



HAL
open science

Apport de l'imagerie multi et hyperspectrale pour l'évaluation de la pigmentation de la peau

Sylvain Prigent

► **To cite this version:**

Sylvain Prigent. Apport de l'imagerie multi et hyperspectrale pour l'évaluation de la pigmentation de la peau. Traitement du signal et de l'image [eess.SP]. Université Nice Sophia Antipolis, 2012. Français. NNT: . tel-00764831v1

HAL Id: tel-00764831

<https://theses.hal.science/tel-00764831v1>

Submitted on 13 Dec 2012 (v1), last revised 17 Dec 2012 (v2)

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

UNIVERSITÉ DE NICE - SOPHIA ANTIPOLIS
ÉCOLE DOCTORALE STIC
SCIENCES ET TECHNOLOGIES DE L'INFORMATION
ET DE LA COMMUNICATION

THÈSE

pour obtenir le titre de

Docteur en Sciences

de l'Université de Nice - Sophia Antipolis

**Mention : AUTOMATIQUE, TRAITEMENT DU SIGNAL ET
DES IMAGES**

Présentée et soutenue par

Sylvain PRIGENT

Apport de l'imagerie multi et hyperspectrale pour l'évaluation de la pigmentation de la peau

Thèse dirigée par Xavier DESCOMBES

préparée à l'INRIA Sophia Antipolis, Projets

ARIANA/MORPHÈME/AYIN

soutenue le 30 novembre 2012

Jury :

<i>Présidente :</i>	Christine GRAFFIGNE	-	Université Paris Descartes
<i>Rapporteurs :</i>	Jocelyn CHANUSSOT	-	GIPSA (G-INP)
	Mário A.T. FIGUEIREDO	-	DEEC (IST Lisbonne)
<i>Directeur :</i>	Xavier DESCOMBES	-	Morphème (INRIA/I3S/IBV)
<i>Co-Directrice :</i>	Josiane ZERUBIA	-	Ayin (INRIA)
<i>Examineurs :</i>	Didier ZUGAJ	-	Galderma R&D
	Philippe BASTIEN	-	L'Oréal R&D

Remerciements

Je souhaite tout d'abord remercier mon directeur de thèse Xavier Descombes et ma co-directrice de thèse Josiane Zerubia pour avoir guidé mon travail et prodiguer leurs conseils avisés tout au long de ma thèse, au sein de l'équipe Ariana, puis des équipes Morphèmes et Ayin.

Je remercie également Didier Zugaj, Anne-Sophie Dugaret, Laurent Petit et Philippe Martel de Galderma R&D pour leur étroite collaboration et leur aide et conseils notamment sur les aspects cliniques et de validation des résultats.

Merci à Galderma R&D et à l'Inria pour le financement de ma thèse.

Merci à Jocelyn Chanussot et à Mario Figueiredo d'avoir accepté la lourde tâche de rapporter ma thèse, ainsi qu'à Christine Graffigne et Philippe Bastien d'avoir participé au jury.

Je voudrais remercier Erwan pour son suivi logiciel. Ma thèse aura ainsi été l'occasion d'apprendre les techniques avancées de programmation et d'apprendre à faire des programmes maintenables.

Je tiens aussi à remercier Vladimir pour son aide lors de la (laborieuse) rédaction de mes premiers articles et pour ses conseils sur les méthodes statistiques, ainsi que Yuliya pour sa relecture de mes articles.

Durant ces trois années de thèse, j'ai pu faire partie de trois équipes de recherche à l'Inria/IS et avoir le privilège de posséder deux bureaux. Cela m'amène à avoir une pensée pour toutes les personnes que j'ai pu y côtoyer et avec qui nous avons passé de bons moments : Maria, GGHH, Saima, Aurelie, Yannick, Csaba, Aymen, Ahmed, Christine, Laurie, Guillaume, Anny, Alexis, Adrien, Mikaël, Florent, Ikhlef, Alejandro, Huei-Fang... Et, comme j'ai pris le risque de citer des noms j'espère ne pas en avoir trop oublié dans cette liste.

Enfin, merci à ma famille.

Confidentialité

Cette thèse ayant été réalisée en collaboration avec un industriel, une partie de ce manuscrit est soumise à une confidentialité de 3 ans. Les deux chapitres concernés ne figurent donc pas dans cette version du manuscrit et une version complète sera disponible à partir de décembre 2015.

Table des matières

1	Introduction	1
1.1	Position du problème	1
1.2	Contexte	3
1.3	La structure de la peau	3
1.3.1	La structure générale	4
1.3.2	La pigmentation	7
1.3.3	Les maladies de la peau et l'hyper-pigmentation	9
1.3.4	Critères de sévérité de l'hyper-pigmentation	11
1.4	Les techniques d'imagerie de la peau	11
1.4.1	Spectrocolorimétrie	12
1.4.2	Imagerie couleur	12
1.4.3	Imagerie multi et hyper-spectrale	13
1.5	Les techniques d'analyse de signal en dermatologie	15
1.5.1	CIE L^*a^*b	18
1.5.2	Mesure de réflectance	19
1.5.3	Spectre d'absorption	20
1.5.4	Comparaison des méthodes	22
1.6	Analyse proposée	24
1.6.1	Stratégie d'exploration	24
1.6.2	Méthode de validation	24
2	Critère spectral	27
2.1	Mise en place du test statistique	28
2.1.1	Normalisation des données	29
2.1.2	Choix d'un test statistique	31
2.2	Estimation d'un critère spectral	35
2.2.1	Les méthodes d'analyse du spectre	35
2.2.2	Les méthodologies sélectionnées	41
2.3	Résultats obtenus	48
2.3.1	Application des critères spectraux sur la première étude	51
2.3.2	Application des critères spectraux sur la seconde étude	53
2.3.3	Conclusion	55
2.4	Apport de l'imagerie multi-spectrale	57
2.4.1	Comparaison entre multi-spectral et spectro-colorimètre	57
2.4.2	Comparaison entre imagerie multi-spectrale et couleur	58
2.4.3	Conclusion	58

3 Critère spatial	61
3.1 Les méthodes de classification en multi et hyper-spectral	62
3.1.1 Les méthodes de réduction de dimension	64
3.1.2 Les méthodes de classification	64
3.2 Méthodologies sélectionnées	76
3.2.1 Réduction de dimension par poursuite de projection	76
3.2.2 Analyse en composantes indépendantes	82
3.2.3 Séparateurs à vaste marge	83
3.2.4 Compensation des effets de volume et d'éclairage	89
3.2.5 Résultats obtenus	94
3.3 Généralisation à une étude complète	98
3.3.1 Entraînement global	98
3.3.2 Outil de classification interactif	101
3.3.3 Résultats obtenus	102
3.4 Apport du multi-spectral	104
3.4.1 Comparaison avec des classifications sur des images (ou re- constructions) couleur	105
3.4.2 Comparaison des méthodes de réduction de dimension entre multi et hyper-spectral	107
4 Conclusion	119
4.1 Conclusion	119
4.2 Perceptives	120
4.2.1 Perspectives d'amélioration	120
4.2.2 Perspectives d'extension des méthodes	120
A Intégration spectrale et représentation des espaces couleur	123
A.1 Intégration spectrale	123
A.2 Espace RVB	124
A.3 Espace CIE L^*a^*b	125
B Exemples d'images multi-spectrales	127
C Estimation de la matrice de mélange par un algorithme de point fixe	137
C.1 Description de la méthode	137
C.1.1 Choix de la fonction G	138
C.1.2 Mise en oeuvre du calcul de W :	139
C.2 Pseudo-algorithme "FastICA"	140
D Pseudo-algorithme JADE	141
E Ensemble des tests statistiques pour l'analyse du critère de contraste	143

F Développement d'un outil logiciel	159
F.1 Création d'une étude	159
F.2 Lancement des processus automatiques	159
F.3 Corrections interactives	160
F.4 Calcul des sévérités	161
Bibliographie	169

Liste des tableaux

1.1	P-valeurs du test de Wilcoxon effectué sur les mesures de luminance obtenues par spectro-colorimétrie pour chaque temps et chaque traitements de la première étude clinique.	25
1.2	P-valeurs du test de Wilcoxon effectué sur les mesures de luminance obtenues par spectro-colorimétrie pour chaque temps et chaque traitements de la seconde étude clinique.	25
2.1	Ensemble des résultats des tests de Wilcoxon effectués sur la première étude clinique en fonction du critère M utilisé. Pour appliquer le critère M , c'est la normalisation de l'équation (2.16) (qui normalise par rapport à la zone saine et au traitement comparateur par soustraction) qui est utilisée.	54
2.2	Ensemble des résultats des tests de Wilcoxon effectués sur la première étude clinique en fonction du critère M utilisé. Pour appliquer le critère M , c'est la normalisation de l'équation (2.13) (qui normalise uniquement par rapport au traitement comparateur par soustraction) qui est utilisée.	55
2.3	Résultats des tests statistiques sur la seconde étude en utilisant les critères L^* , $b_{590} - b_{405}$ et ICA sans IR. Pour appliquer le critère M , c'est la normalisation de l'équation (2.16) (qui normalise par rapport à la zone saine et au traitement comparateur par soustraction) qui est utilisée.	56
2.4	Résultats des tests statistiques sur la seconde étude en utilisant les critères L^* , $b_{590} - b_{405}$ et ICA sans IR. Pour appliquer le critère M , c'est la normalisation de l'équation (2.13) (qui normalise uniquement par rapport au traitement comparateur par soustraction) qui est utilisée.	56
2.5	Ensemble des résultats des tests de Wilcoxon effectués sur la première étude clinique en fonction du critère M et de la technologie utilisée. Pour appliquer le critère M , c'est la normalisation de l'équation (2.13) (qui normalise uniquement par rapport au traitement comparateur par soustraction) qui est utilisée.	59
3.1	Correspondance de mesure de surface entre le dermatologue et les algorithmes	97
F.1	Table des statistiques calculées sur la seconde étude clinique pour le critère de contraste. Le test utilisé pour obtenir les p-valeurs est le test de Wilcoxon.	164

F.2	Table des statistiques calculées sur la seconde étude clinique pour le critère de surface. Le test utilisé pour obtenir les p-valeurs est le test de Wilcoxon.	165
-----	--	-----

Table des figures

1.1	Structure de la peau : (a) coupe histologique (© Galderma), (b) schéma de la structure de la peau (source : [Mélissopoulos 1998]) . . .	5
1.2	Structure de l'épiderme (source : [Mélissopoulos 1998])	6
1.3	Schéma d'un mélanocyte dans l'épiderme (source : [Mélissopoulos 1998])	7
1.4	Illustration des 4 étapes de la mélanogénèse (source : [Mélissopoulos 1998])	8
1.5	Acné (© Galderma)	9
1.6	Rosacée (© Galderma)	10
1.7	Mélasma (© Galderma)	10
1.8	Schéma du découpage du visage en quatre régions pour calculer le score MASI. Source : [Pandya 2011]	12
1.9	Illustration de spectres mesurés par un spectro-colorimètre sur 12 patients de la première étude clinique. (a) spectres pris sur une zone pathologique de 12 patients différents. (b) 3 mesures consécutives sur la même zone pathologique d'un même patient. On observe que la mesure est robuste. Lors de tests cliniques, c'est la moyenne de ces trois mesures qui est prise en compte. Abscisse :longueur d'onde en nanomètres, ordonnée :absorbance.	13
1.10	Exemple d'images couleur (patient 9005 de la première étude clinique). (a) Image couleur obtenue avec un capteur RVB en lumière polarisée. (b) Image couleur obtenue par intégration spectrale d'une image multi-spectrale. ©Galderma.	14
1.11	Image multi-spectrale contenant 18 bandes spectrales allant de 405 à 970 nm. La zone spatiale est ici restreinte à 400*400 pixels. ©Galderma.	14
1.12	Exemple d'image multi-spectrale. (a) Bande à 590 nm ©Gladerma (patient 012 right t1 étude multi/hyper), (b) spectres moyens sains (en rouge) et pathologique (en bleu) pour le patient de la figure (a), (c) spectres sains de 12 patients différents, (d) spectres pathologiques de 12 patients différents (patients de l'étude multi/hyper). Abscisse :longueur d'onde en nanomètres, ordonnée :niveau de gris dans l'image (0-255).	16
1.13	Exemple d'image hyper-spectrale. (a) Bande à 590 nm ©Gladerma (patient 012 right t1 étude multi/hyper), (b) spectres moyens sains (en rouge) et pathologique (en bleu) pour le patient de la figure (a), (c) spectres sains de 12 patients différents, (d) spectres pathologiques de 12 patients différents. Les patients utilisés sont les mêmes que ceux de la figure 1.12. Abscisse :longueur d'onde en nanomètres, ordonnée :niveau de gris dans l'image (0-255).	17

1.14	Exemple de décomposition CIE L^*a^*b sur un patient atteint de mélasma ©Gladerma. (a) image couleur reconstruite, (b) composante L^* , (c) composante a^* , (d) composante b . (patient 023 right t1 étude multi/hyper)	18
1.15	Exemple de composante ITA sur un patient atteint de mélasma ©Gladerma. (a) image couleur reconstruite, (b) composante ITA . (patient 023 right t1 étude multi/hyper)	19
1.16	Spectre d'absorption de la mélanine et de l'hémoglobine, en fonction de la longueur d'onde (en nanomètres). Il est à noter que le spectre de l'hémoglobine présente des pics d'absorption alors que la mélanine a une absorption relativement linéaire.	19
1.17	Exemple de composantes spectrales normalisées sur un patient atteint de mélasma. (a) Image couleur reconstruite, (b) Composante à 570 nm normalisée par la composante à 850 nm, (c) Composante à 700 nm normalisée par la composante à 850 nm. (patient 023 right t1 étude multi/hyper)	20
1.18	Exemple de composantes obtenues par l'algorithme de Stamatias et al. (a) Image couleur reconstruite, (b) composante déoxy-hémoglobine, (c) composante oxy-hémoglobine, (d) composante mélanine. (patient 023 right t1 étude multi/hyper)	22
1.19	Exemple de cartographies de pigmentation obtenues par quatre méthodes différentes. (patient 023 right t1 étude multi/hyper)	23
2.1	Illustration de la décomposition du signal $X_{i,j}$ en composantes pures. Si l'image considérée contient N bandes spectrales et que l'on recherche M composantes pures telles que $M \leq N$, alors A est une matrice $N * M$	45
2.2	Illustration d'une composante obtenue par ACI représentative de la pathologie (patient 9001 de la première étude clinique). (a) Image couleur reconstruite, (b) source obtenue par ACI calculée sur l'image, (c) source obtenue par le profil moyen obtenu sur la première étude clinique et illustré en figure 2.6.	49
2.3	Signatures spectrales obtenues par ACI sur des images de mélasma. En bleu est représenté l'ensemble des signatures spectrales obtenues sur l'ensemble des images d'une étude clinique. Abscisse : indice de la bande spectrale dans l'image, ordonnée : coefficient assigné à chaque bande spectrale.	49
2.4	Signatures spectrales en valeur absolue obtenues par ACI sur des images de mélasma. En bleu est représenté l'ensemble des signatures spectrales obtenues sur l'ensemble des images d'une étude clinique. En rouge est représentée la moyenne des signatures spectrales en bleu. Abscisse : indice de la bande spectrale dans l'image, ordonnée : coefficient assigné à chaque bande spectrale.	50

2.5	Illustration de la méthode de sélection des zones d'intérêt sur les quatre temps de mesure pour un patient (patient 9004 de la première étude clinique). La zone saine d'intérêt est détournée en bleu et la zone pathologique d'intérêt est détournée en rouge.	50
2.6	Ensemble des signatures spectrales estimées sur la première étude clinique. Abscisse :longueurs d'onde en nanomètres, ordonnée :poids m_b attribué au bandes spectrales	51
2.7	Représentation des coefficients de la fonction f_2 pour les trois traitements de la première étude clinique. Courbe noire pour le traitement S_t , courbe rouge pour le traitement Ad_2 et courbe bleue pour le traitement Ad_3 . Abscisse :longueurs d'ondes en nanomètres, ordonnée :coefficients de la fonction f_2 pour chaque longueur d'onde.	52
3.1	Méthodes de classification en imagerie hyper-spectrale (IHS)	63
3.2	Ensemble des cliques pour un voisinage 4-connexe et un voisinage 8-connexe	70
3.3	Illustration du principe de la poursuite de projection. L'image hyper-spectrale est découpée en K groupes. L'indice des images aux bornes de chaque groupe est noté Z_k . Puis, chaque groupe est projeté sur un unique vecteur V_k	77
3.4	Illustration des étapes successives de l'algorithme de poursuite de projection.	78
3.5	Illustration du calcul de I_h (Indice de Gomez, relatif à l'histogramme).	80
3.6	Schéma de principe d'un séparateur à vaste marge	83
3.7	Introduction d'une fonction Φ , qui plonge le nuage de point dans un espace de dimension supérieure, rendant ainsi les données linéairement séparables	88
3.8	Compensation des volumes sur la bande spectrale à 590nm (patient 9001, première étude clinique). (a) Bande initiale, (b) bande compensée par retrait de la moyenne spectrale de chaque pixels, (c) bande compensée par la première composante ACI, (d) bande compensée par division de la bande infrarouge, (e) bande compensée par le modèle d'interférence, (f) bande compensée par soustraction de la bande infrarouge.	94
3.9	Résultats d'une classification par k-moyennes à 3 classes sur la bande spectrale à 590nm (patient 9001, première étude clinique) suivant la méthode de compensation de volumes et ombres utilisée. (a) Bande initiale, (b) bande compensée par retrait de la moyenne spectrale de chaque pixel, (c) bande compensée par la première composante ACI, (d) bande compensée par division de la bande infrarouge, (e) bande compensée par le modèle d'interférence, (f) bande compensée par soustraction de la bande infrarouge.	95
3.10	Bandes d'un cube réduit par poursuite de projection (a-e), une classification manuelle (f). (Patient 9001, première étude clinique)	96

3.11	Résultats de classifications obtenues par poursuite de projection et SVM en fonction de la méthode de compensation de volume (patient 9001, première étude clinique).	96
3.12	Résultats de classifications obtenues avec l'ACI en fonction de la méthode de compensation de volume (patient 9001, première étude clinique).	97
3.13	Corrélation de l'ACI-seuillage (à gauche) et l'algorithme de Stamatias et al. (à droite), avec la mesure du dermatologue sur les images du Groupe 1. Abscisse : surface pathologique estimée par l'algorithme, ordonnée : surface pathologique estimée par le dermatologue.	98
3.14	Influence du filtrage de Fourier sur une bande spectrale. La bande utilisée est la bande à 590 nm. (Patient 9001 de la seconde étude clinique)	100
3.15	Schéma de classification final utilisé pour analyser un étude clinique complète	102
3.16	Capture d'écran du logiciel qui permet de faire la classification interactive, premier exemple. En haut à gauche : segmentation obtenue avec un filtre de Fourier qui coupe 20% des basses fréquences, en haut à droite : la segmentation obtenue avec un filtre de Fourier qui coupe 40% des basses fréquences, en bas à gauche une bande de l'image initiale, en bas à droite la composante de la classification SVM choisie par l'opérateur. (Patient 9036 de la seconde étude clinique)	103
3.17	Capture d'écran du logiciel qui permet de faire la classification interactive, second exemple. En haut à gauche : segmentation obtenue avec un filtre de Fourier qui coupe 20% des basses fréquences, en haut à droite : la segmentation obtenue avec un filtre de Fourier qui coupe 40% des basses fréquences, en bas à gauche une bande de l'image initiale, en bas à droite : classification finale. La classification finale a été ici obtenue en cliquant sur deux régions dans les cartes de segmentation (régions en blanc sur les quadrants du haut). (Patient 9039 de la seconde étude clinique)	104
3.18	Images utilisées pour l'apprentissage global pour les deux études cliniques. La première ligne montre des reconstructions couleur des images initiales. La seconde ligne montre une bande filtrée avec le filtre de Fourier à 40% et l'emplacement des zones d'entraînement. Les rectangles rouges montrent les zones d'apprentissage pathologiques, et les rectangles bleus indiquent les zones d'apprentissage saines. La troisième ligne montre une bande filtrée avec le filtre de Fourier à 20%. La quatrième ligne montre les classifications finales obtenues sur les images d'apprentissage. Les patients utilisés (a) le patient 9001 de la seconde étude clinique, (b) le patient 9015 de la seconde étude clinique et (c) le patient 9024 de la seconde étude clinique.	110

3.19	Corrélation entre la mesure du dermatologue et les mesures de la méthodologie proposée sur (a) la première étude contenant 48 patients et (b) la deuxième étude contenant 44 patients.	111
3.20	Corrélation entre la mesure du dermatologue et les mesures de surface obtenues par SVM entraîné indépendamment sur chacune des images de la seconde étude contenant 44 patients.	111
3.21	Comparaison des méthodes de compensation de volumes entre imagerie multi-spectrale et imagerie couleur sur un exemple (patient 9011 de la première étude clinique). (a) Image couleur reconstruite, (b) Bande infrarouge, (c) Compensation par la bande infrarouge, (d) Bande rouge, (e) Estimation des volumes sur image couleur, (f) Compensation par l'image de volume estimée sur image couleur.	111
3.22	Comparaison des méthodes de compensation de volumes entre imagerie multi-spectrale et imagerie couleur sur un exemple. (a) image couleur reconstruite, (b) bande infrarouge, (c) compensation par la bande infrarouge, (d) bande rouge, (e) estimation des volumes sur image couleur, (f) compensation par l'image de volume estimée sur image couleur.	112
3.23	Zones d'intérêt et spectre sain et pathologique moyens sur une image de mélasma avec de l'imagerie multi-spectrale. (a) Zones d'intérêt délimitées manuellement. En bleu, la zone saine et en rouge, la zone pathologique. (b) spectre moyen sain en bleu et spectre moyen pathologique en rouge. Abscisse :longueur d'onde en nanomètres, ordonnée :intensité dans l'image	112
3.24	Zones d'intérêt et spectre sain et pathologique moyen sur une image de mélasma avec de l'imagerie hyper-spectrale. (a) zones d'intérêt délimitées manuellement. En bleu, la zone saine et en rouge, la zone pathologique. (b) spectre moyen sain en bleu et spectre moyen pathologique en rouge. Abscisse :longueur d'onde en nanomètres, ordonnée :intensité dans l'image	113
3.25	Courbes de décroissance des valeurs propres de l'ACP pour les 12 patients étudiées, (a) avec les images multi-spectrales, (b) avec les images hyper-spectrales.	113
3.26	Composantes obtenues par ACP pour une image multi-spectrale, (a) image couleur reconstruite, (b-j) 8 premières composantes obtenues par ACP. (Patient 023 t1 de l'étude multi/hyper).	114
3.27	Composantes obtenues par ACP pour une image hyper-spectrale, (a) image couleur reconstruite, (b-j) 8 premières composantes obtenues par ACP. (Patient 023 t1 de l'étude multi/hyper).	115
3.28	Sources obtenues par ACI pour une image multi-spectrale, (a) image couleur reconstruite, (b-j) 8 sources obtenues par ACI. (Patient 023 t1 de l'étude multi/hyper).	116

3.29	Sources obtenues par ACI pour une image hyper-spectrale , (a) image couleur reconstruite, (b-j) 8 sources obtenues par ACI.(Patient 023 t1 de l'étude multi/hyper).	117
A.1	Coefficient de sensibilité aux longueurs d'ondes de l'observateur (colorimétrique) standard CIE 1931 2-degré	124
A.2	Définitions de trois espaces couleur dans l'espace XYZ (source : Wikipedia)	124
B.1	Exemple d'image multi-spectrale (patient 9001 de la seconde étude clinique).	128
B.1	Exemple d'image multi-spectrale (patient 9001 de la seconde étude clinique).	129
B.1	Exemple d'image multi-spectrale (patient 9001 de la seconde étude clinique).	130
B.2	Exemple d'image multi-spectrale (patient 9015 de la seconde étude clinique).	131
B.2	Exemple d'image multi-spectrale (patient 9015 de la seconde étude clinique).	132
B.2	Exemple d'image multi-spectrale (patient 9015 de la seconde étude clinique).	133
B.3	Exemple d'image multi-spectrale (patient 9024 de la seconde étude clinique).	134
B.3	Exemple d'image multi-spectrale (patient 9024 de la seconde étude clinique).	135
B.3	Exemple d'image multi-spectrale (patient 9024 de la seconde étude clinique).	136
E.1	Résultats des tests statistiques sur la première étude en utilisant la mesure de Luminance comme critère spectral sur l'imagerie multi-spectrale, avec la normalisation de l'équation 2.16. a-c) abscisse :temps de mesure $t_0 = 1, t_1 = 4, t_2 = 8$ et $t_3 = 12$, ordonnée :mesure de contraste.	144
E.2	Résultats des tests statistiques sur la première étude en utilisant la mesure sur la bande à 590nm comme critère spectral sur l'imagerie multi-spectrale, et avec la normalisation de l'équation 2.16. a-c) abscisse :temps de mesure $t_0 = 1, t_1 = 4, t_2 = 8$ et $t_3 = 12$, ordonnée :mesure de contraste.	145
E.3	Résultats des tests statistiques sur la première étude en utilisant la mesure sur la bande à 645nm comme critère spectral sur l'imagerie multi-spectrale, et avec la normalisation de l'équation 2.16. a-c) abscisse :temps de mesure $t_0 = 1, t_1 = 4, t_2 = 8$ et $t_3 = 12$, ordonnée :mesure de contraste.	146

E.4	Résultats des tests statistiques sur la première étude en utilisant la mesure sur la combinaison $b_{590}-b_{405}$ comme critère spectral sur l'imagerie multi-spectrale, et avec la normalisation de l'équation 2.16. a-c) abscisse :temps de mesure $t_0 = 1, t_1 = 4, t_2 = 8$ et $t_3 = 12$, ordonnée :mesure de contraste.	147
E.5	Résultats des tests statistiques sur la première étude en utilisant la mesure sur la combinaison $b_{645}-b_{405}$ comme critère spectral sur l'imagerie multi-spectrale, et avec la normalisation de l'équation 2.16. a-c) abscisse :temps de mesure $t_0 = 1, t_1 = 4, t_2 = 8$ et $t_3 = 12$, ordonnée :mesure de contraste.	148
E.6	Résultats des tests statistiques sur la première étude en utilisant la mesure d'ACI en moyenne absolue sans utiliser les bandes infrarouges comme critère spectral sur l'imagerie multi-spectrale, et avec la normalisation de l'équation 2.16. a-c) abscisse :temps de mesure $t_0 = 1, t_1 = 4, t_2 = 8$ et $t_3 = 12$, ordonnée :mesure de contraste.	149
E.7	Résultats des tests statistiques sur la première étude en utilisant la mesure de Luminance comme critère spectral sur l'imagerie multi-spectrale, et avec la normalisation de l'équation 2.13. a-c) abscisse :temps de mesure $t_0 = 1, t_1 = 4, t_2 = 8$ et $t_3 = 12$, ordonnée :mesure de contraste.	150
E.8	Résultats des tests statistiques sur la première étude en utilisant la mesure sur la combinaison $b_{590}-b_{405}$ comme critère spectral sur l'imagerie multi-spectrale, et avec la normalisation de l'équation 2.13. a-c) abscisse :temps de mesure $t_0 = 1, t_1 = 4, t_2 = 8$ et $t_3 = 12$, ordonnée :mesure de contraste.	151
E.9	Résultats des tests statistiques sur la première étude en utilisant la mesure d'ACI moyenne sans utiliser les bandes infrarouges comme critère spectral sur l'imagerie multi-spectrale, et avec la normalisation de l'équation 2.13. a-c) abscisse :temps de mesure $t_0 = 1, t_1 = 4, t_2 = 8$ et $t_3 = 12$, ordonnée :mesure de contraste.	152
E.10	Résultats des tests statistiques sur la première étude en utilisant la mesure de Luminance comme critère spectral sur les mesures de spectrocolorimètre, et avec la normalisation de l'équation 2.13. a-c) abscisse :temps de mesure $t_0 = 1, t_1 = 4, t_2 = 8$ et $t_3 = 12$, ordonnée :mesure de contraste.	153
E.11	Résultats des tests statistiques sur la première étude en utilisant la combinaison $b_{590} - b_{405}$ comme critère spectral sur les mesures de spectrocolorimètre, et avec la normalisation de l'équation 2.13. a-c) abscisse :temps de mesure $t_0 = 1, t_1 = 4, t_2 = 8$ et $t_3 = 12$, ordonnée :mesure de contraste.	154

E.12	Résultats des tests statistiques sur la première étude en utilisant la composante ACI comme critère spectral sur les mesures de spectrocolorimètre, et avec la normalisation de l'équation 2.13. a-c) abscisse :temps de mesure $t_0 = 1$, $t_1 = 4$, $t_2 = 8$ et $t_3 = 12$, ordonnée :mesure de contraste.	155
E.13	Résultats des tests statistiques sur la première étude en utilisant la mesure de Luminance comme critère spectral sur l'imagerie couleur, et avec la normalisation de l'équation 2.13. a-c) abscisse :temps de mesure $t_0 = 1$, $t_1 = 4$, $t_2 = 8$ et $t_3 = 12$, ordonnée :mesure de contraste.	156
E.14	Résultats des tests statistiques sur la première étude en utilisant la composante ACI comme critère spectral sur l'imagerie couleur, et avec la normalisation de l'équation 2.13. a-c) abscisse :temps de mesure $t_0 = 1$, $t_1 = 4$, $t_2 = 8$ et $t_3 = 12$, ordonnée :mesure de contraste.	157
F.1	Fenêtre permettant de spécifier les données nécessaires à l'analyse d'une étude clinique.	160
F.2	Fenêtre permettant de lancer les différents algorithmes et outils nécessaires à l'analyse d'une étude clinique.	161
F.3	Fenêtre permettant de réaliser la sélection interactive des zones d'intérêt.	162
F.4	Fenêtre permettant de contrôler et de corriger le recalage.	162
F.5	Affichage des résultats statistiques obtenus sur l'étude clinique.	163

Acronymes

Hb déoxyhémoglobine. 7, 18, 21

HbO₂ oxyhémoglobine. 7, 18, 21

ACI analyse en composantes indépendantes. 37, 41, 44–48, 76, 90, 93

ACP analyse en composantes principales. 36–39, 45

ADN acide désoxyribonucléique. 4

DECA dependent component analysis. 39

iid indépendants et identiquement distribués. 31, 32

JADE Joint Approximate Diagonalisation of Eigenmatrices. 46, 47

KKT Karusk-Kuhn-Tucker. 84, 86, 87

KPCA analyse en composantes principale à noyau. 36

MASI “Melasma Area and Severity Index”. 11, 24

MSS “Melasma Severity Scale”. 11

NAPCA analyse en composantes principales ajustée au bruit. 36

NMF factorisation en matrices non-négatives. 37–39

PPI pixel purity index. 38, 39

RBF Radial Basis Function. 88, 89

RVB Rouge Vert Bleu. 12, 18, 123–125

SAM Spectral Angle Mapper. 89

SMO Sequential Minimal Optimisation. 87

SVD décomposition en valeurs singulières. 36, 38, 39

SVM séparateur à vaste marge. 68, 69, 75, 83, 85–87, 89

UV Ultra-violet. 4

VCA vertex component analysis. 39

Introduction

Sommaire

1.1	Position du problème	1
1.2	Contexte	3
1.3	La structure de la peau	3
1.3.1	La structure générale	4
1.3.2	La pigmentation	7
1.3.3	Les maladies de la peau et l'hyper-pigmentation	9
1.3.4	Critères de sévérité de l'hyper-pigmentation	11
1.4	Les techniques d'imagerie de la peau	11
1.4.1	Spectrocolorimétrie	12
1.4.2	Imagerie couleur	12
1.4.3	Imagerie multi et hyper-spectrale	13
1.5	Les techniques d'analyse de signal en dermatologie	15
1.5.1	CIE L^*a^*b	18
1.5.2	Mesure de réflectance	19
1.5.3	Spectre d'absorption	20
1.5.4	Comparaison des méthodes	22
1.6	Analyse proposée	24
1.6.1	Stratégie d'exploration	24
1.6.2	Méthode de validation	24

1.1 Position du problème

En dermatologie, une étape importante de validation d'un traitement est de le tester sur une population de patients afin d'évaluer son efficacité. Généralement, l'efficacité d'un traitement n'est pas mesurée seule, mais comparativement à un placebo ou à un traitement standard pour la pathologie traitée. Ce placebo ou traitement standard est alors appelé comparateur. De nos jours, pour réaliser une telle étude, au moins deux groupes de patients sont utilisés. Le premier groupe reçoit le traitement à l'étude alors que le second groupe reçoit un comparateur. Puis, tout au long du traitement, les patients sont examinés par un ou plusieurs dermatologues afin que ces derniers cotent la sévérité de la pathologie. La série de mesures temporelles de sévérité ainsi obtenue peut alors être analysée afin de déterminer si le traitement à l'étude a un effet significativement meilleur que le comparateur. Classiquement,

un test d'hypothèses comme le test de Student [Mood 1974] ou le test de Wilcoxon [Mood 1974] est alors utilisé. Un tel procédé est long. En effet, l'étude clinique doit se dérouler sur plusieurs mois afin que le dermatologue puisse distinguer un changement. De plus, une mesure clinique est sujette à la sensibilité du clinicien, ce qui rend la mesure finale subjective. Afin de rendre ce protocole clinique plus objectif, et de détecter l'effet d'un traitement le plus tôt possible, les laboratoires travaillant dans le domaine se sont intéressés aux techniques de mesures physiques. La dermoscopie [Al Abbadi 2010] est la technique la plus utilisée par les dermatologues. Elle permet d'obtenir une image couleur polarisée haute résolution d'une petite zone de peau afin d'analyser les petites structures de la peau. Vient ensuite la spectro-colorimétrie (cf. §1.4.1). Cette technique est très utilisée pour mesurer de manière précise la couleur d'une zone de peau. La spectro-colorimétrie a pour inconvénient de ne pas prendre en compte l'aspect spatial de la pathologie et peut avoir des variations de mesure à cause du contact entre l'appareil et la peau. Or, l'information spatiale est très importante pour quantifier la sévérité d'une pathologie (cf. §1.6.1). L'imagerie couleur (cf. §1.4.2) quant à elle permet de mesurer des critères spatiaux, mais avec une faible information colorimétrique. D'autres types d'imagerie peuvent permettre l'analyse de la peau. La spectroscopie Raman [Ly 2008] permet de réaliser une analyse locale de la composition moléculaire. L'imagerie ultra-sonore permet de cartographier les couches de la peau afin d'estimer des régularités ou densités [Shubert 2005]. L'imagerie 3D, [Jacobi 2004] peut être utilisée pour mesurer la profondeur des rides par exemple. Dans ce manuscrit, le but est d'évaluer, par le développement de méthodologies dédiées, l'intérêt de l'imagerie multi et hyper-spectrale pour caractériser les lésions d'hyper-pigmentation cutanée. Le but de l'imagerie spectrale est de combiner une information spectrale et une information spatiale sur une grande zone de peau. Le travail présenté dans ce manuscrit se focalise sur l'imagerie spectrale en comparaison avec la spectro-colorimétrie et l'imagerie couleur. Le sujet "apport de l'imagerie spectrale pour l'analyse de la pigmentation cutanée" est donc analysé sous trois angles :

- l'imagerie spectrale permet-elle une mesure spectrale de la pathologie aussi performante voire plus performante que la spectro-colorimétrie ?
- l'imagerie spectrale permet-elle une analyse spatiale de la pathologie aussi performante voire plus performante qu'une image couleur ?
- l'imagerie spectrale permet-elle de combiner l'information spatiale et spectrale pour obtenir un critère de sévérité d'une pathologie de manière plus fine qu'avec des technologies telles que l'imagerie couleur ou la spectro-colorimétrie ?

Le but final de l'analyse de ces trois points est de pouvoir mettre en place un critère de sévérité incluant analyse spectrale et spatiale pour analyser l'évolution de l'hyper-pigmentation dans le temps. Les résultats obtenus sont alors comparés aux résultats obtenus lors d'évaluations cliniques. Afin de poser le problème, la suite de ce chapitre est organisée de la façon suivante : la partie 1.2 introduit le contexte industriel dans lequel se place le travail présenté dans ce manuscrit. La partie 1.3 décrit la peau et l'hyper-pigmentation. La partie 1.4 présente les technologies qui seront comparées.

La partie 1.5 expose les techniques standards d'analyse des spectres et/ou des images en dermatologie. Enfin, la partie 1.6 présente la stratégie proposée pour analyser le problème considéré ainsi que les données qui sont utilisées pour valider les méthodes.

1.2 Contexte

Le travail de thèse présenté dans ce manuscrit s'inscrit dans un cadre industriel. La problématique a été posée par Galderma R&D dans le cadre de l'évaluation clinique précoce. Le but est d'utiliser des techniques, entre autres d'imagerie, afin de quantifier la sévérité et l'évolution de traitements. En effet, lors de la mise au point d'un nouveau produit, des tests intermédiaires sont effectués sur des populations de patients. Ces tests ont pour objectif de quantifier l'effet du produit afin d'orienter la suite des recherches sur ce produit. La réalisation de ces tests cliniques est longue. Ainsi, une étude doit durer plusieurs mois pour pouvoir permettre d'évaluer le produit à l'étude. Par exemple, les études cliniques que l'on utilise dans ce manuscrit durent 3 mois. L'évaluation clinique précoce vise à estimer au bout d'un temps le plus court possible si un traitement a un effet ou pas. Une inspection à l'œil nu est alors insuffisante pour une analyse précoce. L'utilisation de techniques telles que l'imagerie ou la spectro-colorimétrie est alors indispensable. Dans le cadre de cette thèse, on se focalise sur l'imagerie multi-spectrale que l'on compare avec des analyses par spectro-colorimétrie et imagerie couleur à partir de données fournies par Galderma R&D.

1.3 La structure de la peau

La peau ou tégument (du latin *tegumentum*, couverture) [Mélissopoulos 1998] est l'organe le plus étendu et le plus lourd du corps humain. Pour un adulte, la peau représente une superficie d'environ 2 m² pour un poids de 4 kg. Son épaisseur varie de 1 mm à 4 mm suivant les parties du corps. La peau la plus fine se trouve au niveau des paupières et la peau la plus épaisse au niveau des paumes et des plantes. La peau, étant une enveloppe recouvrant l'ensemble du corps, a pour fonction principale de protéger l'organisme de l'environnement extérieur. Ainsi, elle protège des chocs, des rayonnements, des liquides ou microbes. Cependant, son rôle ne se limite pas à cela. En effet, la peau joue également un rôle dans, par exemple, la régulation de la température corporelle ou dans le système sensoriel. Les fonctions exercées par la peau varient d'un individu à un autre ou d'une population à une autre. De plus, ces processus sont les fruits d'interactions complexes entre entités telles que mélanine, fibres, veines, capillaires... Dans ce manuscrit, l'intérêt est porté uniquement à la pigmentation. Cependant, afin d'aborder le mécanisme de pigmentation, il est nécessaire de comprendre la structure générale de la peau.

1.3.1 La structure générale

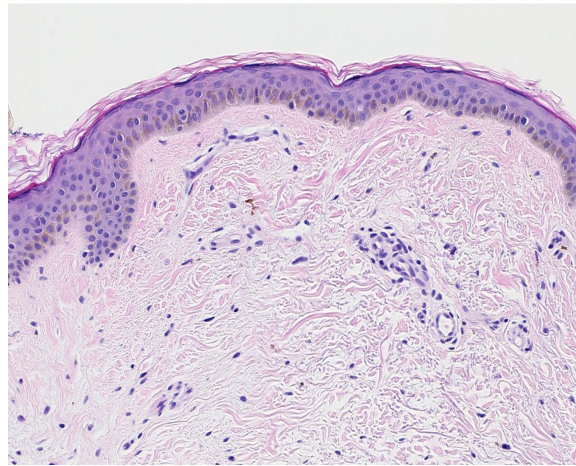
La peau est constituée de trois couches tissulaires (cf. figure 1.1) : l'épiderme (du grec *epi*, dessus et *derma*, peau) qui est la couche en surface, le derme qui est la couche intermédiaire et l'hypoderme (du grec *hypo*, en dessous) qui est la couche la plus profonde.

1.3.1.1 L'épiderme

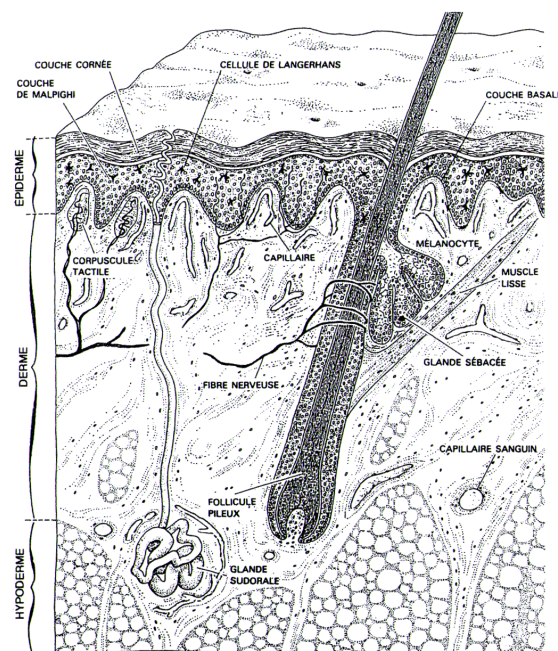
L'épiderme est la couche superficielle de la peau. C'est la plus fine des trois couches. Son rôle principal est de protéger l'organisme contre les agressions extérieures. L'épiderme est dit stratifié car constitué de plusieurs assises cellulaires. L'épiderme peut être décomposé en cinq couches dans lesquelles se trouvent quatre types de cellules :

- **Les kératinocytes** (du grec *kéras*, corne) forment 80% de l'épiderme. Ces cellules fabriquent de la kératine. La kératine est une protéine fibreuse qui donne à l'épiderme sa fonction de protection. Les kératinocytes naissent au niveau de la couche la plus profonde de l'épiderme et se différencient tout en migrant vers la surface.
- **Les mélanocytes** (du grec *melas*, noir) sont les cellules qui fabriquent la mélanine. La mélanine, qui se présente sous forme de pigments, est responsable de la pigmentation. Elle a pour but d'absorber les rayons Ultra-violet (UV) du soleil protégeant ainsi l'acide désoxyribonucléique (ADN) des cellules.
- **Les cellules de Langerhans** sont les cellules du système immunitaire.
- **Les cellules de Merkel** sont les cellules nerveuses à l'origine du toucher.

La couche la plus profonde de l'épiderme est la couche basale ou couche germinative (cf. figure 1.2). Les kératinocytes naissent dans cette couche et ont une forme cylindrique. Ils sont orientés perpendiculairement au derme. Les kératinocytes sont reliés entre eux par des jonctions inter-cellulaires appelées desmosomes et s'ancrent au derme par des hémidesmosomes. Les mélanocytes, cellules fabriquant la mélanine, sont présents dans cette couche. Lorsque les kératinocytes ont fabriqué de la kératine, ils migrent vers la couche du corps muqueux de Malpighi ou couche épineuse (cf. figure 1.2). Les kératinocytes s'aplatissent pour obtenir une forme cubique. La synthèse de kératine et l'aplatissement des kératinocytes continuent tout au long de la migration des kératinocytes vers la surface. Ce processus est appelé kératinisation. La couche granuleuse est formée de 3 couches de kératinocytes aplatis (cf. figure 1.2). Le noyau de ces cellules devient ovale. Deux sortes de granulations, les granulations de kératohyaline et les kératinosomes (ou corps lamellaires d'Odland) migrent vers la périphérie des kératinocytes puis déversent leur contenu dans l'espace extracellulaire. Ce sont des lipides qui vont agir comme un ciment intercellulaire pour consolider les adhésions cellulaires, en plus des desmosomes [Mélissopoulos 1998]. La couche claire, située au-dessus de la couche granuleuse est constituée de plusieurs assises cellulaires plates. Cette couche ne s'observe que pour la peau très épaisse. Enfin, la couche cornée (cf. figure 1.2) est constituée de cellules complètement kératinisées et dépourvues de noyau. Ce sont des cellules mortes appelées cornéocytes. La couche



(a)



(b)

FIGURE 1.1 – Structure de la peau : (a) coupe histologique (© Galderma), (b) schéma de la structure de la peau (source : [Mélissopoulos 1998])

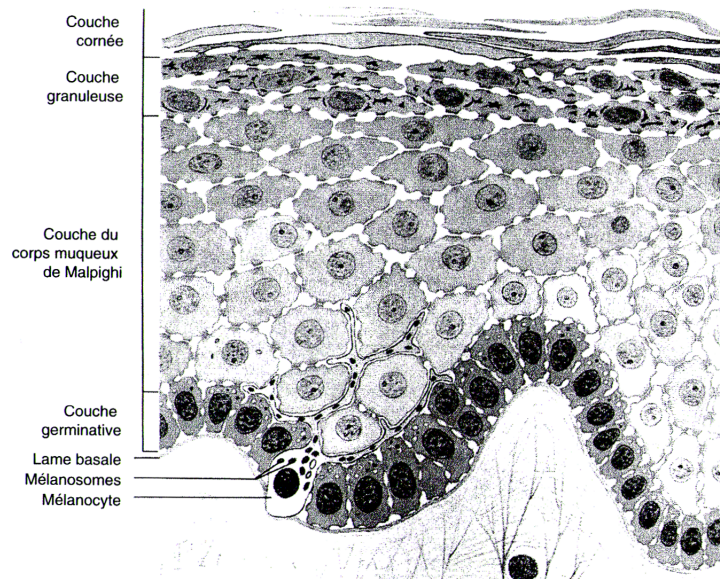


FIGURE 1.2 – Structure de l'épiderme (source : [Mélissopoulos 1998])

cornée est formée de deux sous-couches : la couche compacte formée de cellules kératinisées étroitement soudées et la couche desquamante qui se trouve en surface et au niveau de laquelle se fait la desquamation c'est-à-dire la perte de cellules sous forme de petites pellicules appelées squames. La couche cornée joue le rôle important du contrôle de l'hydratation de la peau, soit en empêchant l'évaporation de l'eau, soit en absorbant de l'eau.

1.3.1.2 Le derme

Le derme est le support solide de la peau. C'est un tissu conjonctif qui renferme le système vasculaire de la peau et joue un rôle important dans la régulation thermique. Il contient également des récepteurs sensoriels, des fibres nerveuses ainsi que des cellules de défense contre les micro-organismes pathogènes. Le derme est constitué de deux couches :

- *le derme papillaire* est à l'interface avec l'épiderme et forme des papilles avec les prolongements épidermiques. Il est très vascularisé et riche en fibroblastes, cellules responsables de la synthèse des fibres de collagène et d'élastine. Les fibres de collagène assurent la résistance mécanique de la peau et les fibres d'élastine assurent l'élasticité. La structure fibreuse du derme est ordonnée et orientée perpendiculairement à l'épiderme.
- *la couche réticulaire* forme la majeure partie du derme. Son nom est dû à l'agencement entrelacé et désordonné de ses fibres de collagène. En effet, les fibres de collagène sont disposées en faisceaux épais et irréguliers formant des vagues horizontales. Le derme réticulaire est plus élastique et contient moins de fibroblastes que le derme papillaire. Enfin, le derme réticulaire contient des vaisseaux sanguins reliant le plexus sous-papillaire au plexus cutané à la

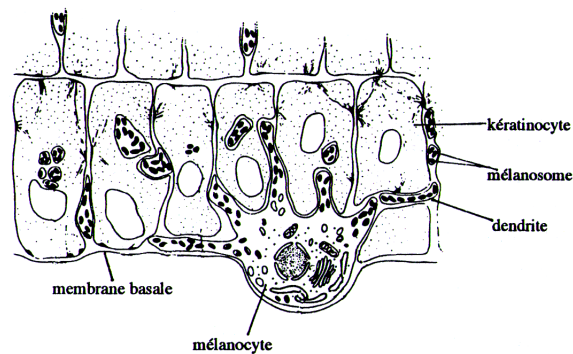


FIGURE 1.3 – Schéma d'un mélanocyte dans l'épiderme (source : [Mélissopoulos 1998])

jonction entre le derme et l'hypoderme.

Les vaisseaux sanguins (veines et artères) du derme contiennent deux types d'hémoglobine : la *déoxyhémoglobine* (Hb) et l'*oxyhémoglobine* (HbO_2). La quantité d' Hb et d' HbO_2 présente dans le derme est responsable de la rougeur de la peau, et peut être mesuré par des techniques non invasives notamment pour quantifier les lésions d'inflammation (cf. §1.5).

1.3.1.3 L'hypoderme

L'hypoderme est la couche la plus profonde de la peau. Son épaisseur varie en fonction des régions du corps. Par exemple, son épaisseur est nulle sur les paupières et peut atteindre 3 cm sur l'abdomen. L'hypoderme est un tissu adipeux blanc rattaché à la partie inférieure du derme par des expansions de fibres de collagène et d'élastine. Constitué essentiellement de graisse, son rôle d'interface est d'assurer l'isolation thermique et de protéger les structures internes du corps.

1.3.2 La pigmentation

Une grande partie des structures de la peau contribuent à sa couleur. Les composantes participant à la colorisation de la peau sont appelées chromophores [Mélissopoulos 1998]. La vascularisation et la pigmentation sont les deux principales origines de la couleur de la peau. La composante sur laquelle se focalise ce manuscrit est la pigmentation. La pigmentation est due à des grains (ou pigments) de mélanine situés dans l'épiderme. Ils sont fabriqués lors de la mélanogénèse. Il existe deux types de pigments ou mélanines :

- les *eumélanines*, brunes ou noires, sont des molécules très polymérisées contenant peu de soufre.
- les *phaomélanines*, jaune orangé, sont moins polymérisées et contiennent beaucoup de soufre.

