apporté des contributions, en termes d'outils mais surtout de méthodes. Après avoir analysé

les premiers résultats, il convient d'en faire un bilan. Nous parlerons ensuite des travaux qui continueront pendant le mois et demi qu'il me reste à travailler sur ce sujet et enfin des perspectives ouvertes par mon stage.

6.1 Bilan des outils

Plages de pixels et matrices de cooccurrences Les plages de pixels et les matrices de cooccurrences sont rapides à mettre en œuvre, c'est pourquoi elles sont très utilisées pour analyser et caractériser des textures. En particulier, les matrices de cooccurrences font figure de référence dans la littérature. Les attributs synthétiques que fournissent ces deux outils ne sont pas tous évidents à interpréter, mais ils permettent quand même d'expliquer des phénomènes que nous pouvons relier à la rhéologie du gel.

Par construction, les plages de pixels décrivent un découpage qui se fait indépendamment des structures qui nous intéressent. Les matrices de cooccurrences prennent en compte toutes les transitions de niveaux de gris des images. On ne peut donc pas choisir d'étudier les structures claires ou les structures sombres d'une image. Les informations sont mêlées, ce qui nécessite l'utilisation conjointe d'autres méthodes d'analyse pour interpréter correctement les résultats.

Notre principale contribution à ces deux méthodes est la suivante : nous avons choisi de ne pas fixer le paramètre principal – seuil ou longueur du vecteur – de l'outil. Nous nous passons ainsi du besoin de connaissance *a priori* d'une taille caractéristique de particule et donc de subjectivité. L'analyse de l'évolution des attributs permet de trouver rapidement quelles sont les valeurs de paramètre les plus adaptées pour discriminer des images ou encore les plages de valeurs pour lesquelles leur comportement sont semblables. Nous pourrions caractériser ces courbes par une pente à l'origine ou une exponentielle et ainsi utiliser des méthodes d'exploration statistiques ne dépendant plus du choix d'un opérateur humain.

Une autre contribution aux plages de pixels est le parcours en fractal de Hilbert. Il semblait séduisant sur le principe mais nous n'avons pas noté d'amélioration en terme de discrimination d'images qui reste un des points faibles de cet outil. En revanche son caractère relativement isotrope dû au taux élevé de voisinages conservés lors de la linéarisation de l'image permet de ne pas avoir besoin de moyenniser les attributs obtenus par différents parcours. C'est donc un gain de temps pour traiter des collections importantes d'images.

Covariance L'analyse par covariance est la seule méthode qui nous donne accès à l'organisation spatiale des constituants des gels lactés. En revanche les résultats ne sont pas encore à la hauteur des espérances. Il serait sans doute judicieux d'utiliser aussi des méthodes d'analyses statistique spatiale ne dépendant pas de la surface occupée par une particule mais uniquement de leur dispersion spatiale.

Granulométrie L'outil le plus prometteur semble être la granulométrie par morphologie mathématique. Cette méthode d'analyse peut en effet s'appliquer sur des textures en niveaux de gris ou non. De plus, elle présente l'avantage de

donner le choix de la structure à caractériser. On peut déterminer une taille caractéristique d'agrégat de protéine aussi bien que des trous du gel. De plus, les résultats sont faciles à interpréter. On peut les mettre rapidement en relation avec des mesures de diffusion de particules ou alors avec une taille caractéristique d'agrégat. Là encore, la mise relation avec des caractéristiques physiques du gel est facilitée.

6.2 Perspectives

Les travaux en cours L'analyse visuelle de nombreux attributs synthétiques ou la recherche de corrélation entre des courbes n'est ni évidente, ni objective. C'est pourquoi nous nous sommes demandé comment traiter correctement les nombreuses données extraites des images. Il nous a semblé que l'utilisation d'outils de statistique exploratoire comme l'analyse en composante principale et l'analyse de variance était adaptée. Il en va de même pour des méthodes de datamining comme le clustering. Ces outils requièrent des données en quantité suffisante pour fonctionner correctement, c'est pourquoi nous n'avons pas montré leurs applications.

De même, une fois les images en quantité suffisante, nous pourrions valider plus rigoureusement les outils, en travaillant sur des images réellement indépendantes provenant d'un même échantillon de gel.

Implication des experts Les experts peuvent intervenir à plusieurs niveaux dans le processus de caractérisation de gels lactés. Très en amont, ils peuvent nous aider à mieux comprendre ce qu'il y a dans les images, en particulier pour améliorer la segmentation des textures de gels neutres. C'est aussi grâce au travail entre experts et modélisateurs que nous savons ce qu'il faut chercher à caractériser. Ce travail n'est pas simple mais mérite d'être approfondi pour élargir notre champ de recherche. Enfin, l'intégration de connaissances expertes au sein même du processus de caractérisation, à travers des réseaux bayésiens par exemple, permettrait sans doute de l'améliorer.

A Annexe : Principes de base de l'analyse d'image

Dans cette partie nous présenterons une vue globale du plan de travail généralement employé pour l'analyse d'image. Nous passerons sous silence la capture d'image et sa transformation en un signal discret. Le lecteur pourra se reporter à [21] et [7] pour cette phase. Nous présenterons comment, une fois les images en main, on les pré-traite par l'utilisation de filtres, en particulier pour réduire le bruit dû au dispositif d'acquisition. Nous en profiterons pour rappeler les principes de base des filtres linéaires (masques de convolution), non-linéaires et morphologiques (ouverture et fermeture) qui sont aussi utilisés pour la segmentation et l'analyse. Puis nous aborderons rapidement la segmentation par le biais des deux principales approches (basées région ou contour) qui abouti à la partition d'images en régions labellisées. Enfin, nous parlerons d'analyse en évoquant quelques généralités en vue d'introduire la partie 2.1.

Méthodologie générale L'analyse d'image peut se résumer comme l'aboutissement de trois étapes de travail, lesquelles partagent certains outils.

La première étape regroupe ce qu'on peut appeler les *pré-traitements*. Ils ont pour but de corriger les défauts grossiers observés dans l'image, comme les aberrations chromatiques, pour obtenir des images sur lesquelles il sera plus simple de travailler. D'autre part, lorsque l'analyse s'effectue sur une collection d'images, cette phase est aussi importante pour les rendre comparables. On peut, par exemple, étaler les niveaux de gris de toutes les images de manière régulière de façon à ce qu'ils en couvrent toute la dynamique possible. Les outils utilisés sont : les filtres, les modifications d'histogramme et les corrections géométriques.

La seconde étape est la *segmentation*. C'est une étape optionnelle puisqu'elle dépend des méthodes d'analyse que l'on souhaite appliquer. En effet, elle est inutile si l'analyse a lieu directement sur une image en niveau de gris alors qu'elle sert de pré-traitement aux méthodes d'analyse d'images labellisées. Une image labellisée est une image partitionnée en ensembles connexes de pixels. Les outils utilisés font appel aux filtres, aux modèles d'histogrammes et aux méthodes de division/agrégation.