Les mélanines sont synthétisées à partir d'un acide aminé, la tyrosine grâce à une enzyme, la tyrosinase. Ce sont les mélanocytes, cellules se trouvant à l'assise ger-

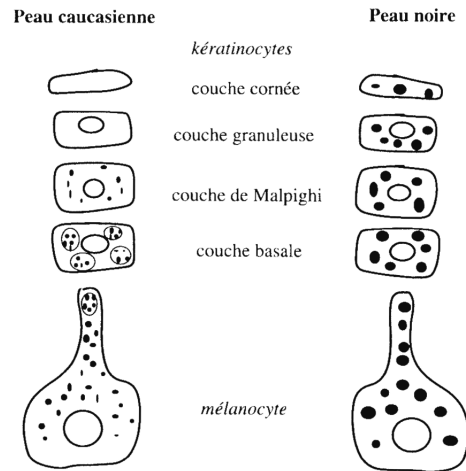


FIGURE 1.4 – Illustration des 4 étapes de la mélanogénèse (source : [Mélissopoulos 1998])

minative de l'épiderme qui sont à l'origine de la mélanogénèse (cf. figure 1.3). On trouve également des mélanocytes dans le follicule pileux et dans l'œil (chroïde, iris). Dans la peau, les mélanocytes sont de grandes cellules dont les dendrites peuvent atteindre la troisième couche de kératinocytes. Dans les mélanocytes, se trouvent les mélanosomes qui migrent le long des dendrites (cf. figure 1.3). La synthèse de la mélanine se fait par les mélanosomes. Elle se déroule en quatre stades (cf. figure 1.4) :

- *stade I* : le mélanosome est une vésicule ronde et incolore. Une activité tyrosinase forme des filaments protéiques hélicoïdaux.
- *stade II* : le mélanosome commence à prendre une forme ovale. Les filaments protéiques, en nombre croissant, s'organisent et s'entrecroisent. Cela confère une apparence fortement striée au mélanosome.
- *stade III* : La synthèse de la mélanine débute et la tyrosinase diminue. Le mélanosome s'opacifie.
- *stade IV* : L'activité tyrosinase est quasi-nulle et le mélanosome entièrement mélanisé devient complètement opaque.

Tout au long des 4 étapes de synthèse de la mélanine, les mélanosomes migrent vers l'extrémité des dendrites des mélanocytes. En bout de dendrites, ils sont transférés aux kératinocytes. Les peaux peuvent être classées selon leur réaction au soleil. Six phototypes sont alors définis [Magnain 2009]. Les phototypes I et II sont les peaux blanches bronzant pas ou peu et souvent sujettes aux brûlures. Les phototypes III et IV sont les peaux blanches mates qui bronzent bien et sont moins sujettes aux brûlures. Enfin, les phototypes V et VI sont les peaux brunes à noires. Elles bronzent facilement et brûlent très rarement.

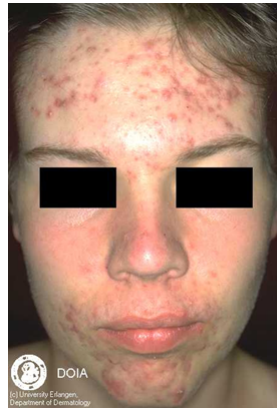


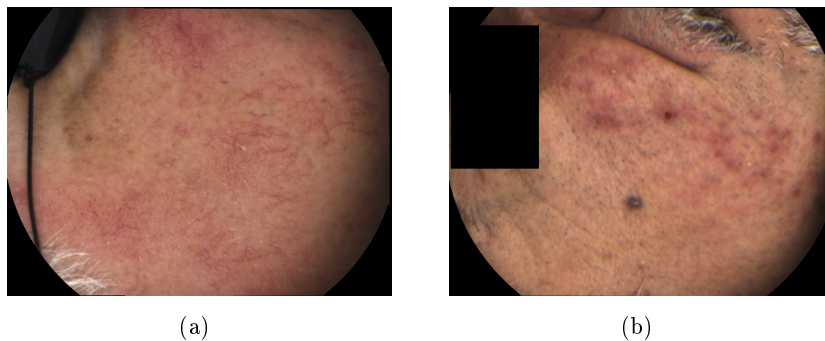
FIGURE 1.5 – Acné (© Galderma)

1.3.3 Les maladies de la peau et l'hyper-pigmentation

La peau peut être soumise à différentes pathologies, qui pour beaucoup d'entre elles, révèlent des lésions inflammatoires ou pigmentaires.

Une des pathologies les plus connues est l'acné (cf. figure 1.5). Cette maladie est caractérisée par des rougeurs et des inflammations, dues à une saturation des pores de la peau par une combinaison de cellules mortes et de sécrétion de sébum. Il y a deux stades qui sont la rétention et l'inflammation. La rétention provoque des macules qui, pour l'acné, se présentent sous forme de taches rougeâtres. Puis, suit l'inflammation qui provoque des papules, qui sont des surélévations de la peau contenant de l'œdème. La recherche d'hémoglobine pourra être intéressante pour quantifier cette réaction cutanée, ainsi que l'eau présente dans les papules. L'intérêt de faire de l'imagerie pour cette maladie est de pouvoir identifier les différentes composantes de la maladie, à différents stades d'un traitement, afin de quantifier de manière la plus précise possible l'efficacité de ce dernier. De plus, lors de traitement de l'acné, des zones d'hyper-pigmentation peuvent apparaître en lieu et place des boutons. L'étude de l'acné est alors plus large et intègre l'analyse pigmentaire [Garg 2009]. Une autre pathologie mettant en cause des lésions inflammatoires est la rosacée (cf. figure 1.6). C'est une maladie caractérisée par des érythèmes (rougeurs) chroniques et des picotements au niveau du visage. Il existe plusieurs degrés de cette maladie. Parfois, des petits vaisseaux sanguins peuvent être visibles dans les zones pathologiques. Les érythèmes provoqués par cette maladie ressemblent à des érythèmes très communs, comme par exemple le coup de soleil. La molécule de la peau permettant de quantifier cette maladie sera donc principalement l'hémoglobine. La difficulté d'analyse d'une telle pathologie est la grande variabilité des lésions suivant les patients et les degrés de sévérité.

Enfin, certaines maladies font intervenir majoritairement la pigmentation comme, par exemple, le vitiligo ou le mélasma. Le vitiligo est un désordre hypopigmentaire alors que le mélasma est un désordre hyper-pigmentaire. Ce manuscrit se focalise sur l'analyse de l'hyper-pigmentation due au mélasma. En dermatologie,



(a)

(b)

FIGURE 1.6 – Rosacée (© Galderma)



FIGURE 1.7 – Mélasma (© Galderma)

l'hyper-pigmentation est l'assombrissement d'une zone de peau dû à un excès de production de mélanine. Elle peut être diffuse ou localisée, touchant des zones telles que le visage et le dos des mains. L'hyper-pigmentation peut être causée par le soleil, de l'inflammation, ou d'autres lésions cutanées telles que celles liées à l'acné. Les peaux sombres (asiatiques, méditerranéennes ou africaines) sont plus sujettes à l'hyper-pigmentation, surtout si elles ont une exposition excessive au soleil. Le mélasma (du grec *melas*, noir) est une affection bénigne inesthétique de la peau qui atteint essentiellement le visage (cf. Figure 1.7). Les causes du mélasma sont essentiellement des facteurs de prédisposition génétique, l'exposition au soleil et aux œstrogènes (lors de la grossesse ou au cours d'une contraception). Le surplus de mélanine peut se situer dans l'épiderme ; un traitement est alors envisageable en inhibant les mélanocytes. La mélanine peut aussi migrer vers le derme, où normalement, il n'y a pas de mélanine ; le traitement est alors plus difficile. Les traitements utilisés pour le mélasma sont des produits locaux dépigmentants (dérivés phénoliques, soufrés et non phénoliques) et des méthodes physiques comme les peelings chimiques ou le laser [Gupta 2006, Javaheri 2001]. Le travail présenté dans ce manuscrit est réalisé sur des données clinique de mélasma.

1.3.4 Critères de sévérité de l'hyper-pigmentation

Afin de quantifier la sévérité de l'hyper-pigmentation due au mélasma, différents critères cliniques ont été proposés. On peut citer par exemple, le "Melasma Severity Scale" (MSS) [Pandya 2011]. Le critère qui est le plus répandu pour le mélasma est le "Melasma Area and Severity Index" (MASI) [Balkrishnan 2003, Manaloto 1999, Hurley 2002]. Il a été initialement proposé par C.K. Kimbrough-Green et al. dans [Kimbrough-Green 1994]. Ce critère suggère d'analyser une lésion de mélasma grâce à trois critères : la surface, le contraste et l'homogénéité :

- *Surface* : Représente la surface de la zone touchée par la maladie. Elle est estimée sur une échelle allant de 0 à 6 telle que : 0 = 0%, 1 = 10%, 2 = 10 – 29%, 3 = 30 – 49%, 4 = 50 – 69%, 5 = 70 – 89% et 6 = 90 – 100%.
- *Contraste* : Représente le contraste avec la peau saine. Il est évalué sur une échelle allant de 0 à 4 telle que : 0 = peau normale, 1 = hyper-pigmentation peu visible, 2 = hyper-pigmentation légère, 3 = hyper-pigmentation modérée et 4 = hyper-pigmentation sévère.
- *Homogénéité* : Représente la répartition spatiale des taches de mélasma sur la zone atteinte. Elle est évaluée sur une échelle allant de 0 à 4 telle que : 0 = peau normale sans hyper-pigmentation apparente, 1 = quelques taches, 2 = zones irrégulières de moins de 1,5 cm de diamètre, 3 = taches de plus de 2 cm de diamètre, 4 = région uniformément touchée sans taches apparentes.

Afin d'intégrer ces trois critères, le MASI considère les zones du visage séparément. Ainsi quatre zones sont définies : front, joue droite, joue gauche et menton. Puis, le score MASI sur ces quatre zones est sommé pour obtenir le MASI final par l'équation :

$$MASI = 0.3(C_F + H_F)S_F + 0.3(C_{JD} + H_{JD})S_{JD} \quad (1.1)$$

$$+ 0.3(C_{JG} + H_{JG})S_{JG} + 0.1(C_M + H_M)S_M \quad (1.2)$$

avec C_F , C_{JD} , C_{JG} , C_M le contraste mesuré respectivement sur le front, la joue droite, la joue gauche et le menton, H_F , H_{JD} , H_{JG} , H_M l'homogénéité mesurée respectivement sur le front, la joue droite, la joue gauche et le menton et S_F , S_{JD} , S_{JG} , S_M la surface mesurée respectivement sur le front, la joue droite, la joue gauche et le menton. La figure 1.8 montre le découpage en régions du visage pour calculer le score MASI. Il a été montré dans [Pandya 2011] à partir d'études cliniques que le critère MASI est fiable pour mesurer la sévérité du mélasma en terme de surface et de contraste. Le critère d'homogénéité est quant à lui décrit comme sujet à des variations significatives en fonction des dermatologues.

1.4 Les techniques d'imagerie de la peau

Dans cette partie, les techniques d'imagerie de la peau sont présentées. L'intérêt est porté sur l'imagerie couleur et la spectro-colorimétrie qui sont les deux technologies utilisées pour comparer les résultats, et enfin, l'imagerie spectrale qui est le cœur de ce manuscrit.

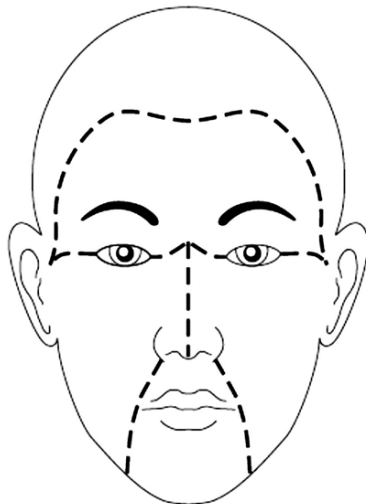


FIGURE 1.8 – Schéma du découpage du visage en quatre régions pour calculer le score MASI. Source : [Pandya 2011]

1.4.1 Spectrocolorimétrie

La spectrocolorimétrie consiste à mesurer le spectre de l'énergie lumineuse d'un objet en réflexion ou en transmission, souvent dans le domaine du visible (de 380 nm à 780 nm). Un spectrocolorimètre peut alors estimer de manière précise les composantes couleur de l'objet observé comme par exemple les composantes CIE L^*a^*b (cf. §1.5). Dans son principe de fonctionnement, un spectrocolorimètre possède un système dispersif et sélectif de la lumière, que l'on appelle monochromateur. Ainsi, la lumière blanche après réflexion sur l'objet à analyser est décomposée spectralement avec un pas d'échantillonnage de l'ordre de la dizaine de nanomètres. Afin d'évaluer l'apport de l'imagerie spectrale vis-à-vis de la spectro-colorimétrie, nous comparons les résultats obtenus avec un spectro-colorimètre contenant 31 mesures spectrales s'étalant de 400 nm à 700 nm avec un pas de 10 nm. La figure 1.9 montre les spectres mesurés sur une zone hyper-pigmentée de plusieurs patients.

1.4.2 Imagerie couleur

Une image couleur “Rouge Vert Bleu (RVB)” est constituée d'un ensemble de trois images en niveaux de gris. Chacune de ces trois images correspond à une couleur : le rouge, le vert, et le bleu. Dans le cadre de cette étude nous utiliserons deux types d'images couleur. Les premières sont des images acquises par un appareil numérique haute résolution qui prend les trois couleurs rouge, vert et bleu par filtrage simultané de ces trois couleurs sur une grille de capteurs type CCD. Afin de comparer l'imagerie couleur et l'imagerie multi-spectrale sur une zone de peau identique, nous utiliserons également des images couleur obtenues par intégration spectrale d'une image multi-spectrale. L'algorithme d'intégration est décrit en annexe A. La

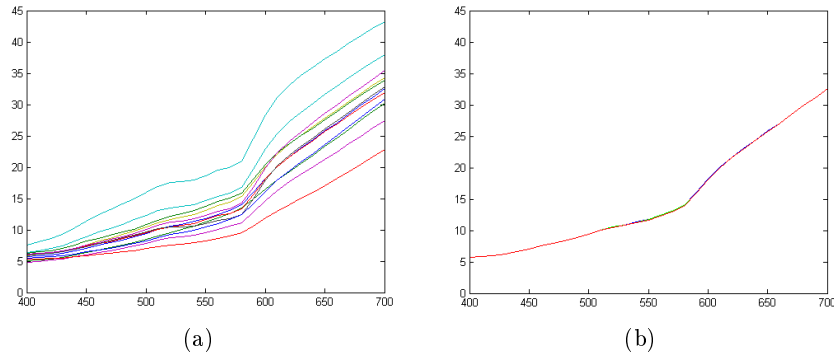


FIGURE 1.9 – Illustration de spectres mesurés par un spectro-colorimètre sur 12 patients de la première étude clinique. (a) spectres pris sur une zone pathologique de 12 patients différents. (b) 3 mesures consécutives sur la même zone pathologique d'un même patient. On observe que la mesure est robuste. Lors de tests cliniques, c'est la moyenne de ces trois mesures qui est prise en compte. **Abscisse** : longueur d'onde en nanomètres, **ordonnée** : absorbance.

figure 1.10, montre une image couleur obtenue par l'appareil photo couleur, et par intégration spectrale d'une image multi-spectrale.

1.4.3 Imagerie multi et hyper-spectrale

Une image multi ou hyper-spectrale est constituée d'un ensemble d'images en niveaux de gris, photographiant la même scène à des longueurs d'onde différentes (cf. Figure 1.11). Chacune de ces images en niveaux de gris est appelée bande spectrale. La distinction entre image multi-spectrale et image hyper-spectrale peut se faire de deux manières différentes. Souvent, une image multi-spectrale est définie comme contenant une, voire quelques dizaines de bandes spectrales alors qu'une image hyper-spectrale contient de l'ordre quelques centaines de bandes spectrales. Une autre distinction entre les deux types d'images est qu'une image hyper-spectrale à une résolution spectrale très fine (de l'ordre du nanomètre) alors qu'une image multi-spectrale à une résolution spectrale de l'ordre de la dizaine de nanomètres. Pour faire l'acquisition d'images hyper-spectrales, on peut distinguer cinq méthodes [Garini 2006] :

- L'éclairage sélectif : Cette technique vise à éclairer la cible grâce à une diode ou un laser qui émet une fréquence bien précise. Un capteur CCD collecte une image en niveaux de gris. L'utilisation de diodes ou lasers successifs à des longueurs d'onde différentes permet d'obtenir une image spectrale. Cette technique est adaptée à l'acquisition d'images multi-spectrales, mais ne permet pas une résolution suffisamment fine pour l'acquisition d'images hyper-spectrales.
- Le scan spectral : Cette méthode consiste à utiliser un capteur de type CCD, pour réaliser des images spatiales en appliquant des filtres différents devant le capteur afin de sélectionner une longueur d'onde pour chaque image. Diffé-

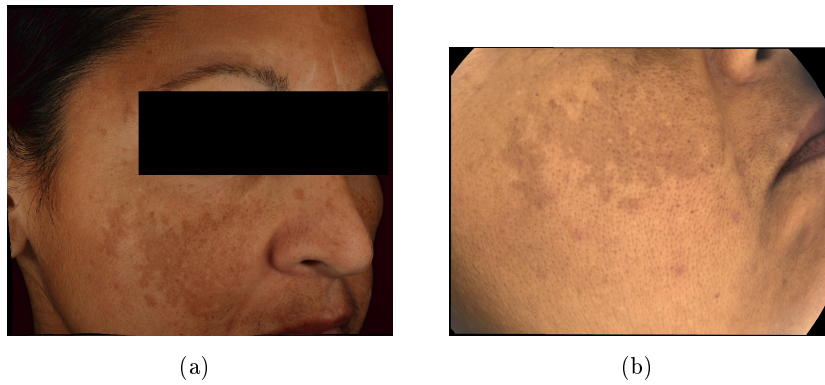


FIGURE 1.10 – Exemple d’images couleur (patient 9005 de la première étude clinique). (a) Image couleur obtenue avec un capteur RVB en lumière polarisée. (b) Image couleur obtenue par intégration spectrale d’une image multi-spectrale. ©Galderma.

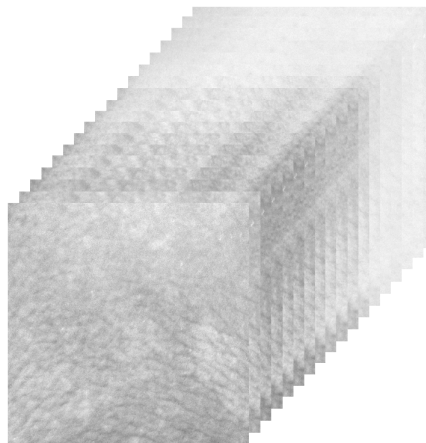


FIGURE 1.11 – Image multi-spectrale contenant 18 bandes spectrales allant de 405 à 970 nm. La zone spatiale est ici restreinte à 400*400 pixels. ©Galderma.

rentes technologies de filtres permettent de répondre aux besoins de tels imageurs. On peut, par exemple, citer les filtres à cristaux liquides qui isolent une longueur d'onde par stimulation électrique des cristaux, ou les filtres acousto-optique qui sélectionnent une longueur d'onde en déformant un prisme grâce à une différence de potentiel électrique (effet de piézo-électricité).

- Le scan spatial : Cette méthode vise à imager simultanément toutes les longueurs d'ondes du spectre sur un capteur de type CCD. Pour réaliser la décomposition du spectre, un prisme est placé devant le capteur. Ensuite, pour constituer le cube hyper-spectral complet, on réalise un balayage spatial ligne par ligne.
- Le scan temporel : Une quatrième méthode consiste à réaliser une mesure d'interférence, puis de reconstituer le spectre en faisant une FFT sur la mesure d'interférence [Garini 2006]. L'interférence est réalisée grâce à un système de type Michelson [Maurel 2003], qui fait interférer un rayon avec lui-même décalé temporellement.
- La dernière méthode vise à combiner le scan spectral et spatial. Ainsi, le capteur CCD est partitionné sous forme de blocs. Chaque bloc image représente la même région de l'espace, mais avec des longueurs d'ondes différentes. Puis, un balayage spectral et spatial permet de constituer une image hyper-spectrale complète.

Dans ce manuscrit, nous utilisons principalement des images multi-spectrales contenant 18 bandes. En effet, nous disposons d'images multi-spectrales de ce type qui ont été acquises par Galderma tout au long de deux études cliniques présentées au paragraphe 1.6.2. Chacune de ces images à une taille spatiale de 960×1280 pixels et leur spectre s'étale de 406 nm à 970 nm (cf. Figure 1.11 et 1.12). Ces images sont focalisées sur un héli-visage. La résolution spatiale est alors de l'ordre de 0.12 mm par pixel. Le mode d'acquisition est de type éclairage sélectif. Des exemples d'images multi-spectrales sont en Annexe B. La motivation d'utiliser des images spectrales est que le spectre permet d'apporter une information pertinente sur la peau. Par exemple, l'algorithme proposé dans [Stamatas 2008] montre que l'on peut obtenir des concentrations de mélanine et d'hémoglobine à partir d'un spectre. Dans la suite de ce chapitre, on introduit les méthodes existante d'imagerie de la peau et le schéma d'analyse que l'on propose. Afin d'évaluer l'apport d'un spectre plus fin, nous disposons d'images hyper-spectrales. Ces images ont une taille spatiale de l'ordre de 600×600 pixels et un spectre contenant 600 bandes s'étalant de 274 nm à 1139 nm avec un pas de de l'ordre de 1.5 nm (cf. Figure 1.13). Le mode d'acquisition est de type scan spectral.

1.5 Les techniques d'analyse de signal en dermatologie

Plusieurs techniques ont été développées pour quantifier les lésions cutanées par imagerie ou spectro-colorimétrie. Dans ce paragraphe, les plus utilisées en dermatologie sont présentées. Tout d'abord nous décrivons brièvement une méthode sur des

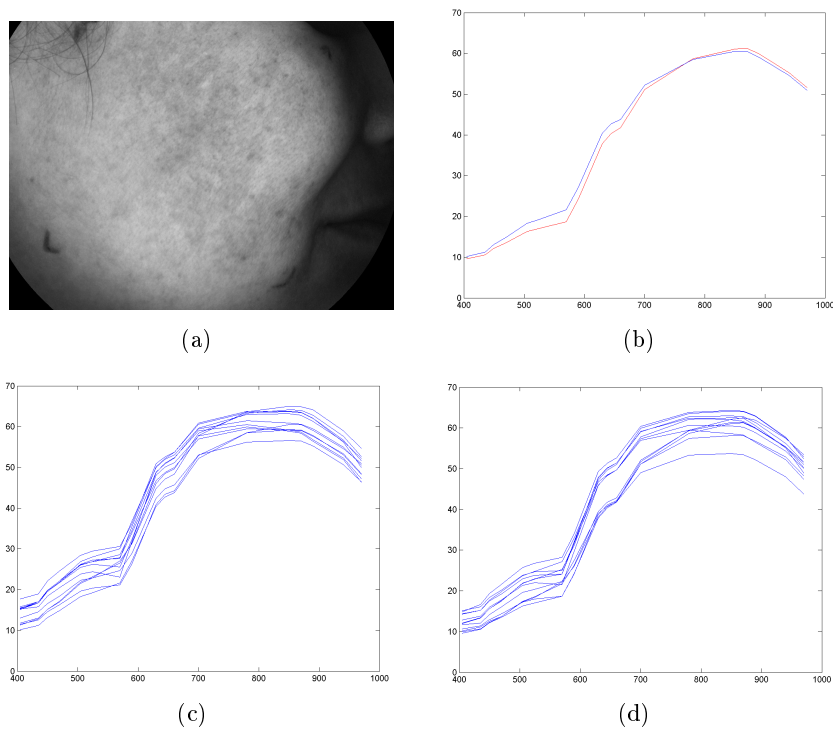


FIGURE 1.12 – Exemple d'image multi-spectrale. (a) Bande à 590 nm ©Gladerma (patient 012 right t1 étude multi/hyper), (b) spectres moyens sains (en rouge) et pathologique (en bleu) pour le patient de la figure (a), (c) spectres sains de 12 patients différents, (d) spectres pathologiques de 12 patients différents (patients de l'étude multi/hyper). **Abscisse** : longueur d'onde en nanomètres, **ordonnée** : niveau de gris dans l'image (0-255).

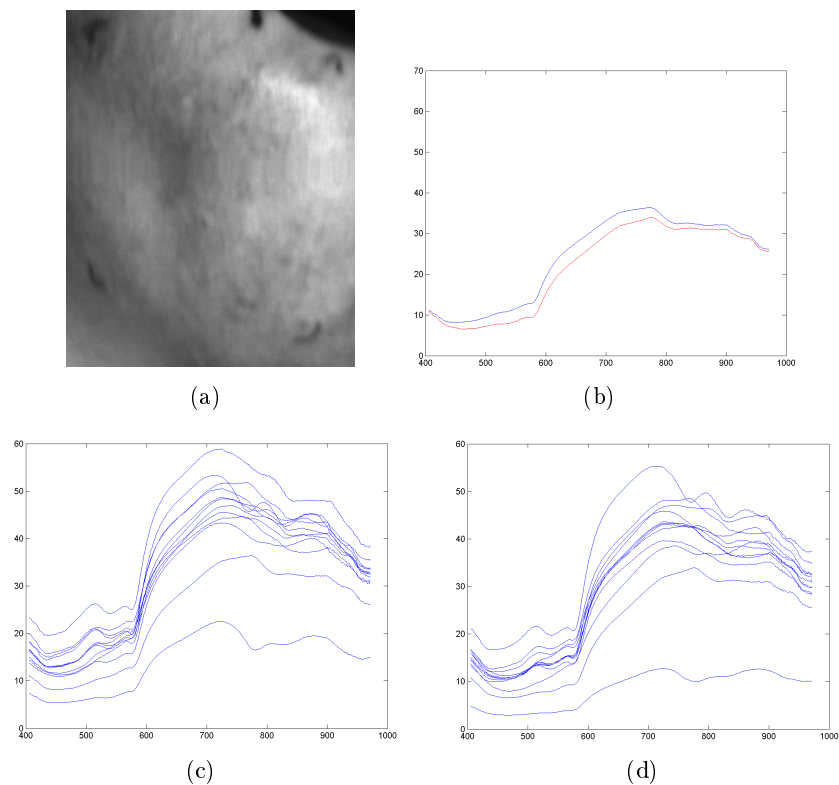


FIGURE 1.13 – Exemple d'image hyper-spectrale. (a) Bande à 590 nm ©Gladerma (patient 012 right t1 étude multi/hyper), (b) spectres moyens sains (en rouge) et pathologique (en bleu) pour le patient de la figure (a), (c) spectres sains de 12 patients différents, (d) spectres pathologiques de 12 patients différents. Les patients utilisés sont les mêmes que ceux de la figure 1.12. **Abscisse** : longueur d'onde en nanomètres, **ordonnée** : niveau de gris dans l'image (0-255).

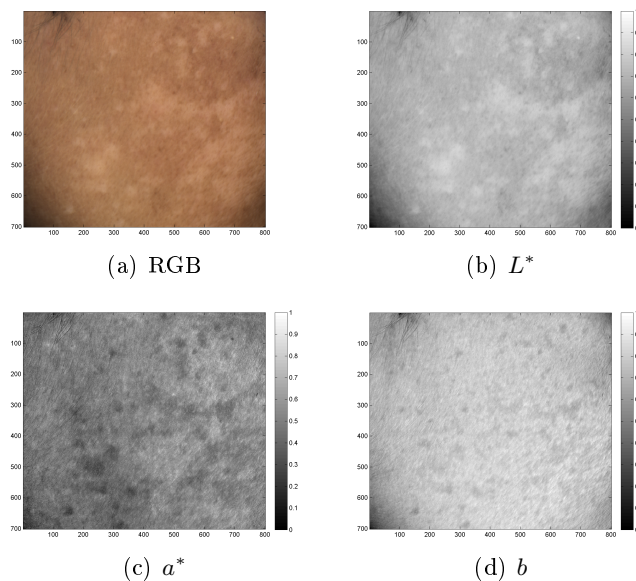


FIGURE 1.14 – Exemple de décomposition CIE L^*a^*b sur un patient atteint de mélasma ©Gladerma. (a) image couleur reconstruite, (b) composante L^* , (c) composante a^* , (d) composante b . (patient 023 right t1 étude multi/hyper)

images couleurs ou mesures spectrales par le système de représentation CIE L^*a^*b , puis deux méthodes d'analyse spectrale, une fondée sur la mesure de réflectance, et l'autre sur l'analyse du spectre d'absorption.

1.5.1 CIE L^*a^*b

Cette première méthode [Weatherall 1992], est l'une des méthodes actuellement utilisées par les dermatologues pour quantifier les lésions cutanées. Cette technique vise à projeter une image couleur RVB dans l'espace de représentation CIE L^*a^*b , ou d'intégrer un spectre vers les composantes L^*a^*b (cf. Annexe A). La représentation CIE L^*a^*b est donc un changement de base de l'espace RVB [Wandell 1995]. La composante L^* est la clarté, a^* représente l'axe allant du rouge au vert, et b^* représente l'axe allant du jaune au bleu. Ainsi, les composantes de la peau causant les érythèmes (c'est-à-dire principalement l'hémoglobine Hb et HbO_2) vont se retrouver essentiellement dans la composante a^* , alors que la mélanine se retrouve principalement dans la composante L^* . La figure 1.14 illustre une transformation CIE L^*a^*b sur un patient atteint de mélasma. Afin d'exploiter au mieux la décomposition CIE L^*a^*b , divers indices ou coefficients obtenus à partir de combinaisons des composantes L^* , a^* et b ont été proposés. Par exemple, l'indice ITA (Individual typology Angle) [Chardon 1991] se concentre sur les composantes L^* et b pour mettre la pigmentation en évidence :

$$ITA = \left[\arctan \left(\frac{L - 50}{b} \right) \right] \times \frac{180}{\pi} \quad (1.3)$$

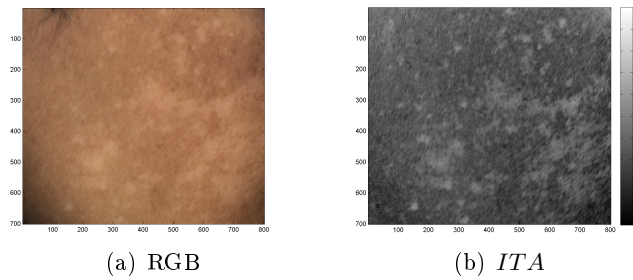


FIGURE 1.15 – Exemple de composante *ITA* sur un patient atteint de mélasma ©Gladerma. (a) image couleur reconstruite, (b) composante *ITA*. (patient 023 right t1 étude multi/hyper)

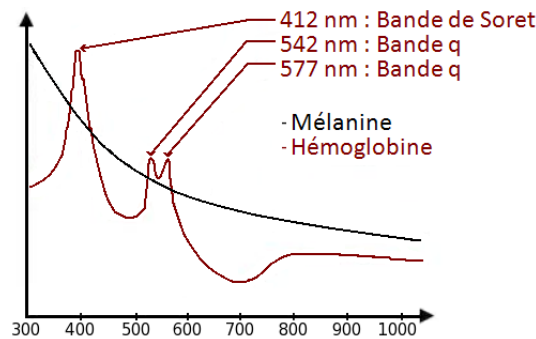


FIGURE 1.16 – Spectre d'absorption de la mélanine et de l'hémoglobine, en fonction de la longueur d'onde (en nanomètres). Il est à noter que le spectre de l'hémoglobine présente des pics d'absorption alors que la mélanine a une absorption relativement linéaire.

La figure 1.15 montre la composante ITA obtenue sur un patient atteint de mélasma.

1.5.2 Mesure de réflectance

La figure 1.16 montre le spectre d'absorption de trois des composantes de la peau, que sont la mélanine, l'oxyhémoglobine et la deoxyhémoglobine, en fonction de la longueur d'onde d'observation. Une première méthode d'analyse du spectre, décrite dans [Stamatas 2008, Descombes 1998] consiste à détecter une molécule en sélectionnant des longueurs d'onde d'intérêt, puis à les normaliser. Par exemple, si l'on cherche à détecter une lésion caractérisée par l'hémoglobine, on sélectionne une bande dont l'absorption de l'hémoglobine est importante ("Soret band" ou "q-band"). Puis, en normalisant cette bande par une autre bande judicieusement choisie, l'influence des autres composantes est atténuée [Stamatas 2004]. Ainsi pour l'hémoglobine, on va normaliser la bande choisie par une bande où l'hémoglobine réagit

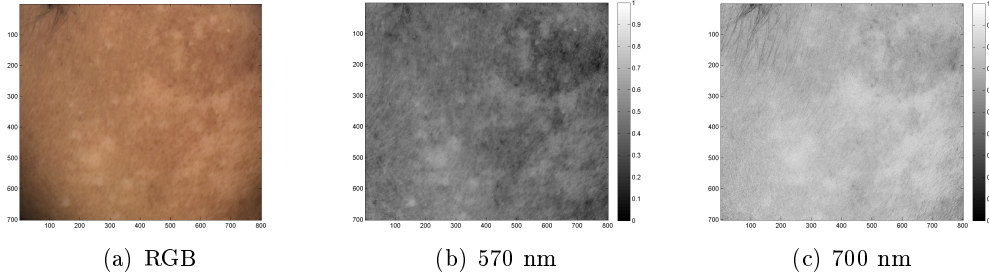


FIGURE 1.17 – Exemple de composantes spectrales normalisées sur un patient atteint de mélasma. (a) Image couleur reconstruite, (b) Composante à 570 nm normalisée par la composante à 850 nm, (c) Composante à 700 nm normalisée par la composante à 850 nm. (patient 023 right t1 étude multi/hyper)

peu comparativement à la mélanine. La bande à 850 nm répond à ce critère :

$$S_n(\lambda) = -\log_{10} \left(\frac{S(\lambda)}{S(850nm)} \right) \quad (1.4)$$

L'image $S_n(\lambda)$ résultante contient donc principalement l'absorption de l'hémoglobine. Pour la mélanine, une bande dans le voisinage de 700 nm sera choisie. la figure 1.17 montre les résultats obtenus pour un patient atteint de mélasma.

D'autres rapports de bandes spectrales ont été proposés et utilisés sur des appareils commerciaux pour estimer le quantité de mélanine et d'hémoglobine. On peut par exemple citer l'indice EI (erythema index) :

$$EI = \log_{10} \left(\frac{R_{632}}{R_{546}} \right) \times 1000 \quad (1.5)$$

et l'indice MI (pigmentation index) :

$$EI = \log_{10} \left(\frac{R_{905}}{R_{632}} \right) \times 1000 \quad (1.6)$$

où R_x est la réflectance à la longueur d'onde x exprimée en nanomètres. Dans [Stamatas 2004], les auteurs critiquent ces méthodes car elles ne prennent pas en compte les effets de diffusion sur la mesure de réflectance. Les mêmes auteurs ont alors proposé l'algorithme décrit en section 1.5.3.

1.5.3 Spectre d'absorption

L'analyse du spectre d'absorption, décrite ici, est, en quelque sorte, une amélioration de la méthode vue au paragraphe 1.5.2. La méthode proposée dans [Stamatas 2004, Stamatas 2008] consiste à sélectionner quelques bandes, à les normaliser, puis à les utiliser pour quantifier la pathologie. Dans un premier temps, on définit une mesure de la réflectance normalisée à partir de données d'étalonnage :

- $S_{dark}(\lambda)$: Étalonnage noir, 0% de réflectance

– $S_{ref}(\lambda)$: Étalonnage blanc, 100% de réflectance

A partir de la réflectance $S(\lambda)$ mesurée, une réflectance $R(\lambda)$ est définie comme suit :

$$R(\lambda) = \frac{S(\lambda) - S_{dark}(\lambda)}{S_{ref}(\lambda) - S_{dark}(\lambda)} \quad (1.7)$$

De manière à améliorer la fidélité de la réflectance R , un terme de réflexion spéculaire peut être soustrait. Ce terme représente la quantité de lumière reflétée directement à la surface de la peau. La réflexion en surface est donc fonction de la source de lumière ainsi que des conditions d'acquisition des données. Par exemple, si le capteur est en contact avec la peau, ce terme $R_{surf}(\lambda)$, est nul. En pratique, l'image est prise le plus possible à la verticale de la peau :

$$R_{diff}(\lambda) = R(\lambda) - R_{surf}(\lambda). \quad (1.8)$$

Le terme résultant est donc une estimation du spectre diffus par les chromophores de la peau, observé par le capteur. Le passage en échelle logarithmique donne ainsi le spectre d'absorption :

$$A(\lambda) = -\log_{10}(R_{diff}(\lambda)). \quad (1.9)$$

Ensuite, d'après la figure 1.16, le spectre d'absorption de la mélanine entre 600 et 700 nm peut être modélisé par une droite :

$$A_{melanine}(\lambda) = a\lambda + b \quad (1.10)$$

où a et b représentent les coefficients de proportionnalité estimés par régression linéaire. Pour obtenir le spectre de l'hémoglobine seul, il faut soustraire l'influence de la mélanine :

$$A_c(\lambda) = A(\lambda) - A_{melanine}(\lambda) \quad (1.11)$$

De cette manière, à partir d'images prises à des longueurs d'onde choisies dans les bandes q (où l'absorption de l'hémoglobine présente un pic) (cf. figure 1.16), le calcul de A_c permet d'obtenir une image composée essentiellement d'hémoglobine. De plus, avec des images prises à deux longueurs d'onde différentes, la loi de Beer-Lambert permet d'extraire les concentrations d' HbO_2 et d' Hb , en résolvant le système suivant :

$$\begin{cases} A_c(\lambda_1) = [HbO_2] * \varepsilon_{HbO_2}(\lambda_1) + [Hb] * \varepsilon_{Hb}(\lambda_1) \\ A_c(\lambda_2) = [HbO_2] * \varepsilon_{HbO_2}(\lambda_2) + [Hb] * \varepsilon_{Hb}(\lambda_2) \end{cases} \quad (1.12)$$

$$\quad (1.13)$$

Où ε_{HbO_2} et ε_{Hb} sont les coefficients d'extinction de HbO_2 et Hb qui sont des données tabulées. Il a été montré dans [Kollias 1985] que la concentration de mélanine est proportionnelle au coefficient a de l'équation (1.10) :

$$[Melanin] \propto a \quad (1.14)$$

Dans [Stamatas 2008], les auteurs proposent de réaliser une itération afin d'affiner l'estimation de la concentration de mélanine :

$$[Melanin]_c = [Melanin] - ([Hb] * a[\varepsilon_{Hb}] + b[\varepsilon_{Hb}]) \quad (1.15)$$

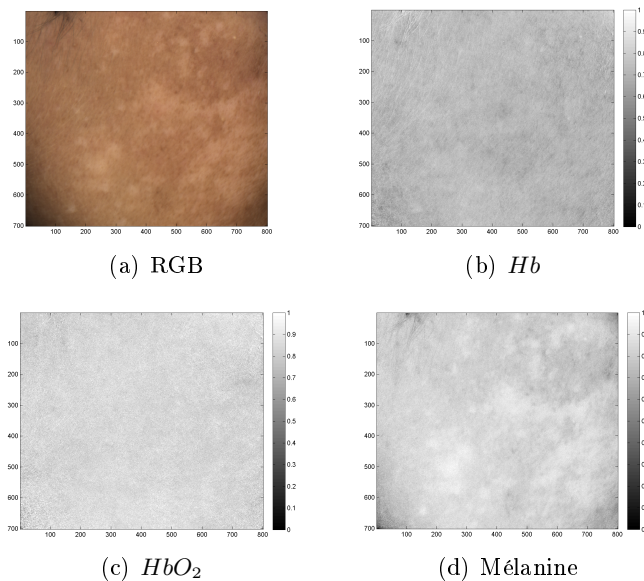


FIGURE 1.18 – Exemple de composantes obtenues par l’algorithme de Stamatas et al. (a) Image couleur reconstruite, (b) composante déoxy-hémoglobine, (c) composante oxy-hémoglobine, (d) composante mélanine. (patient 023 right t1 étude multi/hyper)

La figure 1.18 montre les cartographies de concentrations de mélanine d’oxyhémoglobine et de déoxyhémoglobine obtenues sur un patient atteint de mélasma.

D’autres méthode d analyse physique du spectre ont été proposées afin de quantifier la quantité de mélanine ou d’hémoglobine. On peut par exemple citer [Jacques 1998] qui propose des coefficients d’absorption estimés expérimentalement dans un modèle physique.

1.5.4 Comparaison des méthodes

Le but de cette section n’est pas de faire une comparaison quantitative précise des méthodes présentées ci-dessus, mais d’appréhender leur capacité à évaluer la pigmentation à partir d’une image spectrale. La figure 1.19, regroupe les cartographies de pigmentation obtenues avec les quatre méthodes présentés ci-dessus. Comme on peut le voir, les méthodes donnent des résultats avec des dynamiques différentes. Les méthodes L^* et Stamatas et al. semblent avoir des contrastes plus faibles que l’ITA et la méthode fondée sur la bande à 570 nm. Si l’on regarde la répartition spatiale de la pigmentation, les méthodes L^* et Stamatas et al. et la bande à 570 nm semblent être les plus fidèles à la répartition que l’on observe sur l’image couleur reconstruite.

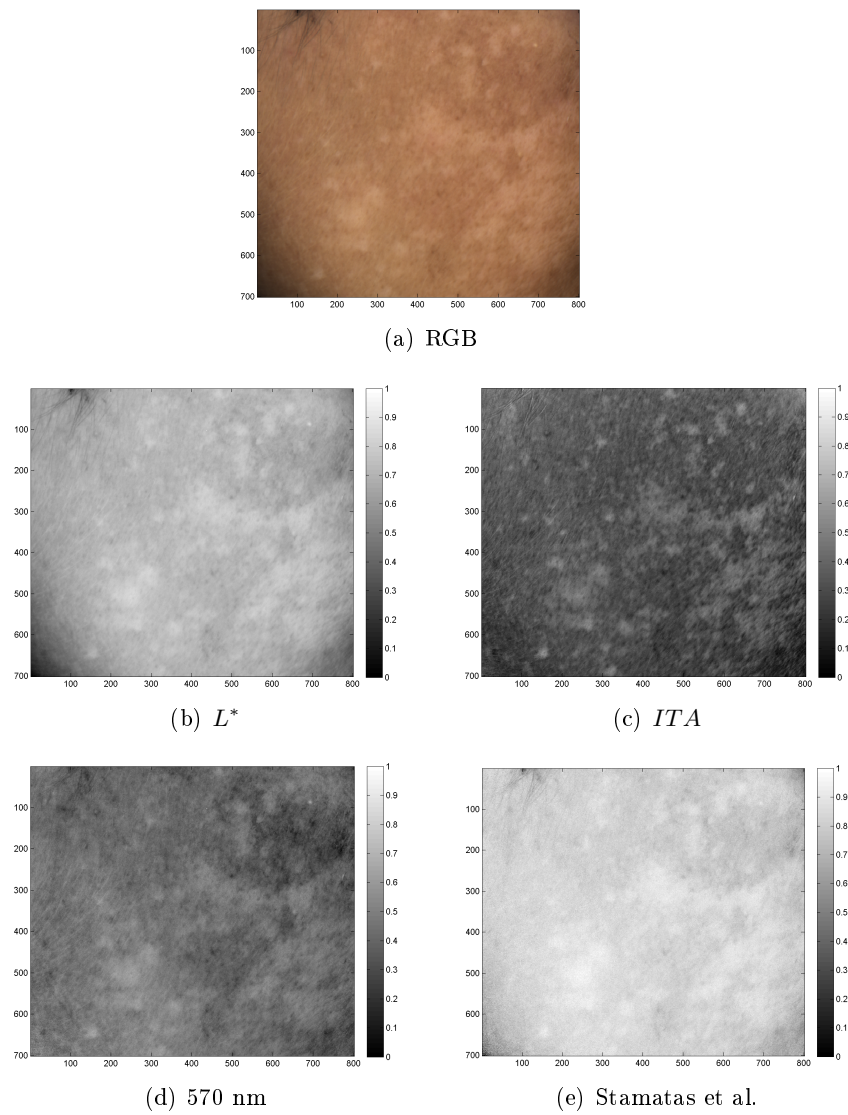


FIGURE 1.19 – Exemple de cartographies de pigmentation obtenues par quatre méthodes différentes. (patient 023 right t1 étude multi/hyper)

1.6 Analyse proposée

1.6.1 Stratégie d'exploration

Dans le cadre de l'imagerie multi et hyper-spectrale, deux types d'information se complètent : l'information spatiale et l'information spectrale. Au-delà de chercher à optimiser les techniques existantes, l'étude proposée ici se voit naturellement orientée vers l'analyse conjointe de l'information spectrale et de l'information spatiale afin d'exploiter au mieux l'ensemble de l'information présente dans les images multi et hyper-spectrales. Afin de guider cette recherche, nous proposons de partir d'un critère clinique spécifique à la pathologie étudiée, le mélasma. Ceci de manière à cerner les informations utiles recherchées. Ainsi, à partir du critère MASI, la stratégie d'exploration du problème d'analyse de l'apport de l'imagerie multi et hyper-spectrale pour l'analyse de l'hyper-pigmentation cutanée se découpe naturellement en trois parties : la recherche d'un critère spectral sur l'image pour mesurer le contraste, un critère d'analyse spatiale de l'image pour obtenir un équivalent du critère de surface du MASI, et enfin un critère d'homogénéité. La suite de ce manuscrit est donc naturellement organisée en quatre chapitres. Le chapitre 2 propose une méthode d'analyse du spectre de l'image de manière à mettre en évidence une combinaison de bandes spectrales faisant ressortir au mieux la pathologie à l'étude. Le chapitre 3 explore les méthodes de classification dédiées à l'imagerie spectrale et propose l'adaptation de l'une d'entre elles au problème de la pigmentation cutanée. Le critère d'homogénéité est un critère subjectif. En effet, dans [Pandya 2011], les auteurs montrent que le critère d'homogénéité est celui qui présente la plus forte variation dans les mesures intra-patients. Les auteurs proposent alors un score MASI dépourvu de mesure d'homogénéité. Afin d'objectiver le critère d'homogénéité, le chapitre 4 propose d'évaluer l'homogénéité de la zone pathologique d'intérêt sous forme de détection de changements entre deux acquisitions temporelles. Enfin, le chapitre 5 fait le bilan des méthodes proposées dans les chapitres 2 à 4, afin de combiner les critères de contraste, de surface et d'homogénéité en un critère global calculé par ordinateur sur les images, et propose un schéma d'analyse pour l'utiliser sur une étude clinique.

1.6.2 Méthode de validation

Afin de valider les critères d'évaluation de sévérité étudiés et proposés, nous disposons de deux études cliniques. Chacune de ces deux études compare l'évolution de la pathologie de patients atteints de mélasma sous différents traitements. Le mélasma étant une pathologie symétrique, chacun des patients reçoit un traitement à l'étude sur une joue et un comparateur sur l'autre joue. Souvent, le véhicule, solution sans produit testé, est utilisé comme comparateur. La première étude compare trois traitements que nous nommerons S_t , A_{d2} et A_{d3} tels que :

- S_t Produit standard pour le mélasma
- A_{d2} Produit à l'étude avec une dose $d2$
- A_{d3} Produit à l'étude avec une dose $d3$

Test	Traitement	$t_1 - t_0$	$t_2 - t_0$	$t_3 - t_0$
L^* spectro-colorimétrie	S_t	$2.552 \cdot 10^{-1}$	$6.416 \cdot 10^{-1}$	$9.176 \cdot 10^{-1}$
	A_{d2}	$6.416 \cdot 10^{-1}$	$1.337 \cdot 10^{-1}$	$4.942 \cdot 10^{-2}$
	A_{d3}	$6.267 \cdot 10^{-2}$	$1.609 \cdot 10^{-3}$	$9.725 \cdot 10^{-3}$

TABLE 1.1 – P-valeurs du test de Wilcoxon effectué sur les mesures de luminance obtenues par spectro-colorimétrie pour chaque temps et chaque traitements de la première étude clinique.

Test	Traitement	$t_1 - t_0$	$t_2 - t_0$	$t_3 - t_0$
L^* spectro-colorimétrie	A	$9.482 \cdot 10^{-1}$	$4.169 \cdot 10^{-1}$	$8.582 \cdot 10^{-1}$
	T	$1.831 \cdot 10^{-1}$	$2.508 \cdot 10^{-2}$	$8.755 \cdot 10^{-4}$

TABLE 1.2 – P-valeurs du test de Wilcoxon effectué sur les mesures de luminance obtenues par spectro-colorimétrie pour chaque temps et chaque traitements de la seconde étude clinique.

tels que $d2 < d3$. Le comparateur est noté A_{d1} et correspond au produit à l'étude avec une dose $d1 \neq 0$ telle que $d1 < d2$. Cette étude permet donc d'évaluer à la fois l'effet dose du produit A et l'efficacité du produit A par rapport au traitement S_t . Pour chacun des trois traitements, un groupe de 16 patients est à l'étude. L'essai clinique dure trois mois et une mesure par spectro-colorimétrie, imagerie couleur et imagerie multi-spectrale est prise à la première visite, puis une fois par mois. L'analyse clinique de cette étude a montré que le traitement A a plus d'effet que le traitement S_t et que le dosage $d3$ a plus d'effet que le dosage $d2$.