Enfin, la dernière étape est l'*analyse* proprement dite. C'est la phase sur laquelle nous allons porter nos efforts. Une fois l'image pré-traitée, on peut vouloir mesurer des tailles de particules, reconnaître des formes, discriminer des images ou encore caractériser une texture. Les outils disponibles sont très nombreux. Une part du travail de l'analyste est donc de faire le choix des outils adaptés puis de les ajuster aux images qu'il doit traiter. On peut citer l'étude de la covariance, des matrices de cooccurrence, de la granulométrie, et parmi celles que nous n'avons pas retenue : la stéréologie, les modèles stochastiques ou encore spectraux.

A.1 Filtrage

Aucun système d'acquisition d'image n'est parfait : les éléments optiques ont, au mieux, des légers défauts, les capteurs numériques sont tellement fins qu'ils s'interfèrent les uns les autres, la discrétisation d'un signal nécessite une approximation, etc. C'est pourquoi une image contient toujours des pixels dont les niveaux de gris sont des aberrations par rapport aux niveaux de leurs voisins : c'est le bruit.

Les filtres sont des outils de traitement d'image dont les domaines d'applications sont nombreux. En effet, ce sont des outils très génériques : certains ont vocation à dé-bruiter une image tandis que d'autres servent à détecter des contours d'objets.

Un filtre d'image est une fonction générant une image I_2 à partir d'une image originale I_1 . On considère généralement qu'il en existe deux sortes :

- un filtre est *linéaire* lorsque la valeur du pixel $I_2(i, j)$ est une combinaison linéaire des voisins du pixel $I_1(i, j)$, la notion de voisinage restant à préciser. En pratique, on manipule des filtres « indépendants du temps » (*ie* stationnaire sur toute l'image) ce qui permet d'utiliser le *produit de*

convolution, noté $*$, d'une image par un noyau ou masque. C'est le cas des filtres gaussien, moyennneur, etc (cf A.1).

- les filtres *non-linéaires* comme le filtre médian mais aussi les opérateurs basés sur la *morphologie mathématique* (cf A.1 et A.1).

Filtres linéaires

Definition 11. Pour une image I_1 , l'expression de la convolution par un noyau K de dimension $(2p + 1)^2$ est :

$$I_2(i, j) = \sum_{k=0}^{2p} \sum_{l=0}^{2p} I_1(i + k - p, j + l - p) K(k, l)$$

Conservation de la dynamique de l'image La dynamique de l'image est employée pour décrire la plage de niveaux de gris comprise entre le minimum et le maximum des niveaux de gris de l'image.

Definition 12. Soit un noyau K de dimension k^2 , si on a :

1. $\forall (i, j) \in k^2, K(i, j) \geq 0$
2. $\sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^k K(i, j) = 1$

alors on dit que le masque de convolution de noyau K conserve la dynamique de l'image.

Les noyaux de ce type sont en général employés pour réduire le bruit. Cela permet de pouvoir appliquer ensuite des algorithmes d'analyse dont les résultats seront moins biaisés. Deux exemples sont présentés table 1 page suivante : le filtre moyennneur donne à un pixel la moyenne des niveaux de gris des pixels de son voisinage. Il a tendance à rendre flou les frontières entre les différents éléments de l'images. Le filtre gaussien part du principe que plus le voisin d'un pixel est proche de celui-ci, moins la valeur de son niveau de gris en est différente. Il corrige donc lui aussi le bruit de l'image mais en floutant moins les frontières.

Gestion des effets de bords L'utilisation de masque de convolution nécessite de réfléchir sur la façon de l'appliquer aux pixels situés aux bords de l'image. Il existe plusieurs stratégies mais aucune n'est parfaite [3], en voici quelques unes :

- ignorer les bords : mais il n'y aura alors aucun traitement sur ceux-ci, même biaisé
- considérer que tous les pixels (inexistants) hors de l'image ont le même niveau de gris. Celui-ci peut être choisi comme blanc, noir, la moyenne de tous les niveaux de gris de l'image, la médiane, etc.
- considérer les pixels (inexistants) hors de l'image comme une réflexion de ceux de l'image par rapport à la frontière
- considérer le niveau de gris d'un pixel (inexistant) hors de l'image comme le niveau de gris du plus proche pixel sur la frontière

$$\begin{array}{cc} \begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \end{bmatrix} \times \frac{1}{9} & \begin{bmatrix} 1 & 2 & 1 \\ 2 & 4 & 2 \\ 1 & 2 & 1 \end{bmatrix} \times \frac{1}{16} \\ \text{(a)} & \text{(b)} \end{array}$$

TAB. 1: Exemples de deux masques de convolution conservant la dynamique de l'image : (a) filtre moyenneur 3×3 de connexité 8, (b) filtre gaussien 3×3

Modification de la dynamique de l'image L'utilisation d'un masque de convolution modifiant la dynamique de l'image nécessite de normaliser l'image générée pour pouvoir la visualiser. Quand on travail sur 8 bits, les niveaux de gris des pixels de l'image sont entre 0 et 255. C'est en quelque sorte un compression de l'histogramme. L'image résultante peut ainsi être interprétée. Une grande famille de ce type de masque de convolution sont les opérateurs de détection de frontière que nous étudierons plus loin (*cf* A.2).

Propriétés intéressantes Les masques de convolutions ont une propriété intéressante qui est la *distributivité* : si on veut appliquer à une image plusieurs filtres de taille de noyaux identiques, on peut calculer l'image résultante en une seule passe (exemple table 2) par le masque de convolution somme de tous les filtres. Un exemple est celui de l'addition d'une image ayant subit un filtrage de Laplace (détection de frontière) à l'originale de l'image. Cela produit un réhaussement des contours des objets.

$$\begin{array}{ccc} \begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} & + & \begin{bmatrix} 0 & -1 & 0 \\ -1 & 4 & -1 \\ 0 & -1 & 0 \end{bmatrix} & = & \begin{bmatrix} 0 & -1 & 0 \\ -1 & 5 & -1 \\ 0 & -1 & 0 \end{bmatrix} \\ \text{(a)} & & \text{(b)} & & \text{(c)} \end{array}$$

TAB. 2: Illustration de la distributivité des masques de convolutions : (a) masque de convolution de copie, (b) filtre laplacien, (c) filtre de réhaussement de contours