La seconde étude compare deux traitements que nous nommerons A et T . Pour chacun des deux traitements, un groupe de 22 patients est à l'étude. La phase de traitement dure également trois mois avec une mesure à la première visite, puis une mesure chaque mois. L'analyse clinique de cette étude montre qu'en moyenne, les patients ayant reçu le traitement T ont vu la sévérité de leur mélasma diminué, contrairement à ceux ayant reçu le traitement A .

Dans le travail présenté dans ce manuscrit, une méthodologie sera validée si elle permet d'obtenir les mêmes conclusions que l'analyse clinique. Pour comparer les résultats obtenus à l'analyse clinique, on utilise pour référence des mesures de luminance par spectro-colorimétrie qui ont été validées comme conformes à l'analyse clinique. Les tables 1.1 et 1.2 montrent, pour les deux études cliniques, les résultats du test de Wilcoxon apparié calculé entre les temps de mesure, pour chacun des traitements à l'étude, sur les mesures de spectro-colorimétrie. La méthode utilisée pour appliquer le test de Wilcoxon est détaillée au chapitre 2.

Critère spectral

Sommaire

2.1	Mise en place du test statistique	28
2.1.1	Normalisation des données	29
2.1.2	Choix d'un test statistique	31
2.2	Estimation d'un critère spectral	35
2.2.1	Les méthodes d'analyse du spectre	35
2.2.2	Les méthodologies sélectionnées	41
2.3	Résultats obtenus	48
2.3.1	Application des critères spectraux sur la première étude	51
2.3.2	Application des critères spectraux sur la seconde étude	53
2.3.3	Conclusion	55
2.4	Apport de l'imagerie multi-spectrale	57
2.4.1	Comparaison entre multi-spectral et spectro-colorimètre	57
2.4.2	Comparaison entre imagerie multi-spectrale et couleur	58
2.4.3	Conclusion	58

Dans ce chapitre, nous nous intéressons à trouver une signature spectrale qui mette en évidence, de manière optimale, le contraste de la pathologie étudiée par rapport à une zone saine. Une telle signature spectrale doit alors être caractéristique de la pathologie de manière à évaluer l'évolution d'une lésion. Le problème posé est donc d'observer, grâce à une signature spectrale, une population de patients sous traitement au cours du temps. Le traitement peut être un produit actif ou un comparateur. Une signature spectrale sera adaptée à un type de lésion si elle permet de mettre en évidence de manière fine l'évolution de cette lésion au cours du temps sur une population de patients. Afin d'étalonner les mesures, deux images multi-spectrales par patient et par temps de mesure, sont utilisées : une sur le côté traité par le produit à l'étude que l'on note I^E et une autre sur le côté traité par le comparateur que l'on note I^C . Dans ce chapitre, nous supposons avoir un masque de classification sur chacune des images permettant d'isoler une zone saine et une zone pathologique. Quatre zones résultent donc pour chaque patient : une zone saine et une zone pathologique sur chacune des deux images. Chacune de ces zones est constituée d'un ensemble de pixels contenant chacun un spectre. Notons I_S^E (respectivement I_P^E) la zone saine (respectivement pathologique) de l'image I^E correspondant au côté ayant reçu le traitement à l'étude et I_S^C (respectivement I_P^C) la zone saine (respectivement pathologique) de l'image I^C correspondant au côté

ayant reçu le comparateur. Afin de quantifier la sévérité de la pathologie, nous allons transformer ces quatre ensembles de pixels en des mesures scalaires. Cette transformation en mesure scalaire présente deux intérêts : cela permet d'obtenir un critère comparable à un critère clinique et donc compréhensible pour un praticien, et ces mesures scalaires sont directement utilisables pour évaluer l'effet d'un produit par un test statistique. Pour intégrer ces quatre zones afin d'obtenir des mesures de contraste, une moyenne spatiale est réalisée. On obtient alors quatre spectres :

$$H_S^E = \frac{1}{\text{card}(S^E)} \sum_{p \in S^E} I_S^E(p) \quad (2.1)$$

$$H_P^E = \frac{1}{\text{card}(P^E)} \sum_{p \in P^E} I_P^E(p) \quad (2.2)$$

$$H_S^C = \frac{1}{\text{card}(S^C)} \sum_{p \in S^C} I_S^C(p) \quad (2.3)$$

$$H_P^C = \frac{1}{\text{card}(P^C)} \sum_{p \in P^C} I_P^C(p) \quad (2.4)$$

où H_S^E , H_P^E , H_S^C et H_P^C sont les spectres (i.e. vecteurs) de chacune des quatre zone d'intérêt. S_E , P_E , S_C et P_C représentent les ensembles des sites des pixels de chacune des quatre zones. $\text{card}(x)$ est le nombre d'éléments de x . p représente un pixel dans site S_E , P_E , S_C ou P_C . Pour transformer les quatre mesures spectrales H_S^E , H_P^E , H_S^C et H_P^C en mesure de contraste, une signature spectrale est introduite. Nous définissons cette signature spectrale comme une combinaison linéaire des bandes spectrales, définie par le vecteur M contenant les poids associés à chacune des bandes spectrales :

$$M = [m_1, \dots, m_{N_b}] \quad (2.5)$$

où m_i représente le poids donné à la i^{eme} bande spectrale λ_i . Le chapitre 2 est organisé comme suit. La première partie propose un protocole d'analyse statistique ainsi que les normalisations nécessaires à réaliser sur les données afin de faire un test statistique conforme au protocole clinique. Une justification du choix d'un test statistique est également réalisée dans cette partie. La seconde partie présente l'état de l'art des méthodes classiquement utilisées en imagerie hyper-spectrale pour réduire la dimensionnalité et extraire des signatures spectrales. La troisième partie décrit les deux méthodes choisies que sont la sélection de bandes spectrales optimales et l'analyse en composantes indépendantes. Enfin, les deux dernières parties présentent les résultats obtenus ainsi qu'une comparaison avec les techniques d'imagerie classiquement utilisées en dermatologie : la spectro-colorimétrie et l'imagerie couleur.

2.1 Mise en place du test statistique

Afin de mettre en place un test statistique sur une population de patients, deux choix doivent être faits. Tout d'abord, dans les études cliniques utilisées, chaque

patient reçoit deux traitements : un produit à l'étude et un comparateur. Un protocole de normalisation des mesures effectuées sur la zone traitée par le produit actif et sur la zone traitée par le comparateur doit être introduit. Ainsi, dans le paragraphe 2.1.1 les différentes possibilités de normalisation sont étudiées. Le second choix concerne celui du test statistique à réaliser sur une population de patients entre deux temps de mesure afin de mettre en évidence l'effet du traitement à l'étude. Ce test statistique doit quantifier l'écart entre les mesures de sévérité effectuées sur les patients entre deux temps de mesure. Le choix d'un tel test statistique est discuté au paragraphe 2.1.2.

2.1.1 Normalisation des données

La normalisation proposée ici consiste à combiner les quatre mesures pour un patient à un instant donné. Cette normalisation peut être vue comme une combinaison de deux normalisations : Une première normalisation consiste à combiner les zones saines et pathologiques par image. Étant donné un critère spectral M , la sévérité d_t^e sur le patient e à l'instant t peut être calculée de trois manières différentes :

$$d_t^e = \mu_{M_p}, \quad (2.6)$$

$$d_t^e = \mu_{M_s} - \mu_{M_p}, \quad (2.7)$$

$$d_t^e = \frac{\mu_{M_s} - \mu_{M_p}}{\mu_{M_s}}, \quad (2.8)$$

avec μ_{M_s} et μ_{M_p} les moyennes spatiales de la mesure spectrale M respectivement de la zone saine et de la zone pathologique. La seconde normalisation vise à référencer la mesure obtenue par le traitement actif par rapport au traitement comparateur. Cette normalisation fait l'hypothèse de symétrie de la pathologie étudiée (i.e. le mélasma) entre joue droite et joue gauche. Pour ce faire, la mesure obtenue sur la joue traitée est normalisée par la mesure sur la joue recevant le comparateur. Trois normalisations sont alors possibles :

$$D_t^e = d_t^{e,E}, \quad (2.9)$$

$$D_t^e = d_t^{e,E} - d_t^{e,C}, \quad (2.10)$$

$$D_t^e = \frac{d_t^{e,E} - d_t^{e,C}}{d_t^{e,C}}, \quad (2.11)$$

avec D_t^e la sévérité mesurée sur le patient e à l'instant t . $d_t^{e,E}$ et $d_t^{e,C}$ représentent respectivement la sévérité mesurée sur le patient e à l'instant t sur la joue ayant reçue le traitement à l'étude (E) et le comparateur (C). Finalement, si l'on choisit une des trois méthodes pour chacune des deux normalisations, on obtient neuf normalisations possibles pour la mesure de sévérité sur un patient donné à un instant t :

$$D_t^e = (\mu_{M_p})^E, \quad (2.12)$$

$$D_t^e = (\mu_{M_p})^E - (\mu_{M_p})^C, \quad (2.13)$$

$$D_t^e = \frac{(\mu_{M_p})^E - (\mu_{M_p})^C}{(\mu_{M_p})^C}, \quad (2.14)$$

$$D_t^e = (\mu_{M_s} - \mu_{M_p})^E, \quad (2.15)$$

$$D_t^e = (\mu_{M_s} - \mu_{M_p})^E - (\mu_{M_s} - \mu_{M_p})^C, \quad (2.16)$$

$$D_t^e = \frac{(\mu_{M_s} - \mu_{M_p})^E - (\mu_{M_s} - \mu_{M_p})^C}{(\mu_{M_s} - \mu_{M_p})^C}, \quad (2.17)$$

$$D_t^e = \left(\frac{\mu_{M_s} - \mu_{M_p}}{\mu_{M_s}} \right)^E, \quad (2.18)$$

$$D_t^e = \left(\frac{\mu_{M_s} - \mu_{M_p}}{\mu_{M_s}} \right)^E - \left(\frac{\mu_{M_s} - \mu_{M_p}}{\mu_{M_s}} \right)^C, \quad (2.19)$$

$$D_t^e = \frac{\left(\frac{\mu_{M_s} - \mu_{M_p}}{\mu_{M_s}} \right)^E - \left(\frac{\mu_{M_s} - \mu_{M_p}}{\mu_{M_s}} \right)^C}{\left(\frac{\mu_{M_s} - \mu_{M_p}}{\mu_{M_s}} \right)^C}. \quad (2.20)$$

Les normalisations des équations (2.12),(2.15) et (2.18) ne prennent pas en compte le comparateur. Étant donné que les études cliniques dont nous disposons utilisent systématiquement un comparateur, nous ne considérons pas ces normalisations dans notre travail de recherche. Cependant, dans le cas d'une étude clinique n'utilisant pas de comparateur, on peut penser que la normalisation de l'équation (2.15) serait intéressante. Les normalisations incluant un rapport permettent de calculer un pourcentage d'écart entre zone saine et zone pathologique, et traitement à l'étude et comparateur. Cependant ce type de mesures sont plus sensibles au bruit que les normalisations par différence. On préfère donc éviter d'utiliser les normalisation utilisant une division. Parmi les 9 méthodes de normalisation il ne reste donc que les normalisations des équations (2.13) et (2.16). Pour la normalisation de l'équation (2.13), la zone saine n'est pas prise en compte alors que la normalisation de l'équation (2.16) utilise la zone saine comme référence. Les deux types de normalisation semblent pertinents. La normalisation de l'équation (2.13) nécessite que l'ensemble des images soit très bien calibré. En effet, si les images sont parfaitement calibrées et que la zone saine n'évolue pas, alors les deux normalisations sont équivalentes. Si les images ne sont pas suffisamment calibrées alors la normalisation (2.16) peut corriger cet écart. En revanche, si la zone saine évolue, alors la normalisation (2.16) peut introduire des artefacts, car les variations de la peau saine influent sur la mesure de la pathologie. Dans la partie expérimentale, nous utilisons les deux méthodes de normalisation pour évaluer lequel des deux effets de calibration ou d'évolution de la peau saine est le plus gênant. Ces observations permettront de choisir parmi ces deux méthodes.

2.1.2 Choix d'un test statistique

Afin de caractériser l'effet d'un traitement à l'étude (E) relativement à un traitement comparateur (C), nous disposons d'études cliniques où des images multi-spectrales ont été acquises pour chaque patient à des temps différents. Supposons que nous disposons d'un critère de contraste D défini dans le paragraphe 2.1.1. Partant de cette mesure D par patient, le but de ce paragraphe est d'exposer la stratégie qui permet de déployer un test statistique quantifiant l'effet du traitement entre deux temps de mesure. Tout d'abord, nous choisissons deux tests statistiques qui nous semblent adaptées au problème. Puis, nous justifions les hypothèses nécessaires à l'utilisation de ces deux tests.

2.1.2.1 Le t -test et le test de Wilcoxon

Pour chaque instant de mesure t , nous disposons d'une population de patients. Chaque patient e à l'instant t est représenté par D_t^e définie au paragraphe 2.1.1. Conformément au protocole clinique, l'analyse statistique à réaliser se résume à comparer deux distributions mono-variées dont l'une est la référence au début de l'essai clinique. Ainsi, la première distribution est D_{t_0} , la mesure de sévérité de référence à t_0 sur l'ensemble des patients. La seconde distribution est D_t , la mesure de sévérité à t sur l'ensemble des patients. La grandeur que l'on cherche à quantifier est la déviation entre D_{t_0} et D_t . Ainsi, si la pathologie évolue entre t_0 et t alors la distribution D_t sera "décalée" par rapport à la distribution D_{t_0} . Nous proposons d'utiliser deux tests d'hypothèses pour quantifier cette déviation. L'hypothèse " H_0 " consiste à dire que la déviation de D_t par rapport à D_{t_0} n'est pas significative. Cela revient à faire l'hypothèse que le traitement (E) n'a pas d'effet. Les deux tests que nous utilisons sont le t -test dit également *test de Student* [Mood 1974], et le test de *Wilcoxon* [Mood 1974] (ces deux tests sont très classiques en statistique) :

t-test :

Le t -test est un test d'hypothèse qui vise à tester statistiquement l'égalité de deux moyennes. Ce test est a priori adapté au problème car le décalage entre D_t et D_{t_0} que l'on cherche à mesurer peut être modélisé comme un écart de moyennes. Différentes définitions du t -test existent en fonction des moyennes que l'on souhaite tester [Mood 1974]. Dans notre application, nous souhaitons tester les moyennes de deux distributions appariées. En effet, les deux distributions sont constituées de mesures sur les mêmes patients à deux temps différents. Nous nous intéressons donc au t -test *apparié*. Ce test nécessite deux hypothèses importantes : 1- Les échantillons de chacune des distributions doivent être **indépendants et identiquement distribués** (iid) ; 2- Les distributions étudiées doivent être gaussiennes. Le respect de ces conditions pour nos données est discuté au paragraphe 2.1.2.2. L'hypothèse " H_0 " de ce test est alors "les distributions D_{t_0} et D_t sont de même moyenne". La

statistique appariée est :

$$Z(t_0, t) = \frac{\overline{D_{t_0} - D_t}}{\sqrt{\frac{\sigma_{D_{t_0} - D_t}}{N_e}}}, \quad (2.21)$$

avec $\overline{D_{t_0} - D_t}$ et $\sigma_{D_{t_0} - D_t}$ respectivement la moyenne et l'écart type de la différence entre les deux distributions D_{t_0} et D_t . Cette statistique $Z(t_0, t)$ est alors comparée à la densité de probabilité de la statistique de Student afin d'extraire la p-valeur du test. Une p-valeur inférieure à un seuil α , choisi a-priori, permet alors de rejeter l'hypothèse H_0 avec une probabilité d'erreur de α . α est classiquement choisi à 0.05, soit 5% [Mood 1974].

Test de Wilcoxon :

Le test de Wilcoxon est un test de rang qui, dans le cas de distributions appariées, vise à mesurer la déviation entre ces deux distributions. Ce test est souvent assimilé au un test sur la médiane. En réalité, ce n'est pas exactement la médiane qui est testée mais le "décalage" entre deux distributions car le rang est calculé sur la valeur absolue des échantillons. Ce test nécessite l'hypothèse importante que les deux distributions soient iid. Le respect de ces conditions par nos données est exposé au paragraphe 2.1.2.2. L'hypothèse " H_0 " de ce tests est alors "Les distribution D_{t_0} et D_t ne sont pas décalées". La statistique de Wilcoxon est :

$$W_{N_e}^+ = \left| \sum_{\substack{e=1 \\ D_{t_0}^e - D_t^e > 0}}^{N_e} [sgn(D_{t_0}^e - D_t^e) \cdot R_e] \right| \quad (2.22)$$

où $sgn(x)$ représente le signe de x et R_e représente le rang de l'échantillon $|D_{t_0}^e - D_t^e|$ dans la distribution $|D_{t_0} - D_t|$. La p-valeur du test est alors obtenue en comparant $W_{N_e}^+$ avec la densité de probabilité d'une distribution exacte de la statistique de Wilcoxon. Une p-valeur inférieure à un seuil α , choisi a-priori, permet alors de rejeter l'hypothèse H_0 avec une probabilité d'erreur de α . α est classiquement choisi à 0.05 soit 5% [Mood 1974].

2.1.2.2 Applicabilité des tests sur les données

Les deux tests d'hypothèses nécessitent de fortes hypothèses sur les distributions analysées. Cependant, le test de Wilcoxon émet des hypothèses plus faibles que le test de Student.

En effet, pour le test de Wilcoxon les deux hypothèses sont : Les deux distributions doivent être identiquement distribuées et les échantillons doivent être indépendants. Les mesures de sévérités D_t étant issues de patients ayant la même pathologie et étant acquises avec la même technologie, nous pouvons faire l'hypothèse que les échantillons de D_t sont identiquement distribués. Chacun des échantillons de D_t provenant d'un patient différent, nous pouvons faire l'hypothèse

d'indépendance entre les échantillons. Le test de Wilcoxon semble donc applicable à notre problème.

Le test de Student fait l'hypothèse supplémentaire que les échantillons de D_t sont issus d'une distribution gaussienne. Supposons que nous ayons un capteur qui ne prend qu'une mesure scalaire. Cela revient à ne considérer qu'un seul pixel par image multi-spectrale et une seule image par patient à chaque instant t . Considérons la distribution D_t . Les patients étant sélectionnés sous les mêmes critères et subissant le même traitement, nous pouvons supposer que les échantillons de la distribution D_t sont identiquement distribués. De plus, étant donné que chaque échantillon correspond à un patient différent, il est clair que les échantillons sont indépendants. Chaque distribution D_t est donc iid. La distribution $X_{t/t_0} = D_{t_0} - D_t$ est donc iid. Pour pouvoir appliquer un t -test sur cette dernière distribution, nous devons vérifier que X_{t/t_0} suit une loi normale. Cela revient à vérifier que D_t suit une loi normale. Or nous n'avons aucun élément qui nous permet d'affirmer que le capteur fournit une variable aléatoire normale sur l'ensemble des données de l'étude. A ce stade, il semblerait donc incorrect de faire un t -test à partir de mesures ponctuelles sur une étude.

Considérons maintenant le cas où l'on a une image en niveau de gris par patient. Cela revient à sélectionner une seule bande, si l'on a une image multi-spectrale par patient. Notons B cette image ou bande. Pour ne garder que l'information utile de cette bande, nous sélectionnons une zone d'intérêt sur la pathologie. Nous avons donc, pour un patient donné et pour chaque instant t , un ensemble de N_s (avec N_s le nombre de pixels de la zone d'intérêt) variables aléatoires identiquement distribuées et dépendantes entre elles. Une combinaison linéaire de ces variables aléatoires permet d'obtenir une unique variable aléatoire par temps t , pour un patient donné. Afin d'appliquer un t -test sur l'ensemble des patients, nous devons nous assurer que la variable aléatoire issue de la combinaison linéaire des N_s variables aléatoires est normale. Pour cela, écrivons la combinaison qui nous intéresse : la moyenne. La moyenne appliquée à une bande B_t^e concernant le patient e à l'instant t , donne une mesure de contraste que l'on note d_t^e :

$$d_t^e = \frac{1}{N_s} \sum_{s=1}^{N_s} B_t^e(S(s)); \quad (2.23)$$

où N_s est le nombre de pixels dans la zone d'intérêt, et S un vecteur dont le $s^{\text{ième}}$ élément correspond aux coordonnées du $s^{\text{ième}}$ pixel de la zone d'intérêt. Pour vérifier que d_t^e est une variable aléatoire gaussienne, nous appliquons le théorème central limite. Pour cela, les échantillons $B_t^e(S(s))$ doivent être iid. Ils sont identiquement distribués car issus de la même classe de l'image (si la classe est homogène et non texturée). Cependant, ils sont dépendants car issus du même voisinage spatial. Pour obtenir l'indépendance, nous devons sous-échantillonner ces pixels et ne garder que ceux suffisamment éloignés entre eux de telle sorte que leur corrélation soit suffisamment faible. Pour cela, dans la zone d'intérêt, nous sélectionnons les pixels dont

la distance spatiale relative est supérieure au seuil θ obtenu tel que :

$$0 \leq R(\theta) = \frac{E[(B_t^e(S(s)) - \mu)((B_t^e(S(s) + \theta) - \mu)]}{\sigma^2} \leq \Theta \quad (2.24)$$

où μ et σ représentent respectivement la moyenne et la variance des pixels de la zone d'intérêt de la bande B_t^e , et Θ le seuil que l'on se fixe pour considérer la corrélation faible. Après un tel sous-échantillonnage, nous pouvons affirmer que la distribution $X_t = \{d_t^e, \dots, d_t^e\}$, et donc la distribution X_{t/t_0} est constituée de variables aléatoires gaussiennes indépendantes. Nous pouvons donc appliquer un *t-test* sur la distribution X_{t/t_0} pour quantifier l'effet du traitement E relativement à C .

Considérons maintenant une image mutli-spectrale à N_b bandes. Nous partons à nouveau d'une zone spatiale d'intérêt. Pour un patient e , nous avons donc N_s pixels qui sont chacun un vecteur de taille N_b . Nous avons donc, pour chaque temps de mesure t , $N_s * N_b$ variables aléatoires par patient. Pour intégrer ces variables aléatoires en une unique variable aléatoire, nous pouvons faire une combinaison linéaire des $N_s * N_b$ variables aléatoires. Nous utilisons le critère M défini auparavant :

$$d_t^e = \frac{1}{N_e} \sum_{s=1}^{N_s} \sum_{b=1}^{N_b} m_b I_t^e(S(s), b) \quad (2.25)$$

où les m_b sont les paramètres du critère M . Nous devons maintenant justifier la gaussianité de la variable aléatoire d_t^e . Les variables aléatoires dans la somme sur s sont les pixels d'une zone spatiale d'intérêt pour la bande b . Ces pixels étant dépendants nous devons réaliser un sous-échantillonnage, comme précédemment, de ces pixels pour chaque bande b . Le théorème central limite appliqué aux échantillons restants qui sont alors iid (car issus de la même classe), permet de conclure que la variable aléatoire $\sum_{s=1}^{N_s} I_t^e(S(s), b)$ est gaussienne après sous-échantillonnage spatial. Par conséquent, d_t^e est gaussienne comme combinaison linéaire de variable aléatoires gaussiennes. $X_t = \{d_{t_i}^e, \dots, d_{t_i}^e\}$ après sous-échantillonnage, est donc iid gaussienne. La distribution X_{t/t_0} sous-échantillonnée est par conséquent aussi iid gaussienne. Nous pouvons donc, a priori, appliquer un *t-test* sur la distribution X_{t/t_0} sous-échantillonnée pour quantifier l'effet du traitement. En conclusion, l'utilisation du *t-test* dans le problème posé ici est très délicate. Il faut, en effet, s'assurer que les pixels combinés soient indépendants. Un sous-échantillonnage spatial et spectral est alors nécessaire. Or, pour le problème posé (i.e. détection et quantification de la sévérité du mélasma), il n'est pas concevable de sous-échantillonner l'information spatiale et spectrale. Cela revient à ignorer arbitrairement une information potentiellement importante.

L'analyse faite des tests d'hypothèse de Student et de Wilcoxon mènent à penser que le test de Wilcoxon est le plus adapté à notre problème. Le test de Student utilisé sans sous-échantillonnage spatial et spectral risque d'être biaisé. Dans l'analyse statistique d'une étude clinique, nous nous concentrerons donc sur le test de Wilcoxon. Néanmoins, nous calculerons la statistique de Student à titre indicatif dans le résultats statistiques présentés en annexe.

2.2 Estimation d'un critère spectral

Afin de pouvoir appliquer le test d'hypothèse choisi sur l'ensemble d'une étude, nous devons proposer un critère spectral M . Ce critère spectral peut être vu de deux manières différentes. Soit l'on recherche une signature spectrale représentative de la pathologie. La couleur mesurée est alors la couleur caractéristique de la lésion étudiée. On notera cette approche la méthode C_{M_1} . La seconde méthode consiste à rechercher une signature spectrale qui vise à maximiser conjointement la caractéristique de la lésion et l'effet du traitement. On notera cette approche la méthode C_{M_2} . Cette partie est organisée comme suit : le paragraphe 2.2.1 présente les méthodes d'extraction de signatures spectrales et de réduction de dimension en imagerie multi et hyper-spectrale. Le paragraphe 2.2.2 présente les méthodes sélectionnées pour résoudre le problème posé.

2.2.1 Les méthodes d'analyse du spectre

De nombreuses méthodes de réduction de dimension ou d'extraction de signatures spectrales ont été proposées pour l'imagerie spectrale. Les auteurs se sont tout d'abord focalisés sur des méthodes d'analyse de critères statistiques tels que la variance ou des mesures de redondance ou d'entropie entre les bandes spectrales. Ainsi de nouvelles bandes spectrales sont obtenues par combinaison linéaire des bandes initiales de façon à minimiser de tels critères. Ce modèle de projection peut s'écrire sous la forme :

$$X = A * S \quad (2.26)$$

où X est une matrice de taille $(N_b, N_l * N_c)$ représente l'image hyper-spectrale, A la matrice de projection, ou de mélange, de taille maximale (N_b, N_b) et S de taille $(N_b, N_l * N_c)$ l'image spectrale projetée dans le nouvel espace. S est alors la matrice d'abondance des spectres purs ou sources. Une modélisation de bruit additif B qui correspond au résidu de la factorisation matriciel permet d'étendre la formulation de l'équation 2.26 :

$$X = A * S + B \quad (2.27)$$

La réduction de dimension consiste alors à ne conserver que les bandes les plus pertinentes de S . De telles méthodes de projections ont été critiquées [Lennon 2002, Rellier 2002, Goretti 2009] car elles ne prennent pas toujours en compte la problématique d'analyse ou de classification qui suit cette réduction de dimension. Des méthodes de sélection de bandes spectrales, d'analyse géométrique du spectre, ou de projection suivant un indice lié à l'application visée ont été proposées. Dans la suite de ce paragraphe, nous présentons les méthodes de réduction de dimension les plus utilisées dans la littérature. Pour ce faire, nous classons les méthodes suivant leur caractère de type factorisation, de types "sélection de bandes" ou de type "analyse géométrique".

2.2.1.1 Les méthodes par factorisation

L'analyse en composantes principales :

La méthode de réduction de dimension la plus utilisée est l'analyse en composantes principales (ACP). Pour une image spectrale, l'ACP vise à projeter les bandes spectrales dans un nouvel espace où la covariance inter-bandes est minimisée. Les vecteurs propres E de la matrice de corrélation $K_{N_b \times N_b} = \frac{1}{N_l * N_c} (X - \mu_X) * (X - \mu_X)^t$ (avec μ_X vecteur des moyennes des lignes de X) donnent alors les vecteurs de projections dans le nouvel espace. Ainsi,

$$E^t K_{N_b \times N_b} E = I_d, \quad (2.28)$$

tel que I_d soit la matrice identité. On a alors, $S = E^t (X - \mu_X)$. Afin de procéder à la réduction de dimension, seules les premières bandes de S sont conservées. Ce choix peut être réalisé en fonction de la variance expliquée ou du point d'inflexion de la courbe de décroissance des valeurs propres de $K_{N_b \times N_b}$. On peut remarquer que l'ACP est un cas particulier de la décomposition en valeurs singulières (SVD). Ainsi, la SVD peut être utilisée pour estimer A [Herries 1996, Ball 2007]. La variance n'étant pas optimale pour décrire un signal, le rapport signal sur bruit peut lui être préféré. Une variante de l'ACP, l'analyse en composantes principales ajustée au bruit (NAPCA) a été proposée en ce sens [Green 1988]. Cette approche consiste à blanchir le bruit avant d'appliquer l'ACP. Ainsi, si l'on note K_n la matrice de covariance du bruit alors F , la matrice de blanchiment du bruit, est telle que :

$$F^t K_n F = Id \quad (2.29)$$

avec Id la matrice identité. La matrice de covariance des données après blanchiment $\Sigma_{n_a dj}$ est alors obtenue par transformation de $K_{N_b \times N_b}$ par F :

$$F^t K_{N_b \times N_b} F = \Sigma_{n_a dj}. \quad (2.30)$$

Une ACP à partir de $\Sigma_{n_a dj}$ permet alors d'obtenir la projection des données dans le nouvel espace :

$$S_{NAPCA} = G^t F^t (X - \mu_X) \quad (2.31)$$

avec

$$G^t \Sigma_{n_a dj} G = Id, \quad (2.32)$$

La difficulté de cette méthode est d'estimer la matrice de covariance du bruit K_n . Une méthode proposée dans [Roger 1996] estime K_n à partir de mesures de variance intra-bandes et de mesures de corrélation inter-bandes. Une autre méthode permettant d'utiliser l'ACP, grâce à un critère autre que la variance, est d'introduire un noyau. L'analyse en composantes principale à noyau (KPCA) est alors une ACP non linéaire. Pour ce faire, la matrice de noyau K centrée, obtenue à partir de la matrice de Gram [Fauvel 2007] est calculée :

$$K = \begin{pmatrix} k(X_1, X_1) & k(X_1, X_2) & \cdots & k(X_1, X_{N_b}) \\ k(X_2, X_1) & k(X_2, X_2) & \cdots & k(X_2, X_{N_b}) \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ k(X_{N_b}, X_1) & k(X_{N_b}, X_2) & \cdots & k(X_{N_b}, X_{N_b}) \end{pmatrix} \quad (2.33)$$

tel que k soit la fonction noyau. La fonction k est une fonction symétrique définie positive. K doit ensuite être centrée pour calculer l'ACP [Schölkopf 1998] :

$$K_c = K - \mathbf{1}_{N_b}K - K\mathbf{1}_{N_b} + \mathbf{1}_{N_b}K\mathbf{1}_{N_b} \quad (2.34)$$

avec $\mathbf{1}_{N_b}$ matrice carrée telle que $(\mathbf{1}_{N_b})_{i,j} = \frac{1}{N_b}$.

L'analyse en composantes indépendantes :

L'analyse en composantes indépendantes (ACI) permet de déterminer la matrice A par minimisation de statistiques d'ordre supérieur à 2. Suivant les formulations, cette statistique est assimilée au cumulants d'ordre 4 [Cardoso 1999b], à la distance de Kullback-Leibler [Cardoso 1999a] ou à l'entropie [Hyvarinen 1999]. Pour la majorité de ces méthodes, une étape de blanchiment des données réalisée par ACP, permet de sphériser les données. Puis, un algorithme d'optimisation permet d'obtenir la matrice de mélange A . Les méthodes de calcul d'ACI étudiées sont présentées au paragraphe 2.2.2.2.

La factorisation en matrices non-négatives :

La factorisation en matrices non-négatives (NMF) consiste à factoriser une matrice X en un produit de deux matrices non négatives W et H :

$$X = W * H + U \quad (2.35)$$

où U est une matrice résidu qui peut être positive ou négative [Paatero 1994]. Il existe différents types de factorisation en matrices non-négatives suivant la fonction de coût utilisée pour estimer la divergence entre X et $W * H$. Des fonctions de coût utilisées peuvent par exemple être l'erreur quadratique ou la divergence de Kullback-Leibler [Dhillon 2005, Lee 1999]. De nombreuses façons de calculer W et H ont été proposées. La méthode proposée dans [Lee 2001], par mise à jour multiplicative, est une méthode populaire, de par sa simplicité de mise en œuvre. D'autres méthodes fondées sur la descente de gradient [Lin 2007b, Lin 2007a], ou par "Active Set" [Kim 2008, Kim 2011] ont été proposées. Pour l'analyse d'images spectrales, la NMF vise à décomposer l'image X tel que W corresponde à la pseudo-inverse de la matrice A , et H corresponde aux sources S . Afin d'adapter la NMF pour l'analyse de mélange en imagerie hyper-spectrale, des contraintes ont été proposées [Jia 2009, Huck 2010]. Des méthodes intégrant information spectrale et spatiale ont alors été proposées [Miao 2007]. Ces méthodes visent à ajouter des contraintes dans la procédure d'optimisation. De telles contraintes correspondent généralement à minimiser le volume formé par le simplexe englobant l'ensemble des données et dont les sommets sont les spectres purs. Ces méthodes s'apparentent alors à l'analyse géométrique décrite au paragraphe 2.2.1.2. Une contrainte de sparcité peut également être ajoutée. Elle consiste à supposer que chacun des pixels des données initiales n'est composé que d'une partie des spectres purs [Iordache 2010, Thompson 2009]. La matrice d'abondance S contient alors beaucoup de zéros. Il est à noter que les méthodes présentées ci-dessus sont liées.

Par exemple, l'ACP et la NMF sont équivalentes pour le bruit blanc ; la SVD et l'ACP sont équivalentes pour des données centrées.

Méthodes supervisées :

Des méthodes supervisées ont également été proposées afin d'extraire des signatures spectrales. Ces algorithmes utilisent une base d'apprentissage contenant des échantillons représentatifs de chacune des classes d'intérêt. Puis, un critère dessiné pour l'application visée est optimisé pour déterminer des signatures spectrales. Des exemples d'algorithmes de ce type sont : Discriminant Analysis Feature Extraction (DAFE) [Landgrebe 2003], Decision Boundary Feature Extraction (DBFE) et Non-parametric Weighted Feature Extraction (NWFE) [Lee 1993, Lee 1997], ou encore la sélection de signatures spectrales par maximum de vraisemblance [Riedmann 2003].

2.2.1.2 Les méthodes géométriques

Une alternative à la projection par un indice lié à une grandeur statistique est d'analyser le nuage de points de dimension N_b , formé par l'ensemble des pixels. Les spectres purs sont alors modélisés comme les sommets d'un simplexe englobant l'ensemble du nuage de points. Le problème est alors de déterminer le simplexe optimal qui est défini comme celui de plus grand volume englobant le nuage de points. De nombreux algorithmes ont été proposés pour résoudre ce problème [Boardman 1995, Winter 1999b, Neville 1999, Plaza 2002a, Craig 1994, Boardman 1994, Ifarraguerri 1999, Nascimento 2005]. L'un des algorithmes les plus populaires pour rechercher un tel simplexe est N-FINDR [Winter 1999a, Dobigeon 2009, Chang 2011]. L'idée principale de l'algorithme N-FINDR est de supposer qu'un volume de dimension $(p - 1)$ formé par un simplexe à p sommets, que sont les composantes pures, est toujours plus grand que celui formé par d'autres combinaisons de p pixels. Ainsi, en partant de p sommets e_1, e_2, \dots, e_p , le volume du simplexe est défini par :

$$V(e_1, e_2, \dots, e_p) = \frac{\left| \det \begin{pmatrix} 1 & 1 & \dots & 1 \\ e_1 & e_2 & \dots & e_p \end{pmatrix} \right|}{(p - 1)!} \quad (2.36)$$

Une recherche de p nouveaux sommets du simplexe est alors effectuée afin de maximiser le volume du simplexe :

$$\{e_1^*, e_2^*, \dots, e_p^*\} = \underset{e_1, e_2, \dots, e_p}{\text{Argmax}} \{V(e_1, e_2, \dots, e_p)\} \quad (2.37)$$

Cette recherche est exhaustive puisque elle se fait parmi $\frac{N!}{p!(N-p)!}$ simplexes à p sommets, N étant le nombre de pixels dans l'image. Différents algorithmes ont alors été proposés pour résoudre cette recherche de simplexe le plus efficacement possible [Xiong 2011]. En plus de sa complexité algorithmique, N-FINDR nécessite de connaître le nombre de sommets p et est dépendant du simplexe d'initialisation utilisé. Un autre algorithme répandu pour l'imagerie spectrale est le "pixel purity index

(PPI)” [Boardman 1995, Chang 2006]. L’initialisation consiste à réaliser une NMF afin de diminuer la dimension des données et de générer aléatoirement k vecteurs souvent nommés “skewer”. Chacun des pixels est alors projeté sur la base définie par les “skewers”. Les pixels aux positions extrêmes de chaque “skewer” ($skewer_j$ avec $j \in [1, k]$) sont notés $S_{extrema}skewer_j$. Un seul pixel peut alors apparaître dans plusieurs ensembles d’extrema. L’indicateur $I_S(r)$ est alors défini tel que :

$$I_S(r) = \begin{cases} 1 & \text{si } r \in S \\ 0 & \text{sinon} \end{cases} \quad (2.38)$$

et le score PPI est défini par :

$$N_{PPI}(r) = \sum_j I_{S_{extrema}(skewer_j^{(k)})(r)} \quad (2.39)$$

Les pixels choisis comme pixels purs sont alors les pixels r tels que $N_{PPI}(r) > t$ où t est un seuil fixé. L’algorithme PPI n’étant pas itératif et fondé sur une base de vecteurs générée aléatoirement, il ne garantit pas que les pixels extraits soient des spectres purs optimaux car ils dépendent de l’initialisation. Par construction, l’algorithme PPI est sensible au bruit. L’initialisation par NMF est alors très importante pour débruiter les données. Le nombre de spectres k et le seuil t sont deux paramètres que doit fixer l’opérateur. Un troisième algorithme de recherche de spectres purs est le “vertex component analysis (VCA)” [Nascimento 2005]. Comme les deux précédents algorithmes, VCA fait l’hypothèse qu’au moins un pixel de chacun des spectres purs recherchés existe dans le nuage de points étudié. L’algorithme VCA exploite deux propriétés qui sont 1) les spectres purs sont les sommets d’un simplexe et 2) une transformation affine d’un simplexe est aussi un simplexe. L’algorithme VCA est initialisé en projetant le cône des données initiales X vers un simplexe $S_p = \{y \in R^{N_b} : y = X/X^t u\}$ qui est la projection des données initiales dans le plan $X^t u = 1$. Le choix de u permet d’assurer qu’il n’y ait pas de pixel orthogonal à ce plan. u est ainsi estimé par ACP ou SVD en fonction du rapport signal sur bruit des données initiales. L’algorithme VCA estime alors les spectres purs successivement en projetant les données dans une direction orthogonale aux spectres purs déjà calculés. Le nouveau spectre pur correspond alors au pixel ayant la valeur extrême après projection. Les algorithmes décrits ci-dessus contiennent tous une contrainte d’indépendance entre les spectres purs recherchés. L’algorithme “dependent component analysis (DECA)” [Nascimento 2007] propose de lever cette hypothèse en modélisant les pixels comme des mélanges de distributions de Dirichlet. Un tel algorithme présente l’avantage de ne pas nécessiter de faire l’hypothèse qu’au moins un pixel de chacun des spectres purs recherchés existe dans le nuage de points étudié. Les paramètres de chacune des distributions de Dirichlet sont alors obtenus en maximisant la vraisemblance de la matrice inverse de la matrice de mélange A par la méthode d’Estimation Maximisation (EM) [Dempster 1977].

2.2.1.3 Les méthodes par sélection de bande

La majorité des méthodes d'analyse du spectre d'images multi ou hyperspectrales s'est concentrée sur l'utilisation d'un vecteur spectral global, notamment par les modèles d'analyse de modèles linéaires présentés au paragraphe 2.2.1.1. De ce fait, les méthodes visant à sélectionner une zone spectrale d'intérêt ont été beaucoup moins étudiées. Ce type de méthodes vise à sélectionner une ou plusieurs bandes spectrales qui répondent à un critère conçu pour répondre à une application précise. Par exemple dans [Keshava 2001], les auteurs proposent d'utiliser le "Spectral Angle Mapper" (MAP) pour déterminer un groupe de bandes spectrales consécutives optimal pour discriminer deux mesures spectrales. Le MAP mesure l'angle entre deux spectres x et y :

$$\theta(x, y) = \arccos \left(\frac{\langle x, y \rangle}{\|x\| \|y\|} \right) \quad (2.40)$$

où $\langle \cdot, \cdot \rangle$ représente le produit scalaire et $\|\cdot\|$ représente la norme L^2 . Le critère MAP ne décrivant que peu d'information présente dans un spectre, les auteurs de [Keshava 2001] proposent alors d'utiliser le "Generalized Likelihood Ratio Test (GLRT)" pour réaliser cette recherche de région spectrale. Un autre exemple de sélection de bandes spectrales d'intérêt est décrit dans [Du 2007] pour la détection de tumeurs sur la peau de carcasses de poulets. Une méthode de sélection de bandes spectrales est alors mise en place en maximisant la séparabilité des classes peau saine et tumeur. La séparabilité des classes est mesurée par la divergence de Kullback-Leibler symétrisée. Les N bandes qui, ensemble, présentent la plus grande divergence entre les classes sont alors sélectionnées. Le problème d'estimation de ce groupe de bandes étant combinatoirement proportionnel au nombre de bandes de l'image initiale et à N , les auteurs proposent un algorithme pour trouver cet ensemble de bandes sans calculer tous les cas possibles.

2.2.1.4 Les autres méthodes

De nombreux autres types de méthodes proposées dans la littérature permettent d'analyser ou de réduire le spectre en changeant d'espace de représentation. En ce qui concerne la réduction de dimension, nous pouvons citer les méthodes de regroupement de bandes spectrales et de poursuite de projection que nous considérons au chapitre suivant afin de réaliser une classification des zones pathologiques. En ce qui concerne les méthodes visant à changer d'espace de représentation, nous ne les considérons pas ici car elles ne permettent pas une analyse par combinaison linéaire de bandes spectrales, rendant ainsi difficile l'interprétation du résultat obtenu et la comparaison avec l'analyse physique de la pathologie. Pour ce type de méthodes, nous pouvons citer les plus connues, comme par exemple les cartes de diffusion [Lafon 2006] ou la représentation en ondelettes [Bruce 2002, Mallat 1989].

2.2.2 Les méthodologies sélectionnées

Afin de réaliser la recherche d'un critère spectral M , nous proposons de comparer deux approches. En effet, d'après l'état de l'art présenté au paragraphe 2.2.1, les deux approches qui semblent les plus adéquates sont la sélection d'une bande ou la combinaison de bandes spectrales maximisant un critère relatif à l'application traité et l'analyse statistique des données minimisant l'information commune aux bandes spectrales. Nous proposons donc une fonction à maximiser afin de sélectionner la ou les bandes spectrales d'intérêt. Puis, nous utilisons l'ACI qui est la méthode de factorisation la plus utilisée pour l'analyse spectrale de la peau [Tsumura 1999, Tsumura 2003].

2.2.2.1 Maximisation d'un critère de contraste

Nous proposons, dans cette partie, de décrire une fonction objectif permettant de déduire une bande spectrale d'intérêt en maximisant ce que l'on cherche à observer.

Cas C_{M_1} : Le cas C_{M_1} , consiste à rechercher la couleur représentative de la pathologie. Pour ce faire, nous prenons l'ensemble des images d'une étude à t_0 comme échantillons à traiter. Puis, à partir de ces images, nous cherchons la combinaison spectrale de bandes qui, avec la normalisation choisie en 2.1.1, maximise l'écart entre une zone saine et une zone pathologique. Si l'on calcule la sévérité de la pathologie D_t^e , le critère f à maximiser sur l'ensemble des patients est alors :

$$f = \sum_{e=1}^{N_e} D_t^e. \quad (2.41)$$

En détaillant D_t^e , on obtient dans le cas de l'équation 2.16 :

$$D_t^e = \sum_{b=1}^{N_b} m_b J_t^e(b), \quad (2.42)$$

avec

$$J_t^e(b) = \frac{1}{N_{sA}^{t,e}} \sum_{j=1}^{N_{sA}^{t,e}} I_t^{e,A}(sA^{t,e}(j), b) - \frac{1}{N_{pA}^{t,e}} \sum_{j=1}^{N_{pA}^{t,e}} I_t^{e,A}(pA^{t,e}(j), b) \\ - \frac{1}{N_{sC}^{t,e}} \sum_{j=1}^{N_{sC}^{t,e}} I_t^{e,C}(sC^{t,e}(j), b) + \frac{1}{N_{pC}^{t,e}} \sum_{j=1}^{N_{pC}^{t,e}} I_t^{e,C}(pC^{t,e}(j), b) \quad (2.43)$$

avec N_{sA} , N_{pA} , N_{sC} , N_{pC} les nombres de pixels dans les zones pathologiques et saines pour l'image $I_t^{e,A}$ concernant le traitement A et l'image $I_t^{e,C}$ concernant le comparateur C. $sA^{t,e}$, $pA^{t,e}$, $sC^{t,e}$ et $pC^{t,e}$ représentent respectivement les positions

des pixels de l'image initiale sélectionnés pour former chacune des quatre zones segmentées. on obtient alors la fonction à maximiser :

$$f(M) = \sum_{e=1}^{N_e} \sum_{b=1}^{N_b} m_b J_{t_0}^e(b). \quad (2.44)$$

Cette fonction est linéaire par rapport aux variables m_b ($b \in [1, N_b]$) à estimer. Si l'on exclut les solutions où au moins un des coefficients m_b vaut l'infini, la solution est alors évidente et correspond à sélectionner une seule bande. Cette bande est la bande b qui a le coefficient $\sum_{e=1}^{N_e} J_t^e(b)$ le plus élevé. Si l'on autorise les coefficients m_b négatifs, alors cela permet de sélectionner deux bandes spectrales. On a alors une différence entre deux bandes à des longueurs d'ondes différentes.

Cas C_{M_2} : Dans le cas C_{M_2} , nous cherchons, pour un traitement donné, à maximiser conjointement l'effet du traitement et la caractéristique de la pathologie vis-à-vis de la peau saine. Cette fonction objectif à maximiser peut alors s'écrire :

$$f(M) = \sum_{b=1}^{N_b} m_b \left\{ \sum_{t=t_1}^{t_n} \sum_{e=1}^{N_e} [J_{t_0}^e(b) - J_t^e(b)] \right\}. \quad (2.45)$$

comme pour le cas C_{M_1} , la fonction objectif est linéaire. Elle permet donc de sélectionner la bande optimale qui est celle dont le coefficient $\sum_{t=t_1}^{t_n} \sum_{e=1}^{N_e} [J_{t_0}^e(b) - J_t^e(b)]$ est le plus grand.

Les fonctions objectif f présentées ci-dessus ont été calculées avec la normalisation de l'équation (2.16). On peut obtenir d'autres fonctions objectif en utilisant la normalisation de l'équation (2.13). Cependant, cela n'a de sens que dans le cas C_{M_2} . En effet, dans le cas C_{M_1} , il n'y aurait pas de maximisation. Dans le cas C_{M_2} , si l'on choisit la normalisation de l'équation (2.13) on ne maximise plus conjointement l'écart sain pathologique et l'écart temporel mais uniquement l'écart temporel. En conclusion, les trois fonctions objectif possibles sont :

$$f_1 = \sum_{e=1}^{N_e} \sum_{b=1}^{N_b} m_b \left\{ \begin{aligned} & \frac{1}{N_{sA}^{t,e}} \sum_{j=1}^{N_{sA}^{t,e}} I_t^{e,A}(sA^{t,e}(j), b) - \frac{1}{N_{pA}^{t,e}} \sum_{j=1}^{N_{pA}^{t,e}} I_t^{e,A}(pA^{t,e}(j), b) \\ & - \frac{1}{N_{sC}^{t,e}} \sum_{j=1}^{N_{sC}^{t,e}} I_t^{e,C}(sC^{t,e}(j), b) + \frac{1}{N_{pC}^{t,e}} \sum_{j=1}^{N_{pC}^{t,e}} I_t^{e,C}(pC^{t,e}(j), b) \end{aligned} \right\} \quad (2.46)$$

qui correspond au cas C_{M_1} avec la normalisation de l'équation (2.16),

$$\begin{aligned}
f_2 = \sum_{b=1}^{N_b} m_b \left\{ \sum_{t=t_1}^{t_n} \sum_{e=1}^{N_e} \left[\frac{1}{N_{sA}^{t_0,e}} \sum_{j=1}^{N_{sA}^{t_0,e}} I_t^{e,A}(sA^{t_0,e}(j), b) - \frac{1}{N_{pA}^{t_0,e}} \sum_{j=1}^{N_{pA}^{t_0,e}} I_t^{e,A}(pA^{t_0,e}(j), b) \right. \right. \\
- \frac{1}{N_{sC}^{t_0,e}} \sum_{j=1}^{N_{sC}^{t_0,e}} I_t^{e,C}(sC^{t_0,e}(j), b) + \frac{1}{N_{pC}^{t_0,e}} \sum_{j=1}^{N_{pC}^{t_0,e}} I_t^{e,C}(pC^{t_0,e}(j), b) \\
- \frac{1}{N_{sA}^{t,e}} \sum_{j=1}^{N_{sA}^{t,e}} I_t^{e,A}(sA^{t,e}(j), b) + \frac{1}{N_{pA}^{t,e}} \sum_{j=1}^{N_{pA}^{t,e}} I_t^{e,A}(pA^{t,e}(j), b) \\
\left. \left. + \frac{1}{N_{sC}^{t,e}} \sum_{j=1}^{N_{sC}^{t,e}} I_t^{e,C}(sC^{t,e}(j), b) - \frac{1}{N_{pC}^{t,e}} \sum_{j=1}^{N_{pC}^{t,e}} I_t^{e,C}(pC^{t,e}(j), b) \right] \right\} \quad (2.47)
\end{aligned}$$

qui correspond au cas C_{M_2} avec la normalisation de l'équation (2.16), et

$$\begin{aligned}
f_3 = \sum_{b=1}^{N_b} m_b \left\{ \sum_{t=t_1}^{t_n} \sum_{e=1}^{N_e} \left[+ \frac{1}{N_{pA}^{t_0,e}} \sum_{j=1}^{N_{pA}^{t_0,e}} I_t^{e,A}(pA^{t_0,e}(j), b) \right. \right. \\
- \frac{1}{N_{pC}^{t_0,e}} \sum_{j=1}^{N_{pC}^{t_0,e}} I_t^{e,C}(pC^{t_0,e}(j), b) \\
- \frac{1}{N_{pA}^{t,e}} \sum_{j=1}^{N_{pA}^{t,e}} I_t^{e,A}(pA^{t,e}(j), b) \\
\left. \left. + \frac{1}{N_{pC}^{t,e}} \sum_{j=1}^{N_{pC}^{t,e}} I_t^{e,C}(pC^{t,e}(j), b) \right] \right\} \quad (2.48)
\end{aligned}$$

qui correspond au cas C_{M_2} avec la normalisation de l'équation (2.13). Les équations des trois fonctions objectif proposées prennent en compte la normalisation utilisée pour réaliser le test d'hypothèse final. L'optimisation de ces fonctions est triviale, et la solution consiste à ne sélectionner qu'une seule ou deux bande(s) spectrale(s) suivant que l'on considère ou non les coefficients négatifs. Cela montre que si l'on recherche une combinaison de bandes spectrales qui maximise la mesure de l'effet du traitement de manière globale sur une population de traitement, le meilleur critère correspond au choix de ces bandes. Une combinaison de bandes spectrales contenant plus de deux bandes donnera un résultat du test statistique moins significatif. Bien que optimal du point de vu du test statistique sur une population de patients, le fait de ne garder qu'une seule ou deux bandes spectrale est restrictif. Utiliser une telle méthode peut occulter une information comme par exemple un effet secondaire

visible dans une autre région du spectre pour certains patients. Il semble alors important de comparer la méthode proposée d'optimisation de fonction objectif avec une méthode d'extraction de signature spectrale. Pour ce faire, on choisit d'utiliser l'analyse en composantes indépendantes.

2.2.2.2 Analyse en composantes indépendantes

L'ACI est utilisée ici comme une méthode de séparation de sources. En effet, l'ACI vise à décomposer un signal multi-capteur en, au maximum, autant de composantes que de capteurs, de telle sorte que ces composantes soient statistiquement indépendantes les unes des autres. Dans notre application, un capteur correspond à une bande spectrale. L'intérêt d'utiliser l'ACI est de décomposer le signal hyper-spectral en composantes indépendantes ou pures en espérant que certaines de ces composantes pures correspondent à des molécules présentes dans les tissus cutanés telles que la mélanine ou l'hémoglobine, ou à une caractéristique de la pathologie observée. Mathématiquement, la séparation de source linéaire se présente comme suit [Cardoso 1999b, Comon 1994, Hyvarinen 1999, Le Borgne 2004, Moussaoui 2008, Rellier 2002] :

$$X_{i,j} = AS_{i,j} + B_{i,j} \quad (2.49)$$

Dans ce modèle, l'analyse est réalisée sur chaque vecteur pixel individuellement car l'on s'intéresse uniquement à l'information spectrale. $X_{i,j}$ est le vecteur du spectre du pixel à la position (i, j) dans l'image. A est la matrice de mélange. Chaque colonne de A représente un spectre pur ou indépendant. Ainsi, la $k^{ième}$ colonne de A contient les pondérations des bandes spectrales de l'image initiale permettant d'obtenir la $k^{ième}$ composante indépendante. $S_{i,j}$ est un vecteur qui contient les proportions de chacune des composantes indépendantes dans le pixel à la position (i, j) . Enfin, $B_{i,j}$ est un vecteur modélisant un bruit additif sur le vecteur $X_{i,j}$ (figure 2.1). Faire une analyse en composantes indépendantes d'une image spectrale revient donc à déterminer la matrice de mélange A , après avoir débruité l'image. Le modèle linéaire de séparation de sources sans contraintes présente deux indéterminations [Le Borgne 2004]. En effet, la permutation des colonnes de A , modifie l'ordre des sources. Le modèle est donc défini à une permutation près. De plus, si l'on multiplie les colonnes de A par des constantes non nulles, cela induit une seconde indétermination du modèle, concernant cette fois-ci l'amplitude des sources. Cette seconde indétermination pour le cas particulier où la constante multiplicative est égale à -1, fait apparaître le négatif d'une source. L'élément crucial quant à la réussite d'une décomposition en composantes indépendantes réside dans l'estimation de la matrice de mélange A . Pour faire cette estimation, deux principales familles d'algorithmes peuvent être distinguées. La première [Cardoso 1999b, Hyvarinen 1999] consiste à estimer A itérativement, par des méthodes apparentées à la descente de gradient, en optimisant un critère d'indépendance entre les composantes. Ce type de méthodes est donc très proche de la poursuite de projection (voir chapitre 3). La seconde famille d'algorithmes [Cardoso 1999b, Comon 1994] permet d'estimer A ,

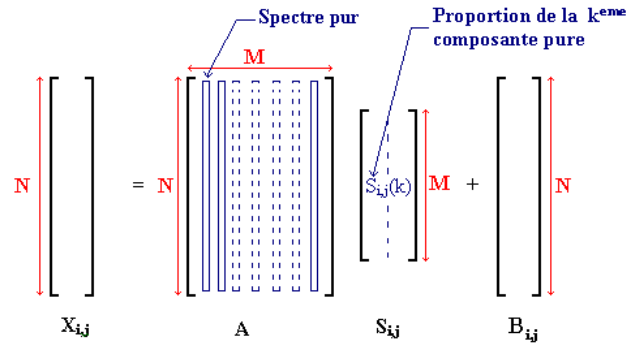


FIGURE 2.1 – Illustration de la décomposition du signal $X_{i,j}$ en composantes pures. Si l'image considérée contient N bandes spectrales et que l'on recherche M composantes pures telles que $M \leq N$, alors A est une matrice $N * M$.

en définissant l'indépendance entre les composantes grâce aux matrices des cumulants. Ainsi, A est construite par diagonalisation des matrices des cumulants. Dans [Cardoso 1999b], l'auteur montre que le fait de choisir les cumulants d'ordre deux et quatre permet d'avoir une méthode mathématiquement équivalente à une analyse en composantes indépendantes par minimisation de l'indice de Kullback-Leibler.

ACI par "poursuite de projection"

La méthode présentée et utilisée ici est la méthode dite "FastICA", proposée par Hyvarinen dans [Hyvarinen 1999]. Cette méthode itérative, consiste à construire la matrice A , ou plus exactement la matrice (pseudo)inverse de A , en maximisant un critère de négentropie. L'algorithme FastICA, peut être décomposé en trois étapes :

- Calcul du sous-espace bruit
- Construction de la matrice A
- Projection des données dans la base des composantes pures

Calcul du sous-espace bruit : La méthode "FastICA" nécessite une étape de prétraitement des données, appelée blanchiment ou sphérisation. Cette étape étant réalisée par analyse en composante principale, on va donc utiliser cette ACP pour diminuer le bruit. L'étape de réduction du bruit revient ainsi à réduire les données par ACP.

Construction de la matrice A : Pour construire la matrice de mélange A , la méthode proposée par Hyvarinen [Hyvarinen 1999] vise à maximiser la non-gaussianité du signal $X_{i,j}$ en maximisant un indice de négentropie. Cet indice de négentropie mesure la différence entre l'entropie du signal $X_{i,j}$ étudié et l'entropie d'une gaussienne qui a la même matrice de corrélation que le signal initial $X_{i,j}$. Ainsi, Hyvarinen propose une méthode itérative pour estimer A . Dans cet algorithme, chaque composante pure (chaque colonne de A) est estimée séparément tout en respectant un critère d'orthogonalité entre les différentes sources, de manière à ce qu'elles soient bien séparées. Il est à noter que cette technique ne s'applique pas directement sur

les données, mais sur les données blanchies (ou sphérisées). Le blanchiment d'une variable aléatoire x consiste à la transformer en une variable aléatoire x_b telle que la matrice de covariance de x_b soit la matrice identité I_d .

$$E\{x_b x_b^t\} = I_d \quad (2.50)$$

où \mathbf{E} est l'espérance mathématique. L'intérêt du blanchiment des données est de faciliter le calcul de la néguentropie qui introduit une variable aléatoire gaussienne de même matrice de corrélation que le signal étudié. La méthode d'estimation des sources par un algorithme de point fixe est décrite plus en détail dans l'Annexe C.

Représentation des données dans la base des composantes pures Lorsque le bruit est retiré et que la matrice A est estimée, le problème de séparation de sources peut s'écrire $Y_{i,j} = AS_{i,j}$ avec $Y_{i,j}$ le signal initial débruité ($Y_{i,j} = X_{i,j} - B_{i,j}$). Représenter les données dans la base des composantes pures revient à faire la projection $Y_{i,j} = AS_{i,j}$. On peut donc projeter $Y_{i,j}$ dans l'espace entier engendré par A , en faisant le produit matriciel $S_{i,j} = WY_{i,j}$ avec W la matrice (pseudo)inverse de A . Cependant, la contrainte sur $S_{i,j}$ ($\forall k \in [1, N_b], S_{i,j}(k) \geq 0$ et $\sum_{k=1}^{N_b} S_{i,j}(k) = 1$) introduit une contrainte sur $Y_{i,j}$. En effet, pour que la projection garde un sens physique, elle ne se fait pas sur l'espace engendré par A tout entier, mais sur un sous-espace qui satisfait les contraintes de positivité et de somme unitaire sur $S_{i,j}$. En pratique, pour trouver les coordonnées des données dans le sous-espace des composantes pures, la projection est réalisée sur l'espace tout entier, puis l'on réduit l'ensemble des données projetées au sous-ensemble qui satisfait les conditions sur $S_{i,j}$. Ainsi, une solution proposée dans [Rellier 2002] est de considérer chaque point de données projetées comme étant le barycentre des vecteurs de la base engendrée par A . La somme des coefficients de projection de chaque pixel est donc égale à un. De plus, si un coefficient est négatif, il est remis à zéro. Un pseudo-algorithme de FastICA est détaillé en Annexe C.

ACI par calcul des cumulants

En ce qui concerne les méthodes de résolution de séparation de sources en utilisant les cumulants, on se propose ici d'utiliser l'algorithme **Joint Approximate Diagonalisation of Eigenmatrices (JADE)**. Cet algorithme, décrit par Cardoso dans [Cardoso 1999b], vise à rechercher les composantes indépendantes dans le signal étudié en diagonalisant successivement la matrice des cumulants d'ordre 2, c'est-à-dire la matrice de corrélation, puis en diagonalisant les matrices de cumulants d'ordre 4. Les matrices de vecteurs propres issues de ces diagonalisations constituent alors la matrice A de mélange. Dans [Cardoso 1999a], l'auteur modélise la décomposition en composantes indépendantes, comme une rotation des données. Pour rechercher les composantes indépendantes, il est nécessaire, au préalable, de décorrélérer les données. Comme pour FastICA, on procède donc au blanchiment des données. Après blanchiment, le problème de séparation de sources s'écrit donc sous la forme : $Z_{i,j} = W_t A S_{i,j}$ avec W_t la matrice de blanchiment et $Z_{i,j}$ le pixel $X_{i,j}$ blanchi ($Z_{i,j} = W_t X_{i,j}$). La nouvelle matrice de mélange $W_t A$ est donc une matrice de rotation car elle relie deux

vecteurs blancs. Rechercher les composantes indépendantes revient donc maintenant à rechercher une rotation. Pour déterminer cette matrice de rotation, l'algorithme "JADE" optimise le critère [Cardoso 1999b] :

$$\phi(Z) = \sum_{ijkl \neq iikl} (Q_{ijkl}^Z)^2 \quad (2.51)$$

avec Q_{ijkl}^Z le cumulants d'ordre 4 de Z

$$Q_{ijkl}^Z = \mathbf{E}\{Z_i Z_j Z_k Z_l\} + \mathbf{E}\{Z_i\}\mathbf{E}\{Z_j\}\mathbf{E}\{Z_k\}\mathbf{E}\{Z_l\} \\ + \mathbf{E}\{Z_i Z_k\}\mathbf{E}\{Z_j Z_l\} + \mathbf{E}\{Z_i Z_l\}\mathbf{E}\{Z_j Z_k\} \quad (2.52)$$

L'algorithme "JADE" peut être décomposé en trois étapes :

- Blanchiment des données
- Construction de la matrice A
- Projection des données dans la base des composantes pures

Blanchiment des données : Le blanchiment des données est une étape réalisée par diagonalisation de la matrice de corrélation du signal étudié :

$$Z = \left(\sqrt{D}\right)^{-1} E^t X, \quad (2.53)$$

avec D la matrice de corrélation diagonalisée et E la matrice des vecteurs propres associés aux valeurs propres de D . Comme pour "FastICA", lors de cette étape de blanchiment des données, une réduction de données peut être effectuée pour diminuer le bruit.

Construction de la matrice A : La matrice de projection A est ensuite calculée en diagonalisant conjointement l'ensemble des matrices des cumulants d'ordre 4. Pour réaliser cette diagonalisation conjointe, Cardoso propose dans [Cardoso 1999b] une méthode qui dérive de la méthode de diagonalisation de Jacobi pour diagonaliser les matrices symétriques.

Projection des données dans la base des composantes pures : La projection des données dans le sous-espace des composantes pures se fait identiquement à la méthode présentée au paragraphe 2.2.2.2. Un pseudo algorithme de "JADE" est détaillé en Annexe D.

Comparaison des deux méthodes d'ACI

En pratique, les deux méthodes de séparation de sources donnent des résultats très proches. Cependant, lors de l'exécution des programmes, on remarque une plus grande stabilité de l'algorithme "JADE" par rapport à "FastICA". En effet, l'indétermination du modèle présenté précédemment vis-à-vis d'un coefficient multiplicateur est visible lors de l'utilisation de "FastICA". Ainsi, si on lance plusieurs fois "FastICA" sur le même cube de données, il n'est pas rare de voir apparaître soit une source, soit le négatif de cette même source. "JADE" ne présente pas cet inconvénient. De plus, "FastICA" est un algorithme d'optimisation par descente de gradient, ainsi, la convergence n'est pas assurée et le temps de calcul est variable

d'une image à une autre. "JADE" étant un algorithme de diagonalisation de matrices symétriques, son temps de calcul est plus stable. Ainsi, pour déterminer cinq sources dans un cube de mélasma contenant 18 bandes spectrales et 960*1280 pixels, "JADE" nécessite en moyenne 8 secondes en utilisant un seul cœur à 2.2Ghz alors que "FastICA" peut mettre entre 8 secondes et plusieurs minutes suivant le nombre d'itérations nécessaire à la convergence pour la recherche de chacune des sources. Par la suite, pour présenter les résultats de séparation de source, nous utiliserons donc l'algorithme "JADE". Pour l'étude du mélasma, les résultats obtenus montrent que la séparation de source fait ressortir une image qui contient principalement la composante mélanine (voir figure 2.2). Nous proposons alors d'utiliser la combinaison linéaire de bandes spectrales de cette composante comme critère M . Cependant, lorsque l'on utilise l'ACI sur des images spectrales différentes, on obtient une signature spectrale du mélasma différente. La figure 2.3 montre les signatures spectrales obtenues sur l'ensemble des images d'une étude clinique à t_0 . On remarque que, mis à part quelques images atypiques, l'ensemble des signatures spectrales suivent un même profil. Sur la figure 2.3, on observe deux types de courbes qui correspondent à une signature spectrale et son négatif. Cette inversion de signe est due à l'indétermination du modèle de l'ACI. Nous choisissons donc pour critère M la moyenne en valeur absolue des signatures spectrales des images de l'étude. Cette moyenne est représentée par un ligne rouge sur la figure 2.4. Un signe est en suite affecté à chacun des coefficients de manière à conserver le profil initiale. Le profil obtenu est représenté en figure 2.6.

2.3 Résultats obtenus

Dans cette partie, les résultats obtenus par les deux méthodes proposées sont présentés et comparés avec la méthode de référence utilisée en dermatologie. Cette méthode de référence vise à utiliser comme spectre d'analyse la mesure de luminance. La mesure de luminance est obtenue par l'intégration spectrale décrite en Annexe A. Afin de réaliser les mesures de sévérité, les quatre zones d'intérêt (I_S^E , I_P^E , I_S^C et I_P^C) par patient sont nécessaires. Pour n'évaluer que la méthode d'analyse spectrale indépendamment d'un algorithme de classification, nous spécifions ces quatre zones à la main. De plus, pour que ces zones soient comparables à une mesure de spectrocolorimétrie (technologie avec laquelle nous comparerons les résultats en partie 2.4) nous limitons chacune de ces zones à un disque de 1,5 cm de diamètre environ au centre de la zone pathologique. Afin de faire correspondre les quatre zones d'intérêt sur les séries temporelles d'image, un recalage géométrique des images entre les différents temps de mesure est nécessaire. Pour que l'analyse ne soit pas dépendante d'un algorithme de recalage, qui pourrait altérer les radiométries locales des images, nous repositionnons manuellement les quatre zones (I_S^E , I_P^E , I_S^C et I_P^C) sur chacune des images de la série temporelle. La figure 2.5 illustre sur un exemple les zones d'intérêt sélectionnées.

Lorsque les zones d'intérêt sont isolées par patient et sur la série temporelle,

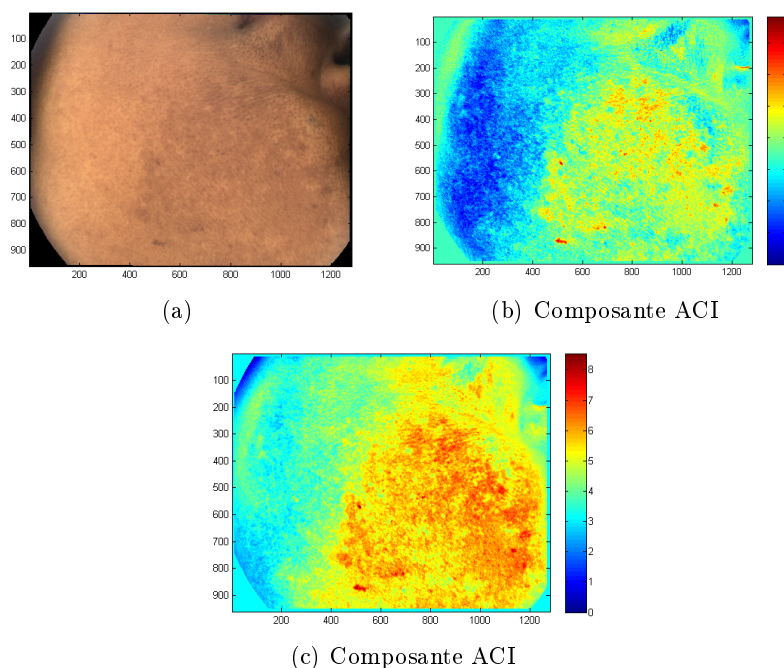


FIGURE 2.2 – Illustration d’une composante obtenue par ACI représentative de la pathologie (patient 9001 de la première étude clinique). (a) Image couleur reconstruite, (b) source obtenue par ACI calculée sur l’image, (c) source obtenue par le profil moyen obtenu sur la première étude clinique et illustré en figure 2.6.

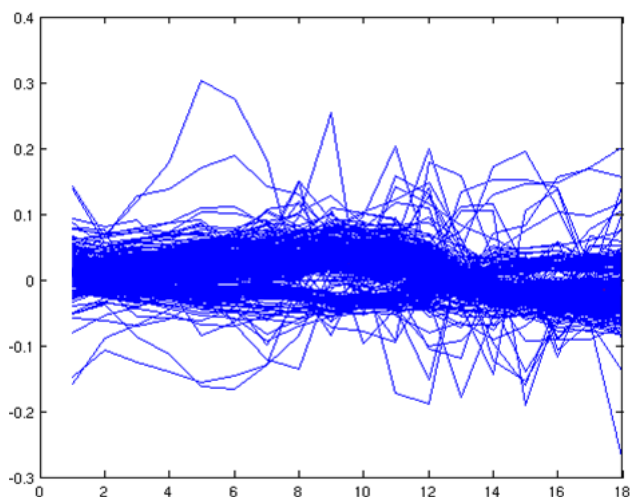


FIGURE 2.3 – Signatures spectrales obtenues par ACI sur des images de mélasma. En bleu est représenté l’ensemble des signatures spectrales obtenues sur l’ensemble des images d’une étude clinique. **Abscisse** : indice de la bande spectrale dans l’image, **ordonnée** : coefficient assigné à chaque bande spectrale.

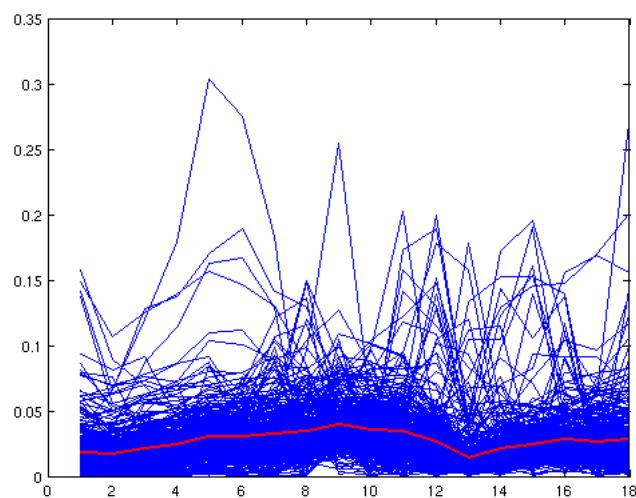


FIGURE 2.4 – Signatures spectrales en valeur absolue obtenues par ACI sur des images de mélasma. En bleu est représenté l'ensemble des signatures spectrales obtenues sur l'ensemble des images d'une étude clinique. En rouge est représentée la moyenne des signatures spectrales en bleu. **Abscisse** : indice de la bande spectrale dans l'image, **ordonnée** : coefficient assigné à chaque bande spectrale.

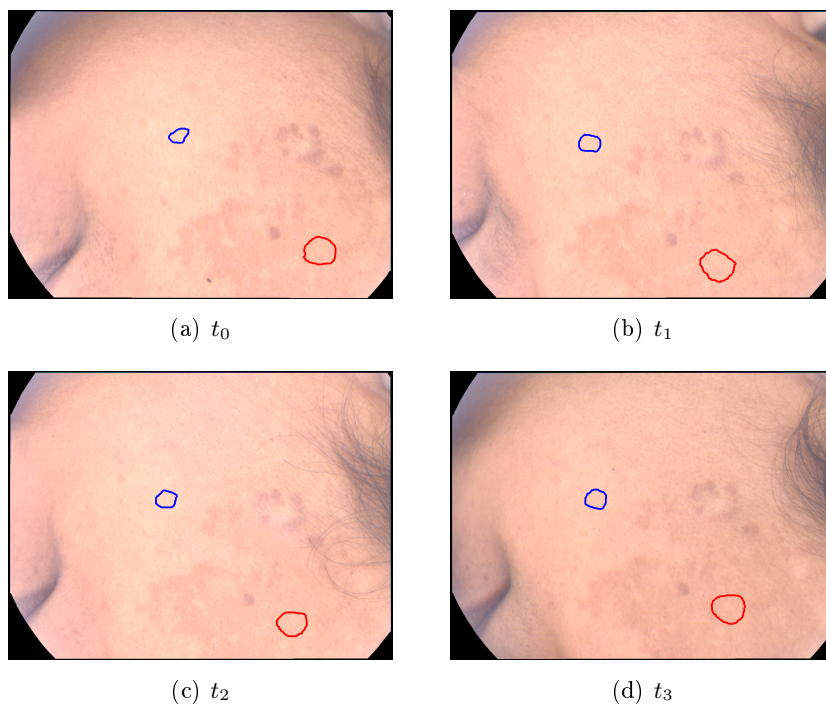


FIGURE 2.5 – Illustration de la méthode de sélection des zones d'intérêt sur les quatre temps de mesure pour un patient (patient 9004 de la première étude clinique). La zone saine d'intérêt est détournée en bleu et la zone pathologique d'intérêt est détournée en rouge.

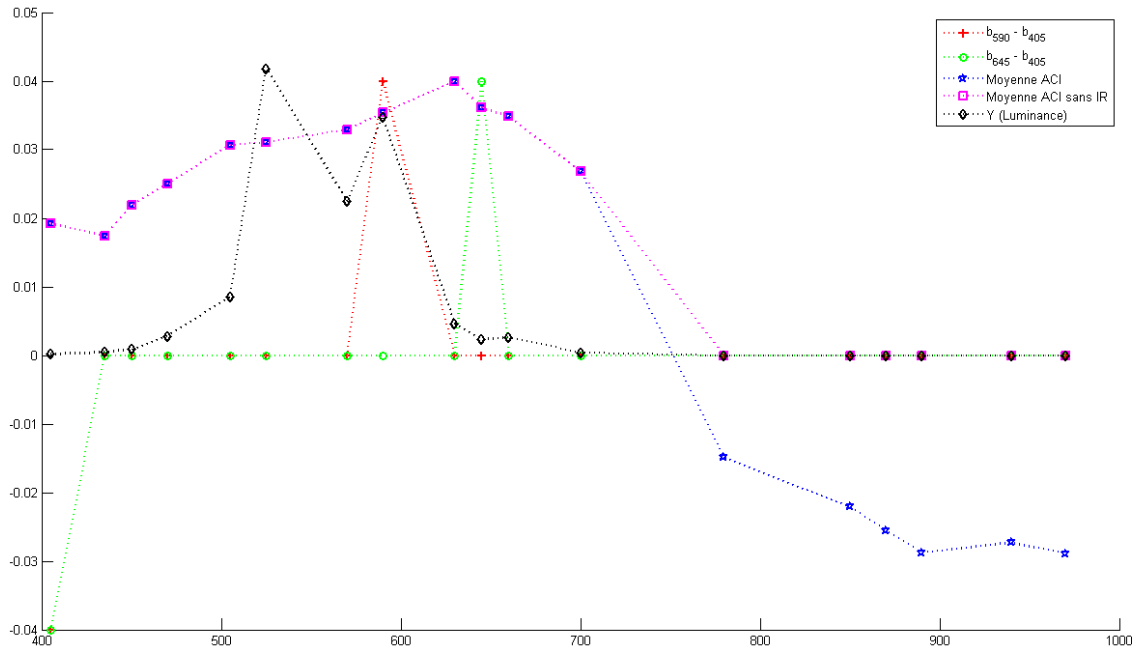


FIGURE 2.6 – Ensemble des signatures spectrales estimées sur la première étude clinique. **Abscisse** : longueurs d'onde en nanomètres, **ordonnée** : poids m_b attribué aux bandes spectrales

nous pouvons appliquer le critère spectral M choisi et réaliser un test d'hypothèse pour évaluer l'effet d'un traitement. Afin d'évaluer les méthodes proposées, nous les testons sur la première étude clinique (détaillée dans la partie 1.6.2), puis les appliquons sur la seconde étude clinique (détaillée dans la partie 1.6.2). Les résultats obtenus sont alors comparés à la mesure de luminance que l'on utilise comme référence. La table 1.1 présente les résultats des tests statistiques obtenus sur la première étude avec le critère de luminance mesurée par spectro-colorimétrie. On observe que cette mesure met en évidence les effets des traitements Ad_2 et Ad_3 vis-à-vis du comparateur à partir du temps t_2 , et que le traitement S_t n'a pas d'effet.

2.3.1 Application des critères spectraux sur la première étude

Dans les sections précédentes, nous avons mis en place des techniques permettant d'évaluer un critère M permettant de faire une combinaison linéaire de bandes spectrales. Dans cette section, nous estimons tout d'abord ce critère M avec les différentes méthodes proposées. Nous réalisons cette estimation sur la première étude clinique. Puis nous appliquons les critères obtenus sur la première étude clinique pour évaluer l'intérêt des méthodes. Enfin, nous appliquons les critères M estimés par la première étude clinique sur la seconde étude clinique de manière à les valider.

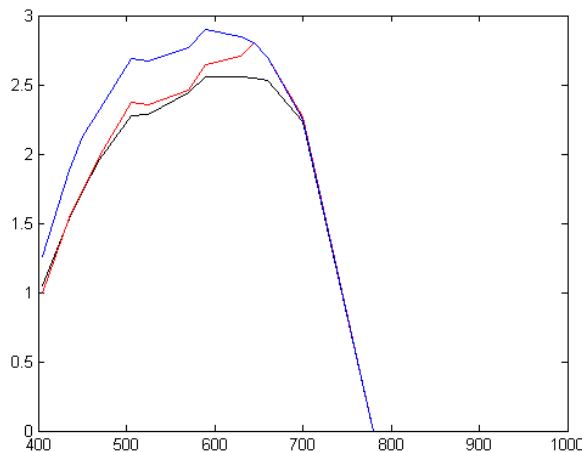


FIGURE 2.7 – Représentation des coefficients de la fonction f_2 pour les trois traitements de la première étude clinique. Courbe noire pour le traitement S_t , courbe rouge pour le traitement Ad_2 et courbe bleue pour le traitement Ad_3 . **Abscisse** : longueurs d’ondes en nanomètres, **ordonnée** : coefficients de la fonction f_2 pour chaque longueur d’onde.

2.3.1.1 Estimation de M par sélection de bandes

La première méthode d’analyse du spectre appliquée à la première étude est la sélection de bandes. Afin d’estimer M par cette méthode, nous proposons d’utiliser la fonction objective f_2 . Cette fonction est la plus appropriée à notre problème puisqu’elle permet d’intégrer à la fois l’écart entre zone saine et zone pathologique et l’écart entre les temps de mesure. Les fonctions f_2 calculées pour chacun des trois traitements de la première étude clinique sont tracées en figure 2.7. Les coefficients les plus forts apparaissent pour les bandes entre 600 et 700 nm. Si l’on observe un cube initiale (voir Annexe B), on remarque bien que les bandes autour de 600 nm sont celles qui montrent le plus de contraste entre la pathologie et la peau saine. Lors des expérimentations effectués, il s’est avéré que les bandes en proche infrarouge ont tendance à perturber la mesure. On ne considère donc pas ces bandes spectrales. Le domaine spectrale à l’étude se limite alors à 12 bandes spectrales. Si l’on ne considère que les coefficients m_b positifs pour définir M , on obtient deux critères M différents suivant le traitement étudié. Ainsi pour le traitement S_t et le traitement Ad_3 , c’est la bande à 590nm qui est déterminée comme optimale au sens du critère f_2 . Pour le traitement Ad_2 , c’est la bande à 645nm. Si l’on considère également des coefficients m_b négatifs on obtient alors la combinaison $b_{590} - b_{405}$ pour les traitements S_t et Ad_3 et la combinaison $b_{645} - b_{405}$ pour le traitement Ad_2 . Les différents critères M obtenus sont représentés en figure 2.6.

2.3.1.2 Estimation de M par ACI

La combinaison de bandes spectrales obtenue par ACI est montrée en figure 2.6. La combinaison à la particularité d’avoir des coefficients négatifs pour les bandes en proche infrarouge. Les bandes du spectre visible ont quant à elles des coefficients positifs dont les plus élevés se trouvent proche des bandes à 600nm qui correspondent au bandes précédemment identifiées comme celles de plus fort contraste entre la pathologie étudiée et la peau saine. Comme pour le cas de l’estimation de M par maximisation de f_2 , les expérimentations ont montré que les bandes infrarouges perturbe la mesure. Les coefficients des bandes infrarouges sont alors mis à zero pour obtenir la combinaison spectrale nommée “Moyenne ACI sans IR” dans la figure 2.6.

2.3.1.3 Application des critères spectraux sur la première étude

La table 2.1 résume l’ensemble des résultats obtenus par les tests de Wilcoxon sur la première étude clinique avec les différents critères M proposés. Les résultats détaillés de cette analyse statistique sont en Annexe E. Les p-valeurs significatives (c’est à dire < 0.05) sont grisées de manière à mettre en évidence les temps pour lesquels un changement significatif est détecté. Sur les résultats de la figure 2.1, on observe que tout les critères M donnent des résultats concordants avec l’analyse clinique. Tout d’abord, le critère de luminance (L^*) obtenu par intégration spectrale grâce aux coefficients Y illustrés en figure 2.6 permet d’obtenir les mêmes résultats qu’avec la luminance de référence calculée par spectro-colorimétrie. Ce critère L^* met en évidence les effets des traitements à partir du temps t_2 . Les critères b_{590} et “ACI sans IR” donnent les mêmes résultats statistiques que la luminance. Ces critères n’apportent donc pas en terme de précocité de la détection de l’effet d’un traitement. Enfin, les critères b_{645} , $b_{590} - b_{405}$ et $b_{645} - b_{405}$ permettent de détecter un changement dans la pathologie dès le temps t_1 . Ces critères permettent donc d’apporter une analyse nouvelle d’une étude clinique en détectant plus précocement une évolution de la pathologie. Les critères $b_{590} - b_{405}$ et $b_{645} - b_{405}$ donnent des résultats comparables. On préférera utiliser le critère $b_{590} - b_{405}$ car il est ressorti pour deux des trois traitements de la première étude clinique. .

Afin de mesurer l’impacte de la normalisation par rapport à la zone saine, on réalise de nouveau les tests statistique pour les critères L^* , $b_{590} - b_{405}$ et ACI sans IR mais avec la normalisation de l’équation (2.13) qui normalise uniquement par rapport au traitement comparateur par soustraction. Un résumé des résultats est présenté en figure 2.2 et les résultats complets sont en annexe E. Les résultats obtenus sont alors comparables à ceux obtenus précédemment avec la normalisation de l’équation (2.16).

2.3.2 Application des critères spectraux sur la seconde étude

Afin de s’assurer de la robustesse de la méthode de recherche de signatures spectrales proposée, nous appliquons les signatures spectrales obtenues pour la première

M	Traitement	$t_1 - t_0$	$t_2 - t_0$	$t_3 - t_0$
L^*	S_t	$7.959 \cdot 10^{-1}$	$5.014 \cdot 10^{-1}$	$7.173 \cdot 10^{-1}$
	A_{d2}	$3.793 \cdot 10^{-1}$	$1.128 \cdot 10^{-2}$	$8.793 \cdot 10^{-2}$
	A_{d3}	$9.798 \cdot 10^{-2}$	$3.204 \cdot 10^{-3}$	$5.312 \cdot 10^{-4}$
b_{590}	S_t	$9.9 \cdot 10^{-1}$	$4.379 \cdot 10^{-1}$	$5.694 \cdot 10^{-1}$
	A_{d2}	$3.010 \cdot 10^{-1}$	$4.373 \cdot 10^{-2}$	$8.793 \cdot 10^{-2}$
	A_{d3}	$7.873 \cdot 10^{-2}$	$2.282 \cdot 10^{-3}$	$5.312 \cdot 10^{-4}$
b_{645}	S_t	$3.793 \cdot 10^{-1}$	$7.563 \cdot 10^{-1}$	$6.791 \cdot 10^{-1}$
	A_{d2}	$2.343 \cdot 10^{-1}$	$2.618 \cdot 10^{-2}$	$4.373 \cdot 10^{-2}$
	A_{d3}	$4.373 \cdot 10^{-2}$	$3.783 \cdot 10^{-3}$	$9.350 \cdot 10^{-4}$
$b_{590} - b_{405}$	S_t	$1.476 \cdot 10^{-1}$	$1.089 \cdot 10^{-1}$	$7.563 \cdot 10^{-1}$
	A_{d2}	$5.571 \cdot 10^{-2}$	$3.400 \cdot 10^{-2}$	$4.373 \cdot 10^{-2}$
	A_{d3}	$8.360 \cdot 10^{-3}$	$3.204 \cdot 10^{-3}$	$9.350 \cdot 10^{-4}$
$b_{645} - b_{405}$	S_t	$9.176 \cdot 10^{-1}$	$9.176 \cdot 10^{-1}$	$5.349 \cdot 10^{-1}$
	A_{d2}	$1.128 \cdot 10^{-2}$	$1.737 \cdot 10^{-2}$	$7.169 \cdot 10^{-3}$
	A_{d3}	$1.306 \cdot 10^{-2}$	$2.707 \cdot 10^{-3}$	$1.918 \cdot 10^{-3}$
ACI sans IR	S_t	$5.694 \cdot 10^{-1}$	$8.767 \cdot 10^{-1}$	$9.587 \cdot 10^{-1}$
	A_{d2}	$4.080 \cdot 10^{-1}$	$2.289 \cdot 10^{-2}$	$8.793 \cdot 10^{-2}$
	A_{d3}	$7.873 \cdot 10^{-2}$	$5.233 \cdot 10^{-3}$	$9.350 \cdot 10^{-4}$

TABLE 2.1 – Ensemble des résultats des tests de Wilcoxon effectués sur la première étude clinique en fonction du critère M utilisé. Pour appliquer le critère M , c'est la normalisation de l'équation (2.16) (qui normalise par rapport à la zone saine et au traitement comparateur par soustraction) qui est utilisée.

M	Traitement	$t_1 - t_0$	$t_2 - t_0$	$t_3 - t_0$
L^*	S_t	$7.959 \cdot 10^{-1}$	$6.791 \cdot 10^{-1}$	$6.416 \cdot 10^{-1}$
	A_{d2}	$1.306 \cdot 10^{-2}$	$2.289 \cdot 10^{-2}$	$9.798 \cdot 10^{-2}$
	A_{d3}	$1.788 \cdot 10^{-1}$	$7.169 \cdot 10^{-3}$	$1.918 \cdot 10^{-3}$
$b_{590} - b_{405}$	S_t	$7.173 \cdot 10^{-1}$	$5.349 \cdot 10^{-1}$	$5.014 \cdot 10^{-1}$
	A_{d2}	$2.289 \cdot 10^{-2}$	$1.737 \cdot 10^{-2}$	$3.400 \cdot 10^{-2}$
	A_{d3}	$1.997 \cdot 10^{-2}$	$1.609 \cdot 10^{-3}$	$9.725 \cdot 10^{-3}$
ACI sans IR	S_t	$6.416 \cdot 10^{-1}$	$5.694 \cdot 10^{-1}$	$5.014 \cdot 10^{-1}$
	A_{d2}	$1.997 \cdot 10^{-2}$	$3.400 \cdot 10^{-2}$	$8.793 \cdot 10^{-2}$
	A_{d3}	$1.476 \cdot 10^{-1}$	$7.169 \cdot 10^{-3}$	$1.123 \cdot 10^{-3}$

TABLE 2.2 – Ensemble des résultats des tests de Wilcoxon effectués sur la première étude clinique en fonction du critère M utilisé. Pour appliquer le critère M , c'est la normalisation de l'équation (2.13) (qui normalise uniquement par rapport au traitement comparateur par soustraction) qui est utilisée.

étude sur la seconde étude dont nous disposons. Ainsi, pour le critère de sélection de bandes spectrales, nous avons choisi de garder le critère $b_{590} - b_{405}$. Pour la méthode par ACI, nous avons choisi d'utiliser la combinaison de bandes dont les coefficients des bandes infrarouges sont mis à zéro. La table 2.3 résumant les p-valeurs des tests de Wilcoxon réalisés sur la seconde étude clinique. On observe que les résultats obtenus sont contraires à l'analyse clinique. En effet les tests statistiques montrent un effet du traitement A et aucun effet du traitement T alors que l'analyse clinique stipule le contraire (voir section 1.6.2).

L'analyse des données obtenues en figure 2.3 a montré que cette erreur provient de la normalisation par rapport à la zone saine. En effet, la mesure de sévérité sur un patient est la différence entre zone saine et zone pathologique conformément à l'équation 2.16. Si la zone saine évolue pour une raison quelconque (exposition au soleil...), alors la normalisation par cette zone saine peut biaiser la mesure. Pour pallier ce problème, la normalisation par la zone saine est retirée. la normalisation pour un patient est alors celle de l'équation (2.13). L'hypothèse est alors faite que les images sont suffisamment calibrées entre les différents temps de mesure. Les tableaux de la figure 2.4 montrent les résultats des tests de Wilcoxon obtenus sur l'ensemble de l'étude avec la normalisation de l'équation (2.13). On observe que les p-valeurs obtenues sont maintenant conformes à l'analyse clinique. De plus, la comparaison des mesures spectrales effectuée pour la première étude est confirmée par ces résultats sur la seconde étude.

2.3.3 Conclusion

Les critères spectraux proposés que ce soit par ACI ou par recherche d'une bande optimale permettent de sélectionner des bandes spectrales dans des longueurs

Test	Traitement	$t_1 - t_0$	$t_2 - t_0$	$t_3 - t_0$
L	A	$8.966 \cdot 10^{-1}$	$2.054 \cdot 10^{-1}$	$2.508 \cdot 10^{-2}$
	T	$7.701 \cdot 10^{-1}$	$2.696 \cdot 10^{-1}$	$5.373 \cdot 10^{-1}$
$b_{590} - b_{405}$	A	$8.966 \cdot 10^{-1}$	$2.305 \cdot 10^{-2}$	$7.416 \cdot 10^{-2}$
	T	$4.355 \cdot 10^{-1}$	$9.777 \cdot 10^{-2}$	$1.831 \cdot 10^{-1}$
ICA sans IR	A	$9.741 \cdot 10^{-1}$	$2.229 \cdot 10^{-1}$	$1.489 \cdot 10^{-2}$
	T	$8.455 \cdot 10^{-1}$	$3.986 \cdot 10^{-1}$	$8.710 \cdot 10^{-1}$

TABLE 2.3 – Résultats des tests statistiques sur la seconde étude en utilisant les critères L^* , $b_{590} - b_{405}$ et ICA sans IR. Pour appliquer le critère M , c'est la normalisation de l'équation (2.16) (qui normalise par rapport à la zone saine et au traitement comparateur par soustraction) qui est utilisée.

Test	Traitement	$t_1 - t_0$	$t_2 - t_0$	$t_3 - t_0$
L	A	$8.455 \cdot 10^{-1}$	$7.210 \cdot 10^{-1}$	$1.270 \cdot 10^{-1}$
	T	$9.741 \cdot 10^{-1}$	$9.397 \cdot 10^{-3}$	$1.637 \cdot 10^{-3}$
$b_{590} - b_{405}$	A	$1.116 \cdot 10^{-1}$	$5.373 \cdot 10^{-1}$	$9.777 \cdot 10^{-2}$
	T	$4.750 \cdot 10^{-1}$	$3.859 \cdot 10^{-3}$	$9.337 \cdot 10^{-3}$
ICA sans IR	A	$7.210 \cdot 10^{-1}$	$5.589 \cdot 10^{-1}$	$1.627 \cdot 10^{-1}$
	T	$8.966 \cdot 10^{-1}$	$6.389 \cdot 10^{-3}$	$3.478 \cdot 10^{-3}$

TABLE 2.4 – Résultats des tests statistiques sur la seconde étude en utilisant les critères L^* , $b_{590} - b_{405}$ et ICA sans IR. Pour appliquer le critère M , c'est la normalisation de l'équation (2.13) (qui normalise uniquement par rapport au traitement comparateur par soustraction) qui est utilisée.

d'ondes optimum pour l'analyse de la pathologie et du traitement à l'étude. De plus, lors du calcul de ces signatures spectrales aucun modèle spécifique à une pathologie n'est ajouté. On peut donc penser que la méthodologie proposée est adaptable à d'autres types de pathologies que le mélasma. Du point de vue des résultats expérimentaux, seule la méthode de sélection de bandes optimales permet de rendre la détection des effets des traitements plus précoce.

2.4 Apport de l'imagerie multi-spectrale

Dans cette partie nous nous intéressons à comparer l'apport de l'imagerie multi-spectrale vis-à-vis de deux des technologies les plus utilisées en dermatologie. La première comparaison consiste à comparer la sensibilité des mesures spectrales du capteur multi-spectral avec un spectro-colorimètre. Pour cette comparaison nous utilisons les trois critères que sont L^* , $b_{590} - b_{405}$ et ACI sans infrarouge. Les deux derniers critères ne pouvant être estimés directement sur les données du spectro-colorimètre, nous utilisons les poids m_b des bandes spectrales estimés avec le capteur multi-spectral. La seconde comparaison est celle entre le capteur multi-spectral et l'imagerie couleur. Pour cette comparaison, seuls deux des critères sont utilisables : L et ACI sans infrarouge. Pour réaliser cette comparaison de technologies, nous nous concentrons sur la première étude. Étant donné que dans les expérimentations de la partie 2.3 nous avons écarté la normalisation par la zone saine, les résultats résumés dans la figure 2.5 donnent les résultats obtenus sans normalisation par la zone saine.

2.4.1 Comparaison entre multi-spectral et spectro-colorimètre

La mesure de luminance est une valeur de sortie d'un spectro-colorimètre. On peut donc directement comparer cette valeur avec celle obtenue par intégration spectrale sur les images multi-spectrales. La table 2.5 contient les résultats statistiques obtenus avec la mesure de luminance sur les données du spectro-colorimètre. On observe que les résultats obtenus par spectro-colorimétrie et par imagerie multi-spectrale aboutissent aux mêmes conclusions. On propose maintenant d'utiliser la combinaison de bandes spectrales $b_{590} - b_{405}$ estimée avec les données de l'imageur multi-spectral sur les données spectro-colorimétriques. Les résultats obtenus sont présentés en table 2.5. On observe que les résultats sont moins bons qu'avec l'imagerie multi-spectrale puisque les effets du traitement A_{d2} ne sont pas visibles avec ce test. La dernière comparaison vise à utiliser la combinaison de bandes spectrales obtenue par ACI sur les données multi-spectrales et à la transposer aux données spectro-colorimétriques. On intègre donc les mesures spectrales du spectro-colorimètre en accordant aux longueurs d'onde les poids obtenus par ACI. Le spectro-colorimètre ne contenant pas de mesure infrarouge, les coefficients infrarouges sont automatiquement nuls. Les résultats des tests statistiques effectués sont présentés en figure 2.5. Les résultats obtenus sont, pour ce critère spectral, comparables à ceux obtenus avec l'imagerie multi-spectrale. Les trois comparaisons effectuées entre imagerie multi-spectrale et spectro-colorimétrie tendent à montrer que ces deux technolo-

gies ont une précision spectrale équivalente. La seule différence est que l'imagerie multi-spectrale offre une information spatiale qui, vue comme une distribution, peut permettre d'estimer des combinaisons de bandes spectrales comme on l'a fait ici par ACI par exemple.

2.4.2 Comparaison entre imagerie multi-spectrale et couleur

La comparaison entre imagerie couleur et imagerie multi-spectrale du point de vue de la couleur peut se faire à partir de la mesure de luminance et de la mesure fondée sur l'ACI. La mesure de luminance est directe pour l'imagerie couleur. La transformation de l'espace RVB vers l'espace CIE L^*a^*b , décrite en Annexe A, est appliquée sur les images couleurs afin d'obtenir la composante L^* . Une mini-zone d'intérêt, sur laquelle une couleur moyenne est mesurée, est manuellement sélectionnée sur chacune des images couleur de la même manière que cela a été fait pour les images multi-spectrales (voir section 2.3). Les résultats des statistiques obtenues avec les images couleur sont résumés dans la figure 2.5. On observe que les effets du traitement A_{d3} sont détectés dès le temps t_1 , ce qui est plus précoce que ce que l'on obtient avec l'imagerie multi-spectrale. En ce qui concerne le traitement A_{d2} , aucun effet n'est détecté alors que l'analyse clinique indique un effet. Une ACI peut être utilisée sur l'imagerie couleur [Tsumura 1999] pour obtenir une représentation des composantes de la peau. Comme pour l'imagerie multi-spectrale, nous réalisons une ACI sur chacune des images couleur de l'étude et moyennons les combinaisons de bandes de chacune des images pour obtenir un critère spectral unique à l'ensemble de l'étude. Les résultats des tests statistiques réalisés avec ce critère sont résumés en figure 2.5. Comme pour la mesure de luminance, les effets du traitement A_{d3} sont mis en évidence plus précocement qu'avec l'imagerie multi-spectrale alors que les effets du traitement A_{d2} ne sont pas détectés. En conclusion des résultats expérimentaux obtenus avec l'imagerie couleur, on peut penser que cette technologie est moins robuste que l'imagerie multi-spectrale pour mesurer l'aspect couleur de la pathologie étudiée.

2.4.3 Conclusion

L'ensemble des tests effectués afin de comparer imagerie multi-spectrale, couleur et spectro-colorimétrie sur leurs capacités à discriminer la couleur de la pathologie étudiée, tendent à montrer que l'imagerie couleur est insuffisante car non robuste, alors que l'imagerie multi-spectrale et la spectro-colorimétrie sont équivalentes. Étant donné que l'imagerie multi-spectrale comporte une information spatiale supplémentaire que ne contient pas un spectro-colorimètre, nous pouvons dire que pour notre application, un imageur multi-spectral équivaut à un "spectro-colorimètre 2D".