Une autre propriété intéressante est la séparabilité du masque de convolution. Elle ne concerne pas la totalité des filtres par convolution mais possède un avantage en terme de complexité, surtout pour les filtres de grande taille. La complexité d'un filtre de convolution de masque de dimension $k \times k$ sur une image de dimension $h \times l$ est en $O(k^2)$ ($h \times l \times k \times k$ opérations). Le filtre gaussien 3×3 dont nous avons déjà parlé plus haut peut se séparer en deux vecteurs :

$$\begin{bmatrix} 1 & 2 & 1 \\ 2 & 4 & 2 \\ 1 & 2 & 1 \end{bmatrix} = \begin{pmatrix} 1 \\ 2 \\ 1 \end{pmatrix} * (1 \ 2 \ 1), \text{ où } * \text{ est l'opérateur de convolution.}$$

On peut donc filtrer une image en deux passes en n'utilisant qu'un vecteur par passe. La complexité devient donc en $O(k)$ ($h \times l \times 2 \times k$ opérations). La propriété de distributivité peut aussi être utile pour séparer des masques. Néanmoins de nombreux masques de convolution ne sont pas séparables et lorsque leur taille est assez grande, on utilise la transformée de Fourier rapide pour accélérer les calculs (cf A.3) en appliquant la convolution dans l'espace des fréquences.

Dilatation et Érosion La dilatation et l'érosion sont des opérations basées sur la théorie des ensembles et en particulier sur les opérations de Minkowski qui décrivent l'addition ou la soustraction d'un élément à un ensemble [30]. Pour les bases nécessaires, le lecteur pourra se reporter à [21].

Notation 4 Nous noterons la réflexion d'un ensemble E par $-E$. Rappelons qu'elle est définie par :

$$-E = \{-e | e \in E\}$$

Si $-E = E$, on dit que E est symétrique.

L'addition de Minkowski, ou translation de l'ensemble E par l'élément t est définie de la façon suivante : $A = E + t = \{e + t | e \in E\}$. On la généralise à l'addition de deux ensemble E_1 et E_2 comme suit :

$$A = E_1 \oplus E_2 = \bigcup (E_1 + e_2 | e_2 \in E_2) = \bigcup (E_2 + e_1 | e_1 \in E_1) = \{x | (-E_2 + x) \cap E_1 \neq \emptyset\}$$

en introduisant la notion de point central de l'ensemble E_2 . Ce dernier est alors appelé *élément structurant*. Pour une image binaire, on peut exprimer d'un point de vue ensembliste la dilatation d'un ensemble E par un élément structurant S comme l'ensemble des points tels que, quand S est centré sur chacun de ces points, $E \cap S \neq \emptyset$. On peut transposer cela facilement au cas d'une image en niveaux de gris : la dilatation d'une image par un élément structurant S se fait en mettant le niveau de gris du point central de S au maximum des intensités des pixels couverts par S [21].

De même, l'érosion d'un ensemble par un élément structurant symétrique se base sur la soustraction de Minkowski $A = E_1 - (-E_2) = \bigcap \{E_1 + e_2 | e_2 \in E_2\}$. Lorsque E_2 est symétrique on peut écrire :

$$A = E_1 \ominus E_2 = \bigcap (E_1 - e_2 | e_2 \in E_2) = \{x | (E_2 + x) \subset E_1 \neq \emptyset\}$$

Pour une image binaire, on peut exprimer d'un point de vue ensembliste l'érosion d'un ensemble E par un élément structurant S comme l'ensemble des points tels que, quand S est centré sur ce point, $E \cap S = S$, *i.e.* S est complètement inclus dans E . On peut transposer cela facilement au cas d'une image en niveaux de gris : l'érosion d'une image par un élément structurant S se fait en mettant le niveau de gris du point central de S au minimum des intensités des pixels couverts par S [21].

En regardant les définitions de dilatation et d'érosion, on voit qu'il y a une forte relation de dualité entre les deux. On a $E \oplus S = (E^c \ominus (-S))^c$ et $E \ominus S = (E^c \oplus (-S))^c$.

Ces deux opérateurs permettent, entre autre, de réduire le bruit d'une image comme on peut le voir figure 16(b), en considérant que les lignes fines de l'image originale constituent le bruit. En effet, toutes les régions plus petites que l'élément structurant disparaissent. Mais on constate que tous les objets de l'image ont subi l'action de cet opérateur. On peut les restaurer en partie avec le second opérateur (*cf* figure 16(d)).

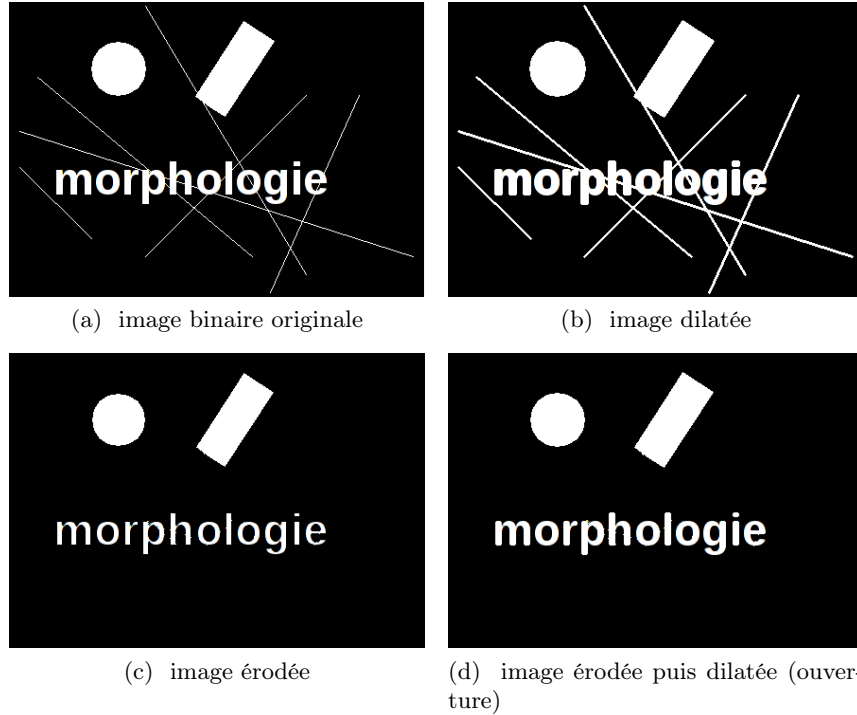


FIG. 16: Illustration des opérateurs de dilatation et d'érosion par le disque de rayon 1 discrétisé par une croix.

Ouverture et Fermeture

Definition 13. L'ouverture morphologique γ_S est définie par : $(E \ominus S) \oplus S$

Comme montré dans l'exemple de la figure 16, l'ouverture morphologique fait disparaître les structures fines et les petits détails (relativement à la taille de l'élément structurant) et arrondi les sommets des objets. C'est donc une opération intéressante pour diminuer le bruit d'une image mais dont le résultat dépend de l'élément structurant utilisé (forme et taille).

Definition 14. La fermeture morphologique φ_S est définie par : $(E \oplus S) \ominus S$

Lors de la dilatation, les structures proches sont fusionnées et seules les fusions assez larges (relativement à la taille de l'élément structurant) sont conservées. Une des conséquences est que les petits trous sont rebouchés [21].

Definition 15. Une transformation T est un filtre morphologique si et seulement si elle est croissante et idempotente.

Rappelons qu'un treillis complet \mathcal{L} muni de l'opérateur ϕ (ie ϕ est une application de \mathcal{L} dans lui-même) est :

- croissant si $\forall x, y \in \mathcal{L}, x \leq y \Rightarrow \phi(x) \leq \phi(y)$
- extensif (resp. anti-extensif) ssi $\forall x \in \mathcal{L}, x \geq \phi(x)$ (resp. $x \leq \phi(x)$)
- idempotent ssi $\forall x \in \mathcal{L}, \phi(x) = \phi(\phi(x))$

On voit que la fermeture est un filtre morphologique extensif tandis que l'ouverture est un filtre morphologique anti-extensif [30].

On retrouve une forte relation de dualité entre ouverture et fermeture qui s'exprime comme suit : $\gamma_S(E) = (\varphi_S(E^c))^c$ et $\varphi_S(E) = (\gamma_S(E^c))^c$, où S est l'élément structurant.

Les filtres morphologiques d'ouverture et de fermeture sont très intéressants pour enlever un bruit ou un objet de forme spécifique d'une image. En effet on peut définir toutes sortes d'éléments structurants selon leur forme (symétrique ou non, connexe ou non, etc.) et leur taille. Il suffit ensuite de les appliquer les uns après les autres pour traiter spécifiquement certains types d'objets. Les filtres morphologiques sont aussi très utilisés en granulométrie (cf 2.4) et à la base d'une méthode de segmentation (cf A.2).

A.2 Segmentation

La segmentation est un traitement dont le but est de partitionner une image en ensembles de pixels appelées *régions* [5]. Ce n'est pas un but en soit mais un traitement en aval de l'analyse de l'image. À partir d'une image I , on crée une famille de sous-ensembles R_i tels que :

- $\forall i, R_i \neq \emptyset$
- $\forall i, j, R_i \cap R_j = \emptyset$
- $\bigcup_{\forall i} R_i = I$

Une région est un ensemble connexe de pixels ayant des propriétés communes (niveaux de gris, texture, etc.) qui les différencie des régions voisines. On peut parfois regrouper les régions par classes dans le but d'identifier les occurrences d'une entité sur l'image (identifier les neurones, les grains d'amidon, etc.). En s'inspirant du processus de perception visuelle de l'humain, on a donné naissance à deux approches couramment appelées *approche région* et *approche frontière*.

La notion de région fait référence à des voisinages de pixels aux propriétés similaires ce qui conduit à une partition directe de l'image puisque chaque pixel est affecté à une région. La notion de frontière, au contraire fait référence au phénomène de discontinuité de propriétés entre les pixels séparant deux régions.

On retrouve dans cette approche les méthodes de détection de contours. On a dualité entre région et contour seulement en cas de contours fermés ce qui demande la plupart du temps du travail.

Nous allons commencer par présenter le principe des méthodes de segmentation par seuillage qui est une méthode de classification utilisée pour segmenter une image.

Seuillage La segmentation par seuillage s'appuie sur l'hypothèse que les objets peuvent être distingués du fond ou entre eux par leurs niveaux de gris. C'est en fait une méthode en deux temps. On commence par une classification mono dimensionnelle : les classes sont construites à partir des niveaux de gris des pixels sans tenir compte de leur distribution spatiale. Puis on construit les régions en extrayant de l'image les composantes connexes de pixels appartenant à la même classe [5]. Le choix de n seuils implique donc la partition de l'histogramme en $n + 1$ classes. La plupart des auteurs classent les méthodes en deux familles : les méthodes paramétriques et les méthodes non-paramétriques comme la méthode d'Otsu [24]. Nous aborderons ici très succinctement le principe général des méthodes paramétriques.

Le choix des seuils inter-classes Le point d'achoppement des méthodes de seuillage est l'identification des seuils inter-classes. On cherche en général les minimums locaux de la fonction histogramme qui peut avoir subi des améliorations, par exemple par approximation. Mais en pratique, ces minimums peuvent être très difficile à trouver à cause du bruit de l'image qui introduit beaucoup d'irrégularités dans la courbe, des modes qui ne sont pas très clairs, ou encore de la présence d'un seul mode.

On peut alors essayer de modéliser l'histogramme par une somme pondérée de distributions, en général gaussiennes. Une multitude de méthodes a été développée, nous ne citerons que deux exemples :

- les seuils sont localisés par les séparateurs des distributions pour la méthode de Fisher [11]. Elle a l'inconvénient de devoir connaître *a priori* le nombre de classes à détecter
- la méthode de Bhattacharya [2] identifie les modes de l'histogramme et le nombre de classes sans supervision

On peut aussi citer une approche orientée optimisation de la segmentation [24].

Nous ne détaillerons pas ces outils mais il faut garder à l'esprit qu'en pratique, pour des raisons liées aux difficultés techniques, on a majoritairement recours à la binarisation, parfois avec des masques. C'est à dire qu'on choisit de segmenter l'image en deux classe ($n = 1$) : la classe « fond de l'image » et la classe « objet ». On peut voir figure 17 page suivante l'importance du choix de la valeur du seuil pour l'exploitation d'une image. Les pixels noirs (classe objet) de l'image 17(c) ne représentent que 56% des pixels noirs de 17(d).

Les méthodes de seuillage ont le gros inconvénient de ne pas prendre en compte la distribution spatiale des pixels et donc de la connexité des pixels dans une région. On peut tenter de pallier à ce défaut par un travail sur les