M	Traitement	$t_1 - t_0$	$t_2 - t_0$	$t_3 - t_0$
L^* spectro-colorimétrie	S_t	$2.552 \cdot 10^{-1}$	$6.416 \cdot 10^{-1}$	$9.176 \cdot 10^{-1}$
	A_{d2}	$6.416 \cdot 10^{-1}$	$1.337 \cdot 10^{-1}$	$4.942 \cdot 10^{-2}$
	A_{d3}	$6.267 \cdot 10^{-2}$	$1.609 \cdot 10^{-3}$	$9.725 \cdot 10^{-3}$
$b_{590} - b_{405}$ spectro-colorimétrie	S_t	$1.476 \cdot 10^{-1}$	$4.691 \cdot 10^{-1}$	$4.379 \cdot 10^{-1}$
	A_{d2}	$5.694 \cdot 10^{-1}$	$1.961 \cdot 10^{-1}$	$8.793 \cdot 10^{-2}$
	A_{d3}	$1.089 \cdot 10^{-1}$	$4.455 \cdot 10^{-3}$	$1.508 \cdot 10^{-2}$
ACI sans IR spectro-colorimétrie	S_t	$7.959 \cdot 10^{-1}$	$9.587 \cdot 10^{-1}$	$8.793 \cdot 10^{-2}$
	A_{d2}	$5.014 \cdot 10^{-1}$	$1.788 \cdot 10^{-1}$	$3.400 \cdot 10^{-2}$
	A_{d3}	$2.289 \cdot 10^{-2}$	$1.609 \cdot 10^{-3}$	$4.455 \cdot 10^{-3}$
L^* imagerie couleur	S_t	$4.942 \cdot 10^{-2}$	$9.798 \cdot 10^{-2}$	$3.519 \cdot 10^{-1}$
	A_{d2}	$9.587 \cdot 10^{-1}$	$2.775 \cdot 10^{-1}$	$6.050 \cdot 10^{-1}$
	A_{d3}	$1.123 \cdot 10^{-3}$	$6.430 \cdot 10^{-4}$	$6.430 \cdot 10^{-4}$
ACI sans IR imagerie couleur	S_t	$6.267 \cdot 10^{-2}$	$2.775 \cdot 10^{-1}$	$5.349 \cdot 10^{-1}$
	A_{d2}	$8.361 \cdot 10^{-1}$	$4.379 \cdot 10^{-1}$	$3.793 \cdot 10^{-1}$
	A_{d3}	$2.707 \cdot 10^{-3}$	$1.123 \cdot 10^{-3}$	$9.350 \cdot 10^{-4}$
L^* imagerie multi-spectrale	S_t	$7.959 \cdot 10^{-1}$	$6.791 \cdot 10^{-1}$	$6.416 \cdot 10^{-1}$
	A_{d2}	$1.306 \cdot 10^{-2}$	$2.289 \cdot 10^{-2}$	$9.798 \cdot 10^{-2}$
	A_{d3}	$1.788 \cdot 10^{-1}$	$7.169 \cdot 10^{-3}$	$1.918 \cdot 10^{-3}$
$b_{590} - b_{405}$ imagerie multi-spectrale	S_t	$7.173 \cdot 10^{-1}$	$5.349 \cdot 10^{-1}$	$5.014 \cdot 10^{-1}$
	A_{d2}	$2.289 \cdot 10^{-2}$	$1.737 \cdot 10^{-2}$	$3.400 \cdot 10^{-2}$
	A_{d3}	$1.997 \cdot 10^{-2}$	$1.609 \cdot 10^{-3}$	$9.725 \cdot 10^{-3}$
ACI sans IR imagerie multi-spectrale	S_t	$6.416 \cdot 10^{-1}$	$5.694 \cdot 10^{-1}$	$5.014 \cdot 10^{-1}$
	A_{d2}	$1.997 \cdot 10^{-2}$	$3.400 \cdot 10^{-2}$	$8.793 \cdot 10^{-2}$
	A_{d3}	$1.476 \cdot 10^{-1}$	$7.169 \cdot 10^{-3}$	$1.123 \cdot 10^{-3}$

TABLE 2.5 – Ensemble des résultats des tests de Wilcoxon effectués sur la première étude clinique en fonction du critère M et de la technologie utilisée. Pour appliquer le critère M , c'est la normalisation de l'équation (2.13) (qui normalise uniquement par rapport au traitement comparateur par soustraction) qui est utilisée.

Critère spatial

Sommaire

3.1	Les méthodes de classification en multi et hyper-spectral	62
3.1.1	Les méthodes de réduction de dimension	64
3.1.2	Les méthodes de classification	64
3.2	Méthodologies sélectionnées	76
3.2.1	Réduction de dimension par poursuite de projection	76
3.2.2	Analyse en composantes indépendantes	82
3.2.3	Séparateurs à vaste marge	83
3.2.4	Compensation des effets de volume et d'éclairage	89
3.2.5	Résultats obtenus	94
3.3	Généralisation à une étude complète	98
3.3.1	Entraînement global	98
3.3.2	Outil de classification interactif	101
3.3.3	Résultats obtenus	102
3.4	Apport du multi-spectral	104
3.4.1	Comparaison avec des classifications sur des images (ou reconstructions) couleur	105
3.4.2	Comparaison des méthodes de réduction de dimension entre multi et hyper-spectral	107

Le but de ce chapitre est de proposer une méthode de classification afin d'isoler les zones d'intérêt dans l'image. Un algorithme de classification supervisé adapté à l'application est ainsi mis en place pour analyser les images des études cliniques au temps t_0 . Une telle classification donne indirectement le critère de surface recherché. En effet, la classification donne la surface de la pathologie à t_0 . Une mesure de surface dynamique est ensuite étudiée au chapitre 4 dans le cadre de la détection de changements spatiaux. Le chapitre est organisé de la façon suivante : la partie 3.1 fait un état de l'art des méthodes de classification en imagerie hyper-spectrale. La partie 3.2 détaille les algorithmes proposés ainsi que les modifications apportées afin de répondre à l'application visée. La partie 3.3 met en place un outil de classification interactive de manière à traiter le plus efficacement possible toutes les images d'une étude clinique à t_0 . Enfin, la partie 3.4 justifie l'intérêt de l'imagerie multi-spectrale comparativement à l'imagerie couleur et à l'imagerie hyper-spectrale.

3.1 Les méthodes de classification en multi et hyper-spectral

La classification en imagerie multi et hyper-spectrale s'inscrit dans le cadre de la classification dans des espaces de grande dimension. Un tel espace est soumis à un phénomène souvent désigné par fléau de la dimension ou malédiction de la dimension. Ce terme a été introduit par Richard Bellman [Bellman 1961]. Prenons l'exemple d'une image multi-spectrale d'environ 1000×1000 pixels et ayant 18 bandes spectrales. Chacune des bandes est quantifiée sur 256 niveaux de gris. Pour une image à une seule bande, il est possible de dresser un histogramme à partir des 1000×1000 soit 10^6 pixels. En revanche si l'on rajoute n dimensions, l'espace des valeurs possibles passe de 256 à 256^n . Dans l'exemple de l'image à 18 bandes spectrales, il y a 10^6 pixels ou réalisations dans un espace de $256^{18} = 2.2 \cdot 10^{43}$ réalisations possibles. Le problème de classification se fait alors dans un espace quasiment vide. L'analyse de données dans un espace de grande dimension, dans un espace creux, conduit au phénomène décrit par Hughes dans [Hughes 1968]. L'augmentation de la dimension s'accompagne d'un accroissement du nombre de paramètres du modèle utilisé pour l'analyse des données. Cela induit inévitablement une baisse de précision de l'estimation de ces paramètres entraînant une dégradation de la qualité de la segmentation. En effet, dans [Hughes 1968], l'auteur montre que lorsque l'on ajoute des dimensions, la qualité de l'analyse s'accroît dans un premier temps grâce à l'information supplémentaire introduite, mais au-delà d'une certaine dimension, dépendant du problème, la qualité de l'analyse s'amoindrit en raison de la perte de précision due à la faible quantité de données vis-à-vis de la taille de l'espace. Pour pallier ce problème, une majorité des méthodes de classification en imagerie spectrale est composée de deux étapes. Tout d'abord une étape de réduction de dimension permet de projeter l'information utile des données dans un espace réduit où le phénomène de Hughes est amoindri. Puis, un algorithme de classification adapté à l'application permet de traiter l'image spectrale réduite. La figure 3.1 propose une classification des méthodes d'analyse d'images hyper-spectrales. Tout d'abord, l'étape de réduction de dimension, qui est facultative, est représentée par le premier encadré. Les méthodes de classifications sont rangées suivant leur caractéristique principale. On distingue ainsi les méthodes de classification fondées sur un critère spectral, les méthodes fondées sur un critère spatial et enfin les méthodes fondées sur une analyse conjointe de l'information spectrale et de l'information spatiale. Les frontières entre ces trois catégories étant floues, les appellations "spatiales étendues" et "spectrales étendues" permettent de regrouper les méthodes issues d'une extension de méthodes initialement fondées sur un critère spatial au cadre spectral et inversement. La suite de ce paragraphe présente les méthodes de classification répertoriées dans la figure 3.1. Puis, dans le paragraphe suivant, on détaille les algorithmes des méthodes sélectionnées pour répondre au problème de classification de l'hyper-pigmentation cutanée par imagerie spectrale.

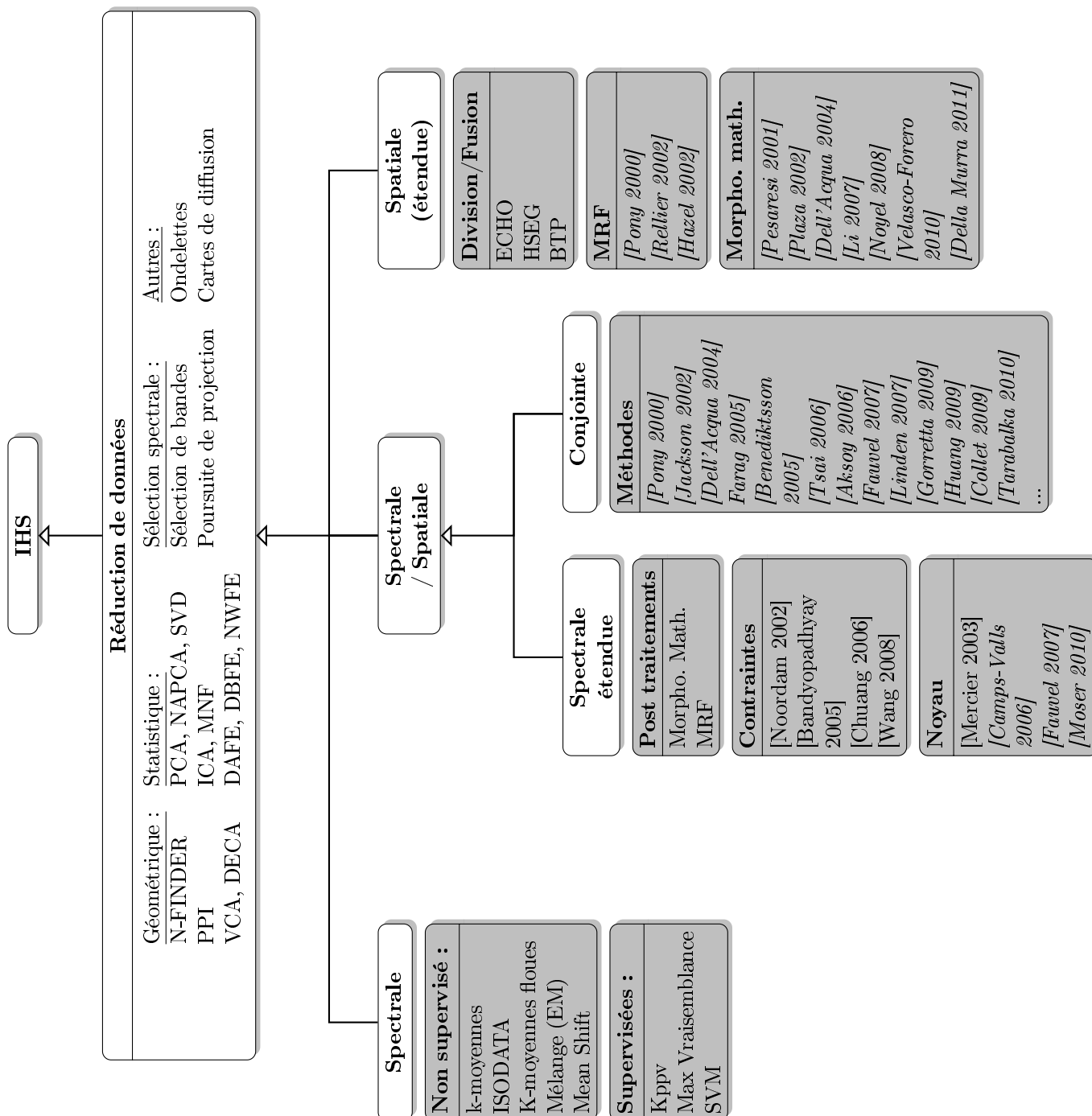


FIGURE 3.1 – Méthodes de classification en imagerie hyper-spectrale (IHS)

3.1.1 Les méthodes de réduction de dimension

Un état de l'art des méthodes de réduction de dimension est présenté au chapitre 2.

3.1.2 Les méthodes de classification

Cette partie fait un état de l'art des méthodes de classification, organisé suivant la figure 3.1. L'intérêt de cette partie est de décrire les méthodes les plus représentées dans la littérature du domaine de l'imagerie spectrale. La liste des méthodes présentées n'est donc volontairement pas exhaustive et vise à présenter pour chaque type de méthode l'algorithme le plus utilisé.

3.1.2.1 Les méthodes spectrales

Les algorithmes de classification ne tenant compte que de l'information spectrale peuvent être catégorisées en méthodes non supervisées et méthodes supervisées.

Les méthodes non supervisées :

L'algorithme des k-moyennes :

L'algorithme de classification le plus simple est l'algorithme des K-moyennes [Schowengerdt 1997, Jain 1999]. Il consiste à séparer les données en K classes. K est alors un paramètre fixé par l'opérateur. Le centroïde de chacune des classes est initialement fixé arbitrairement. Puis, une des K classes est assignée à chacun des pixels de l'image. Pour faire cette assignation, une distance est nécessaire. La distance euclidienne est souvent utilisée. Les centroïdes des classes sont alors actualisés comme étant le centre de gravité de chacune des K classes. Les procédures d'assignation des classes et d'actualisation des centroïdes sont itérées jusqu'à ce que les centroïdes soient stables. Cet algorithme possède deux inconvénients. Le premier est de devoir connaître a priori le nombre de classes. Le second est que le résultat dépend de l'initialisation. Pour estimer le nombre de classes K , différentes méthodes ont été proposées dans la littérature. Par exemple, une modification de l'algorithme des K-moyennes a été proposée dans [Palubinskas 1998]. Pour ce faire, l'entropie E est définie par :

$$E = - \sum_{i=1}^K p_i \log(p_i) \quad \text{où} \quad p_i = \frac{\text{Card}(C_i)}{N} \quad (3.1)$$

tel que p_i représente la probabilité d'un pixel de l'image de taille N d'appartenir à la classe C_i . Le terme global à minimiser devient alors :

$$U = \alpha \sum_{i=1}^K \sum_{\vec{x}_j \in C_i} \|\vec{x}_j - \vec{\mu}_i\|^2 - (1 - \alpha) \sum_{i=1}^K p_i \log(p_i) \quad (3.2)$$

où le premier terme $\sum_{i=1}^K \sum_{\vec{x}_j \text{ in } C_i} \|\vec{x}_j - \vec{\mu}_i\|^2$ représente le terme global à minimiser dans le cas des K-moyennes standard avec la distance Euclidienne. $\vec{\mu}_i$ est le centroïde i et \vec{x}_j le j^{eme} pixel de l'image. $\alpha \in [0, 1]$ est un terme de pondération afin de régler le compromis entre les deux termes. L'algorithme des K-moyennes modifié est alors le suivant. On initialise avec un nombre de classes K grand, et un choix arbitraire des K centroïdes des classes. A chaque itération, chaque pixel est associé à la classe qui présente la distance $d(\vec{x} - \vec{\mu}_i) = \alpha \|\vec{x} - \vec{\mu}_i\|^2 - (1 - \alpha) N \log(p_i)$ la plus faible. Les classes n'ayant pas de pixels attribués sont supprimées, et les centroïdes des autres classes sont mis à jour. Cette procédure est alors itérée jusqu'à la convergence des centroïdes des classes. Le terme α peut être augmenté au fil des itérations car le nombre de classes optimal est atteint lors des premières itérations [Lorette 1999].

L'algorithme ISODATA :

Tout comme l'algorithme des K-moyennes, l'algorithme ISODATA introduit dans [Ball 1965] vise à minimiser l'erreur quadratique globale de classification :

$$e^2 = \sum_{c=1}^C \sum_{j=1}^N \|\vec{x}_j - \vec{\mu}_c\|^2 \quad (3.3)$$

où C est le nombre de classes. La procédure, itérative, nécessite comme paramètre d'entrée un seuil fixant la distance inter-classe maximum. La procédure de classification est alors la suivante :

- Les centroïdes des classes sont placés aléatoirement et les pixels sont affectés à une classe sur la base de la distance la plus courte au centroïde.
- L'écart-type au sein de chaque classe, et la distance entre les centres des classes sont calculés.
 - Une classe est divisée si sa variance est supérieure au seuil définie par l'utilisateur.
 - Deux classes sont fusionnées si la distance entre elles est inférieure au seuil défini par l'utilisateur.
- Une seconde itération est exécutée avec les nouveaux centres de classes.
- On itère le processus tant que :
 - la distance moyenne entre les centres des classes est inférieure au seuil défini par l'utilisateur.
 - Les centroïdes des classes sont stables entre les itérations, ou le nombre maximal d'itérations est atteint.

L'algorithme des K-moyennes floues :

L'approche des K-moyennes floues [Bezdek 1981, Lorette 1999] est une approche qui permet de réaliser une classification en associant à chaque pixel un coefficient d'appartenance à chacune des classes. Pour une image contenant N pixels à partitionner en K classes, le but de l'algorithme des K-moyennes floues est d'estimer la matrice U dont le coefficient u_{ik} représente le degré d'appartenance du pixel i à la classe k , et la matrice V des centroïdes des classes. Pour ce faire, la fonction objectif J est

définie par :

$$J = \sum_{i=1}^N \sum_{k=1}^K u_{ik}^m d^2(\vec{x}_i, \vec{v}_k) \quad (3.4)$$

où la distance d est définie par :

$$d^2(\vec{x}_i, \vec{v}_k) = (\vec{x}_i - \vec{v}_k) A (\vec{x}_i - \vec{v}_k)^T \quad (3.5)$$

A étant une matrice symétrique définie positive. Les contraintes imposées lors de la minimisation de la fonction objectif sont :

$$u_{ik} \in [0, 1], \sum_{k=1}^K u_{ik} = 1, \forall i, \quad 0 < \sum_{i=1}^N u_{ik} < N \quad \forall k \quad (3.6)$$

m étant un paramètre qui permet de régler le degré de flou. Il est souvent réglé à 2. Afin de réaliser l'optimisation de J , une solution est d'utiliser une procédure itérative mettant à jour u_{ik} et \vec{v}_k par :

$$u_{ik} = \frac{1}{\sum_{j=1}^K \left(\frac{d_{i,k}}{d_{j,k}} \right)^{\frac{2}{m-1}}} \quad (3.7)$$

$$\vec{v}_k = \frac{\sum_{i=1}^N u_{i,k}^m \vec{x}_i}{\sum_{i=1}^N u_{i,k}^m} \quad (3.8)$$

L'analyse de mélange :

L'algorithme d'analyse de mélange propose de classer les données grâce à un modèle statistique. Un algorithme de type EM (Expectation Maximisation) [Dempster 1977] permet alors d'estimer les paramètres du modèle et de réaliser la classification. Dans le cas d'un modèle gaussien, chaque pixel de l'image peut être modélisé par la probabilité suivante :

$$p(x) = \sum_{c=1}^C w_c \Phi_c(x; \mu_c, \Sigma_c) \quad (3.9)$$

où $w_c \in [0, 1]$ est le coefficient de proportion de la classe c dans le pixel x , tel que $\sum_{c=1}^C w_c = 1$. $\Phi(\mu, \Sigma)$ est la densité de probabilité d'une distribution gaussienne multivariée de moyenne μ et de matrice de covariance Σ . Ainsi :

$$\Phi_c(x; \mu_c, \Sigma_c) = \frac{1}{(2\pi)^{N_b}/2} \frac{1}{|\Sigma_c|^{1/2}} \exp\left(-\frac{1}{2}(x - \mu_c)^T \Sigma_c^{-1} (x - \mu_c)\right) \quad (3.10)$$

Une procédure de type EM [Celeux 1992] décrite dans l'algorithme 1 permet d'obtenir les paramètres $\Psi(C) = \{C, w_c, \mu_c, \Sigma_c; c = 1, \dots, C\}$.

Mean Shift :

L'algorithme de "mean shift" [Comaniciu 2002] permet d'obtenir une segmentation d'une image par filtrages successifs de chaque pixel dans un voisinage donné. Ainsi, pour une distance donnée l'algorithme du "mean shift" peut être résumé de la manière suivante :

Algorithme 1 Classification par analyse de mélange

– Fixer C_{max} le nombre maximum de classes souhaité– **Initialisation :**– Choisir arbitrairement C pixels pour définir les centres des classes.

– Assigner tous les autres pixels de l'image à une classe en choisissant la plus proche suivant la distance euclidienne.

– **Pour chaque itération $i > 0$:**– estimer les paramètres pour chacune des classes c :

$$\mu_c^i = \frac{1}{m_c^{i-1}} \sum_{j=1}^{m_c^{i-1}} x_{j,c}^{i-1}$$

$$\Sigma_c^i = \frac{1}{m_c^{i-1}} \sum_{j=1}^{m_c^{i-1}} (x_{j,c}^{i-1} - \mu_c^i)(x_{j,c}^{i-1} - \mu_c^i)^T$$

$$w_c^i = \frac{m_c^{i-1}}{n}$$

– Assigner chacun des pixels à une classe en fonction de la probabilité a posteriori :

$$\forall i \in [1, N], Pr(c|x_j) = \underset{l \in [1, C]}{\operatorname{argmax}} Pr(l|x_j)$$

avec

$$Pr(l|x_j) = \frac{w_l^i \Phi_l(x_j; \mu_l^i, \Sigma_l^i)}{\sum_{c=1}^C w_c^i \Phi_c(x_j; \mu_c^i, \Sigma_c^i)}$$

– Éliminer les classes qui ont moins de pixels que la dimension de l'image (i.e N_b)– Si le critère de convergence (stabilité des classes) n'est pas atteint, refaire une itération $i = i + 1$.

- 1. Fixer une fenêtre autour de chaque pixel dans l'espace des couleurs.
- 2. Calculer la moyenne des pixels dans cette fenêtre.
- 3. Décaler la fenêtre vers la moyenne et répéter jusqu'à convergence.

L'avantage de l'algorithme de "mean Shift" sur l'algorithme des k-moyennes est de ne pas faire l'hypothèse de modes sphériques.

Les méthodes supervisées :

La classification supervisée est fondée sur un ensemble de pixels dont la classe d'appartenance est connue. Cet ensemble est alors appelé "ensemble d'apprentissage" ou "base d'apprentissage". En fonction de l'analyse de cet ensemble d'apprentissage, une règle de décision est édictée afin de pouvoir classer tous les pixels de l'image. Dans ce paragraphe, nous décrivons succinctement les méthodes les plus utilisées en classification supervisée ne prenant en compte que l'information spectrale des pixels.

K plus proches voisins :

L'algorithme des K plus proches voisins affecte un pixels à la classe la plus représentée parmi les K plus proches pixels de la base d'apprentissage [Schowengerdt 1997]. Cet algorithme nécessite une distance pour évaluer les plus proches voisins et le paramètre K . Généralement, c'est la distance euclidienne qui est utilisée. Le réglage du paramètre K permet de jouer sur l'homogénéité de la classification. Ainsi, pour K petit, la classification sera bruitée, alors que pour K très grand, la classification ne comportera que les classes les plus représentées dans l'ensemble d'apprentissage. Le temps de calcul de cet algorithme est proportionnel au nombre de pixels constituant la base d'apprentissage. Pour améliorer les performances des K plus proches voisins, des stratégies ont été proposées afin de "nettoyer" et "condenser" la base d'apprentissage pour ne garder que les pixels les plus pertinents [Cornuéjols 2009].

Maximum de vraisemblance :

La classification par maximum de vraisemblance [Mather 2004] est une méthode statistique qui à partir de l'analyse statistique de la base d'apprentissage définit des probabilités d'appartenance à chaque classe. Un nouveau pixel se voit alors associé à la classe pour laquelle la probabilité d'appartenance est la plus forte. Pour mettre en oeuvre cette méthode, il faut faire une hypothèse sur le type de distribution des classes. Dans le cas d'une distribution gaussienne, pour chaque nouveau pixel \vec{x} , on cherche à maximiser la probabilité d'appartenance à la classe c_i :

$$\operatorname{argmax}_{c_i} P(\vec{x}|c_i) = \operatorname{argmax}_{c_i} \frac{1}{\sqrt{2\pi^m |Q_i|}} \exp\left(-\frac{1}{2}(\vec{x} - \vec{\mu}_i)^T \Sigma_i^{-1} (\vec{x} - \vec{\mu}_i)\right) \quad (3.11)$$

où $\vec{\mu}_i$ et Σ_i sont respectivement la moyenne et la matrice de covariance de la classe c_i .

Les séparateurs à vastes marges :

La classification par séparateur à vaste marge (SVM) est sans doute

la méthode la plus populaire pour la classification supervisée. En imagerie spectrale, les SVMs ont notamment été utilisés en télédétection [Zammit 2008, Tarabalka 2009, Camps-Valls 2005, Plaza 2009]. En imagerie médicale, les SVMs ont permis de donner de bonnes classifications sur différents types de données [El-Naqa 2002, Padilla 2012, Rojo-Álvarez 2006]. Ils ont été également utilisés pour analyser les tumeurs de la peau [Tenenhaus 2006]. La classification par SVM, introduite dans [Vapnik 1998], est une méthode qui consiste à séparer un nuage de points en deux classes. Pour ce faire, on recherche un hyperplan qui sépare l'espace du nuage de points en deux. Les points se trouvant d'un côté de l'hyperplan sont associés à une classe et ceux se trouvant de l'autre côté sont associés à l'autre classe. L'algorithme de SVM se décompose donc en deux étapes :

- La première étape, l'apprentissage, consiste à déterminer l'équation de l'hyperplan séparateur.
- La seconde étape est l'association de chaque pixel de l'image à une classe suivant sa position par rapport à l'hyperplan calculé lors de la première étape.

La condition pour une bonne classification est donc de trouver l'hyperplan optimal, de manière à séparer au mieux les deux nuages de points. Pour ce faire, on cherche à optimiser la marge entre l'hyperplan séparateur et les points des deux nuages de points d'apprentissage. Lorsque la frontière entre les deux classes n'est pas linéaire, l'introduction d'un noyau permet de projeter les données initiales dans un espace de dimension supérieure où la frontière est linéaire. La classification par SVM est détaillée dans la partie 3.2.3.

3.1.2.2 Les méthodes spatiales étendues

Les méthodes d'analyse d'images hyper-spectrales classées ici dans les méthodes spatiales étendues concernent les algorithmes de classification courants en images scalaire ou couleur qui sont généralisés aux images spectrales. Les principaux types de méthodes sont alors la classification par champs de Markov, les algorithmes de division et fusion de régions, et enfin la morphologie mathématique.

Champs de Markov

Le principe des champs de Markov est de prendre des décisions localement à partir de données disponibles dans toute l'image. Les notations utilisées en analyse d'image par champ de Markov sont les suivantes [Coquerez 1995] : on considère une image bidimensionnelle de taille $m * n = N$ contenant un ensemble de sites notés $S = s_i \quad \forall i \in [1, N]$. A chaque site, un descripteur est associé. Dans le cadre d'images spectrales ce descripteur est un vecteur contenant le spectre. On note E l'espace des descripteurs. L'image est alors modélisée comme une réalisation d'un champ aléatoire. Ainsi, une variable aléatoire X_s prenant ses valeurs dans E est associée à chaque site s . On note V_s le voisinage de s . Un système de voisinage est

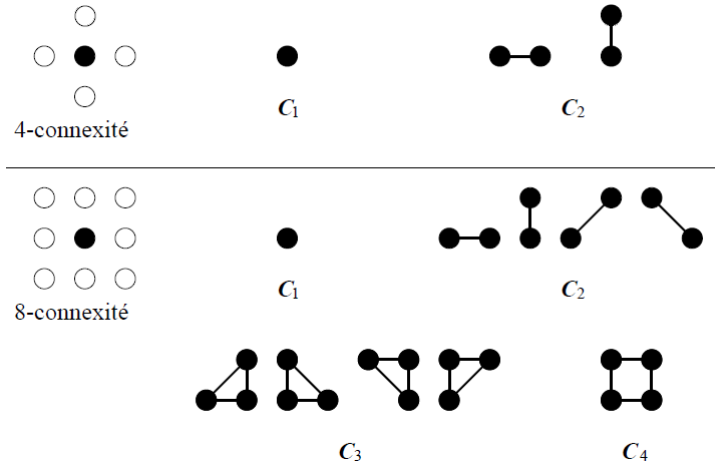


FIGURE 3.2 – Ensemble des cliques pour un voisinage 4-connexte et un voisinage 8-connexte

défini par :

$$\forall s, t \quad V_s = \{t\} \text{ tels que } \begin{cases} s \notin V_s \\ t \in V_s \Rightarrow s \in V_t \end{cases} \quad (3.12)$$

Deux types de voisinages couramment utilisés sont alors le voisinage 4-connexte et le voisinage 8-connexte. Un champ de Markov X est un champ aléatoire vérifiant :

$$P(X_s = x_s | X_t = x_t, t \in S) = P(X_s = x_s | x_t, t \in V_s). \quad (3.13)$$

Ainsi, la probabilité en un site s conditionnellement au reste du champ est égale à la probabilité au site s connaissant uniquement ses voisins. Si on introduit la condition de positivité $P(X = x) > 0, \forall x$, le théorème de Hammersley-Clifford permet d'assimiler le champ de Markov à une distribution de Gibbs [Coquerez 1995] :

$$P(X = x) = \frac{1}{Z} \exp[-U(x)] = \frac{1}{Z} \exp[-\sum_{c \in C} V_c(x)] \quad (3.14)$$

où Z est une constante permettant de normaliser la distribution $P(X)$. $U(x)$ est appelée fonction d'énergie et C l'ensemble des cliques associées au voisinage V . une clique est soit un singleton de s , soit un ensemble de sites tous voisins les uns des autres. Les ensembles des cliques associés au voisinage 4-connexte et 8-connexte sont représentés en figure 3.2. Pour une configuration donnée, $U(x)$ peut s'exprimer pour des cliques d'ordre 1 sous la forme $U(x) = \sum_{c=i \in C} U_c(x_i)$, et pour des cliques d'ordre 2 sous la forme $U(x) = \sum_{c=(i,j) \in C} U_c(x_i, x_j)$. C'est la définition de U_c qui détermine le comportement probabiliste adapté à l'application visée. Les modèles les plus connus pour la classification sont les modèles de Potts et d'Ising.

Pour le traitement d'images spectrales, les champs de Markov ont été utilisés dans [Pony 2000] pour régulariser une classification obtenue par maximisation de vraisemblance en télédétection. Toujours en télédétection, Rellier et al. [Rellier 2004]

utilisent un voisinage en 3 dimensions (2 dimensions spatiales et une dimension spectrale) pour réaliser une classification de zones urbaines texturées. De tels champs sont alors appelés champs markoviens multivariés et ont été introduits par Hazel et al. dans [Hazel 2000]. Un tel champ nécessite que le nombre de bandes spectrales ne soit pas trop élevé afin de pouvoir estimer les paramètres. Une méthode de réduction de dimension est alors nécessaire. Dans [Rellier 2002] une poursuite de projection permet de diminuer le nombre de bandes spectrales avec un indice adapté à la méthode de classification.

Division et fusion de régions

Les méthodes de segmentation par division et fusion de région utilisent des phases de division et de regroupement de pixels connexes grâce à des mesures de similarité. Ces méthodes sont aussi appelées méthodes hiérarchiques et peuvent faire intervenir un arbre. Une des premières approches proposée pour l'imagerie spectrale est l'algorithme ECHO [Kettig 1977, Landgrebe 1980] signifiant "Extraction and Classification of Homogeneous Objects". Cet algorithme supervisé divise l'image par une grille rectangulaire en petites régions. Puis, une procédure itérative teste la similarité entre régions voisines. Si le test de similarité est positif, ces régions sont fusionnées pour former une nouvelle région qui sera évaluée à l'itération suivante. Si le test est négatif, la région est classée par maximum de vraisemblance. Cette procédure a été étendue au cas non supervisé dans [Jimenez 2005]. L'approche ECHO a également été reprise dans [Zhang 2010]. L'algorithme consiste alors à créer une carte de segmentation qui est ensuite utilisée pour réaliser une classification des objets de l'image. Un autre algorithme proche de ECHO a été proposé dans [Jong 2001]. Cette méthode est nommée "the Spatial and Spectral Classification method" (SSC). L'algorithme se consiste en trois étapes : 1- extraction de régions homogènes grâce à une mesure de similarité entre chaque pixel et ses voisins dans un voisinage 4-connexe, 2- classification de chacune des régions homogènes par une méthode supervisée, 3- classification des régions hétérogènes en introduisant une distance spatiale. Cette distance introduit alors une information des pixels classés dans le voisinage de la région. Un autre algorithme hiérarchique fortement utilisé en imagerie spectrale, proposé dans [Tilton 1998], est fondé sur "Optimal Hierarchical step-Wise Segmentation" (HSWO) [Beaulieu 1989]. Cet algorithme est nommé "Hierarchical segmentation" (HSEG). Il se déroule en trois étapes :

- Affecter un label à chaque pixel de l'image (soit par une étape de pré-segmentation, soit un label unique pour chaque pixel)
- Calculer un critère de dissimilarité entre les paires de régions adjacentes et fusion des régions qui présentent une dissimilarité inférieure à un seuil donné.
- Arrêter l'algorithme s'il n'y a plus de fusions possibles, sinon retourner à l'étape précédente.

Pour la seconde étape, la "Spectral Information Divergence" (SID), le "Spectral Angle Mapper" (SAM) ou la "Normalised Vector Distance" (NVD) peuvent être utilisés. Algorithmiquement, l'approche a été améliorée dans [Tilton 2005] et nommé "Recursive Hierarchical Segmentation" (RHSEG) en introduisant une

approximation par un algorithme récursif qui vise à diminuer le coût de calcul. Dans [Valero 2010], les auteurs proposent de représenter une image hyperspectrale sous forme d'un arbre binaire. L'arbre est construit par fusion de régions. Ainsi les régions initiales sont les feuilles de l'arbre et sont des pixels individuels. Les régions sont ensuite fusionnées suivant un critère d'homogénéité jusqu'à l'obtention d'une unique région contenant toute l'image. L'arbre contient alors toutes les régions possibles dans l'image. L'algorithme utilisé pour faire la fusion est alors primordial quant à la pertinence de l'arbre. Les auteurs proposent un algorithme fondé sur un modèle de région et un critère de fusion. Une fois l'arbre construit, un élagage peut être réalisé afin d'obtenir une classification de l'image.

Morphologie mathématique

Les opérateurs de morphologie mathématique sont très populaires en traitement d'image afin de réaliser du filtrage, du lissage ou de la segmentation. Différents travaux ont été menés pour généraliser ces outils à l'imagerie spectrale. Cependant, un ensemble d'opérateurs morphologiques spectraux n'est pas défini mathématiquement. Ainsi différents types d'opérateurs assimilés aux opérateurs morphologiques ont été proposés. La morphologie mathématique repose essentiellement sur deux opérateurs fondamentaux que sont l'érosion et la dilatation. Pour des images scalaires, ces opérateurs sont définis comme suit : si l'on considère une image scalaire f définie sur Z^2 et un élément structurant noté B tel que $B \subset Z^2$ alors l'opérateur d'érosion est défini par [Serra 1982] :

$$(f \oplus B)(x, y) = \wedge_{(s,t) \in Z^2(B)} f(x + s, y + t), \text{ avec } (x, y) \in Z^2 \quad (3.15)$$

où $Z^2(B)$ désigne les pixels appartenant au voisinage défini par B , et \wedge l'opérateur minimum. L'opérateur de dilatation est défini par :

$$(f \ominus B)(x, y) = \vee_{(s,t) \in Z^2(B)} f(x - s, y - t), \text{ avec } (x, y) \in Z^2 \quad (3.16)$$

où \vee est l'opérateur maximum. Une érosion a pour effet de diminuer les zones claires par rapport aux zones sombres alors que la dilatation a pour effet d'élargir les zones claires par rapport aux zones sombres. Les opérateurs définis ci-dessus sont fondés sur des mesures de maximum et de minimum. Dans le cas de données multidimensionnelles, comme l'imagerie hyper-spectrale, une relation d'ordre entre les pixels n'est pas immédiate. L'analyse des bandes spectrales individuellement n'est pas envisageable. En effet, cela ferait apparaître des spectres inexistant dans l'image initiale comme cela a été montré dans le cas des images couleur [Kotropoulos 1994]. Une des premières propositions pour étendre les opérateurs de dilatation et d'érosion aux images hyperspectrales [Plaza 2002b] introduit deux approches. La première, la "D-order" consiste à déterminer une relation d'ordre entre les pixels en calculant une distance cumulative $D_B[f(x, y)]$ entre un pixel $f(x, y)$ et l'ensemble de ses voisins définis par l'élément structurant B :

$$D_B[f(x, y)] = \sum_s \sum_t Dist[f(x, y), f(s, t)], \forall (s, t) \in Z^2(B) \quad (3.17)$$

avec $Dist$ une distance entre deux vecteurs. Le maximum et le minimum de $D_B[f(x, y)]$ est alors utilisé pour calculer les opérateurs morphologiques. La seconde, “R-order”, propose d’utiliser une distance de similarité entre chaque pixel dans le voisinage défini par l’élément structurant et le centroïde (spectre moyen) de ces pixels. Une relation d’ordre découle de ces calculs de distance. Le “spectral angle mapper” peut alors être utilisé comme mesure de similarité. D’autres types de mesures ont également été proposées dans [Plaza 2002c]. Il a été montré dans [Velasco-Forero 2010] que les opérateurs définis ci-dessus ne peuvent être considérés comme des filtres morphologiques car ils ne respectent pas toutes les conditions mathématiques. Les auteurs proposent alors une alternative avec une approche supervisée de “h-ordering” où h est construit avec un noyau défini positif. Dans [Velasco-Forero 2011], les mêmes auteurs étudient différentes fonctions h par cette méthodologie et aboutissent à la définition spectrale d’opérateurs tels que le “top-hat”. Toujours en morphologie mathématique, des auteurs se sont intéressés aux profils morphologiques dans le cadre des images hyper-spectrales. Les profils morphologiques sont une succession d’ouvertures et de fermetures morphologiques. Pour un élément structurant donné, l’effet de ces opérateurs est lié à la taille ou la forme des objets présents dans l’image. Ainsi, les objets plus petits que l’élément structurant sont supprimés, alors que ceux qui sont plus grands sont conservés. Ces filtres morphologiques possèdent l’avantage de ne pas altérer les contours principaux de l’image. Ainsi, dans [Pesaresi 2001, Dell’Acqua 2004] les auteurs utilisent les profils morphologiques pour caractériser les objets de l’image avant de les classer. Une réduction de dimension par ACP est alors utilisée en pré-traitement afin de pouvoir construire les profils morphologiques classiques. Pour utiliser d’avantage de bandes spectrales, les profils morphologiques étendus ont alors été introduits dans [Benediktsson 2005]. Les profils morphologiques présentent l’inconvénient de ne représenter qu’une partie de l’information d’une image. En effet ils sont fondés sur des mesures de minimum et de maximum. Pour pallier ce problème, les filtres d’attributs morphologiques ont été introduits. Puis, à partir de ces filtres, une extension aux données vectorielles a été proposée : les filtres d’attributs morphologiques étendus [Della Murra 2011]. Ces filtres consistent à appliquer les profils morphologiques sur des attributs tels que la forme, la texture ou l’homogénéité.

Pour terminer sur les méthodes fondées sur les filtres morphologiques, on peut citer la segmentation par ligne de partage des eaux. Cette approche a été initialement proposée dans [Beucher 1979]. La segmentation par ligne de partage des eaux modélise l’image comme un relief topographique. La carte de segmentation où chaque région correspond à un bassin versant est estimée par un procédé de montée des eaux. Une proposition d’extension aux images spectrales a alors été réalisé dans [Li 2007] en utilisant les opérateurs de dilatation et d’érosion introduits dans [Plaza 2002b]. La ligne de partage des eaux est souvent appliquée sur le gradient de l’image pour que les lignes de partage des eaux correspondent aux gradients de l’image. L’extension de cet algorithme de segmentation consiste alors à estimer une image de gradient sur une image hyper-spectrale. Parmi les travaux les plus récents, on peut citer [Noyel 2008]. Partant du constat que l’image spectrale contient

une forte redondance, l'auteur propose une méthode de réduction de dimension par analyse factorielle des correspondances et une approche dite "modèle". Des gradients, comme par exemple le gradient morphologique, peuvent alors être calculés sur l'image réduite pour ensuite réaliser la segmentation par ligne de partage des eaux. D'autres méthodes ont été proposées pour estimer une image de gradient à partir d'images spectrales. Dans [Tarabalka 2010] les auteurs proposent de calculer un gradient morphologique multidimensionnel scalaire fondé sur le gradient morphologique couleur proposé dans [Evans 2006]. Pour éviter une sur-segmentation, l'image gradient est filtrée grâce à des filtres d'aires ou des filtres morphologiques.

3.1.2.3 Les méthodes spectrales / spatiales

Les méthodes de classification spectrales / spatiales regroupent deux types de méthodes : les méthodes qui visent à étendre les classifications spectrales en introduisant une contrainte spatiale et les méthodes qui réalisent une classification en associant information spectrale et spatiale conjointement.

Classification spectrale étendue

Les méthodes spectrales étendues peuvent être de trois types : l'ajout d'un post-traitement, l'ajout de contraintes dans l'algorithme et l'utilisation de noyaux. La méthode la plus directe afin d'ajouter une contrainte spatiale dans une classification spectrale est de réaliser un post-traitement qui lisse la carte de classification obtenue. Ce post-traitement peut alors être réalisé par des opérations morphologiques ou par un champ de Markov [Zammit 2008]. L'ajout de contraintes spatiales dans le modèle est une technique qui est spécifique à chaque algorithme. Prenons l'exemple de l'algorithme des k-moyennes floues. Dans la littérature de nombreuses méthodes visent à le modifier pour introduire une contrainte spatiale ou spectrale [Pedrycz 1996, Noordam 2002, Bandyopadhyay 2005, Chuang 2006, Wang 2008]. Une modification de la fonction objectif des k-moyennes floues modifiée peut être exprimée sous la forme :

$$J = \sum_{i=1}^N \sum_{k=1}^K u_{ik}^m d^2(\vec{x}_i, \vec{v}_k) + \alpha \sum_{i=1}^N \sum_{k=1}^K (u_{ik} - f_{ik} b_i)^m d^2(\vec{x}_i, \vec{v}_k) \quad (3.18)$$

où le premier terme est le terme standard de la classification par k-moyennes floues. La variable b_i est un booléen indiquant la connaissance ou non d'une information a priori pour le pixel i . f_{ik} représente l'information a priori pour le pixel i vis-à-vis de la classe k . Enfin, α est un coefficient de pondération de l'information a priori. La procédure d'optimisation est alors modifiée en conséquence. Dans [Noordam 2002] les auteurs estiment les fonctions f_{ik} à chaque itération en prenant en compte le voisinage spatial du pixel \vec{x}_i courant.

La technique la plus répandue pour ajouter une contrainte spatiale dans un classifieur spectral tel que le SVM est d'utiliser un noyau composite. Classiquement, un noyau composite est constitué de deux termes. Le premier terme contient une

contrainte spectrale alors que le second terme impose une contrainte spatiale :

$$K(\vec{x}_1, \vec{x}_2) = \alpha K_1(\vec{x}_1, \vec{x}_2) + (1 - \alpha) K_2(\vec{x}_1, \vec{x}_2). \quad (3.19)$$

où K_1 représente le noyau spectral, K_2 le noyau spatial et $\alpha \in [0, 1]$ un coefficient de pondération modulant l'influence mutuelle des deux noyaux. La plupart des auteurs choisissent un noyau gaussien pour K_2 et un noyau polynomial ou gaussien pour K_1 . Pour calculer la valeur du noyau spatial en un pixel donnée, une fenêtre carrée de taille fixée est alors utilisée [Mercier 2003, Camps-Valls 2006]. Ce type d'approches utilisant une fenêtre de forme arbitraire a tendance à ajouter des artefacts à la carte de classification. Ainsi, si une fenêtre se trouve sur un gradient de l'image, cela fait apparaître une erreur de classification. Pour pallier ce problème, dans [Fauvel 2007] l'auteur propose d'utiliser des filtres morphologiques pour déterminer les voisinages dans lesquelles le noyau spatial est calculé. Ces filtres définissent des régions homogènes permettant ainsi d'éviter les régions à cheval sur un gradient. Il a été montré dans [Moser 2010] que l'algorithme SVM utilisant un noyau combinant information spectrale et spatiale s'apparente alors à une classification par champs de Markov. Une autre famille de noyaux intégrant l'information spatiale est celle des noyaux dépendant du contexte ("Context-Dependent Kernel" en anglais). Dans [Sahbi 2008] les auteurs utilisent ces noyaux dans un SVM, sur des images couleur, pour réaliser de la reconnaissance d'objets. Ainsi, un noyau est estimé pour chaque zone de l'image en minimisant une énergie qui combine 1- un terme d'attache au données, 2- un terme spatial qui, par un critère géométrique, décrit la distribution spatiale de l'objet et 3- un terme de régularisation. Les auteurs montrent qu'un tel noyau répond aux conditions de Mercer [Sahbi 2008].

Classification spectrale / spatiale conjointe

La classification spectrale / spatiale conjointe a suscité un fort intérêt cette dernière décennie. Les approches alors proposées s'apparentent à des stratégies de classification combinant des algorithmes privilégiant l'information spectrale avec des algorithmes privilégiant l'information spatiale. Les algorithmes utilisés sont alors ceux présentés dans les parties précédentes (division/fusion, MRF, SVM...). Ces approches conjointes sont très nombreuses [Pony 2000, Jackson 2002, Tsai F. 2006, Collet 2009, Aksoy 2006, Farag 2005, Huang 2009, Fauvel 2007, Linden 2007, Dell'Acqua 2004, Benediktsson 2005]. Des exemples récents dont la méthode de classification reste relativement générale sont :

- Dans [Goretta 2009] l'auteur propose une stratégie itérative alternant analyse spectrale et analyse spatiale sous forme de division/fusion. Tout d'abord l'image est sur-segmentée en réalisant une division itérative de l'image. Pour réaliser cette division, une ACI permet d'obtenir l'information spectrale principale, puis chaque région est spatialement divisée en 2 suivant un critère d'homogénéité spatiale. Enfin, l'étape de fusion permet d'obtenir la classification finale par fusion des régions homogènes suivant un critère de variance. Un critère d'arrêt de la fusion peut, par exemple, être le nombre de classes souhaitées.

- Dans [Tarabalka 2009], les auteurs proposent de réaliser une classification spectrale/spatiale d’images satellitaires en associant un algorithme de segmentation avec un classifieur par SVM. Ainsi, une première étape de segmentation est réalisée par un algorithme d’analyse de mélange de gaussiennes multivariées associé à une analyse en composantes connexes. Parallèlement, une classification spectrale par SVM est réalisée. Enfin, les deux classifications obtenues sont fusionnées par une procédure de vote majoritaire. Une étape de post-traitement peut être ajoutée pour régulariser la classification.

3.2 Méthodologies sélectionnées

Afin de traiter le problème de la classification d’images spectrales d’hyper-pigmentation cutanée, le schéma réduction de dimension et SVM a été privilégié. En effet, la pathologie étudiée ne présente pas de structure ou texture particulière, et la répartition spatiale de la pathologie est différente d’un patient à l’autre. Parmi les méthodes présentées dans l’état de l’art de la partie 3.1, la SVM semble être le classifieur le plus adapté au problème posé. Pour réaliser la réduction de dimension, deux approches sont comparées. La poursuite de projection permet d’associer des bandes spectrales consécutives et crée un espace respectant la physique du spectre. L’ACI permet quant à elle de recombinaison l’ensemble des données de l’image de manière à rendre chacune des nouvelles bandes indépendante des autres au sens statistique. La partie 3.2 est organisée de la façon suivante : la partie 3.2.1 présente la poursuite de projection et son adaptation aux images d’hyper-pigmentation cutanée. La partie 3.2.2 présente l’ACI, et la partie 3.2.3 présente le classifieur SVM. Les images étudiées étant des images d’hémi-visage, une étape de compensation des effets d’ombre induits par les volumes du visage est étudiée dans la partie 3.2.4. Enfin, les résultats obtenus sont présentés dans la partie 3.2.5.

3.2.1 Réduction de dimension par poursuite de projection

La poursuite de projection, initialement proposée dans [Friedman 1974], est une méthode itérative qui permet de trouver une base optimale de projection, au sens d’un certain indice de projection, à partir d’un partitionnement des données. Pour des images hyper-spectrales, cela consiste, à partir d’un découpage du spectre en groupes de bandes spectrales, à trouver pour chaque groupe un vecteur qui soit à la fois le plus représentatif du groupe de manière à y projeter les données, et suffisamment éloigné des vecteurs des autres groupes (voir figure 3.3). Ainsi, il sera possible de représenter chaque groupe sur un unique vecteur, tout en assurant la séparabilité des groupes entre eux. Le calcul des vecteurs de projection est réalisé en maximisant un indice I de distance entre les groupes de bandes. C’est le choix de cet indice I qui conditionne la qualité de la projection, et donc la qualité de la classification qui en résulte. L’algorithme de poursuite de projection, dans le cas d’images spectrales, se déroule en trois étapes :

- Le choix de l'indice I qui est primordiale de manière à conserver, et projeter au mieux, l'information recherchée dans l'image.
- Le partitionnement du spectre permet de fixer les frontières des groupes $Z = [Z_0, \dots, Z_K]$. Un partitionnement adéquat permet d'améliorer la performance de la classification sous-jacente ainsi qu'une analyse des résultats par rapport à la physique du spectre.
- La recherche des vecteurs de projection consiste à rechercher l'ensemble des vecteurs $v = [v_1, \dots, v_K]$ tel que v_k représente le vecteur de projection du k^{eme} groupe.

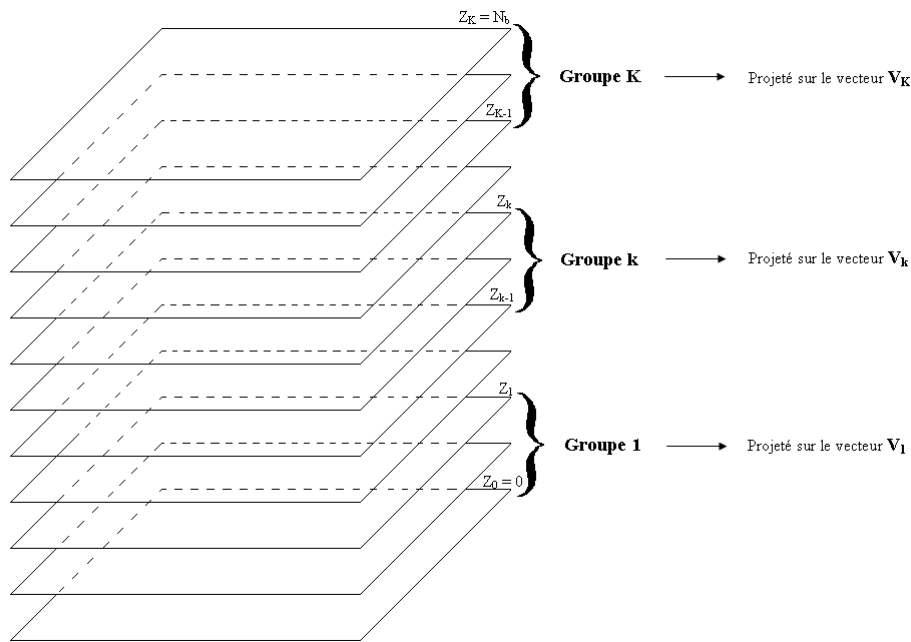


FIGURE 3.3 – Illustration du principe de la poursuite de projection. L'image hyperspectrale est découpée en K groupes. L'indice des images aux bornes de chaque groupe est noté Z_k . Puis, chaque groupe est projeté sur un unique vecteur V_k

3.2.1.1 Recherche des vecteurs de projection

Dans cette partie, on suppose connu un partitionnement du spectre $Z = [Z_0, \dots, Z_K]$. La manière de découper l'espace est présentée au paragraphe suivant. Un indice de projection I est également supposé choisi. La problématique est alors de déterminer les vecteurs $[v_1, \dots, v_K]$ optimaux afin de projeter les bandes spectrales dans les K groupes. Il n'existe pas d'algorithme de résolution exact pour la poursuite de projection. Cependant, des algorithmes approchés permettent à la fois l'obtention de bons résultats et des temps de calcul raisonnables. L'algorithme de poursuite de projection a été adapté aux images spectrales dans [Jimenez 1999]. La figure 3.4 illustre le calcul itératif des vecteurs de projection. Initialement, un

ensemble de vecteurs de projection $[v_1^0, \dots, v_K^0]$ est choisi. Puis, à chaque itération i , chacun des vecteur $[v_1^i, \dots, v_K^i]$ est mis à jour séquentiellement de sorte à optimiser la distance entre chacun des K groupes sur les données projetées. Ainsi, v_1^{i+1} est obtenu par optimisation vis-à-vis des $[v_2^i, \dots, v_K^i]$ et ainsi de suite. L'algorithme de poursuite de projection peut se résumer par l'algorithme 2 :

Algorithme 2 Pseudo-algorithme de poursuite de projection

- a) Initialisation arbitraire des vecteurs de projection V_k^0
 - b) Calcul du vecteur V_1^1 qui maximise un indice de projection I en maintenant les autres vecteurs constants. Ainsi V_1^1 est calculé en maximisant sa distance aux autres vecteurs V_k^0 au sens de I .
 - c) Faire de même pour les $K - 1$ autres vecteurs. Il en résulte donc un ensemble de vecteurs V_k^1 avec $0 < k < K$.
 - d) Répéter le processus décrit précédemment, jusqu'à ce que les nouveaux vecteurs calculés n'évoluent plus au-delà d'un seuil préalablement fixé.
-

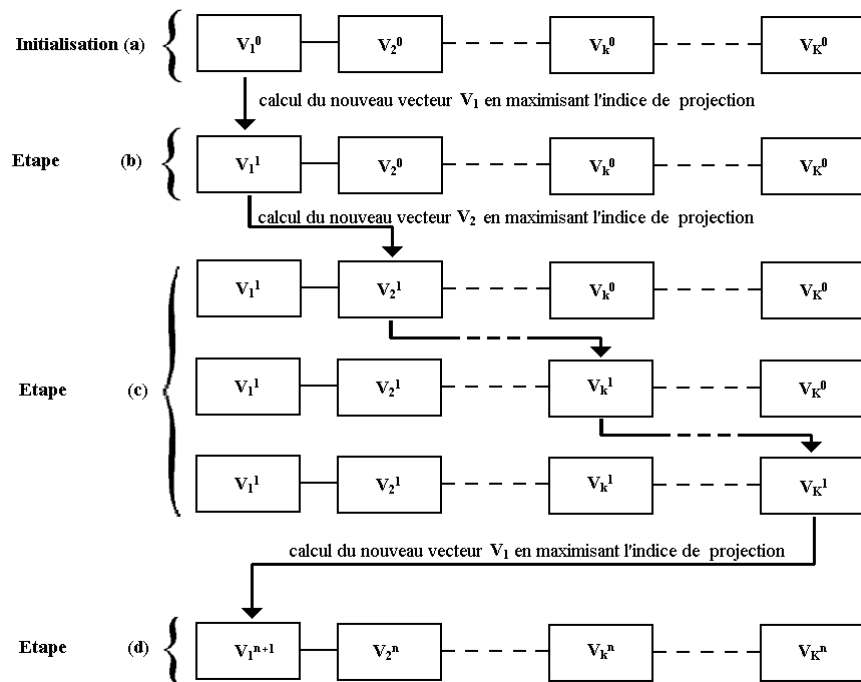


FIGURE 3.4 – Illustration des étapes successives de l'algorithme de poursuite de projection.

3.2.1.2 Choix de l'indice I

Dans l'algorithme de poursuite de projection décrit dans [Mallat 1993, Jimenez 1999], on maximise les indices de projection qui mesurent la distance entre les bandes du cube réduit, deux à deux. Étant donné que l'on cherche à faire une classification suite à la réduction de données, on ne va pas calculer I entre les groupes de bandes, mais entre les classes d'apprentissage de manière à optimiser la projection vis-à-vis de la classification future [Jimenez 1999, Rellier 2002]. Dans les équations ci-dessous, on désigne par 1 et 2, deux classes entre lesquelles on calcule la distance. On présente, dans ce paragraphe un certain nombre de distances qui ont été testées afin de sélectionner la distance la plus appropriée pour le problème traité. Étant donné que l'on travaille sur des pixels d'apprentissage par classe et par bande, on peut faire l'approximation que chacune des distributions traitées ici est mono-modale et gaussienne. On utilisera donc les formes adaptées aux données gaussiennes des distances étudiées.

- Indice de Bhattacharyya pour des distributions normales [Basseville 1989, Rellier 2002] :

$$D_B = \frac{1}{8}(\mu_1 - \mu_2)^t \Sigma_{1,2}^{-1}(\mu_1 - \mu_2) + \frac{1}{2} \ln \left(\frac{|\Sigma_{1,2}|}{\sqrt{|\Sigma_1||\Sigma_2|}} \right) \quad (3.20)$$

Avec μ_1 et μ_2 les moyennes des deux distributions, Σ_1 et Σ_2 les matrices de covariance des deux distributions et $\Sigma_{1,2} = \frac{\Sigma_1 + \Sigma_2}{2}$; une distribution étant ici l'ensemble des pixels d'apprentissage pour une classe donnée.

- Indice de Kullback-Leibler pour des distributions normales [Basseville 1989, Rellier 2002] :

$$D_{KL} = \frac{1}{2}(\mu_1 - \mu_2)^t (\Sigma_1^{-1} + \Sigma_2^{-1}) (\mu_1 - \mu_2) + \text{tr} (\Sigma_1^{-1}\Sigma_2 + \Sigma_2^{-1}\Sigma_1 - 2Id) \quad (3.21)$$

Avec μ_1 et μ_2 les moyennes des deux distributions, Σ_1 et Σ_2 les matrices de covariance des deux distributions ; une distribution étant ici l'ensemble des pixels d'apprentissage pour une classe donnée. Id représente la matrice identité et tr l'opérateur trace.

- Indice de Mahalanobis pour des distributions normales [Basseville 1989] : L'indice de Mahalanobis correspond au premier terme de la distance de Bhattacharyya.

$$D_M = (\mu_1 - \mu_2)^t \Sigma_{1,2}^{-1}(\mu_1 - \mu_2) \quad (3.22)$$

- Indice induit par Kullback-Leibler pour des distributions normales [Basseville 1989] : Par analogie avec la distance de Mahalanobis qui correspond au premier terme de la distance de Bhattacharyya, on peut définir un indice correspondant au premier terme de l'indice de Kullback-Leibler.

$$D_{DKL} = (\mu_1 - \mu_2)^t (\Sigma_1^{-1} + \Sigma_2^{-1}) (\mu_1 - \mu_2) \quad (3.23)$$

- Indice relatif à l'histogramme : Cet indice, proposé par Gomez et al. dans [Gomez 2007], permet de réaliser la poursuite de projection, non pas sur les statistiques (variance, moyenne) entre les classes d'apprentissage, mais sur l'histogramme d'une image créée à partir des pixels d'apprentissage sur deux bandes dont on veut évaluer la distance. Ainsi, si l'on recherche n objets dans un cube de données, on va chercher à faire apparaître n gaussiennes dans l'histogramme. Gomez et al. proposent comme indice I_h , l'aire située entre les deux plus petits maxima de l'histogramme (cf. figure 3.5). De plus, pour forcer l'algorithme à ne considérer que les indices où l'histogramme contient n modes, dans le cas où il n'y en a pas n , I_h est mis à zéro. la mise en œuvre du calcul de I_h est détaillé dans l'algorithme 3. Lors des tests

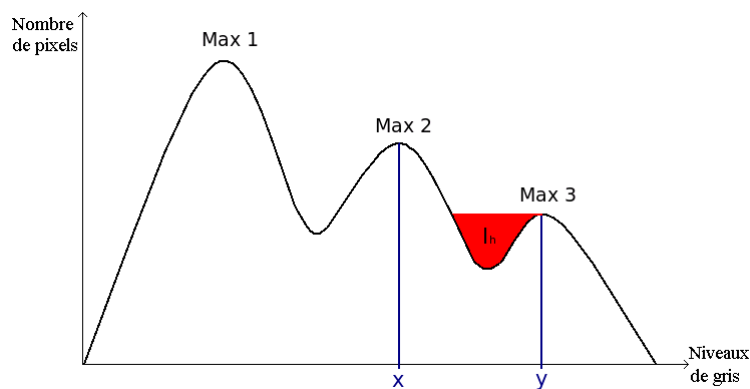


FIGURE 3.5 – Illustration du calcul de I_h (Indice de Gomez, relatif à l'histogramme).

Algorithme 3 Mise en œuvre du calcul de I_h :

On note n le nombre de classes présentes dans l'image.

- 1- Lisser l'histogramme pour éliminer les maxima insignifiants.
- 2- Rechercher des maxima locaux de l'histogramme. On note n_{max} le nombre de maxima trouvés.
- 3- Calcul de l'indice :

si $n_{max} = n$ **alors**

- rechercher le plus petit maximum local noté M_{min}
- $I_h = \sum_{i=x}^y \min(H(i), M_{min}) - M_{min} * |x - y|$ avec $H(i)$ valeur de l'histogramme au point I , et x et y positions des deux plus petits maxima.

sinon

- $I = 0$
-

effectués avec cet indice, il s'est révélé qu'il permet de détecter le mélasma, et donne parfois des résultats légèrement plus intéressants que les autres indices. Cependant, cet indice nécessite un paramètre de réglage qui est le nombre de classes recherchées. Ainsi, pour chaque image, il faut régler ce paramètre de manière à ce que, en

fonction du lissage de l'histogramme, il y ait autant de maxima dans l'histogramme que de classes recherchées. Sinon, la projection est nulle partout. Dans la suite de ce manuscrit, les résultats présentés sont calculés avec l'indice de Kullback-Leibler. En effet, les indices présentés ci-dessus ont été testés sur des images classées en trois catégories : en catégorie 1, des images ne présentant quasiment aucun effet d'ombre dû aux volumes, en catégorie 2, des images contenant des effets d'ombre ; dû aux volumes, mais pas de pathologie dans les zones avec des effets d'ombre, et en catégorie 3, des images contenant des zones pathologiques au sein de zones de relief. Des tests effectués, il est ressorti que l'indice de Kullback-Leibler donne le meilleur compromis, quant à la qualité du résultat, sur l'ensemble des trois catégories.

3.2.1.3 Partitionnement du spectre

Initialement, lorsque l'on utilise la poursuite de projection, le partitionnement des données est réalisé à pas constant. Ainsi, pour un cube hyper-spectral, on choisit la taille du sous-espace dans lequel on souhaite projeter les données spectrales puis, on découpe le cube de telle sorte qu'il y ait le même nombre de bandes dans chaque groupe. Cette technique présente l'inconvénient de réaliser un découpage arbitraire, qui ne suit donc pas les propriétés physiques du spectre. Dans [Rellier 2002], l'auteur propose un découpage à pas variable. Ainsi, on choisit toujours le nombre de groupes de bandes K , mais cette fois-ci, les bornes des groupes (notées z_k) sont choisies à pas variables de manière à minimiser la variance interne à chaque groupe :

$$\sigma_I^2(k) = \frac{1}{K} \sum_{k=0}^{K-1} I^2(z_k, z_{k+1}) - \left(\frac{1}{K} \sum_{k=0}^{K-1} I(z_k, z_{k+1}) \right)^2 \quad (3.24)$$

Ainsi un algorithme itératif, à partir d'un découpage à pas constant, minimise la fonction σ_I pour chacun des groupes. Cette méthode [Rellier 2002], permet de réaliser un partitionnement suivant les propriétés physiques du spectre, mais reste le choix du nombre de groupes, fixé par l'utilisateur.

Pour l'application à la peau, on souhaite s'affranchir du choix du nombre de groupe de bandes spectrales. On propose donc une technique de découpage automatique du spectre, grâce à une fonction F_I qui mesure la distance I entre bandes consécutives. Par analyse de cette fonction F_I , on va rechercher les discontinuités du spectre au sens de l'indice de projection I , et ainsi, choisir ces points de discontinuité comme frontières des différents groupes.

- **Définition de la fonction F_I** : La fonction F_I est une fonction discrète, qui, pour chaque indice k allant de 1 à $Nb - 1$, avec Nb le nombre de bandes du spectre, prend la valeur de la distance entre deux bandes consécutives. Les discontinuités du spectre vont donc apparaître comme étant les maxima locaux de cette fonction F_I .

$$\forall k \in [2, Nb], \quad F_I(k) = I(k - 1, k) \quad (3.25)$$

Le choix d'un indice I particulier permet d'obtenir un partitionnement adapté à l'information recherchée dans l'image. L'utilisation de la fonction F_I nécessite alors une heuristique l'analyser et ainsi déterminer un partitionnement $z = [z_1, z_K]$.

- **Découpage du spectre par analyse de la fonction F_I** : L'analyse de la fonction F_I consiste à rechercher ses maxima locaux qui sont interprétés comme des discontinuités dans le spectre. Le problème est alors de proposer une heuristique qui permet de sélectionner uniquement les maxima locaux significatifs. L'heuristique proposée ici se fait en deux étapes et s'apparente à une analyse multi-échelle :

- *Premier découpage* : Une première étape du découpage du spectre est de rechercher les maxima locaux significatifs, c'est-à-dire ceux supérieurs à un certain seuil T_1 . Ce premier découpage permet, ainsi, de créer un nouveau groupe à chaque discontinuité du spectre.
- *Second découpage* : Il est évident que l'analyse des maxima locaux est insuffisante pour faire un découpage du spectre à la fois fin et fiable. Par exemple, si les propriétés physiques du spectre évoluent lentement, la fonction F_I va avoir tendance à être inférieure au seuil du premier découpage sur un grand nombre de bandes consécutives. Des bandes contenant des propriétés physiques différentes risquent donc de se retrouver dans un même groupe. Le but de cette seconde étape est donc d'analyser les groupes issus du premier découpage. On va donc s'intéresser aux groupes contenant un nombre de bandes anormalement élevé de manière à : soit les découper en plusieurs groupes, soit les garder tels qu'ils sont. Un second seuil T_2 est alors introduit pour discriminer les maxima locaux des sous-groupes de bandes analysés. Ces groupes sont ceux dont le nombre de bandes est significativement supérieur au nombre moyen de bandes par groupe. Faire le choix de redécouper ou non un groupe a plusieurs intérêts. Le but initial est de récupérer de l'information non sélectionnée par le premier découpage, en ajoutant une dimension à l'espace de projection chaque fois que l'on scinde un groupe en deux. Cependant, on peut faire le choix de ne pas découper certains groupes en deux, de manière à ne pas privilégier de l'information d'une zone par rapport à une autre, et de ne pas avoir un découpage qui contient trop de groupes.

Pour faire cette analyse, il faut fixer deux seuils T_1 et T_2 . Étant donné la méthode d'analyse choisie, ces seuils sont clairement liés à la moyenne et à la variance de la fonction F_I . Afin de minimiser le nombre de paramètres de réglage, les valeurs proposées pour les seuils T_1 et T_2 sont :

$$T_1 = \mu_{F_I} + t\sigma_{F_I} \text{ et } T_2 = \mu_{F_I} - t\sigma_{F_I} \quad (3.26)$$

avec t typiquement choisi de l'ordre de $\frac{1}{2}$.

3.2.2 Analyse en composantes indépendantes

L'analyse en composantes indépendantes utilisée ici est la même que celle décrite au chapitre 2. L'ACI permet d'obtenir une source représentative de la mélanine.

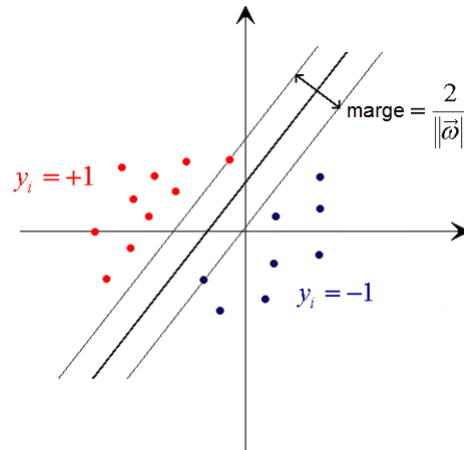


FIGURE 3.6 – Schéma de principe d'un séparateur à vaste marge

Cette source unique est alors utilisée pour réaliser la classification des zones pathologiques.

3.2.3 Séparateurs à vaste marge

Le but d'un **SVM** est de prédire la classe d'un pixel en fonction d'observations contenues dans la base d'apprentissage. La base d'apprentissage est notée $\{(\vec{x}_i, y_i)\}_{i \in \{1, N\}}$ où \vec{x}_i est un vecteur contenant les attributs décrivant le pixel i , $y_i = \pm 1$ est la classe du pixel i et N le nombre de pixels d'apprentissage. La classification d'un nouveau pixel \vec{x} est réalisée par une fonction f qui assigne la classe $+1$ si $f(\vec{x}) \geq 0$ et -1 si $f(\vec{x}) < 0$. Le séparateur correspond alors aux points x tels que $f(\vec{x}) = 0$.

3.2.3.1 Cas linéairement séparable

Les séparateurs à vaste marge ont été initialement décrits pour les problèmes de classification linéaire. L'hyperplan séparant les deux classes d'apprentissage est alors une droite (cf. figure 3.6). Cet hyperplan peut alors être représenté par l'équation $f(\vec{x}) = \vec{w} \cdot \vec{x} + b = 0$, où \vec{w} est un vecteur normal à l'hyperplan et b le biais. Un classifieur f classant correctement l'ensemble des pixels d'apprentissage vérifie la contrainte suivante :

$$\forall i \in [1, N], \begin{cases} \vec{w} \cdot \vec{x}_i + b \geq +1 & \text{if } y_i = +1 \\ \vec{w} \cdot \vec{x}_i + b \leq -1 & \text{if } y_i = -1 \end{cases} \quad (3.27)$$

Ainsi, le séparateur se trouve au centre de la marge située entre les deux classes. La valeur de cette marge est alors la distance entre $\vec{w} \cdot \vec{x}_i + b \geq +1$ et $\vec{w} \cdot \vec{x}_i + b \leq -1$ qui vaut $\frac{2}{\|\vec{w}\|}$. Une optimisation quadratique est utilisée pour estimer l'équation de

l'hyperplan. Ainsi, les paramètres optimaux $\vec{\omega}^*$ et b^* sont obtenus par :

$$\min_{(\vec{\omega}, b)} \frac{\|\vec{\omega}\|^2}{2} \text{ tels que : } \forall i \in [1, N], y_i(\vec{\omega} \cdot \vec{x}_i + b) \geq 1 \quad (3.28)$$

Le problème d'optimisation de l'hyperplan tel que présenté par l'équation (3.28) n'est pas implémentable en tant que tel. Le problème dual est obtenu en introduisant les multiplicateurs de Lagrange $\{\lambda_i\}_{i \in [1, N]}$ afin de passer d'un problème sous-contraint au problème dual :

$$L(\vec{\omega}, b, \vec{\lambda}) = \frac{\|\vec{\omega}\|^2}{2} - \sum_{i=1}^N \lambda_i [y_i(\vec{\omega} \cdot \vec{x}_i + b) - 1] \quad (3.29)$$

Le point d'inflexion du Lagrangien L est obtenu lorsque :

$$\frac{\partial L}{\partial \vec{\omega}} = 0 \Leftrightarrow \vec{\omega} - \sum_{i=1}^N \lambda_i y_i \vec{x}_i = 0 \quad (3.30)$$

et

$$\frac{\partial L}{\partial b} = 0 \Leftrightarrow - \sum_{i=1}^N \lambda_i y_i = 0. \quad (3.31)$$

En introduisant les équations (3.30) et (3.31) dans (3.29), on obtient le problème dual :

$$\max_{\lambda} W(\lambda) = -\frac{1}{2} \sum_{i=1}^{N_p} \lambda_i \lambda_j y_i y_j \vec{x}_i \cdot \vec{x}_j + \sum_{i=1}^{N_p} \lambda_i \quad (3.32)$$

tel que :

$$\sum_{i=1}^N \lambda_i y_i = 0, \forall i \in [1, N], \lambda_i \geq 0. \quad (3.33)$$

$\vec{\omega}^*$ est obtenu à partir de l'équation (3.30) et des multiplicateurs de Lagrange $\vec{\lambda}^*$ solutions au problème. Ainsi :

$$\vec{\omega}^* = \sum_{i=1}^N \lambda_i^* y_i \vec{x}_i \quad (3.34)$$

Enfin, b^* est obtenu pour les pixels d'apprentissage dont les contraintes sont nulles (3.28). Cela correspond aux conditions de Karusk-Kuhn-Tucker (KKT) [Zammit 2006] :

$$\lambda_i^* [y_i(\vec{\omega}^* \cdot \vec{x}_i + b^*) - 1] = 0 \quad (3.35)$$

Si $\lambda_i \neq 0$, alors $y_i(\vec{\omega} \cdot \vec{x}_i + b) = 1$. Le pixel d'apprentissage \vec{x}_i est situé à une distance de $\frac{1}{\|\vec{\omega}\|}$ de l'hyperplan séparateur. Un tel pixel est appelé vecteur support. Il peut alors être utilisé pour estimer b^* par $y_i(\vec{\omega}^* \cdot \vec{x}_i + b^*) = 1$. Lorsque $\lambda_i^* = 0$, cela correspond à un pixel d'apprentissage placé du bon coté du séparateur. L'équation (3.34) montre que seuls les vecteurs supports (i.e. les pixels tels que $\lambda_i \neq 0$) sont

pris en compte pour calculer l'hyperplan séparateur. La classification d'un nouveau pixel \vec{x} est alors effectué par la fonction de décision f :

$$f(\vec{x}) = \vec{\omega}^* \cdot \vec{x} + b^* = \sum_{i=1}^N \lambda_i^* y_i \vec{x}_i \cdot \vec{x} + b^*. \quad (3.36)$$

Encore une fois, on observe que seuls les vecteurs supports sont pris en compte pour calculer la classe d'appartenance d'un pixel. Les vecteurs non-supports ne jouent aucun rôle dans la base d'apprentissage.

3.2.3.2 Relaxation de la marge

La méthode de calcul des SVMs proposée au paragraphe 3.2.3.1 a l'inconvénient de ne pas tenir compte d'éventuelles erreurs dans la base d'apprentissage. En effet, le séparateur est calculé de façon à ce que tous les pixels d'apprentissages \vec{x}_i soient correctement classés conformément à y_i . Une telle approche risque de générer une fonction f trop restrictive qui classera mal les nouveaux pixels \vec{x} . Pour pallier ce problème, des variables "souples" $\{\xi_i\}_{i \in [1, N]}$ sont introduites. Ces variables permettent de quantifier l'erreur commise pour chaque pixel d'apprentissage \vec{x}_i . Ainsi, si \vec{x}_i est du bon côté du séparateur défini par f alors $\xi_i = 0$, sinon ξ_i représente la distance entre \vec{x}_i et le séparateur :

$$\xi_i = \begin{cases} 0 & \text{si } y_i(\vec{\omega}_i \cdot \vec{x}_i + b) \geq 1 \\ 1 - y_i(\vec{\omega}_i \cdot \vec{x}_i + b) & \text{si } y_i(\vec{\omega}_i \cdot \vec{x}_i + b) \leq 1 \end{cases} \quad (3.37)$$

Le problème de maximisation de l'équation (3.28) devient un problème d'optimisation conjoint afin de maximiser la marge et de minimiser l'erreur d'apprentissage :

$$\min_{(\vec{\omega}, b)} \frac{\|\vec{\omega}\|^2}{2} + C \sum_{i=1}^N \xi_i \quad (3.38)$$

tels que :

$$\forall i \in [1, N], y_i(\vec{\omega} \cdot \vec{x}_i + b) \geq 1 - \xi_i, \xi_i \geq 0 \quad (3.39)$$

C est un paramètre positif appelé paramètre de régularisation. Lorsque C tend vers l'infini, les erreurs d'apprentissage sont pénalisées alors que lorsque C tend vers 0 une marge large avec des erreurs d'apprentissage est autorisée. C'est ce paramètre C qui permet de régler le SVM pour obtenir un compromis entre largeur de la marge et erreur ou généralisation par rapport à la base d'apprentissage. Pour résoudre le problème d'optimisation de l'équation (3.38), deux types de multiplicateurs de Lagrange sont introduits : $\{\lambda_i\}_{i \in [1, N]}$ associés à la contrainte $y_i(\vec{\omega} \cdot \vec{x}_i + b) \geq 1 - \xi_i$ et $\{\mu_i\}_{i \in [1, N]}$ associés à la contrainte $\xi_i \geq 0$. Le Lagrangien s'écrit alors :

$$L(\vec{\omega}, b, \vec{\xi}, \vec{\lambda}, \vec{\mu}) = \frac{\|\vec{\omega}\|^2}{2} + C \sum_{i=1}^N \xi_i - \sum_{i=1}^N \lambda_i \cdot [y_i(\vec{\omega} \cdot \vec{x}_i + b) - 1 + \xi_i] - \sum_{i=1}^N \mu_i \cdot \xi_i \quad (3.40)$$

Le point d'inflexion du Lagrangien L est obtenu lorsque :

$$\frac{\partial L}{\partial \vec{\omega}} = 0 \Leftrightarrow \vec{\omega} - \sum_{i=1}^N \lambda_i y_i \vec{x}_i = 0 \quad (3.41)$$

$$\frac{\partial L}{\partial \vec{b}} = 0 \Leftrightarrow - \sum_{i=1}^N \lambda_i y_i = 0. \quad (3.42)$$

et

$$\frac{\partial L}{\partial \xi_i} = 0 \Leftrightarrow C - \lambda_i - \mu_i = 0. \quad (3.43)$$

En introduisant les équations (3.41), (3.42) et (3.43) dans (3.40), on obtient le problème dual :

$$\max_{\lambda} W(\lambda) = -\frac{1}{2} \sum_{i=1}^{N_p} \lambda_i \lambda_j y_i y_j \vec{x}_i \cdot \vec{x}_j + \sum_{i=1}^{N_p} \lambda_i \quad (3.44)$$

tel que :

$$\sum_{i=1}^N \lambda_i y_i = 0, \text{ et } \forall i \in [1, N], 0 \leq \lambda_i \leq C. \quad (3.45)$$

La minimisation est identique à celle du cas non relaxé avec la contrainte supplémentaire que λ doit être borné par C . $\vec{\omega}^*$ est calculé de façon identique au cas non relaxé par l'équation (3.34). Pour le calcul de b^* , les conditions de KKT sont :

$$\lambda_i^* [y_i (\vec{\omega}^* \cdot \vec{x}_i + b^*) - 1 + \xi_i^*] = 0, \quad C - \lambda_i - \mu_i = 0, \quad \lambda_i^* \cdot \xi_i^* = 0 \quad (3.46)$$

Trois cas sont alors possibles :

- si $\lambda_i^* = 0$, alors $\mu_i^* = C$, $\xi_i^* = 0$ et $y_i (\vec{\omega}^* \cdot \vec{x}_i + b^*) - 1 > 0$. Cela signifie que le pixel \vec{x}_i est placé du bon côté du séparateur vis-à-vis de y_i .
- si $0 < \lambda_i^* < C$, alors $0 < \mu_i^* < C$, $\xi_i^* = 0$ et $y_i (\vec{\omega}^* \cdot \vec{x}_i + b^*) - 1 = 0$. Cela signifie que le pixel \vec{x}_i est placé à une distance $\frac{1}{\|\vec{\omega}\|}$ de l'hyperplan séparateur. Il est donc vecteur support.
- si $\lambda_i^* = C$, alors $\mu_i^* = 0$, $\xi_i^* > 0$ et $y_i (\vec{\omega}^* \cdot \vec{x}_i + b^*) - 1 = 0$. Cela signifie que le pixel \vec{x}_i est placé à une distance inférieure à $\frac{1}{\|\vec{\omega}\|}$ de l'hyperplan séparateur. Il peut être soit du bon, soit du mauvais côté, du séparateur vis-à-vis de λ_i . Un tel pixel est un vecteur support qui intervient dans la définition de $\vec{\omega}^*$ dans l'équation (3.34).

Différentes implantations des SVMs ont été proposées. La grande majorité d'entre elles décompose le problème en sous-problèmes d'optimisation. Chacun de ces sous-problèmes correspond à un sous-ensemble de pixels d'apprentissage. En effet, si l'on cherche à résoudre le problème quadratique de l'équation (3.44), on doit manipuler une matrice dont le nombre d'éléments est égal au carré du nombre de pixels d'apprentissage. Une méthode fut introduite dans [Vapnik 1982]. Cette méthode nommée "chunking" utilise le fait que si l'on retire les pixels non supports, c'est-à-dire les pixels pour lesquels les multiplicateurs de Lagrange sont nuls, cela ne

modifie pas le problème d’optimisation quadratique. Ainsi l’algorithme “chunking” découpe le problème quadratique en sous-problèmes tels qu’à chaque itération, le sous-problème est constitué des pixels dont les multiplicateurs de Lagrange sont non nuls plus les M exemples les moins bons violant les conditions de KKT. M apparaît alors comme un paramètre de réglage. Chaque sous-problème est initialisé à partir de l’itération précédente. À la dernière itération, tous les pixels non supports ont été retirés et donc un seul problème quadratique est résolu avec l’ensemble des pixels supports. Cet algorithme, bien que réduisant la taille des sous-problèmes quadratiques, travaille sur des matrices toujours relativement grandes pouvant poser des problèmes de dépassement de mémoire. Dans [Osuna 1997], Osuna et al. ont démontré un théorème qui permet de décomposer le problème quadratique global en sous-problèmes quadratiques de la façon suivante. A chaque itération, tant qu’au moins un exemple ou pixel d’apprentissage ne respecte pas les conditions KKT, il est ajouté au sous-problème quadratique qui est alors résolu. Chaque itération permet ainsi, par ajout d’un exemple, de diminuer la fonction objectif globale vers un point de convergence satisfaisant les contraintes. Dans [Osuna 1997] les auteurs proposent alors d’utiliser une taille constante pour chaque sous-problème quadratique en ajoutant et enlevant le même nombre de pixels d’apprentissage à chaque itération. Les deux méthodes proposées ci-dessus nécessitent l’utilisation d’un algorithme de résolution de problème quadratique qui peut introduire des erreurs de calcul et nécessite de l’espace mémoire. l’algorithme “Sequential Minimal Optimisation (SMO)” [Platt 1999] propose d’utiliser le théorème d’Osuna et al. pour décomposer le problème quadratique global en sous-problèmes quadratiques contenant seulement deux pixels d’apprentissage. Dans ce cas, à chaque itération une résolution analytique est possible. L’algorithme SMO résout plus de problèmes quadratiques que l’algorithme proposé par Osuna et al., mais chacun de ces problèmes quadratique est très rapide à résoudre et sans problème de précision numérique. De manière à construire les sous-problèmes quadratiques, dans [Platt 1999] l’auteur propose une heuristique pour sélectionner les deux pixels d’apprentissage pour chaque itération. Il est à noter que des propositions d’optimisation de l’algorithme SMO ont été faites dans la littérature [Hernandez 2009, Peng 2009, Sentelle 2007, Zhou 2007]. Les classifications par SVM présentées dans ce manuscrit ont été obtenus avec l’algorithme SMO [Platt 1999].

3.2.3.3 Cas non linéairement séparable

La classification par un séparateur linéaire est un cas idéal. En pratique, un séparateur non linéaire est nécessaire pour bien classer un ensemble de données. Aussi, les SVMs ont-ils été généralisés. Le principe est de transformer l’espace vectoriel de départ de dimension d tel que \mathbf{E}^d en un nouvel espace \mathbf{F} dans lequel les données sont linéairement séparables. Une fonction Φ permet de faire cette transformation (voir figure 3.7) :

$$\begin{aligned} \Phi & : \mathbf{E}^d &\rightarrow & \mathbf{F} \\ & \vec{x} &\mapsto & \Phi(\vec{x}) \end{aligned}$$

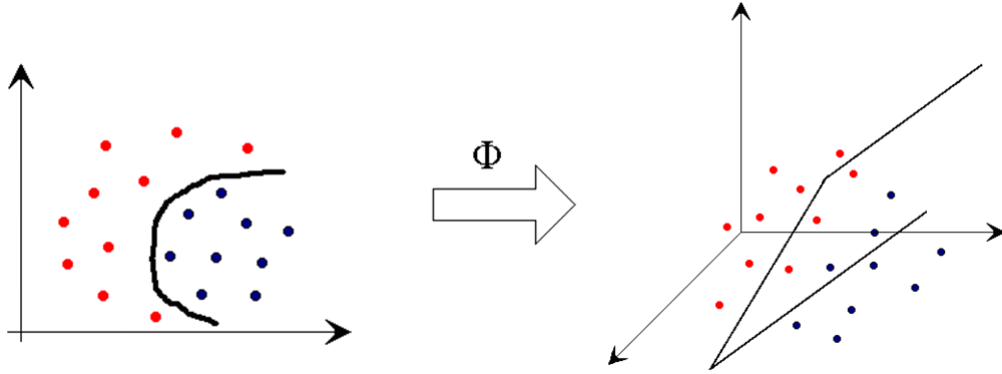


FIGURE 3.7 – Introduction d'une fonction Φ , qui plonge le nuage de point dans un espace de dimension supérieure, rendant ainsi les données linéairement séparables

Si l'on reprend l'équation à optimiser (3.44) en introduisant la fonction Φ , on obtient le problème d'optimisation suivant :

$$\max_{\lambda} W(\lambda) = -\frac{1}{2} \sum_{i=1}^{N_p} \lambda_i \lambda_j y_i y_j \Phi(\vec{x}_i) \cdot \Phi(\vec{x}_j) + \sum_{i=1}^{N_p} \lambda_i \quad (3.47)$$

tel que :

$$\sum_{i=1}^N \lambda_i y_i = 0, \text{ et } \forall i \in [1, N], 0 \leq \lambda_i \leq C. \quad (3.48)$$

La fonction de décision devient alors :

$$f(\vec{x}) = \sum_{i=1}^N \lambda_i^* y_i \Phi(\vec{x}_i) \cdot \Phi(\vec{x}) + b^*. \quad (3.49)$$

Dans les équations (3.47) et (3.49), on remarque qu'intervient le produit scalaire entre deux éléments de l'espace d'arrivé \mathbf{F} et non pas $\Phi(\vec{x})$ seul. La fonction Φ étant a priori très complexe à estimer, on évite de la calculer en introduisant un noyau K tel que :

$$K(\vec{x}_1, \vec{x}_2) = \Phi(\vec{x}_1) \cdot \Phi(\vec{x}_2). \quad (3.50)$$

Ainsi, si l'on introduit un noyau K qui est une fonction qui peut s'écrire sous forme d'un produit scalaire, alors on peut calculer un séparateur non linéaire entre deux classes d'apprentissage. Ce noyau est une mesure de similarité entre deux pixels. Il aura une valeur élevée si les deux pixels se ressemblent et une valeur d'autant plus faible que deux pixels diffèrent. Formellement, une fonction K est un noyau si elle satisfait le théorème de Mercer [Mercier 2003] qui est le suivant : une fonction symétrique K est un noyau si et seulement si, quelle que soit la famille de vecteurs $\vec{x}_{i \in [1, N]}$, $K(\vec{x}_i, \vec{x}_j)$ est une matrice définie positive. De nombreux noyaux ont été proposés. Les noyaux les plus classiques sont les noyaux linéaires, polynomiaux, "Radial Basis Function (RBF)" et gaussien [Zammit 2006]. Si l'on note \vec{x}_1 et \vec{x}_2 deux pixels, ces noyaux s'expriment sous la forme suivante :

- linéaire : $K(\vec{x}_1, \vec{x}_2) = \vec{x}_1 \cdot \vec{x}_2$
- polynomiale : $K(\vec{x}_1, \vec{x}_2) = (\vec{x}_1 \cdot \vec{x}_2 + 1)^q$. q est le degré du polynôme. Plus ce degré est élevé, plus l'hyperplan séparateur peut prendre une forme complexe dans l'espace initial.
- RBF : $K(\vec{x}_1, \vec{x}_2) = \exp\left(-\frac{\|\vec{x}_1 - \vec{x}_2\|}{\sigma}\right)$
- gaussien : $K(\vec{x}_1, \vec{x}_2) = \exp\left(-\frac{\|\vec{x}_1 - \vec{x}_2\|^2}{2\sigma^2}\right)$

Pour les noyaux RBF et gaussien, plus le paramètre σ est proche de zéro et plus l'hyperplan séparateur peut prendre une forme complexe dans l'espace initiale. Des noyaux plus spécifiques à l'imagerie spectrale ont été proposés comme par exemple le "Spectral Angle Mapper (SAM)" [Fauvel 2007]. Ce noyau s'écrit sous la forme suivante [Mercier 2003] :

$$K(\vec{x}_1, \vec{x}_2) = \exp\left(-\gamma \arccos\left(\frac{\vec{x}_1 \cdot \vec{x}_2}{\|\vec{x}_1\| \cdot \|\vec{x}_2\|}\right)\right) \quad (3.51)$$

Ce noyau permet de mesurer l'angle entre deux vecteurs en étant invariant par changement d'échelle et sans dépendre de l'erreur quadratique. Un tel noyau est donc, en théorie, robuste à des changements d'illumination par exemple. Enfin, une combinaison linéaire de noyaux respecte toujours les conditions de Mercer si chacun des noyaux de cette combinaison respecte les conditions de Mercer :

$$K(\vec{x}_1, \vec{x}_2) = \alpha K_1(\vec{x}_1, \vec{x}_2) + (1 - \alpha) K_2(\vec{x}_1, \vec{x}_2). \quad (3.52)$$

Ainsi, de nombreux noyaux ont été proposés pour répondre à des applications particulières. Comme il a été vu lors de l'état de l'art, en imagerie, la combinaison de noyaux est couramment utilisée pour combiner l'information spectrale et l'information spatiale de l'image [Gu 2007, Fauvel 2008, Tan 2010, Moser 2010]. Par exemple le noyau K_1 mesure l'écart de couleur entre \vec{x}_1 et \vec{x}_2 et le noyau K_2 mesure la dépendance spatiale entre \vec{x}_1 et \vec{x}_2 .

3.2.4 Compensation des effets de volume et d'éclairage

Sur chacune des images du cube hyper-spectral, on observe que le signal reçu est une combinaison de variations dues à l'absorption de la peau et de variations dues aux volumes du visage. Pour éviter de devoir faire un apprentissage trop exhaustif sur chaque image, une méthode pour extraire les variations dues aux volumes du visage et aux ombres induites est nécessaire. En effet, si l'on n'effectue aucune compensation, la classification sera correcte sur les zones planes, mais de mauvaises classifications apparaîtront dans les zones d'ombre et de volume. La figure 3.11 montre des résultats des classifications obtenues par SVM et ACI avec seuillage. La figure 3.10(f) montre une classification manuelle de référence. On observe que, dans le cas du SVM, il y a une classification correcte sur les zones planes alors qu'il y a une non-détection de la pathologie sur les zones d'ombre et de volume. Il est intéressant de ne pas avoir de détection dans les zones de forts volumes car ces zones ne sont pas des zones d'intérêt. Cependant, une non-détection dans les zones de faibles volumes

peut être problématique car cela fait perdre une partie de la zone d'intérêt. Pour l'ACI-Seuillage, la bande la plus représentative de la pathologie est sélectionnée et un seuillage est estimé manuellement. On observe alors une sur-détection dans les zones d'ombre et de volume. Le but de cette partie est de proposer une méthode qui permet de compenser ces effets de volume et d'ombre, afin d'améliorer la classification sans avoir à étendre l'apprentissage. Le problème à résoudre est donc d'estimer la part d'intensité due aux volumes pour pouvoir ensuite la retirer et analyser la pathologie. À ces fins, on propose de comparer trois types d'approches différentes. La première approche consiste, à estimer les volumes et ombres par des mesures statistiques. La seconde approche vise à utiliser les méthodes issues de la méthodologie du "shape from shading". Enfin, La troisième approche modélise le signal capté par chaque longueur d'onde comme une interaction d'ondes. Dans la suite de cette partie, chacun des trois types d'approche est détaillé et les résultats obtenus sont discutés et évalués sur une image de référence, grâce à une classification par k-moyennes.

3.2.4.1 Compensation par calculs statistiques

On s'intéresse ici à calculer un profil des volumes du visage à partir des statistiques des images du cube. Une fois ce profil estimé, il peut alors être soustrait aux données initiales afin d'obtenir l'information sur la peau seule. Pour estimer ce profil, deux alternatives sont proposées. La première méthode consiste à faire l'hypothèse que les volumes et les ombres sont invariants tout au long du spectre. Il est alors aisé de retirer cette information en soustrayant sa moyenne spectrale à chacun des pixels. La figure 3.8(b) montre la bande de la figure 3.8(a) compensé par cette méthode. On observe que la compensation n'est pas efficace. Si l'on réalise une classification par k-moyennes à 3 classes sur cette bande compensée, on obtient des résultats similaires au cas où l'on n'utilise pas la compensation (voir figure 3.9(b)). Cette méthode n'est donc pas adaptée. En fait, lorsque l'on observe les bandes successives d'une image multi-spectrale de la peau (voir Annexe B) on se rend compte que les effets de volume et d'ombre ne sont pas invariants tout au long du spectre. La seconde méthode vise à utiliser l'ACI. En effet, lorsque l'on réalise une ACI sur une image multi-spectrale, on observe que la première source obtenue est visuellement représentative des effets de volume et d'ombre. Les effets d'ombre et de volume sont des phénomènes majoritairement basses fréquences dans l'image et la première source ACI contient les composantes basses fréquences. Pour compenser les volumes et ombres, on peut alors soustraire la première source ACI à chacune des bandes spectrales avec un poids correspondant à l'abondance de cette source :

$$\forall k \in [1, N_b] \quad I_k^C = I_k - \alpha_k S_1 \quad (3.53)$$

Où I_k représente la bande k de l'image initiale, I_k^C la bande k du cube initial après soustraction de la première source S_1 obtenue par ACI. α_k est le coefficient d'abondance de la source S_1 dans chacune des bandes I_k de la décomposition par ACI. Cette méthode présente l'avantage de ne plus faire l'hypothèse que les volumes

et ombres sont constants tout au long du spectre. La figure 3.8(c) montre la bande de la figure 3.8(a) compensée par cette méthode. On observe que les volumes semblent visuellement bien compensés. Cependant, comme la source ACI utilisée contient aussi une partie de la pathologie, on atténue également la pathologie. Ainsi, lorsque l'on calcule une classification par k-moyennes en 3 classes sur cette bande (voir figure 3.9(c)) cela ne permet pas d'isoler la pathologie.

3.2.4.2 Compensation par modèle “shape from shading”

De nombreux algorithmes ont été proposés dans la littérature afin de résoudre le problème inverse du “shape from shading” [Zheng 1991, Bichsel 1992, Crouzil 2003] qui a été introduit par Horn dans [Horn 1970]. La majorité de ces méthodes proposent de résoudre l'équation de l'eikonale. En traitement d'image, si l'on fait l'hypothèse que la surface imagée est lambertienne, alors l'équation de l'eikonale pour un pixel à la position (x, y) s'écrit :

$$I(x, y) = \frac{I_0(x, y)}{\sqrt{p^2(x, y) + q^2(x, y) + 1}} \quad (3.54)$$

où p^2 et q^2 sont les dérivées de la surface lambertienne dans les directions x et y . I_0 est l'albedo et I l'intensité de l'image observée. Pour notre application, l'idée est alors d'analyser le spectre afin de trouver quelle zone spectrale est la mieux adaptée pour estimer les variations d'ombrage. La figure 3.10 montre les cinq bandes obtenues après réduction en 5 bandes d'une image de 18 bandes spectrales. Comme on peut le voir la dernière bande représentée en 3.10(e) contient principalement les variations d'ombrage. Cela est cohérent vis-à-vis du spectre théorique illustré en figure 1.16. Pour les longueurs d'onde en proche infrarouge (900nm), l'absorption de la mélanine et de l'hémoglobine sont très faibles. Ainsi, les principales composantes de la peau ne réagissent que très peu à cette longueur d'onde. Si l'on suppose que la peau réagit comme une surface lambertienne, l'équation (3.54) stipule que nous pouvons compenser l'ombrage sur chaque bande spectrale par division de la bande proche infrarouge. La figure 3.8(d) montre le résultat obtenu en divisant la bande à 590nm d'une image multi-spectrale par la bande proche infrarouge. Comme on peut le voir, l'ombrage sur les bords de l'image est bien compensé. Il est devenu blanc dans l'image compensée et est maintenant dissocié du gris foncé des zones pathologiques. Cependant la compensation n'est pas efficace dans les zones de volume du visage. Si nous effectuons une classification par k-moyennes en trois classes (voir figure 3.9(d)), nous observons que les zones de volume sont confondues avec les zones pathologiques. Nous en concluons que l'hypothèse lambertienne n'est pas correcte.