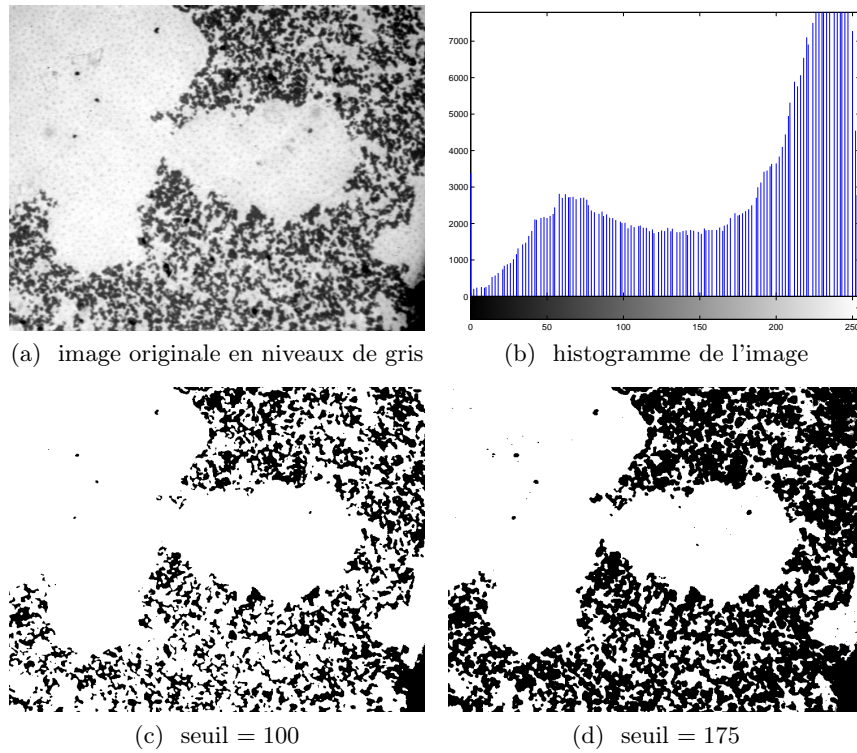


FIG. 17: Illustration de la segmentation d'une image en deux classes par seuillage

histogrammes locaux ce qui est un début pour étudier un pixel et son voisinage. Pour développer cette idée, on introduit l'approche basée région.

Approche région Les méthodes de segmentation basées régions partitionnent une image en régions suivant un critère d'homogénéité. Elles sont particulièrement employées dans le cas d'histogrammes multi-modaux et donnent alors de meilleurs résultats que la segmentation par seuillage [15]. Nous parlerons de deux méthodes dites structurales que sont la *colonisation*, ou agrégation de pixels, et la *division-fusion*. En revanche, nous n'aborderons pas celles basées sur les modèles comme les champs de Markov. Le lecteur pourra se reporter à [5] pour une étude détaillée à ce propos.

Colonisation La colonisation est un processus itératif dépendant de trois paramètres : un critère d'homogénéité prédéfini, un ensemble de germes et un critère d'arrêt.

Le critère d'homogénéité est un prédicat sur un ensemble de pixels connexes. Ce peut être une heuristique très simple, par exemple : un pixel est agrégé à une

région si la différence entre son niveau de gris et le niveau de gris moyen de la région ne dépasse pas un certain seuil. Ce peut être aussi un attribut de texture plus évolué (*cf* 2.3) ou une caractéristique géométrique comme la convexité [4]. Ce paramètre est choisi en fonction des caractéristiques de l'image à traiter et des objets à segmenter.

Les germes sont l'ensemble de pixels de départ. Il doivent être judicieusement choisis en nombre, taille (ponctuel ou non) et dispersion spatiale, par exemple dans les zones où la variance est faible [24]. Les régions croissent pixel par pixel jusqu'à atteindre le critère d'arrêt. Celui-ci correspond en général à :

- soit tous les pixels de l'image sont affectés à une région
- soit aucune région ne peut accueillir de pixels non affectés en satisfaisant le critère d'homogénéité

Selon le cas dans lequel on se trouve, on peut avoir à décider que faire des pixels non-affectés (en faire une classe à part, les assimiler au fond de l'image, les agréger à des régions suivant un nouveau critère, etc.). Comme les régions sont de tailles croissantes et bornées, la convergence est assurée au bout d'un nombre fini d'itérations [5].

Un inconvénient de cette méthode est la difficulté d'une initialisation optimale (dans le sens de la qualité de la segmentation obtenue). En effet, le nombre de régions doit être connu *a priori*. C'est là que les méthodes de division-fusion prennent tout leur intérêt.

Division-Fusion La division-fusion se déroule en deux phases. La première, la *phase de division* est un processus récursif dépendant de deux paramètres : un critère d'homogénéité prédéfini qui est un prédicat sur un ensemble connexe de pixels, et une heuristique de division. Le second, la *phase de fusion* est un processus itératif qui est paramétré par le même critère d'homogénéité et un critère d'arrêt.

Phase de division Le principe récursif guidant la phase de division est exposé en algorithme 2. La région initiale est formée par l'image entière.

Algorithme 2 : $\text{division}(R, H, D)$

Entrées : région R , critère d'homogénéité H , heuristique de division D

si R ne satisfait pas H **alors**
 partitionner R en sous-régions R_i selon D ;
 pour *tout* i **faire**
 $\text{division}(R_i, H, D)$;
 fin
fin

Le critère d'homogénéité ayant déjà été abordé (*cf* A.2 et A.2), nous allons nous intéresser à l'heuristique de division. L'*arbre quaternaire* est souvent utilisé pour réaliser la division [24]. Cela suppose de travailler avec un masque d'analyse

carré. La division d'une région correspond à sa partition en quatre carrés de même côté. Les régions sont les nœuds de l'arbre, de degré 5 pour une région non homogène et de degré 1 sinon. D'autres heuristiques de division ont été élaborées comme les diagrammes de Voronoï [5] mais les efforts se portent en général plus sur l'étape de fusion.

Phase de fusion La phase de fusion consiste au regroupement de régions voisines de manière à respecter le critère d'homogénéité. Dans le cas de l'utilisation d'un arbre quaternaire, on parcourt l'ensemble des couples de régions voisines. L'utilisation d'un algorithme de fusion glouton, *ie* qui fusionne deux régions voisines dont l'agglomération respecte de critère d'homogénéité sans remettre en cause ce choix, n'est pas forcément indiquée car il y a un grand nombre de possibilités de fusions. On peut donc rendre ce processus multi-critères en y ajoutant une fonction de qualité à minimiser [23].

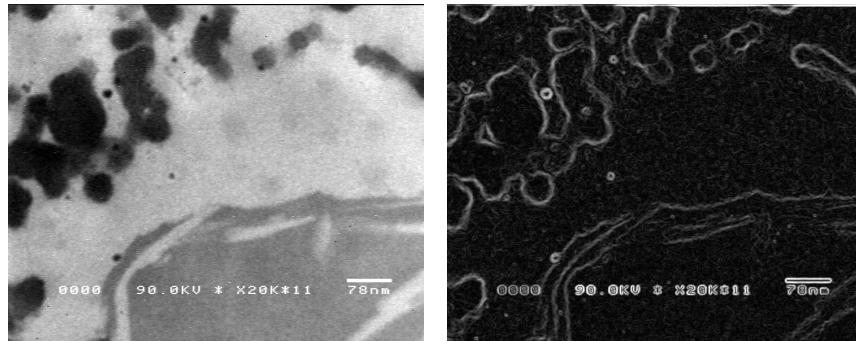
Nous évoquerons enfin les approches de type *pyramidales* qui ne concernent que la fusion. L'image est représentée sous forme de graphe dont les sommets sont les régions et les arrêtes les relations de voisinage. Les méthodes de pyramides stochastiques, adaptatives ou encore duales [24] essaient de réduire ce graphe par agglomérations successives de sommets.

Approche frontière Les méthodes de détection de frontières par filtres linéaires sont basées sur un parcours de l'image dans une ou plusieurs directions. On étudie les variations des dérivées première ou seconde des niveaux de gris. On peut aussi utiliser des méthodes basées sur la morphologie qui permettent d'extraire un contour moyen d'un objet.

Opérateurs linéaires de détection de bordures Comme nous l'avons introduit plus haut (*cf* A.1), les masques de convolutions permettent d'appliquer un ou plusieurs filtres linéaires à une image en un certain nombre de passes. Un exemple bien connu est construit à partir des trois vecteurs : $(-1, 0, 1)$, $(1, 2, 1)$ et $(-1, 2, -1)$. Il est composé de neuf noyaux qui sont toutes les possibilités de multiplications deux à deux de ces vecteurs [18]. En particulier, deux noyaux sont connus comme *opérateur de Sobel* qui est un opérateur de détection de contours efficace [34] (*cf* figure 18 page suivante).

$$\begin{array}{cc} \begin{bmatrix} 1 & 2 & 1 \\ 0 & 0 & 0 \\ -1 & -2 & -1 \end{bmatrix} & \begin{bmatrix} -1 & 0 & 1 \\ -2 & 0 & 2 \\ -1 & 0 & 1 \end{bmatrix} \\ \text{(a)} & \text{(b)} \end{array}$$

TAB. 3: Opérateur de Sobel en deux masques de convolution



(a) image originale en niveaux de gris

(b) frontières des objets

FIG. 18: Illustration de la détection de frontière avec l'opérateur de Sobel

Cet opérateur détecte les frontières selon deux directions. Avec les puissances des ordinateurs actuel, on peut construire selon le même principe des opérateurs de détections de frontière selon de multiples directions comme celui de Kirsh qui travail sur huit directions [21]. Ils mêlent en général réduction de bruit et détection par dérivée première ou seconde. On peut par exemple citer les opérateur de Laplace, de Deriche, de Canny, de Huertas-Médioni, etc. [5].

Méthode du gradient morphologique Le gradient morphologique d'une image se construit à l'aide des opérateurs d'érosion et de dilatation (*cf* A.1). En effet, par construction, ils peuvent servir à détecter les contours des objets présents dans une image. Les contours intérieurs des objets d'une image I s'obtiennent par $I/(I \ominus S)$ tandis que les contours extérieurs s'obtiennent par $(I \oplus S)/I$. Le contour moyen, appelé gradient morphologique, s'obtient par $(I \oplus S)/(I \ominus S)$. Le gradient morphologique permet donc de détecter les contours des objets présents dans l'image. C'est une méthode performante dans le cas de segmentation d'objets puisque le contour obtenu est fermé. En revanche, dans le cas d'une segmentation d'image dont les régions sont plus hétérogène (*cf* figure 19 page ci-contre), les contours ne le seront pas ce qui implique un travail en aval.

A.3 Analyse

L'analyse de l'image est dictée par le but que poursuit l'analyste. C'est un domaine très large qui s'appuie sur les méthodes de filtrage et de segmentation dont nous avons présenté quelques exemples. Le grand public associe généralement l'analyse d'image à la reconnaissance de forme mais il ne s'agit que d'une des nombreuses disciplines couvertes. On peut aussi citer comme exemples : le contrôle qualité dans la production métallurgique [7], la caractérisation de la tendreté de viandes bovine [20], l'aide à la décision pour le diagnostic de maladies rénales [31], la reconnaissance de visage dans une collection de photos [33],

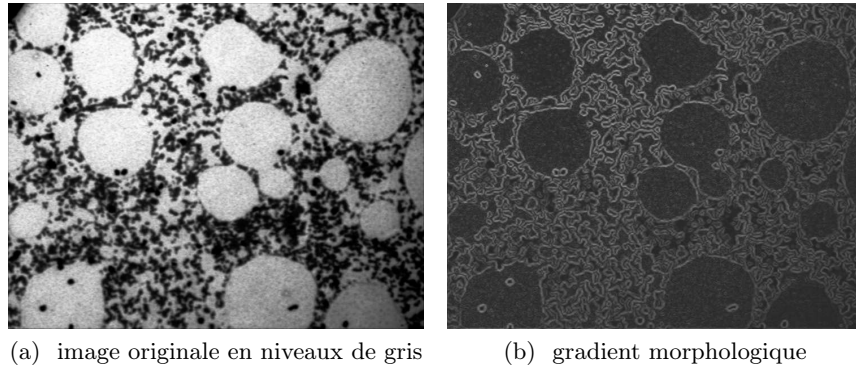


FIG. 19: Illustration du gradient morphologique par une image TEM de globules gras de gel présure – élément structurant : disque de rayon 1 discrétisé par une croix.

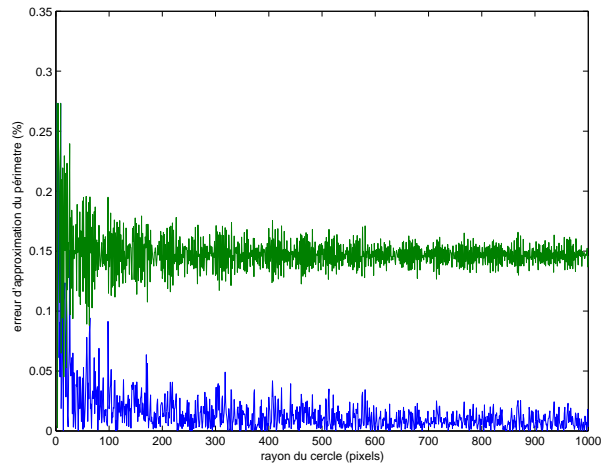
l'analyse quantitative d'image de crèmes de fromage [10], l'extraction de points communs à plusieurs images [1] ou encore la compression d'image [21].

Nous allons présenter quelques principes d'analyse sans rentrer dans les détails. Les outils que nous utiliserons pour résoudre notre problématique seront détaillés dans la partie 2.1.

Mesures physiques La photographie permet de fixer une approximation d'une image de la réalité ou, par l'utilisation de la microscopie, de rendre observable des échelles qui ne le sont pas à l'œil nu. Le système visuel de l'humain est adapté à une interprétation qualitative des images mais on a souvent besoin d'une analyse quantitative. On peut par exemple vouloir déterminer le diamètre moyen des grains d'amidon dans un gel. Pour cela, une fois ceux-ci clairement identifiés (*cf* A.2), il faut utiliser un protocole de mesure sans biais et réaliste. En effet, travailler sur une représentation discrète d'un objet continu implique de contrôler l'erreur de mesure faite. On peut voir figure 20 page suivante des taux d'erreurs induits par des protocoles de mesure naïfs.