3.2.4.3 Compensation par modèle d'interférences

Puisque la surface de la peau ne peut être modélisée comme lambertienne, considérons la lumière incidente sur la peau comme partiellement réfléchie à la surface et partiellement réfléchie après avoir pénétré dans la peau. Le signal capté par l'imager est alors composé de deux signaux. Le premier signal correspond aux volumes

et aux ombres alors que le second contient également l'information que l'on cherche à étudier. La théorie des interférences d'ondes stipule que les deux signaux réfléchis suivent la relation suivante :

$$A_0^2 = A_{01}^2 + A_{02}^2 + 2A_{01}A_{02}\cos(\phi_1 - \phi_2), \quad (3.55)$$

où A_0 est l'amplitude du signal observé, A_{01} est l'amplitude du signal réfléchi en surface et A_{02} l'amplitude du signal ayant pénétré la peau. $\phi = \phi_1 - \phi_2$ représente le déphasage entre les deux signaux. Le premier signal ne contient que les volumes et ombres. Pour un pixel à la position (x, y) , si l'on fait l'hypothèse que la réflexion de surface est lambertienne alors :

$$A_{01} = \frac{A}{\sqrt{p^2(x, y) + q^2(x, y) + 1}} \quad (3.56)$$

où A est l'intensité du signal émis. Le second signal contient en plus des variations dues aux volumes et ombres, des variations dues à l'absorption de la couche de peau traversée. on a donc :

$$A_{02} = \frac{U(x, y)}{\sqrt{p^2(x, y) + q^2(x, y) + 1}} \quad (3.57)$$

où $U(x, y)$ représente les variations d'intensité dues à l'absorption de la couche de peau traversée. Les équations (3.56) et (3.57) dans l'équation (3.55) donnent :

$$U(x, y) = \sqrt{A^2(1 + \cos^2(\phi)) - A_{01}^2\sqrt{p^2(x, y) + q^2(x, y) + 1}^2} - A\cos(\phi) \quad (3.58)$$

Si l'on fait l'approximation que dans le terme d'interférence, la partie volume et ombre est prédominante sur le contenu d'absorption de la peau alors :

$$\cos^2(\phi) = \frac{A}{\sqrt{p^2(x, y) + q^2(x, y) + 1}} \quad (3.59)$$

Il reste maintenant à estimer les composantes p et q . En fait, estimer $\sqrt{p^2(x, y) + q^2(x, y) + 1}$ suffit. Pour ce faire, prenons le cas particulier de la bande infrarouge où l'absorption de la peau est négligeable. On a alors :

$$A_0^{IR} = A_{01}^{IR} \quad (3.60)$$

d'où :

$$A_0^{IR} = \frac{A^{IR}}{\sqrt{p^2(x, y) + q^2(x, y) + 1}} \quad (3.61)$$

La compensation par l'image infrarouge avec le modèle d'interférence s'écrit alors :

$$\forall k \in [1, N_b], U_k(x, y) = \sqrt{A_k^2 \left(1 + \frac{A_k A_0^{IR}}{A^{IR}}\right) - A_{0k}^2 \frac{A_0^{IR}}{A^{IR}}} - A \sqrt{\frac{A_k A_0^{IR}}{A^{IR}}} \quad (3.62)$$

les coefficients A_k et A^{IR} ne sont pas accessibles directement sur les données. Cependant, le rapport $\frac{A_k}{A^{IR}}$ peut être estimé comme le rapport entre les dynamiques

globales de la bande k et de la bande infrarouge. En effet, si l'on observe une image multi-spectrale de peau (voir Annexe B), on observe que la dynamique de chaque bande spectrale est proportionnelle à l'énergie du signal éclairant la peau. $\frac{A_k}{A^{IR}}$ est ainsi alors estimé comme le rapport des dynamiques des bandes k et IR . Un exemple de compensation par cette méthode est illustré en figure 3.8(e). On observe que les ombres et les volumes sont bien compensés. Si l'on réalise une classification par k-moyennes (voir figure 3.9(e)) sur cette bande compensée, on observe que même si la classification est de qualité modérée, on arrive à distinguer les zones pathologiques des zones de volume. Cette compensation pourrait donc être utilisée avant la classification par SVM ou pour corriger la composante ACI représentative de la pathologie. Un inconvénient de la méthode de compensation par interférences est que l'on réalise une division entre bandes spectrales qui a tendance à induire de fortes intensités dans les zones d'ombres. C'est pour cela que la bande affichée en figure 3.8(e) semble visuellement peu contrastée. Pour pallier ce problème, on remarque dans l'équation (3.62) que le terme de soustraction de l'image infrarouge est prédominant. Une version simplifiée de la méthode de compensation de volume et ombre par le modèle d'interférence est alors de soustraire la bande infrarouge à la bande spectrale que l'on souhaite corriger avec un facteur de normalisation de la dynamique :

$$\forall k \in [1, N_b], U_k(x, y) = A_0^k - \frac{A_k}{A^{IR}} A_0^{IR}. \quad (3.63)$$

Le facteur $\frac{A_k}{A^{IR}}$ est alors calculé de la même façon que dans le cas de l'équation 3.62. Le résultat de cette méthode de compensation sur une bande spectrale est illustré en figure 3.8(f). On observe que la compensation est efficace et que l'on n'a plus de problème de dynamique comme dans le cas de la figure 3.8(e). Une classification par k-moyenne à 3 classes sur cette bande compensée (voir figure 3.9(f)) permet de distinguer les zones pathologiques des zones de volumes et ombres. Dans la suite, nous utiliserons donc cette méthode de compensation de volumes et d'ombres pour corriger chacune des bandes spectrales avant de réaliser la classification par SVM ou pour corriger une cartographie obtenue par ACI. En effet, les figures 3.11 et 3.12 montrent des classifications par SVM et ACI réalisées avec et sans cette méthode de compensation. On observe que les résultats sont significativement meilleurs que lorsque l'on n'utilise pas de compensation. Les deux méthodes de classification proposées sont alors les suivantes :

- PP-SVM : consiste en une réduction de données par poursuite de projection (PP), suivi d'une compensation des effets de volumes par la soustraction de l'information infrarouge, puis une classification par SVM.
- ACI-seuillage : consiste en l'extraction d'une source représentative de la pathologie par ACI, de la compensation des effets de volume sur cette source par la soustraction de l'information infrarouge, puis une classification par seuillage.

Dans les deux cas, la soustraction de l'image infrarouge est réalisée après la réduction du spectre. Cela permet de minimiser l'erreur commise. En effet, dans les images l'on observe que la bande infrarouge compense très bien les effets de volume sur les bandes spectrales qui lui sont proches (i.e. rouges) et compense moins bien les

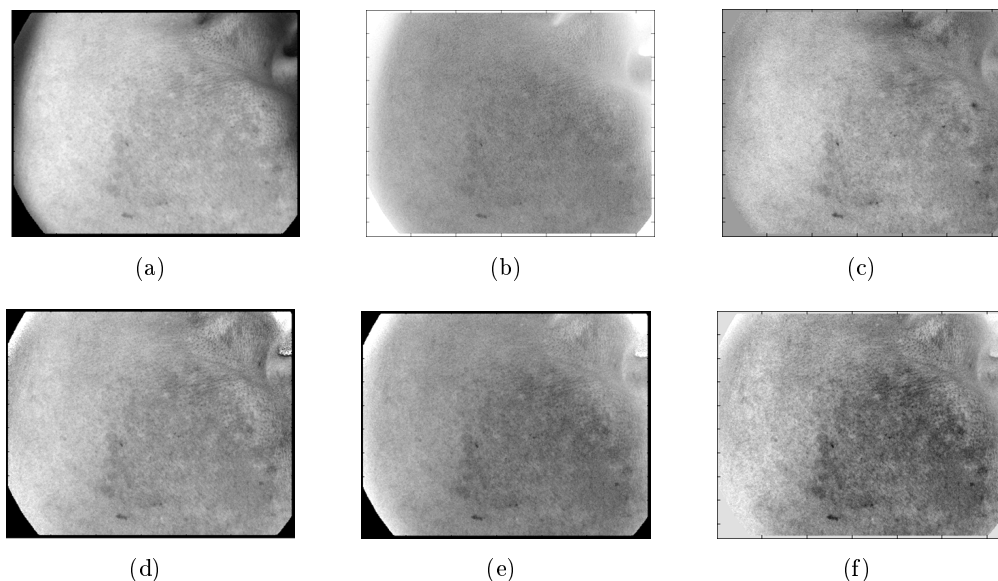


FIGURE 3.8 – Compensation des volumes sur la bande spectrale à 590nm (patient 9001, première étude clinique). (a) Bande initiale, (b) bande compensée par retrait de la moyenne spectrale de chaque pixels, (c) bande compensée par la première composante ACI, (d) bande compensée par division de la bande infrarouge, (e) bande compensée par le modèle d’interférence, (f) bande compensée par soustraction de la bande infrarouge.

bandes spectrales les plus éloignés (i.e. bleues). Cela est dû au fait que les effets d’ombre et de volume varient tout au long du spectre (voir Annexe B). Réduire le spectre avant de faire la compensation réduit donc cette erreur.

3.2.5 Résultats obtenus

Les méthodes de classification proposées ont été testées sur 96 images fournies par Galderma. Ces 96 images correspondent aux images prises au temps t_0 sur la première étude clinique. Ce sont des images multi-spectrales qui contiennent 18 bandes spectrales de $960 * 1280$ pixels. Sur cet ensemble de données, la méthode PP-SVM et la méthode ACI-seuillage sont compétitives et donnent des résultats de qualité équivalente. La principale différence entre ces deux méthodes est la dépendance de l’opérateur. En effet, un SVM demande à l’opérateur de sélectionner des pixels d’apprentissage. Pour chaque image, un opérateur clique sur des régions saines et pathologiques qui lui semblent représentatives et suffisamment proches de la frontière entre zone saine et zone pathologique. La méthode ACI-seuillage demande à l’opérateur de choisir la source et la valeur du seuil. La seconde méthode est plus facile à utiliser pour un opérateur, mais est plus sujette à la subjectivité. Pour évaluer la classification sur ces 96 images, nous les partitionnons en 3 groupes. Le premier contient 27 images qui sont qualifiées de “faciles” dans le sens où ces

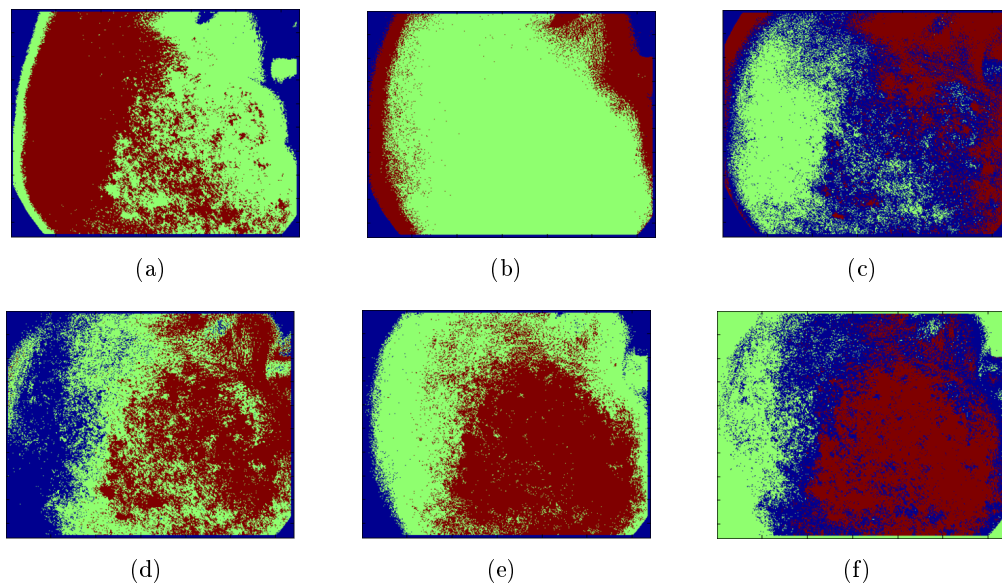


FIGURE 3.9 – Résultats d’une classification par k-moyennes à 3 classes sur la bande spectrale à 590nm (patient 9001, première étude clinique) suivant la méthode de compensation de volumes et ombres utilisée. (a) Bande initiale, (b) bande compensée par retrait de la moyenne spectrale de chaque pixel, (c) bande compensée par la première composante ACI, (d) bande compensée par division de la bande infrarouge, (e) bande compensée par le modèle d’interférence, (f) bande compensée par soustraction de la bande infrarouge.

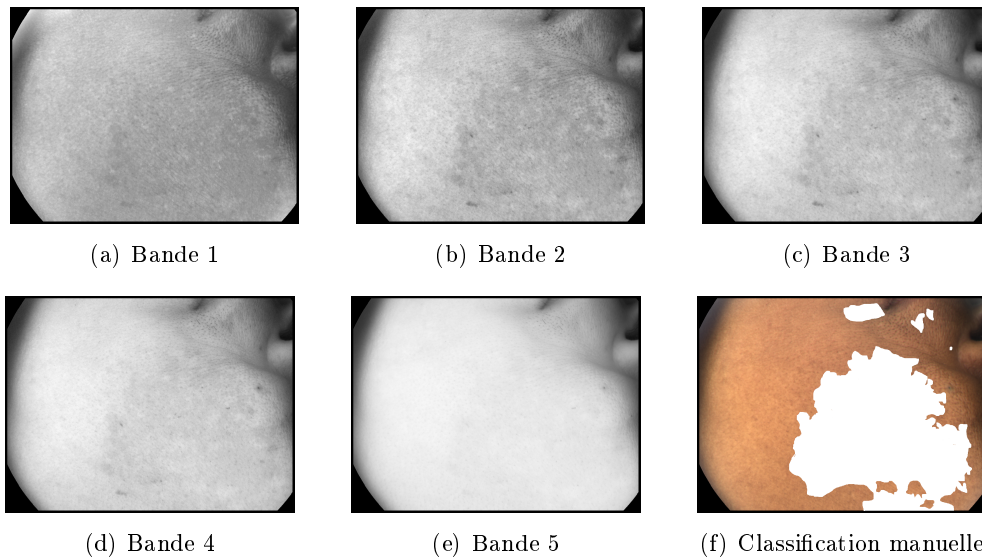


FIGURE 3.10 – Bandes d’un cube réduit par poursuite de projection (a-e), une classification manuelle (f). (Patient 9001, première étude clinique)

images contiennent principalement de la peau dans la zone plane de la joue. Le deuxième groupe qualifié “d’intermédiaire” contient des images avec plus d’artefacts comme les yeux, les cheveux ou le nez. Ce groupe représente 37 des 96 images. Le troisième groupe contient 31 images avec beaucoup d’artefacts. L’algorithme de Stamatas et al. [Stamatas 2008] et la méthode ACI-seuillage sont équivalentes d’un point de vue de l’entrée opérateur. Nous proposons de les comparer tout d’abord. Pour chacune des deux méthodes, nous estimons le seuil qui maximise la correspondance avec l’analyse du dermatologue en termes de surface pathologique. La figure 3.13 représente les courbes de corrélation entre l’estimation de surface pathologique du dermatologue et le calcul de l’algorithme sur les 27 images du premier groupe.

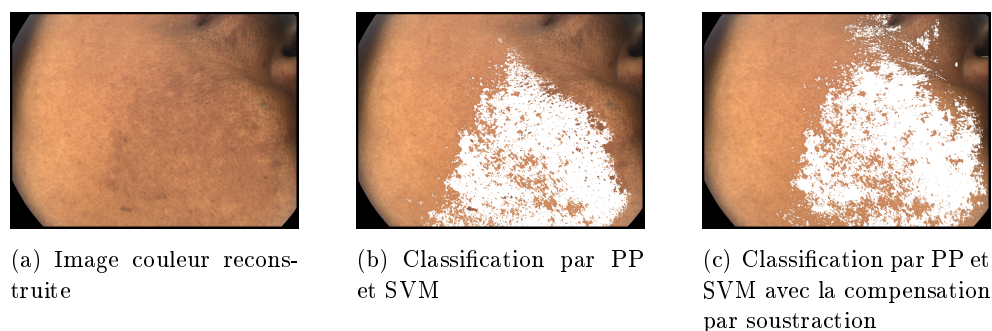


FIGURE 3.11 – Résultats de classifications obtenues par poursuite de projection et SVM en fonction de la méthode de compensation de volume (patient 9001, première étude clinique).

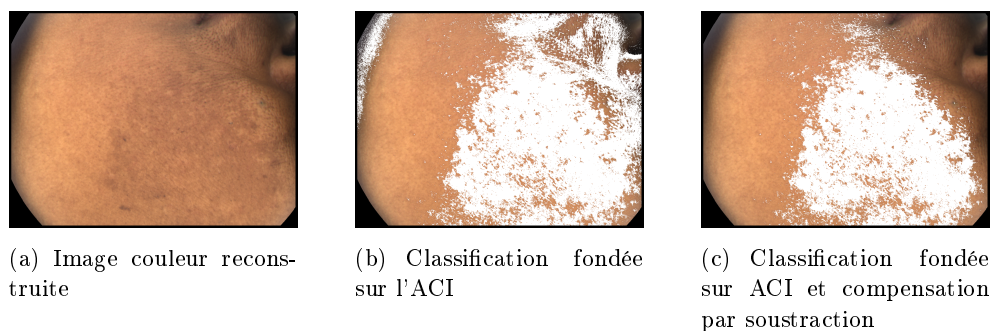


FIGURE 3.12 – Résultats de classifications obtenues avec l'ACI en fonction de la méthode de compensation de volume (patient 9001, première étude clinique).

TABLE 3.1 – Correspondance de mesure de surface entre le dermatologue et les algorithmes

	ICA	PP-SVM
Groupe 1	81.5%	63%
Groupe 2	75.7%	62.2%
Groupe 3	62.5%	52%
Total	73%	58.7%

L'échelle du dermatologue est discrète de 0 (aucune pathologie) à 6 (100% de la zone est pathologique). La courbe rouge représente la correspondance entre l'évaluation clinique et la mesure de surface en pourcentage. La figure 3.13 montre que la méthode fondée sur l'ACI se corrèle davantage avec l'analyse du dermatologue que celle fondée sur l'algorithme de Stamatas et al.. Il est à noter que la corrélation mesurée dans cette expérimentation est artificiellement haute, étant donné que l'analyse du dermatologue est prise en compte pour mesurer la surface avec les algorithmes ACI et Stamatas et al.. Maintenant, nous comparons l'évaluation de surface par l'ACI-seuillage et la méthode PP-SVM sur l'ensemble des 96 images. La table 3.1 montre le pourcentage de correspondance entre l'estimation du dermatologue sur l'échelle de 0 à 6 et l'estimation de surface en pourcentage obtenue par l'ACI-seuillage et PP-SVM. Il est naturel, dans le tableau 3.1, que les pourcentages pour l'ACI-seuillage soient meilleurs puisque cette méthode utilise l'analyse du dermatologue pour estimer le seuil. Bien que la correspondance entre les classifications obtenues et la mesure du dermatologue soit satisfaisante, une surestimation de la zone pathologique apparaît principalement pour les groupes 2 et 3, où le pourcentage de correspondance diminue. Finalement, les expériences réalisées ci-dessus montrent que l'ACI-seuillage et PP-SVM sont bien adaptées à notre problème. Cependant, ces techniques ne sont pas assez robustes vis-à-vis de la variabilité des données au sein d'une même étude clinique et doivent être améliorées en ce sens.

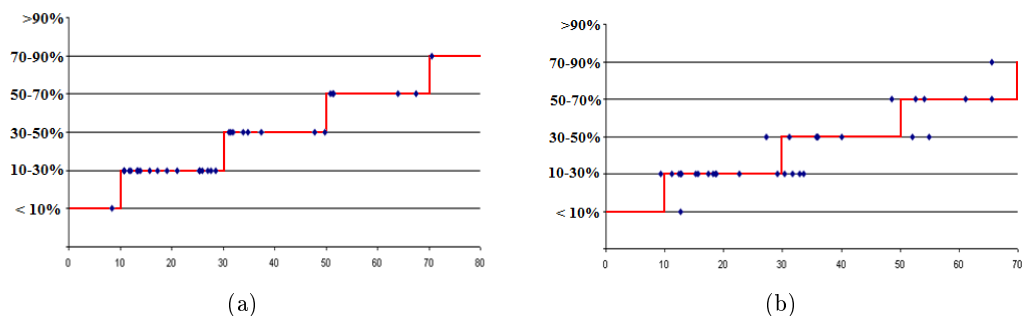


FIGURE 3.13 – Corrélation de l’ACI-seuillage (à gauche) et l’algorithme de Stamatias et al. (à droite), avec la mesure du dermatologue sur les images du Groupe 1. **Abscisse** : surface pathologique estimée par l’algorithme, **ordonnée** : surface pathologique estimée par le dermatologue.

3.3 Généralisation à une étude complète

Le schéma de classification proposé dans la partie précédente n’est pas utilisable sur une étude complète. Tout d’abord, les algorithmes ne sont pas suffisamment robustes à la variabilité au sein d’une série d’images (intensité de la pathologie, différents effets d’ombre et de volume). De plus, pour l’ACI-seuillage, l’opérateur doit sélectionner une source et un seuil pour cette source. Pour la PP-SVM, l’opérateur doit sélectionner des pixels d’apprentissage sur chaque image. Ce n’est pas compatible avec une utilisation pratique sur toute une étude contenant environ 100 images à analyser. Dans cette partie, nous proposons un protocole qui permet à la fois d’automatiser les algorithmes autant que possible et améliore la robustesse de la classification.

Nous nous concentrons alors sur la méthode PP-SVM car c’est celle qui semble être la plus facile à automatiser. À cette fin, nous proposons un schéma pour entraîner le SVM une seule fois pour toutes les images. Puis, nous ajoutons une étape de classification interactive pour éviter tout risque de sur ou sous-classification.

3.3.1 Entraînement global

Pour faire un apprentissage global à toutes les images, nous avons d’abord besoin de les normaliser. En effet, la couleur de la peau saine est différente d’un patient à un autre. En outre, malgré l’utilisation de la procédure de compensation des effets de volume par soustraction de l’information infrarouge, les images présentent des phénomènes d’ombre plus ou moins importants et des éléments autres que la peau (cheveux, yeux, ...) qui peuvent altérer la classification. Nous proposons donc deux étapes supplémentaires afin de pouvoir réaliser un apprentissage global : une étape de filtrage fréquentiel et une étape de normalisation d’histogramme.

3.3.1.1 Filtrage supplémentaire

Afin d'enlever le plus d'artefacts possible dans toutes les images, nous proposons d'ajouter une étape de filtrage de Fourier entre la poursuite de projection et la compensation de volume. En effet, dans nos images, nous observons que les parties indésirables sont principalement situées dans les basses fréquences. En effet, les yeux, le nez, les lèvres sont à l'intérieur du volume du visage (en opposition à la surface plane de la joue), et le volume du visage est constitué, dans nos images, de variations de basse fréquence. Un autre artefact qui n'est pas corrigé par l'étape de compensation de volume est la non-homogénéité de l'éclairage induite par les volumes du visage. Les effets d'éclairage sont également contenus dans les basses fréquences des images. Pour réaliser le filtrage de Fourier, considérons I_R une image réduite par poursuite de projection. Nous appliquons d'abord une fenêtre de Hamming 2D à chaque bande $I_R(b)$ de I_R afin d'éviter les oscillations [Gonzalez 2008] :

$$\forall b \in [0, n_b], HI_R(b) = I_R(b).HW, \quad (3.64)$$

avec n_b le nombre de bandes spectrales de I_R , et

$$HW(i, j) = 0.54 - 0.46 * \cos \left(\pi * \sqrt{\left(\frac{i - \frac{n_l}{2}}{n_l} \right)^2 + \left(\frac{j - \frac{n_c}{2}}{n_c} \right)^2} \right) \quad (3.65)$$

où n_l et n_c sont respectivement le nombre de lignes et de colonnes de I_R . Puis, nous appliquons une transformée de Fourier 2D à chaque bande b de HI_R [Gonzalez 2008] :

$$F(HI_R)(u, v, b) = \frac{1}{n_l * n_c} \sum_{x=1}^{n_l} \sum_{y=1}^{n_c} HI_R(x, y, b) e^{-2i\pi \left(\frac{ux}{n_l} + \frac{vy}{n_c} \right)} \quad (3.66)$$

Enfin, nous appliquons le masque M dans l'espace de Fourier et calculons la transformée de Fourier inverse pour obtenir I_{R_F} [Gonzalez 2008] :

$$\forall b \in [0, n_b], I_{R_F}(b) = F^{-1} (F(HI_R)(b).M), \quad (3.67)$$

avec

$$F^{-1}(I)(x, y) = \frac{1}{n_l * n_c} \sum_{u=1}^{n_l} \sum_{v=1}^{n_c} F_I(u, v) e^{2i\pi \left(\frac{ux}{n_l} + \frac{vy}{n_c} \right)} \quad (3.68)$$

Où I représente une image monochrome et F_I sa transformée de Fourier. Un exemple d'image filtrée est montrée en figure 3.14(c). Le contour des yeux et le nez sont mieux filtrés que lorsque l'on utilise la compensation de volume seule (voir figure 3.14(b)). Le filtrage ainsi introduit atténue volontairement les bords de l'image. L'hypothèse est faite que la zone d'intérêt est localisée dans le centre de l'image.

3.3.1.2 Entraînement global

Dans cette partie, nous proposons d'utiliser la PP-SVM avec une base d'apprentissage unique pour l'ensemble d'une étude clinique. Le SVM est appliqué sur les images filtrées obtenus avec la méthode décrite dans la partie 3.3.1.1. Pour cela, chaque bande doit être normalisée radiométriquement. En effet, le SVM va définir un séparateur unique pour l'ensemble des données. Pour effectuer cette normalisation, nous utilisons une spécification d'histogramme [Gonzalez 2008] qui fait que chaque bande de I_{RF} a un histogramme plat. Un exemple d'une bande filtrée et normalisée est illustré sur la figure 3.14(e). L'image 3.14(d) montre l'importance du filtrage de Fourier. Sans un tel filtrage, la spécification d'histogramme n'élimine pas l'ombrage. Lorsque les images sont filtrées et normalisées, nous entraînons le SVM sur les images d'apprentissage sélectionnées. Ces images doivent être choisies de telle sorte à ne pas être trop atypiques sinon le SVM ne sera pas en mesure de généraliser à l'ensemble de l'étude. Puis, sur chaque image choisie, un opérateur spécifie les zones saines et pathologiques qui vont être utilisées. Enfin, tous les pixels marqués sont concaténés et utilisés pour entraîner un SVM. Toutes les images peuvent, ensuite, être classées avec ce même séparateur. Un exemple d'apprentissage est donné dans la partie 3.3.3.

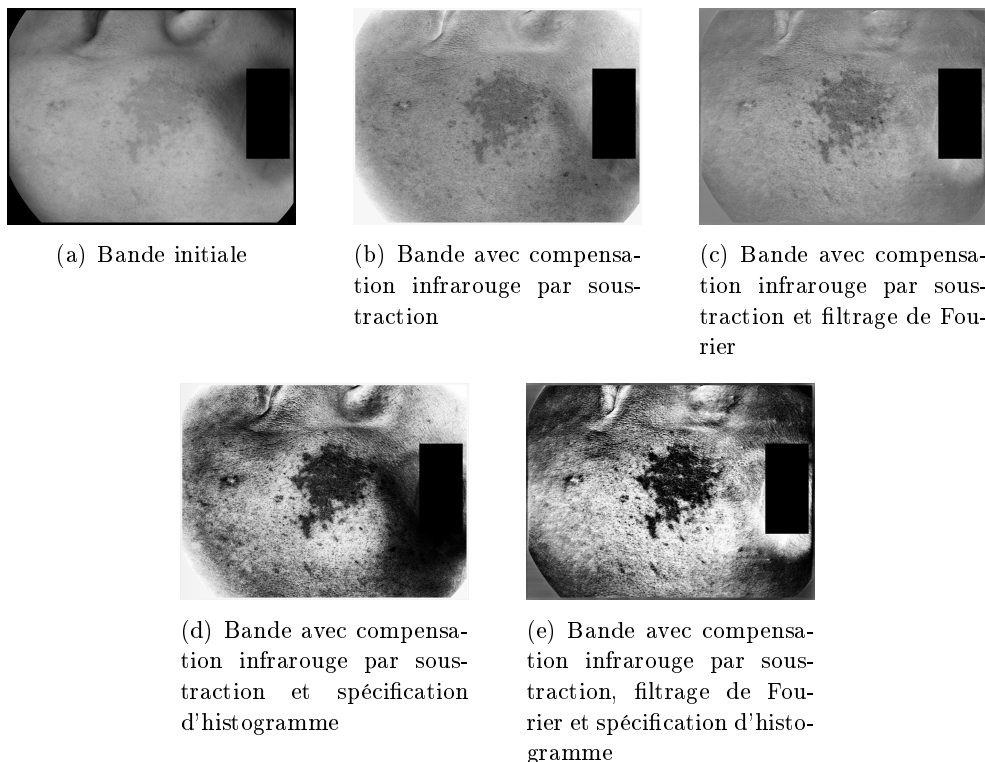


FIGURE 3.14 – Influence du filtrage de Fourier sur une bande spectrale. La bande utilisée est la bande à 590 nm. (Patient 9001 de la seconde étude clinique)

3.3.2 Outil de classification interactif

La classification proposée dans la partie précédente peut encore échouer pour des images atypiques. S'il y a trop d'artefacts dans l'image ou si le contraste entre les zones saine et pathologique est trop faible, le séparateur global ne sera pas adapté pour classer correctement cette image. En outre, le SVM a un taux de sur ou sous-classification non nul. Dans notre application, nous avons besoin d'être certain que les zones classées sont pathologiques pour évaluer correctement un traitement. C'est pourquoi nous proposons un protocole que nous appelons "classification interactive" qui permet à un opérateur de faire facilement des corrections par rapport à la classification automatique. Il y a deux types de corrections qui peuvent être choisies par l'opérateur : retirer une sur-classification et ajouter une sous-classification. Pour permettre à l'opérateur de retirer une sur-segmentation, nous effectuons une analyse en composantes connexes [Gonzalez 2008] sur la carte de classification SVM. Ensuite, l'opérateur peut cliquer sur une composante, et l'ajouter ou la retirer de la classification finale. Si le SVM ne détecte pas une zone pathologique, une carte de segmentation est nécessaire pour permettre à l'opérateur d'ajouter cette zone à la classification. Pour ce faire, nous effectuons une segmentation sur l'image I_{R_F} . Dans la littérature, un grand nombre d'algorithmes de segmentation pour l'imagerie multi-spectrale ont été proposés. Les deux principales approches sont la segmentation par division/fusion et la segmentation par classification automatique associée à l'analyse en composantes connexes [Gonzalez 2008]. Afin de réduire le temps de calcul autant que possible, nous utilisons la deuxième approche. Nous utilisons l'algorithme de classification par mélange de gaussiennes associé à l'analyse en composantes connexes tel que décrit dans [Tarabalka 2009]. Nous effectuons une classification sur l'image I_{R_F} avec un modèle de mélange de gaussiennes. Chaque composante obtenue est partitionnée avec l'analyse en composantes connexes. La carte de segmentation finale est obtenue par concaténation des segments de chaque composante gaussienne sur une seule carte. Le schéma final de classification proposé est illustré par la figure 3.15. Les figures 3.16 et 3.17 montrent des captures d'écran de l'interface graphique de classification que nous avons développé. Pour maximiser les chances de segmenter la zone d'intérêt, nous effectuons deux fois la segmentation : une première fois avec un filtre de Fourier passe-haut qui coupe 20% des basses fréquences et une seconde fois avec un filtre de Fourier passe-haut qui coupe 40% des basses fréquences. L'influence de ces deux filtres est illustré sur la figure 3.18 pour les patients utilisés pour l'apprentissage. L'opérateur peut cliquer sur les segments de ces deux cartes pour l'ajouter à la classification finale. L'opérateur peut aussi choisir des segments sur la classification SVM. Sur la figure 3.16, c'est la classification SVM qui a été choisie et est affichée dans le quadrant inférieur droit. Sur la figure 3.17, des segments ont été sélectionnés sur cartes de segmentation affichées dans les deux quadrants du haut. Ils apparaissent en blanc sur les cartes de segmentation. Le classement final est montré dans le quadrant inférieur droit. Dans le pire cas, lorsque la classification SVM et les segmentations ne parviennent pas à détecter la zone d'intérêt, l'opérateur peut sélectionner la zone d'intérêt à la main en traçant

un polygone autour de la région d'intérêt.

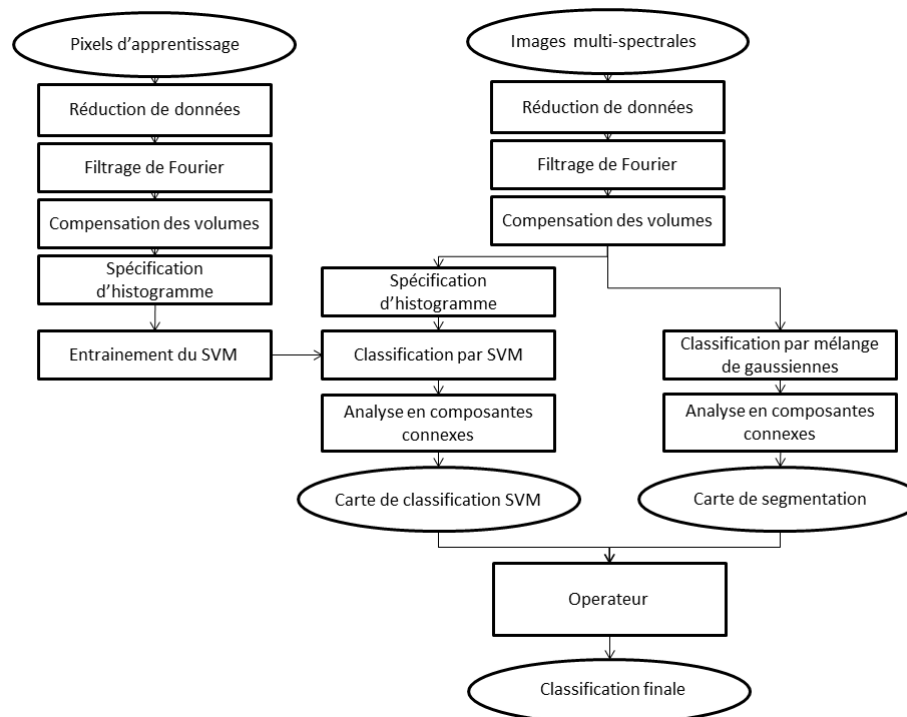


FIGURE 3.15 – Schéma de classification final utilisé pour analyser un étude clinique complète .

3.3.3 Résultats obtenus

Nous avons utilisé la méthode de classification proposée (cf. figure 3.15) sur deux études cliniques à l'instant t_0 . La première contient 48 patients, avec deux images par patient. La seconde contient 44 patients, avec deux images par patient. Nous avons entraîné le SVM une seule fois pour les deux études avec trois patients sélectionnés dans la seconde étude. Ces trois patients (voir la figure 3.18) ont été sélectionnés comme suit : le premier patient 3.18(a) est un cas "facile" dans le sens où l'image a peu d'effets d'ombrage et le contraste de la zone pathologique est intermédiaire. Les deux autres patients sont sélectionnés parce qu'ils contiennent deux types différents d'effets d'ombrage. Le patient 3.18(b) a une zone pathologique bien contrastée et localisée. Une importante zone d'ombrage se situe autour de l'œil. Le patient 3.18(c) a une zone pathologique plus diffuse avec des zones d'ombrage autour du nez et du menton. Les bandes filtrées et les zones d'apprentissage de ces trois images sont montrées aux figures 3.18(j), 3.18(k) et 3.18(l). Nous avons lancé la classification SVM et la segmentation des deux études en gardant les mêmes paramètres. Puis, un opérateur fait une classification interactive. Lors de la classification interactive, 91% des images ont été classées avec le SVM ou la segmentation. Les 9% d'images restantes ont été classées à la main par l'opérateur. Sur les 91% d'images classées

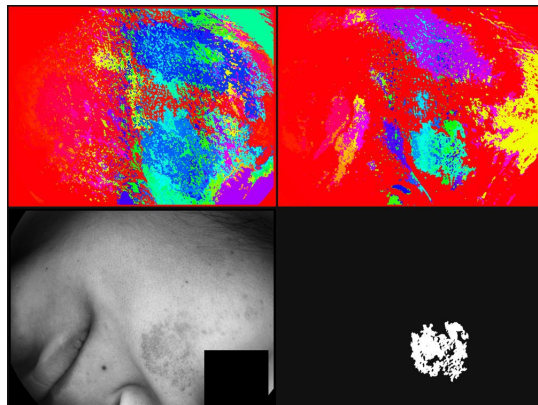


FIGURE 3.16 – Capture d’écran du logiciel qui permet de faire la classification interactive, premier exemple. En haut à gauche : segmentation obtenue avec un filtre de Fourier qui coupe 20% des basses fréquences, en haut à droite : la segmentation obtenue avec un filtre de Fourier qui coupe 40% des basses fréquences, en bas à gauche une bande de l’image initiale, en bas à droite la composante de la classification SVM choisie par l’opérateur. (Patient 9036 de la seconde étude clinique)

par la méthode proposée, l’opérateur a utilisé la carte de segmentation dans environ 40% des images, et dans environ 30% des cas, le fait d’utiliser soit la classification SVM, soit la carte de segmentation donne des résultats comparables. La classification interactive a pris une heure à l’opérateur pour classer environ 100 images. Si l’opérateur doit classer les images manuellement, cela requiert plus de temps et résulte en une classification moins précise. Afin de quantifier la précision de la classification, nous comparons la surface de la zone pathologique classée à une mesure de surface pathologique clinique obtenue par un dermatologue. On rappelle que la mesure du dermatologue se fait sur une échelle allant de 0 à 6. Comme le dermatologue ne considère pas les trous à l’intérieur des zones pathologiques, nous remplissons les trous dans les masques binaires de classification. Les courbes de correspondance entre l’évaluation du dermatologue et l’algorithme sont présentées dans la figure 3.19. Pour la première étude la corrélation entre les classifications et la mesure clinique est de 76,3% et de 71,3% pour la seconde étude. Les corrélations obtenues sont bien meilleures que celles obtenues avec l’algorithme SVM sans la procédure d’apprentissage global et l’outil de sélection interactif. En effet, pour la première étude nous avons obtenu 58,7% de corrélation entre l’algorithme SVM (voir la table 3.1) et l’analyse clinique. Pour la deuxième étude (voir la figure 3.20) nous avons eu seulement 45,1% de corrélation entre l’algorithme SVM et l’analyse clinique. Ajoutons deux remarques sur les résultats présentés. Un point important est que “l’outil interactif de classification” introduit l’opérateur à la sortie de l’algorithme. En effet, ce n’est pas l’introduction d’un apprentissage global qui améliore significativement les résultats du SVM. C’est l’outil interactif et les filtrages de Fourier qui assurent une minimisation des taux de sur et sous-détection. Le fait d’introduire l’opérateur en bout de chaîne rend la méthodologie performante en terme de temps. En effet, si l’on

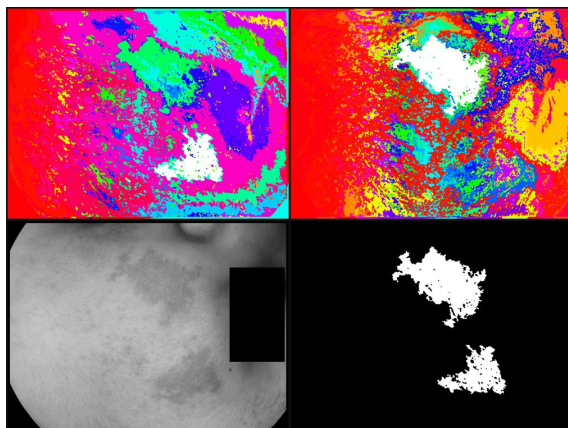


FIGURE 3.17 – Capture d’écran du logiciel qui permet de faire la classification interactive, second exemple. En haut à gauche : segmentation obtenue avec un filtre de Fourier qui coupe 20% des basses fréquences, en haut à droite : la segmentation obtenue avec un filtre de Fourier qui coupe 40% des basses fréquences, en bas à gauche une bande de l’image initiale, en bas à droite : classification finale. La classification finale a été ici obtenue en cliquant sur deux régions dans les cartes de segmentation (régions en blanc sur les quadrants du haut). (Patient 9039 de la seconde étude clinique)

demandait à l’opérateur de cliquer sur une région d’intérêt afin d’appliquer un algorithme de croissance de région ou un contour actif par exemple, cela demanderait à l’opérateur d’attendre le résultat et éventuellement de réinitialiser l’algorithme en cas de mauvais résultats. Une telle procédure serait fastidieuse. Une deuxième remarque est que, même si les courbes de corrélation de la figure 3.13 semble meilleure que celle de la figure 3.19, la classification dans le second cas correspond mieux à la pathologie. Cette différence vient du fait que pour la méthode fondée sur l’ACI (voir figure 3.13), le seuil a été estimé de manière à minimiser l’écart entre la mesure de surface du dermatologue et celle de l’algorithme, sans prendre en compte les taux de fausse alarme et de non-détection. Dans la figure 3.19, Il y a un décalage entre les mesures du dermatologue et la surface évaluée par l’algorithme. Il peut être expliqué par la nature des données. En effet, les images contiennent un héli-visage. La surface calculée est donc relative (normalisée) à un héli-visage. Dans l’analyse clinique, le dermatologue normalise la mesure de la zone pathologique par rapport à la taille d’une joue. Là est l’origine de la translation observée entre l’échelle du dermatologue et l’échelle de mesure de l’algorithme.

3.4 Apport du multi-spectral

Le but de cette section est d’étudier l’apport de l’imagerie multi-spectrale pour la classification de lésions d’hyper-pigmentation. Ainsi, dans un premier temps, nous comparons la qualité d’une cartographie de classification obtenue avec une image

couleur et une image multi-spectrale. Dans un second temps nous étudions l'intérêt d'utiliser des images hyper-spectrales plutôt que des images multi-spectrales.

3.4.1 Comparaison avec des classifications sur des images (ou reconstructions) couleur

Le but de cette partie est d'évaluer l'intérêt de l'imagerie multi-spectrale relativement à l'imagerie couleur. Afin de comparer les deux types d'images, nous proposons d'utiliser des images couleur reconstruites par intégration spectrale d'images multi-spectrales. Ainsi, nous disposons exactement de la même zone spatiale pour chacune des deux technologies. Pour réaliser la classification des zones pathologiques sur des images multi-spectrales, nous avons réalisé une réduction de dimension qui nous a ramené à utiliser uniquement quatre bandes de couleur et une bande infrarouge. Une image couleur comportant trois bandes couleur, il est donc raisonnable de penser que cette résolution colorimétrique est suffisante pour réaliser une classification précise de la pathologie. Ainsi, lorsque l'on observe les images couleur reconstruites (voir figures 3.21 et 3.22), les zones pathologiques sont relativement distinctes des zones saines. Cependant, lors du processus de classification d'images multi-spectrales proposé ci-dessus, nous avons vu que la difficulté majeure est d'éliminer les effets de volume et d'éclairage. Pour cela, nous avons mis en place un filtrage utilisant la bande infrarouge qui n'est pas disponible avec une image couleur. Il est donc évident que l'algorithme développé pour les images multi-spectrales n'est pas applicable directement sur des images couleur. Pour réaliser une classification satisfaisante avec des images couleurs, il faut donc mettre en place un système de filtrage plus complexe que celui fondé sur une simple soustraction de bande infrarouge proposé pour l'imagerie spectrale. L'utilisation d'images multi-spectrales est de ce fait avantageuse par rapport à l'imagerie couleur. Afin d'évaluer la difficulté de la mise en place d'un algorithme de classification sur des images couleur nous proposons d'étudier succinctement des algorithmes susceptibles de filtrer les effets de volumes du visage. Une méthode utilisée pour estimer les ombres dans les images couleur consiste à utiliser un modèle issu des lois de la physique. Cet algorithme est décrit dans [Finlayson 2002, Finlayson 2006] et utilisé par Tsumura et al. [Tsumura 2003] pour analyser la peau sur des images de visage. Cette méthode part du modèle physique d'acquisition des couleurs pour un appareil photo :

$$\rho_k(x, y) = \sigma(x, y) \int E(\lambda, x, y) S(\lambda, x, y) Q_k(\lambda) d\lambda, \quad (3.69)$$

où $Q_k(\lambda)$ est la sensibilité de l'appareil à la k^{eme} couleur, $k=1,2,3$ (rouge, vert, bleu). $\sigma(x, y)$ est un coefficient de réflexion lambertienne pour un pixel à la position (x, y) . $S(\lambda, x, y)$ est la réflexion de surface et $E(\lambda, x, y)$ l'absorption du matériau au pixel à la position (x, y) . Le but est alors d'éliminer la composante $S(\lambda, x, y)$ afin d'analyser $E(\lambda, x, y)$. Pour une caméra à trois couleurs, nous avons donc trois réponses :

$$\rho(x, y) = [\rho_r(x, y), \rho_v(x, y), \rho_b(x, y)] \quad (3.70)$$

Si l'on fait l'hypothèse que la réponse de l'appareil photographique à chacune des trois couleur est un Dirac alors $Q_k(\lambda) = \delta(\lambda, \lambda_k)$. L'équation (3.69) devient alors :

$$\rho_k(x, y) = \sigma(x, y)E(\lambda_k, x, y)S(\lambda_k, x, y) \quad (3.71)$$

Introduisons maintenant la loi de Planck :

$$E(\lambda_k) = Ic_1\lambda^{-5} \left(e^{\frac{c_2}{\lambda T}} - 1 \right)^{-1} \quad (3.72)$$

où T est la température, I l'intensité de la lumière incidente et c_1 et c_2 deux constantes. Cette équation peut être simplifiée en introduisant l'approximation de Wien : $c_2 \gg \lambda T$. On obtient alors :

$$E(\lambda_k) = Ic_1\lambda^{-5}e^{-\frac{c_2}{\lambda T}} \quad (3.73)$$

L'équation (3.70) devient alors :

$$\rho_k(x, y) = S(\lambda_k, x, y)\sigma(x, y)Ic_1\lambda^{-5}e^{-\frac{c_2}{\lambda T}} \quad (3.74)$$

en passant au logarithme, on obtient :

$$\ln(\rho_k(x, y)) = \ln(I) + \ln(S(\lambda_k, x, y)\sigma(x, y)c_1\lambda^{-5}) - \frac{c_2}{\lambda T}. \quad (3.75)$$

Le terme $K = \ln(I)$ est une constante indépendante du capteur, le terme $\alpha = \ln(S(\lambda_k, x, y)\sigma(x, y)c_1\lambda^{-5})$ est une variable dépendante de la réflexion uniquement, et le terme $\beta = \frac{c_2}{\lambda}$ est dépendant de l'illuminant. Si l'on calcul $r' = \ln(\rho_r) - \ln(\rho_v)$ et $b' = \ln(\rho_b) - \ln(\rho_v)$, on obtient :

$$\begin{cases} r' = \alpha_r - \alpha_v + \frac{1}{T}(\beta_r - \beta_v) \\ b' = \alpha_b - \alpha_v + \frac{1}{T}(\beta_b - \beta_v) \end{cases} \quad (3.76)$$

Dans [Finlayson 2002], l'auteur montre que l'on peut obtenir une relation entre r' et b' de la forme suivante :

$$r' - \frac{\beta_r - \beta_v}{\beta_b - \beta_v}b' = f(\alpha_r, \alpha_v, \alpha_b). \quad (3.77)$$

Cela montre qu'il existe une différence pondérée entre r' et b' qui ne dépend que de la réflexion de surface. Expérimentalement, ce coefficient vaut -1 . On peut donc à partir d'une image couleur estimer une composante contenant uniquement les effets d'ombre dans une image. Les figures 3.21 et 3.22 montrent deux exemples de telles composantes obtenues à partir d'images couleur reconstruites. On compare alors ces composantes avec l'image infrarouge d'une image multi-spectrale. On observe que la composante "ombre" obtenue à partir de l'image couleur est moins précise que celle obtenue par l'infrarouge. Ainsi, si l'on soustrait l'image infrarouge à la bande de couleur rouge, et que l'on fait de même en soustrayant la composante "ombre" obtenue à partir de l'image couleur, on observe que la composante obtenue

sur l'image couleur permet une compensation de moins bonne qualité. En conclusion de cette comparaison de l'imagerie couleur et de l'imagerie multi-spectrale pour la classification des zones pathologiques, une classification de bonne qualité semble possible avec les deux technologies. Cependant, l'imagerie spectrale contient une information supplémentaire qui facilite grandement la classification sans introduire de modèle particulier limitant ainsi une éventuelle détérioration des données.

3.4.2 Comparaison des méthodes de réduction de dimension entre multi et hyper-spectral

Afin de quantifier l'apport de l'imagerie hyper-spectrale comparativement à l'imagerie multi-spectrale, nous disposons de quelques images correspondant aux mêmes patients photographiés à la fois par un imageur hyper-spectral et un imageur multi-spectral. Des exemples de ces images sont montrés en figures 3.23 et 3.24. Comme on peut le voir, sur ces acquisitions, la résolution spatiale des images hyper-spectrales est significativement plus faible que celle des images multi-spectrales. L'acquisition d'images hyper-spectrales pour l'analyse de la peau est très délicate. Pour une image, le temps d'acquisition est de l'ordre de 2 minutes 30. Il est alors difficile pour un patient de rester immobile durant une telle durée. De plus, la nécessité d'une recalibration manuelle de l'appareil entre chaque acquisition rend les protocoles d'acquisition relativement complexe dans un essai clinique. Ce sont ces difficultés de mise en œuvre de l'imagerie hyper-spectrale dans un contexte industriel qui font que le travail présenté dans ce manuscrit se focalise sur l'imagerie multi-spectrale. Cependant, pour appréhender l'apport de l'imagerie hyper-spectrale vis-à-vis de l'imagerie multi-spectrale, on se propose d'illustrer sur quelques exemples les informations que l'on peut extraire du spectre d'une image hyper-spectrale. Dans un premier temps, on compare les spectres des images multi et hyper-spectrales. Puis, on utilise l'ACP et l'ACI pour extraire des composantes présentes dans l'information spectrale. Pour réaliser la comparaison des deux technologies nous isolons, sur chacune des images, une zone saine et une zone pathologique (voir figures 3.23 et 3.24). Les zones saines et pathologiques sont choisies de manière à se correspondre entre une image multi-spectrale et l'image hyper-spectrale correspondante. L'ensemble des calculs effectués dans la suite de cette partie sera effectué sur ces zones d'intérêt.