La stéréologie est une discipline adaptée à ce problème. Elle regroupe essentiellement deux volets : le premier concerne les protocoles de mesure sans biais d'un point de vue statistique. Le second concerne l'extrapolation des mesures de dimension d pour estimer des caractéristiques en dimension $d + 1$. Par exemple : le diamètre déduit d'une longueur, ou encore la fraction volumique déduite de l'aire. Cela se fait bien sûr sous certaines contraintes fortes sur la mesure utilisée (invariance par translation, compatibilité avec les similitudes, additivité et continuité) et le milieu observé (milieu isotrope). Nous ne nous y attarderons pas plus mais le lecteur pourra se reporter à [25] pour une étude détaillée.

FIG. 20: Illustration des taux d'erreurs de mesure du périmètre d'un cercle en fonction du protocole : en bleu (courbe du bas), on compte tout simplement le nombre de pixels constituant le cercle. En vert (courbe du haut), on compte +1 en cas de déplacement vertical ou horizontal d'un pixel au suivant, et $+\sqrt{2}$ en cas de déplacement en diagonale



Propriétés statistiques On peut considérer une image comme un processus aléatoire discret $I(p)$. Si p est fixé, alors $I(p)$ est une variable aléatoire pour laquelle il est possible de définir différentes grandeurs (statistiques d'ensemble). Dans une région donnée, ou masque de mesure, on peut par exemple définir les moments d'espaces d'ordre n , l'autocovariance, etc [5]. Nous détaillerons cette approche et l'exploitation de ces grandeurs de A.3 à 2.3.

Le défi est d'arriver à extraire d'une image des attributs statistiques pouvant être mis en relation avec des grandeurs physiques ou tout autre paramètre susceptible d'être injecté dans un modèle.

Approche modèle Cette approche est basée sur le fait qu'un modèle générant une texture peut aussi la synthétiser. En jouant sur les paramètres d'un modèle mathématique de type *spectrale* (cf A.3) ou *fractal* (cf A.3), on essaie d'approcher au maximum l'image. Le vecteur des paramètres du modèle caractérise donc l'image. Nous n'aborderons pas ici les modèles stochastiques comme ceux basés sur les champs de Markov. Le lecteur pourra se reporter à [5] pour une étude à ce sujet. Enfin, on peut préciser que ces outils sont surtout utilisés pour la classification d'image.

Méthodes spectrale : les transformées On peut considérer une image comme un signal en deux dimensions. Les outils de traitement du signal, comme l'analyse spectrale, sont alors disponibles. Elles sont toutes basées sur le même principe : passer du domaine spatial au domaine fréquentiel par le biais d'une transformée, et revenir au domaine spatiale grâce à la transformée inverse. D'après les résultats d'études psychophysiques, le cerveau fait lui aussi une analyse de fréquence des images. C'est donc peut-être une bonne voie pour atteindre la qualité des capacités humaine en reconnaissance d'image.

La plus connue des transformées est certainement celle de Fourier. Elle permet d'exprimer un signal périodique comme une somme pondérée de fonctions

sinusoïdales. De plus, on peut maintenant la calculer rapidement grâce à la *Fast Fourier Transform* (FFT) [5].

La transformée en ondelettes est apparue plus récemment et pallie à quelques limitations de la transformée de Fourier en introduisant par exemple l'analyse multi-échelles de l'image. C'est la plus puissante des transformées en ce qui concerne la classification de textures [34].

Modèles fractals Une texture peut être vue comme une répétition de motifs de même nature aléatoirement répartis dans l'image. L'approche fractale permet une mesure invariante par translation, rotation et même changement d'échelle. La dimension fractale est un facteur lié à l'évolution d'une grandeur en fonction de l'échelle d'analyse. Elle est fractionnaire et supérieur à la dimension topologique de l'objet étudié [26]. La dimension fractale d'une image est liée à sa rugosité.

Pour étudier plus aisément les fractales naturelles, on introduit la notion de mouvement Brownien fractionnaire (fBm) qui permet de décrire un processus stochastique. Il est défini comme suit :

$$P\left(\frac{v(t + \Delta t) - v(t)}{|\Delta t|^H} < y\right) = F(y), \forall t, \forall \Delta t$$

où $F(y)$ est la distribution cumulée d'une densité de probabilité gaussienne, et H le paramètre du fBm défini sur $]0, 1[$

La dimension fractale n'est pas suffisante en soit pour caractériser une texture car deux images très différentes peuvent avoir la même dimension fractale. C'est en partie dû au fait que les textures sont rarement véritablement des objets fractals : elles n'ont pas exactement la même structure à différentes échelles. De plus, par construction, la dimension fractale est indépendante de l'anisotropie d'une image. Enfin, déterminer cette mesure n'est pas évident et il existe différentes méthodes qui ne produisent pas les mêmes résultats.

C'est pourquoi l'utilisation de modèle fractal se fait en général conjointement avec d'autres méthodes de caractérisation de texture.

Histogramme L'histogramme d'une image décrit la distribution en niveaux de gris de ses pixels. On peut en extraire des statistiques du premier ordre tel que la moyenne des niveaux de gris, la variance, et autres moments d'ordres. Cela fournit une description très simplifiée de l'image puisque la distribution spatiale des niveaux de gris n'est pas prise en compte. Cette description n'est pas suffisante pour discriminer des textures mais elle peut y contribuer. En particulier, l'étude d'histogrammes locaux mêle statistiques du premier ordre et notion de distribution spatiale.

L'étude d'un histogramme passe en général par la détermination et la localisation des modes et des vallées. Cela peut se faire de façon visuelle mais on l'automatise par la modélisation en somme pondérée de gaussiennes comme nous l'avons déjà évoqué (*cf* A.2).

B Parcours de Hilbert : algorithme

```
function out = hilbert(n)
%HILBERT calcul éitratif d'un parcours d'une matrice écarre de
% dimension n * n
% par une fractal de Hilbert. Le parcours est écod par
% Freeman.
%
% S'inspire du codage ééprsent dans:
% Algorithm 781: Generating 'Hilberts Space-Filling Curve by
% Recursion
% GREG BREINHOLT and CHRISTOPH SCHIERZ
% Swiss Federal Institute of Technology
%
% Author: Olivier Hibon (2010)
% INRA Paris-Grignon
% olivier.hibon@grignon.inra.fr

% calcul du parcours selon le code fractal suivant:
%
%  $\overline{\overline{}} \quad \overline{\overline{}} \quad \overline{\overline{}} \quad \overline{\overline{}}$ 
% *
% (1) (2) (3) (4): * est le point de depart

% initialisation du parcours fractal d'une matrice de
% dimension 4 * 4 (etape 1)
path = [3,1,1,4];

% codeFractal{i} = motif remplaçant i (etape n) a l'etape n
% +1, i=1,2,3,4
codeFractal = {[3,1,1,4], [4,2,2,3], [1,3,3,2], [2,4,4,1]};

% nombre d'éitrations a faire:
%  $2^{(1 + nbStep)} = n \Leftrightarrow nbStep = \log(n/2)/\log(2)$ 
for nbStep=1:log(n/2)/log(2)-1
% remplacement des motifs
newpath = zeros(1,4*size(path, 2));
for i=1:size(path, 2)
newpath(1, (i-1)*4+1:i*4) = codeFractal{path(i)};
end
path = newpath;
end

% traduction du chemin selon le codage de Freeman
codeFreeman = {[2,0,6,0], [2,0,6,6], [2,0,6,0], [2,0,6,6];...
[6,4,2,2], [6,4,2,4], [6,4,2,2], [6,4,2,4];...
[0,2,4,2], [0,2,4,4], [0,2,4,2], [0,2,4,4];...
[4,6,0,0], [4,6,0,6], [4,6,0,0], [4,6,0,6]};
```



```

pathFreeman = zeros(1, 4 * size(path,2) - 1);
for l=1:size(path,2)-1
    pathFreeman(1, (l-1)*4+1:l*4) = codeFreeman{path(l), path(
        l+1)};
end
% ajout du dernier çtronon
fin = codeFreeman{path(size(path, 2)),1};
pathFreeman(1, size(pathFreeman, 2) - 2:size(pathFreeman, 2))
    = fin(1,1:3);

out = pathFreeman;

```

Références

1. H. Bay, T. Tuytelaars, and L. van Gool. Surf : Speeded up robust features. 2006.
2. C.G. Bhattacharya. A simple method of resolution of a distribution into gaussian components. *Biometrics*, 1967.
3. W. Burger and M.J. Burge. *Digital Image Processing, An Algorithmic Introduction Using Java*. Springer, 2008.
4. J.M. Chassery and C. Garbay. An iterative segmentation method based on a contextual color and shape criterion. *IEEE Trans. on PAMI*, 1984.
5. J.P. Cocquerez and S. Philipp. *Analyse d'image : filtrage et segmentation*. Masson, 1995.
6. P.A. Coquelin and J. Rabarisoa. La corrélation des images sur des balayages fractals. *ENST Cachan*, 2004.
7. M. Coster and J.L. Chermant. *Précis d'analyse d'image*. Presse du CNRS, 1989.
8. C. Duby and S. Robin. Analyse en composantes principales. *Institut national de recherche agronomique - Paris Grignon*, 2006.
9. A. Fardet, P.M. Baldwin, D. Bertrand, D.J. Gallant, and J.L. Barry. Textural image analysis of pasta protein networks to determine influence of technological processes. *Cereal Chemistry*, 1998.
10. F. Fenoul, M. Le Denmat, F. Hamdi, G. Cuvelier, and C. Michon. Technical note : Confocal scanning laser microscopy and quantitative image analysis : Application to cream cheese microstructure investigation. *American Dairy Science Association*, 2008.
11. W.D. Fisher. On grouping for maximum homogeneity. *JASA*, 1958.
12. M.M. Galloway. Texture analysis using gray level run lengths. *Computer Vision Graphics Image Process*, 1986.
13. X. Gao and J. Tan. Analysis of expanded-food texture by image processing part i : Geometric properties. *Journal of Food Processing Engineering*, 1996a.
14. X. Gao and J. Tan. Analysis of expanded-food texture by image processing part ii : Mechanical properties. *Journal of Food Processing Engineering*, 1996b.
15. R.C. Gonzalez and R.E. Woods. *Digital image processing*. Pearson Prentice Hall, 2002.

16. R.M. Haralick. Statistical and structural approaches to texture. *Proceedings of the IEEE*, 1979.
17. B. Julesz. *Visual Pattern Recognition*. IEEE Trans. on Information Theory, 1962.
18. K.I. Laws. *Texture image segmentation*. PhD thesis, University of Southern California, USA, 1988.
19. S. Le Feunteun and F. Mariette. Pfg-nmr techniques provide a new tool for continuous investigation of the evolution of the casein gel microstructure after renneting. *Macromolecules*, 41 :2071 – 2078, 2008.
20. J. Li, J. Tan, F.A. Martz, and H. Heymann. Image texture features as indicators of beef tenderness. *Meat Science*, 1999.
21. D. Lingrand. *Introduction au traitement d'images*. Vuibert, 2004.
22. M. Mellema, P. Walstra, J. H. J. Van Opheusden, and T. Van Vliet. Effects of structural rearrangements on the rheology of rennet-induced casein particle gels. *Advances in Colloid and Interface Science*, 98 :25 – 50, 2002.
23. O. Monga. An optimal growing algorithm for image segmentation. *International Journal of Pattern Recognition and Artificial Intelligence*, 1987.
24. A. Nakib. *Conception de métaheuristiques de segmentation d'images. Application à des images biomédicales*. PhD thesis, Université Val de Marne - Paris 12, 2008.
25. J. Ohser and F. Mücklich. *Statistical Analysis of Microstructures in Materials Science*. John Wiley & Sons, LTD, 2000.
26. M. Petrou and P. Garcia-Sevilla. *Image Processing : dealing with texture*. John Wiley & Sons, LTD, 2006.
27. S. Philipp. *Analyse de texture appliquée aux radiographies industrielles*. PhD thesis, Université Pierre et Marie Curie - Paris 6, 1988.
28. M.G. Reed, C.V. Howard, and G. Staats de Yanés. One-stop stereology : the estimations of 3d parameters using isotropic rulers. *journal of Microscopy*, 2009.
29. K. Shiranita, T. Miyajima, and R. Takiyama. Determination of meat quality by texture analysis. *Pattern Recognition Letters*, 1998.
30. P. Soille. *Morphological Image Analysis, Principles and Applications*. Springer, 2004.
31. M. Tahiri Alaoui, S.M. Farssi, A. Touzani, K. Mortalla, and P. Bunel. Caractérisation de texture : application sur les images échographiques du rein. *CARI*, 2005.
32. Wikipédia. Algorithme de tracé de cercle d'andres, 2010.
33. X. Zhang and Y. Gao. Face recognition across pose : a review. *Pattern Recognition*, 2009.
34. C. Zheng, D.W. Sun, and L. Zheng. Recent applications of image texture for evaluation of food quality - a review. *Food Science & Technology*, 2006.