3.4.2.1 Comparaison des spectres

On propose dans cette partie de tracer pour un patient les spectres sains et pathologiques obtenus avec l'imagerie multi-spectrale et l'imagerie hyper-spectrale, puis de comparer les spectres obtenus. La figure 3.23 montre les spectres sains et pathologiques obtenus avec une image multi-spectrale. La figure 3.24 montre les spectres sains et pathologiques obtenus avec une image hyper-spectrale. Comme on peut le voir, le spectre hyper-spectral est plus riche que le spectre multi-spectral. Par exemple, pour les longueurs d'onde entre 500 et 600 nm, on observe clairement la signature spectrale de l'hémoglobine en forme de "w" sur le spectre hyper-

spectral. Cette caractéristique n'est pas observable dans le cas de l'imagerie multi-spectrale. De plus, lorsque l'on observe les spectres sains et pathologiques pour les deux technologies, on observe de plus grandes différences dans le cas de l'imagerie hyper-spectrale. Ainsi dans le cas de l'imagerie multi-spectrale, les spectres sains et pathologiques ont des variations relativement similaires. Dans le cas de l'imagerie hyper-spectrale, on observe que les spectres sains et pathologiques ont des variations légèrement différentes notamment pour les longueurs d'ondes entre 600 et 700 nm.

3.4.2.2 Comparaison par ACP et ACI

Dans cette partie, nous proposons dans un premier temps de réaliser une ACP sur 12 images de 12 patients avec les deux technologies comparées. Tout d'abord, nous observons le nombre de composantes qui contiennent la majeure partie de la variance de l'image. Pour ce faire, nous traçons la courbe de décroissance des valeurs propres. La figure 3.25 montre les courbes de décroissance des valeurs propres obtenues avec l'imagerie multi-spectrale et l'imagerie hyper-spectrale. On observe que pour les deux technologies, le nombre de valeurs propres significatives est de l'ordre de 3.

La variance expliquée est un critère qui peut s'avérer insuffisant pour quantifier toute l'information utile d'une image. En effet, dans les images étudiées, des composantes basses fréquences peu informatives peuvent à elles seules contenir beaucoup de variance. Certaines composantes de la pathologie se retrouvent alors dans les composantes de plus faible variance. Les figures 3.26 et 3.27 montrent les 8 premières composantes obtenues par ACP pour le même patient avec l'imagerie multi-spectrale et l'imagerie hyper-spectrale. On remarque que l'ACP fait ressortir une information relativement équivalente sur les deux technologies. Si maintenant on s'intéresse à l'ACI, on se rend compte de l'information potentiellement utile pour analyser la pathologie apparaît sur de nombreuses sources. Les figures 3.28 et 3.29 montrent 8 sources obtenues par ICA avec les deux technologies. Bien que ces figures ne soient que qualitatives, on se rend compte que l'imagerie hyper-spectrale peut apporter une information supplémentaire utile. En effet, pour le cas de l'imagerie hyper-spectrale, on observe que les sources 16 et 47 apportent une information nouvelle alors que pour l'imagerie multi-spectrale, seules quatre sources semblent porter une information utile.

3.4.2.3 Conclusion

En conclusion de la comparaison de l'imagerie multi-spectrale avec l'imagerie hyper-spectrale, nous pouvons dire que, pour l'application donnée, l'imagerie hyper-spectrale contient une information supplémentaire par rapport à l'imagerie multi-spectrale. On peut penser que cette information supplémentaire peut faciliter le processus de classification. Cependant l'imagerie hyper-spectrale induit des temps d'acquisition long (de l'ordre de 2 à 3 minutes par image) qui font que le patient peut bouger introduisant un flou dans l'image, et une résolution spatiale relativement faible. Cela nous amènent à conclure que l'imagerie multi-spectrale est, vis-à-vis des

données dont nous disposons, la plus appropriée au problème d'analyse de lésions d'hyper-pigmentation cutanée.

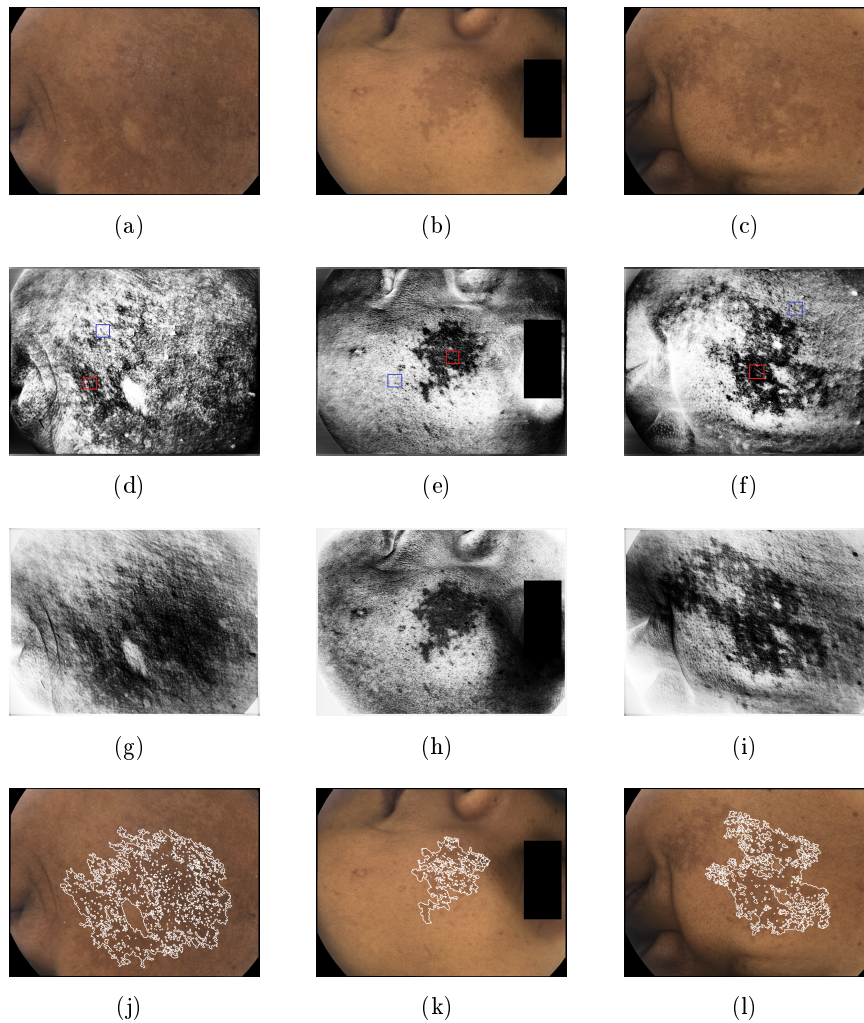


FIGURE 3.18 – Images utilisées pour l'apprentissage global pour les deux études cliniques. La première ligne montre des reconstructions couleur des images initiales. La seconde ligne montre une bande filtrée avec le filtre de Fourier à 40% et l'emplacement des zones d'entraînement. Les rectangles rouges montrent les zones d'apprentissage pathologiques, et les rectangles bleus indiquent les zones d'apprentissage saines. La troisième ligne montre une bande filtrée avec le filtre de Fourier à 20%. La quatrième ligne montre les classifications finales obtenues sur les images d'apprentissage. Les patients utilisés (a) le patient 9001 de la seconde étude clinique, (b) le patient 9015 de la seconde étude clinique et (c) le patient 9024 de la seconde étude clinique.

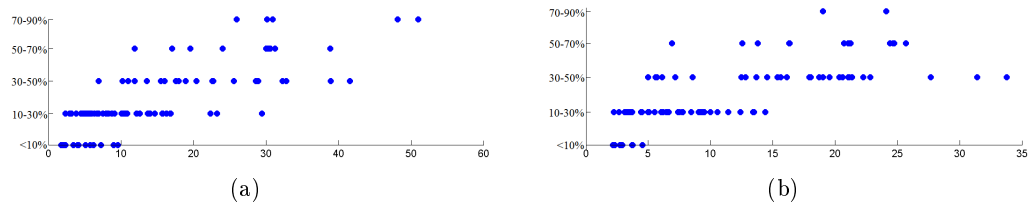


FIGURE 3.19 – Corrélation entre la mesure du dermatologue et les mesures de la méthodologie proposée sur (a) la première étude contenant 48 patients et (b) la deuxième étude contenant 44 patients.

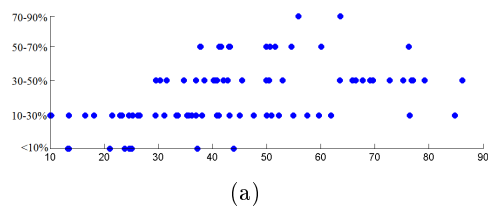


FIGURE 3.20 – Corrélation entre la mesure du dermatologue et les mesures de surface obtenues par SVM entraîné indépendamment sur chacune des images de la seconde étude contenant 44 patients.

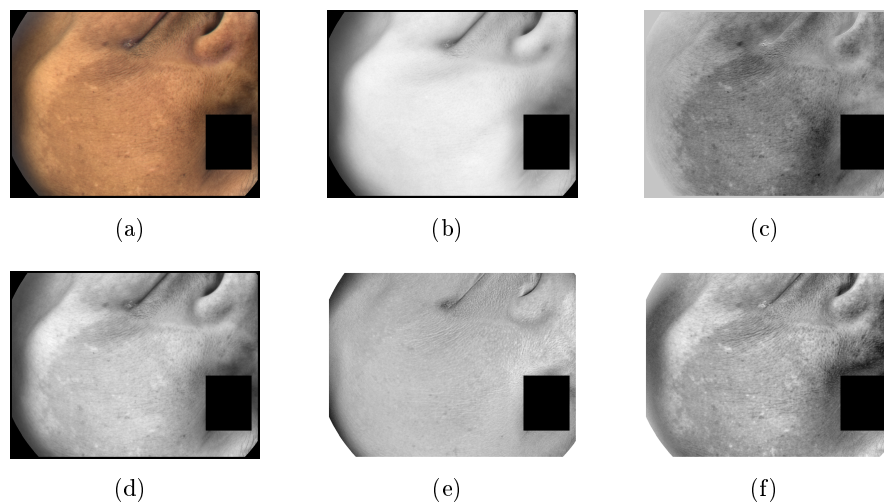


FIGURE 3.21 – Comparaison des méthodes de compensation de volumes entre imagerie multi-spectrale et imagerie couleur sur un exemple (patient 9011 de la première étude clinique). (a) Image couleur reconstruite, (b) Bande infrarouge, (c) Compensation par la bande infrarouge, (d) Bande rouge, (e) Estimation des volumes sur image couleur, (f) Compensation par l'image de volume estimée sur image couleur.

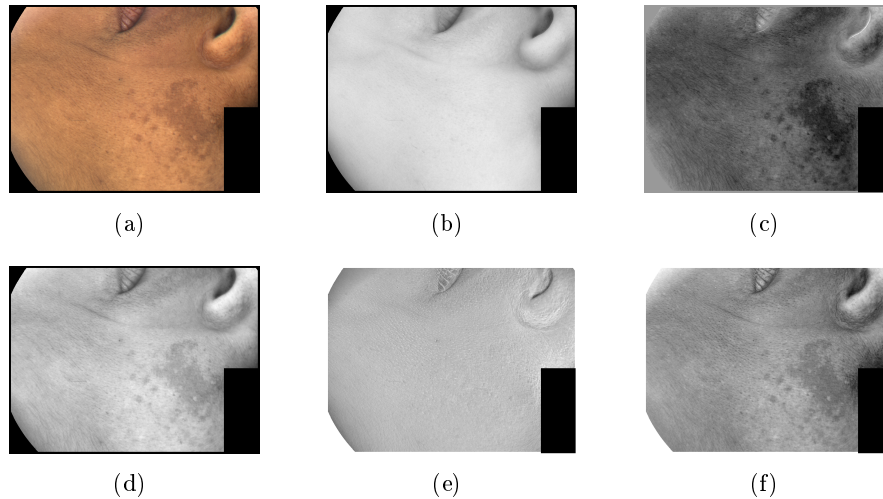


FIGURE 3.22 – Comparaison des méthodes de compensation de volumes entre imagerie multi-spectrale et imagerie couleur sur un exemple. (a) image couleur reconstruite, (b) bande infrarouge, (c) compensation par la bande infrarouge, (d) bande rouge, (e) estimation des volumes sur image couleur, (f) compensation par l'image de volume estimée sur image couleur.

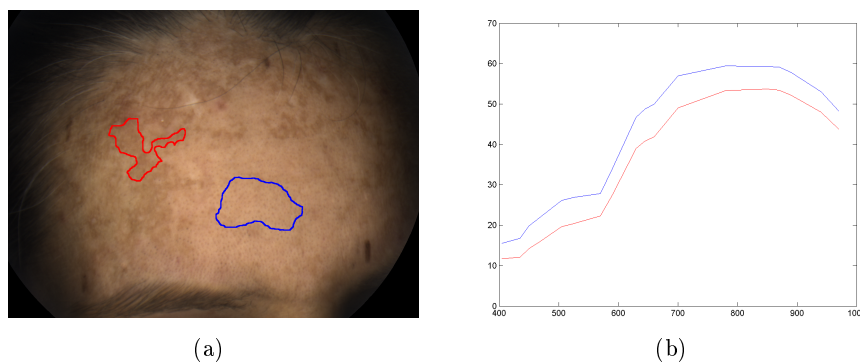


FIGURE 3.23 – Zones d'intérêt et spectre sain et pathologique moyens sur une image de mélasma avec de l'imagerie multi-spectrale. (a) Zones d'intérêt délimitées manuellement. En bleu, la zone saine et en rouge, la zone pathologique. (b) spectre moyen sain en bleu et spectre moyen pathologique en rouge. **Abscisse** : longueur d'onde en nanomètres, **ordonnée** : intensité dans l'image

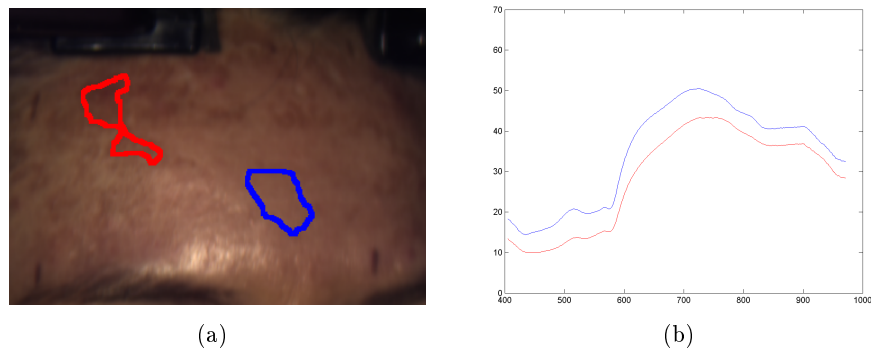


FIGURE 3.24 – Zones d'intérêt et spectre sain et pathologique moyen sur une image de mélasma avec de l'imagerie hyper-spectrale. (a) zones d'intérêt délimitées manuellement. En bleu, la zone saine et en rouge, la zone pathologique. (b) spectre moyen sain en bleu et spectre moyen pathologique en rouge. **Abscisse** : longueur d'onde en nanomètres, **ordonnée** : intensité dans l'image

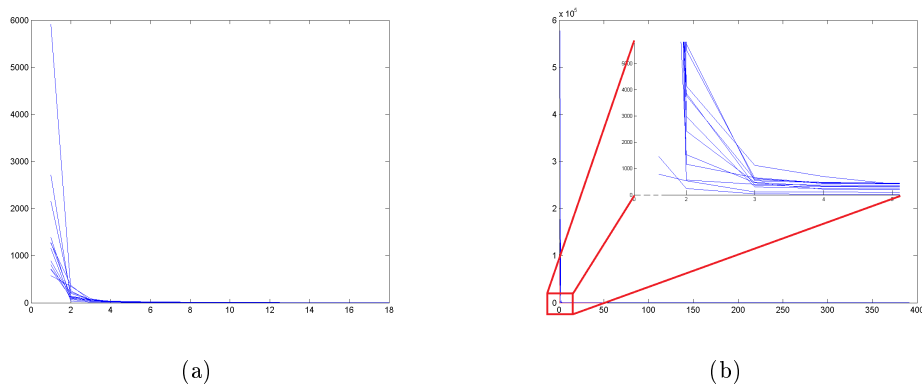


FIGURE 3.25 – Courbes de décroissance des valeurs propres de l'ACP pour les 12 patients étudiées, (a) avec les images multi-spectrales, (b) avec les images hyper-spectrales.

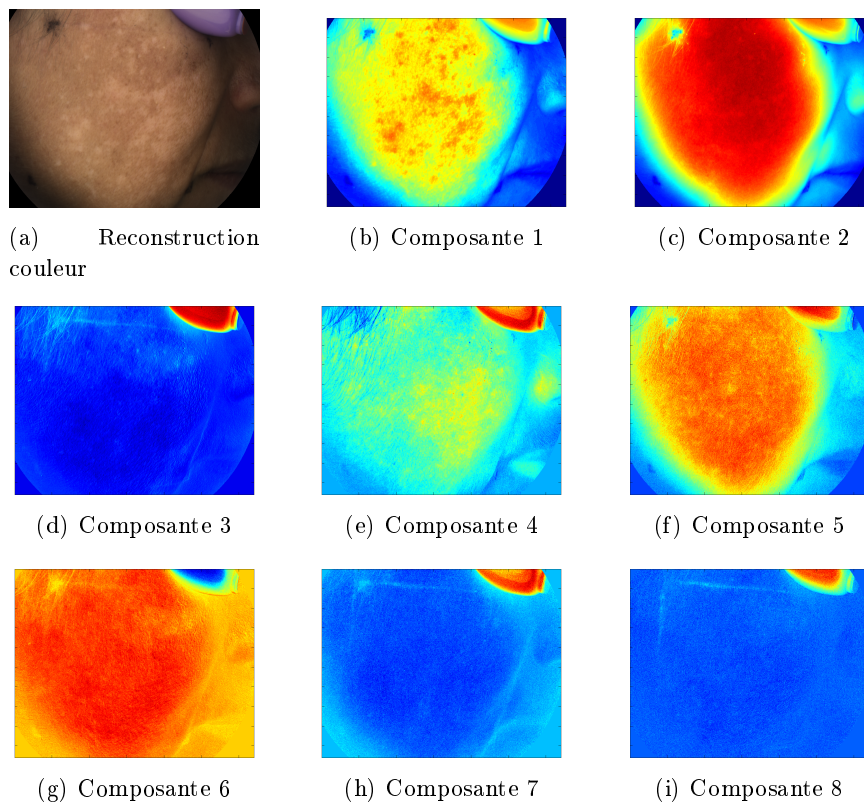


FIGURE 3.26 – Composantes obtenues par ACP pour une image multi-spectrale, (a) image couleur reconstruite, (b-j) 8 premières composantes obtenues par ACP. (Patient 023 t1 de l'étude multi/hyper).

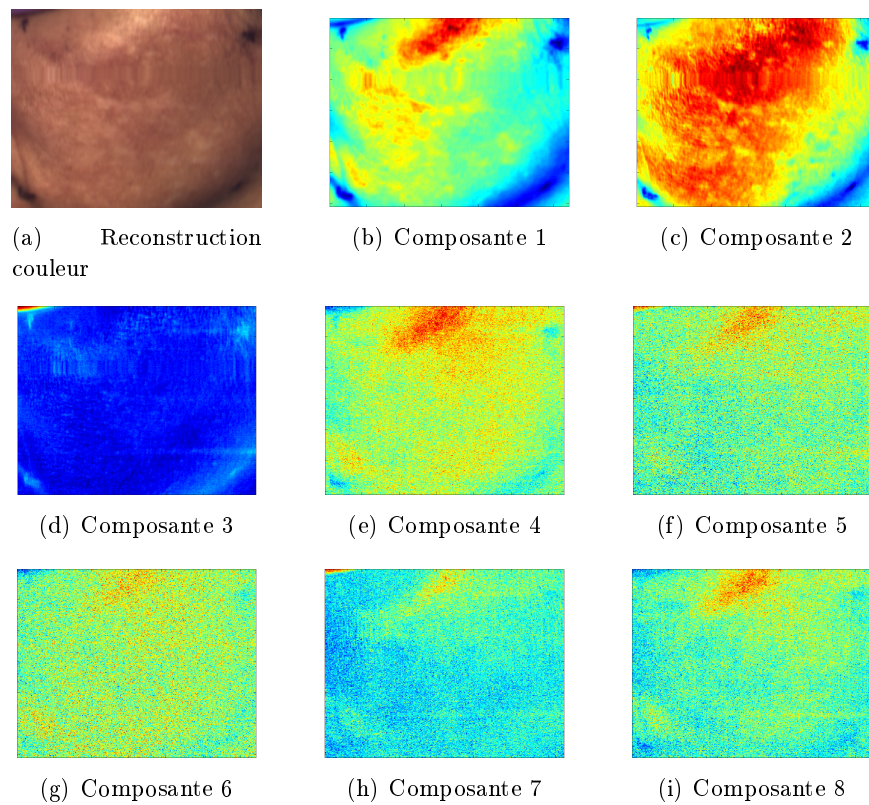


FIGURE 3.27 – Composantes obtenues par ACP pour une image hyper-spectrale , (a) image couleur reconstruite, (b-j) 8 premières composantes obtenues par ACP. (Patient 023 t1 de l'étude multi/hyper).

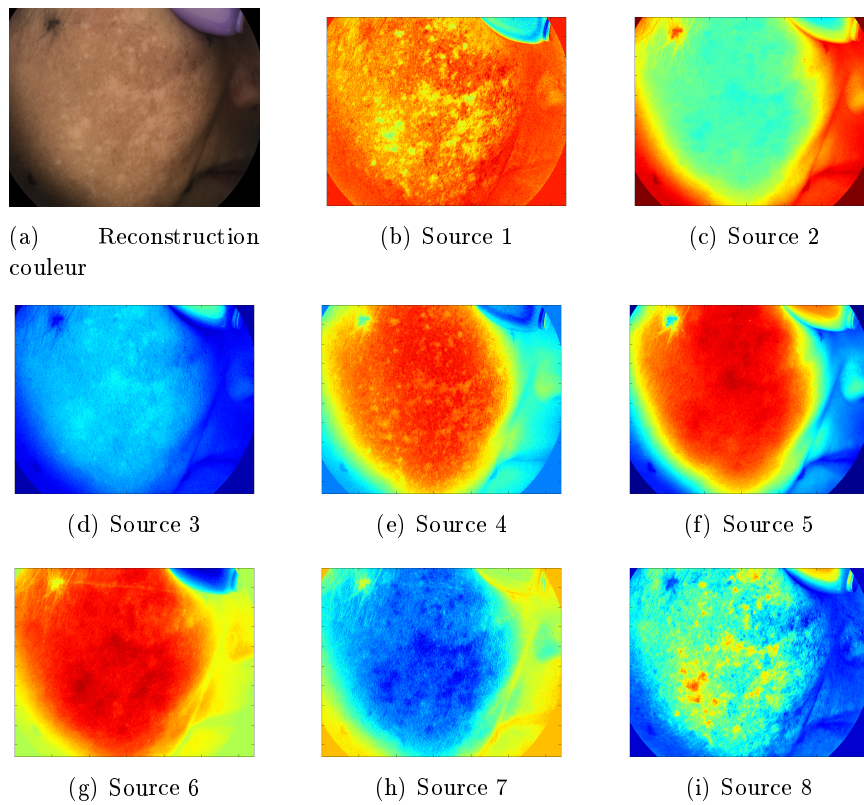


FIGURE 3.28 – Sources obtenues par ACI pour une image multi-spectrale, (a) image couleur reconstruite, (b-j) 8 sources obtenues par ACI. (Patient 023 t1 de l'étude multi/hyper).

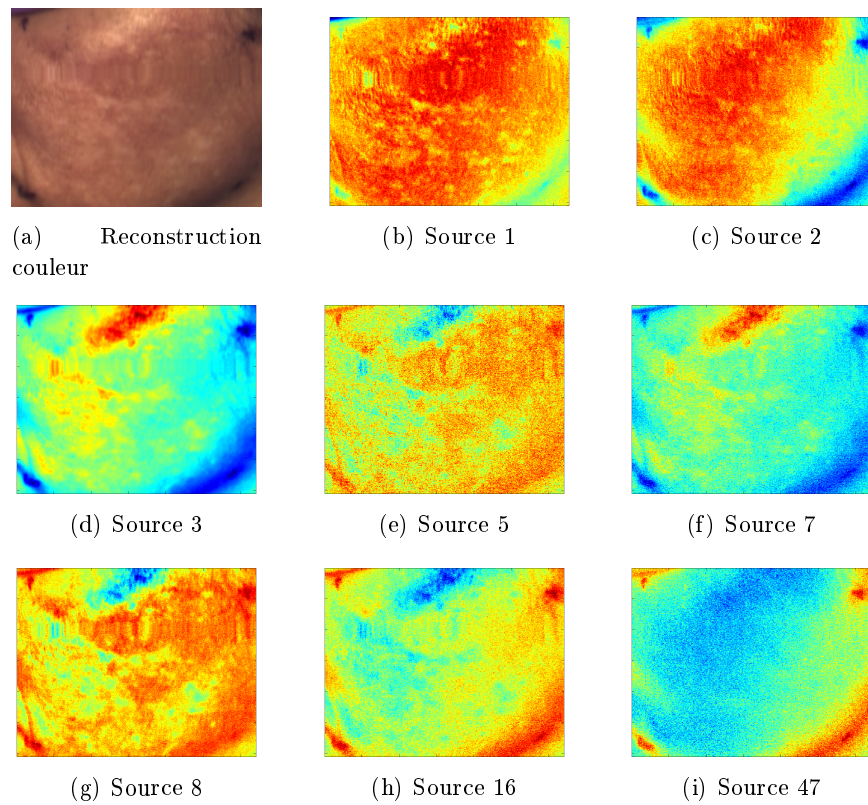


FIGURE 3.29 – Sources obtenues par ACI pour une image hyper-spectrale , (a) image couleur reconstruite, (b-j) 8 sources obtenues par ACI.(Patient 023 t1 de l'étude multi/hyper).

Conclusion

Sommaire

4.1 Conclusion	119
4.2 Perceptives	120
4.2.1 Perspectives d'amélioration	120
4.2.2 Perspectives d'extension des méthodes	120

4.1 Conclusion

Dans ce manuscrit, un protocole d'analyse d'une étude clinique de mélasma à partir d'images multi-spectrales a été mis en place. Une étude clinique comporte au moins deux traitements à l'étude. Pour chaque traitement, une population de patients reçoit sur une joue le traitement à l'étude et sur l'autre joue un traitement comparateur. Ainsi deux images sont prises par patient. Ce couple d'images est acquit à différents temps de mesures durant la période de traitement. Le protocole proposé et mis en place permet de recalculer géométriquement les images de chaque patient de la série temporelle. Puis, la classification proposée permet d'isoler une zone d'intérêt dont on évalue l'évolution sous traitement. Une méthodologie a été développée afin d'intégrer l'information spectrale des images et de réaliser une détection de changement spatialement. Cette méthodologie a permis d'obtenir un critère qui, sur une étude clinique de test, a donné des résultats concordants avec l'analyse clinique. Enfin, une méthodologie de quantification de changement par une méthode multi-échelle fondée sur les inférences statistiques a abouti à un critère d'homogénéité qui apporte une information supplémentaire pour les patients dont la pathologie a évolué. La quantification de degré de sévérité et de changement de la pathologie ainsi obtenue est automatique. Cela permet de rendre l'évaluation de l'effet d'un traitement plus objective.

La contribution de ce travail de thèse consiste tout d'abord à la mise en place du schéma d'analyse illustré en figure ???. Cette méthode d'analyse d'une étude clinique résulte du travail de comparaison et d'étude des méthodes de classification et de détection de changement. Pour chacune des étapes de traitement : classification, intégration spectrale et quantification des changements, un état de l'art a été réalisé afin de comparer les méthodes existantes. Puis, une méthodologie adaptée à l'application visée a été proposée. Afin de mettre en place un critère de sévérité, un critère clinique a été analysé. Partant de cette analyse, un critère comparable

utilisant des images multi-spectrales a été proposé et donne des résultats cohérents comparativement à une analyse clinique.

4.2 Perceptives

Différentes perspectives ont été identifiées. On peut les classer en deux catégories. On distingue ainsi les perspectives visant à affiner les méthodes mises en place, des perspectives concernant des extensions possibles des méthodes proposées dans ce manuscrit.

4.2.1 Perspectives d'amélioration

Dans les méthodes proposées pour l'analyse d'une étude clinique par imagerie spectrale, deux points identifiés comme améliorables de la méthodologie sont le recalage et la sélection d'une zone d'intérêt.

En effet, pour réaliser la détection des changements de la pathologie, les images d'un même patient doivent être parfaitement recalées. Dans les expérimentations réalisées, on a pu faire ce recalage. Cependant, pour environ 13% des images, l'opérateur a dû initialiser manuellement le recalage afin d'avoir une qualité de recalage suffisante. Pour une étude contenant de l'ordre de 100 patients et quatre temps de mesure, cela représente environs 30 images. Ce travail est fastidieux à réaliser. Une perspective est donc de pouvoir mettre en place un protocole lors de l'acquisition de sorte à minimiser le décalage entre les images sur une série temporelle de manière à ce que l'algorithme de recalage puisse prendre en charge automatiquement la quasi-totalité des images à recalcr.

Le second point améliorable de la méthode est la sélection d'une zone d'intérêt sur deux images par patients. La méthodologie proposée est supervisée et demande à un opérateur de sélectionner des zones extraites automatiquement. Le coté supervisé de l'approche est un atout puisque cela permet de s'assurer que les zones sur lesquelles la pathologie va être quantifiée sont adéquates. Cependant, le nombre de segments proposés par l'algorithme automatique peut être élevé, et l'opérateur doit être familiarisé avec l'outil pour réaliser la classification dans un délai raisonnable (c'est-à-dire inférieur au temps nécessaire pour faire un déroutage manuel). Une perspective est donc d'améliorer l'outil de segmentation, en diminuant le nombre de segments, pour faciliter encore le travail de l'opérateur.

4.2.2 Perspectives d'extension des méthodes

Le schéma d'analyse d'une étude clinique proposé en figure ?? est relativement général. On peut donc imaginer, à partir de ce même schéma, analyser des études cliniques d'autres pathologies que le mélasma comme par exemple la rosacée, le psoriasis ou encore l'acné. Pour adapter la méthodologie à de telles pathologies, l'étape d'analyse spectrale est suffisamment générale. L'étape de classification doit quant à elle être modifiée afin d'être adaptée aux attributs de la pathologie considérée.

Toutefois, la classification proposée est fondée sur un SVM qui est un classifieur relativement général. En revanche, l'étape de calcul de la sévérité introduit un critère spécifique à la pathologie. C'est ce critère qui nécessite le plus de modifications pour adapter la méthodologie à d'autres pathologies.

Lors de la mise en place des méthodes d'analyse des images, différents choix ont été faits. Ainsi, pour la détection de changements, on a limité l'analyse à des images monochromes. Une perspective serait alors d'étudier les changements de la pathologie non pas sur l'image monochrome choisie mais sur une image multi-spectrale initiale ou réduite [Renza 2012]. Une telle approche nécessite alors l'introduction d'une métrique pour quantifier les changements dans un espace multi-dimensionnel. Un autre choix dans l'analyse des changements entre deux temps de mesure a été de se focaliser sur les changements dans le sens de la diminution de la pathologie. La sévérité mesurée ne tient alors pas compte d'éventuels effets secondaires ou d'une aggravation de la pathologie. Une perspective est alors d'étudier tous les changements possibles de la pathologie.

Intégration spectrale et représentation des espaces couleur

Afin de comparer les techniques d'acquisition de signaux de la peau, une transformation de l'image spectrale vers une image couleur ou une composante de luminance est nécessaire. La correspondance entre les espaces colorimétriques pour faire ces transformations est détaillée dans cette annexe. La première étape de transformation de l'image spectrale est d'intégrer le spectre de l'image pour obtenir une composition de l'image dans l'espace XYZ . Ensuite, la correspondance entre les espaces colorimétriques permet d'obtenir soit une image couleur (RVB), soit une image L^*a^*b .

A.1 Intégration spectrale

Afin de calculer les trois composantes d'intérêt (RVB ou L^*a^*b), on intègre le spectre de l'image vers un espace intermédiaire XYZ . En effet, la commission internationale de l'éclairage (CIE) a défini un ensemble de trois couleurs appelées $\bar{x}(\lambda)$, $\bar{y}(\lambda)$, et $\bar{z}(\lambda)$, qui sont les courbes de sensibilité spectrale de trois détecteurs de lumière linéaires qui donnent les CIE XYZ trichromatiques X , Y et Z par intégration [Harris 1990] :

$$\begin{aligned} X &= \int_0^\infty I(\lambda) \bar{x}(\lambda) d\lambda \\ Y &= \int_0^\infty I(\lambda) \bar{y}(\lambda) d\lambda \\ Z &= \int_0^\infty I(\lambda) \bar{z}(\lambda) d\lambda \end{aligned}$$

les valeurs numériques de ces fonctions $\bar{x}(\lambda)$, $\bar{y}(\lambda)$, et $\bar{z}(\lambda)$ sont tabulées et sont connues sous le nom d'observateur (colorimétrique) standard CIE. L'origine de ces fonctions vient de la perception humaine des couleurs. L'œil humain contient trois types de bâtonnets qui captent l'équivalent de trois longueurs d'ondes. Ce sont ces capteurs qui déterminent la sensibilité de l'œil humain aux couleurs. Étant donné que la perception des couleurs varie en fonction d'un individu, la CIE a défini un observateur (colorimétrique) standard. Différents observateurs standards sont alors définis en fonction des conditions d'observation [Stiles 1959, Speranskaya 1959, Schanda 2007]. Dans l'application traitée ici, les coefficients utilisés sont ceux de l'observateur (colorimétrique) standard CIE 1931 2-degré, qui ont été modifiés par Judd [Judd 1951]. La figure A.1 illustre ces coefficients

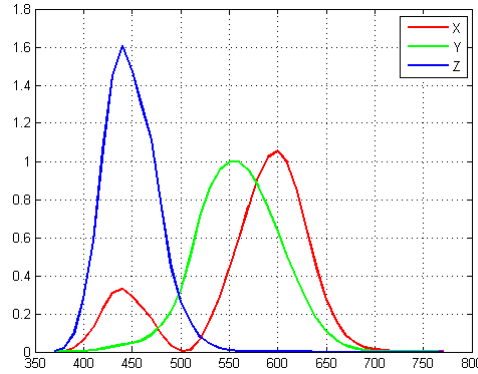


FIGURE A.1 – Coefficient de sensibilité aux longueurs d’ondes de l’observateur (colorimétrique) standard CIE 1931 2-degré

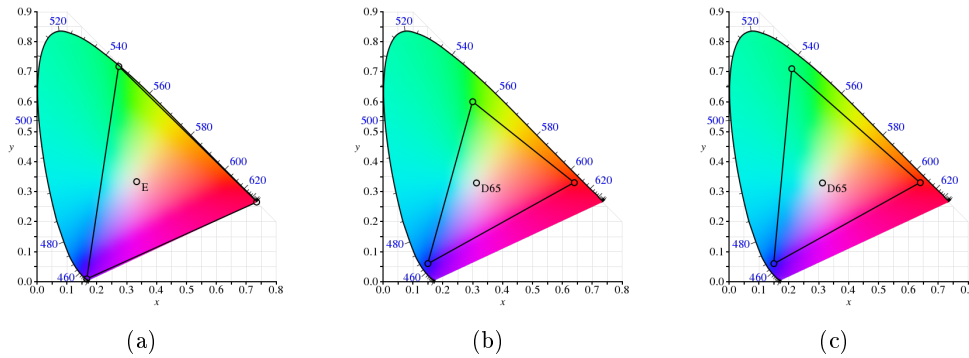


FIGURE A.2 – Définitions de trois espaces couleur dans l’espace XYZ (source : Wikipedia)

d’intégration. Ces coefficients sont naturellement choisis car l’angle d’incidence 2-degré est celui qui correspond le mieux aux conditions d’acquisition des images spectrales étudiées.

A.2 Espace RVB

La représentation **RVB** correspond à un changement de base depuis l’espace XYZ . Différents espaces **RVB** ont été définis. Chacun de ces espaces diffèrent dans la définition du rouge, du vert et du bleu depuis l’espace XYZ . La figure A.2 illustre quelques-uns de ces espaces. Ici, l’on choisit d’utiliser l’espace couleur *sRGB*. Ce changement de base contient deux étapes. Notons R_{linear} , V_{linear} et B_{linear} les trois composante **RVB** obtenues par transformation linéaire. On a alors [Stokes 1996] :

$$\begin{bmatrix} R_{\text{linear}} \\ V_{\text{linear}} \\ B_{\text{linear}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 3.2406 & -1.5372 & -0.4986 \\ -0.9689 & 1.8758 & 0.0415 \\ 0.0557 & -0.2040 & 1.0570 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} X \\ Y \\ Z \end{bmatrix} \quad (\text{A.1})$$

Les valeurs **RVB** sont généralement linéaires avec la couleur blanche représentée par le triplet $(1, 1, 1)$. La transformation de l'équation A.1 est alors calculée à partir des valeurs XYZ normalisées par le blanc $D65$, c'est à dire de luminance d'unité ($X = 0.9505$, $Y = 1.0000$, $Z = 1.0890$). Puis, pour transformer ces valeurs linéaires vers l'espace $sRGB$ une transformation non linéaire est appliquée. Notons C_{linear} représentant R_{linear} , V_{linear} , ou B_{linear} , et C_{srgb} représentant R_{srgb} , V_{srgb} ou B_{srgb} . La transformation non linéaire appliquée est alors [Stokes 1996] :

$$C_{\text{srgb}} = \begin{cases} 12.92C_{\text{linear}}, & C_{\text{linear}} \leq 0.0031308 \\ (1 + a)C_{\text{linear}}^{1/2.4} - a, & C_{\text{linear}} > 0.0031308 \end{cases} \quad (\text{A.2})$$

avec $a = 0.055$.

A.3 Espace CIE L^*a^*b

La transformation de l'espace XYZ vers l'espace L^*a^*b consiste en une transformation non linéaire de manière à obtenir trois composantes :

- La composante L^* est la clarté, qui va de 0 (noir) à 100 (blanc).
- La composante a^* représente la gamme de l'axe rouge (valeur positive) au vert (négative) en passant par le gris (0).
- La composante b^* représente la gamme de l'axe jaune (valeur positive) au bleu (négative) en passant par le gris (0).

La conversion XYZ vers L^*a^*b se fait par la transformation suivante [Schanda 2007] :

$$L^* = 116f(Y/Y_n) - 16, \quad (\text{A.3})$$

$$a^* = 500 [f(X/X_n) - f(Y/Y_n)], \quad (\text{A.4})$$

$$b^* = 200 [f(Y/Y_n) - f(Z/Z_n)], \quad (\text{A.5})$$

où

$$f(t) = \begin{cases} t^{1/3} & \text{si } t > (\frac{6}{29})^3, \\ \frac{1}{3} (\frac{29}{6})^2 t + \frac{4}{29} & \text{sinon.} \end{cases} \quad (\text{A.6})$$

avec X_n , Y_n et Z_n les composantes du blanc de référence décrit dans l'espace XYZ . Ici le blanc $D65$ ($X = 0.9505$, $Y = 1.0000$, $Z = 1.0890$) est utilisé.

ANNEXE B

Exemples d'images multi-spectrales

Dans cette annexe sont montrées chacune des 18 bandes spectrales de trois patients dont le mélasma présente des caractéristiques différentes.

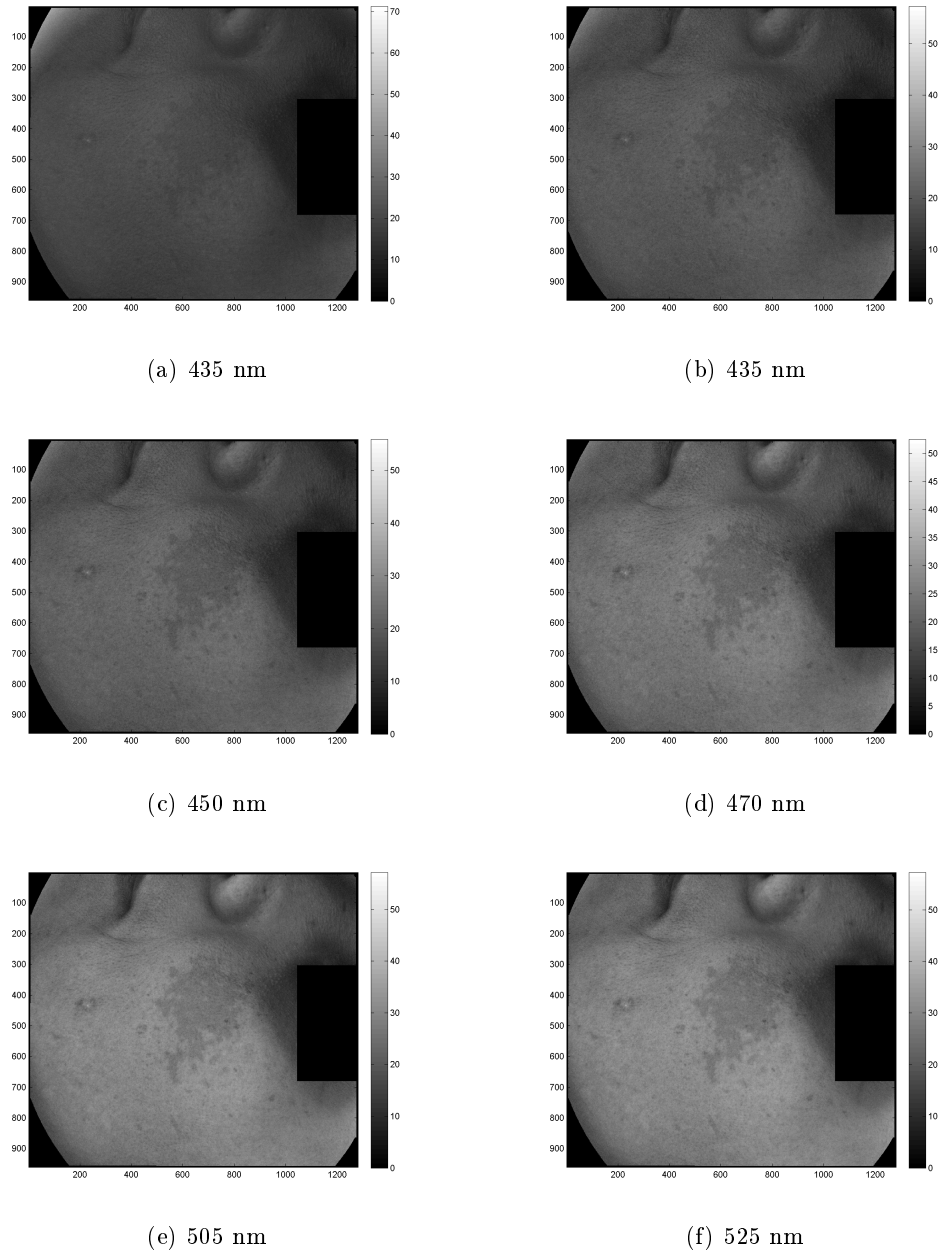


FIGURE B.1 – Exemple d'image multi-spectrale (patient 9001 de la seconde étude clinique).

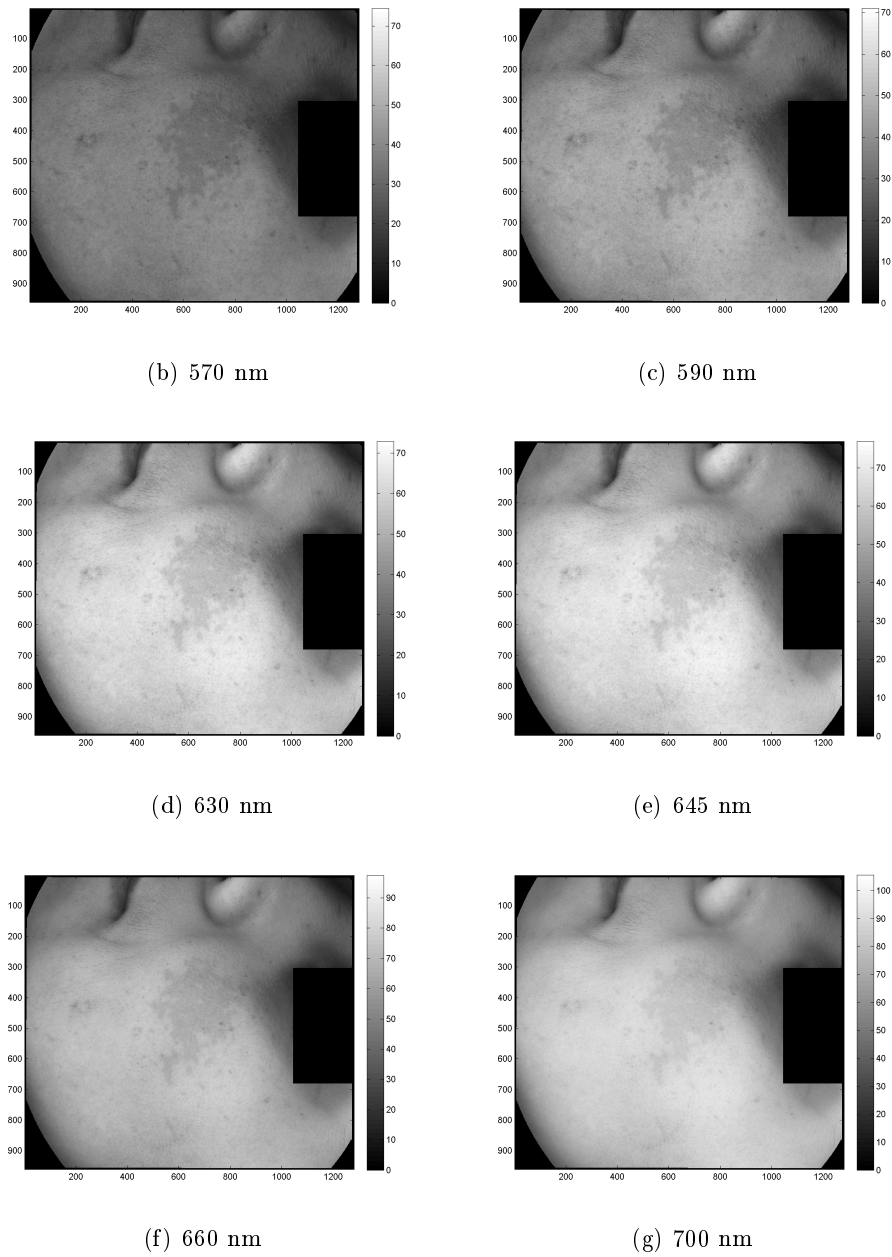
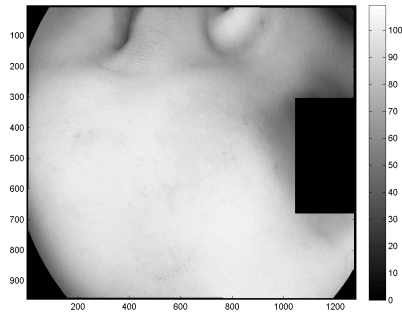
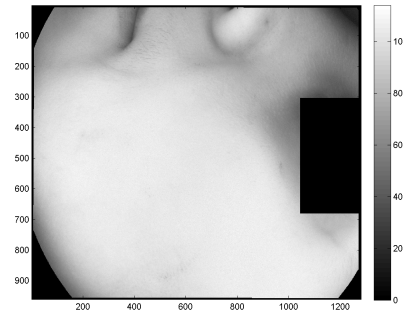


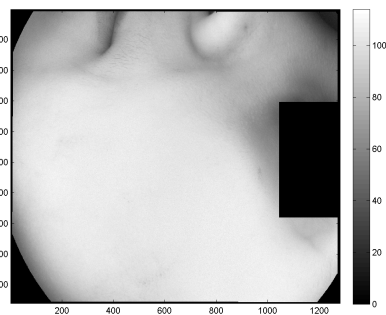
FIGURE B.1 – Exemple d'image multi-spectrale (patient 9001 de la seconde étude clinique).



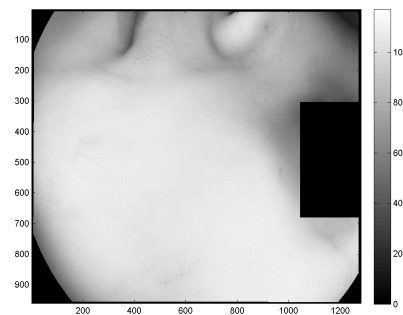
(b) 780 nm



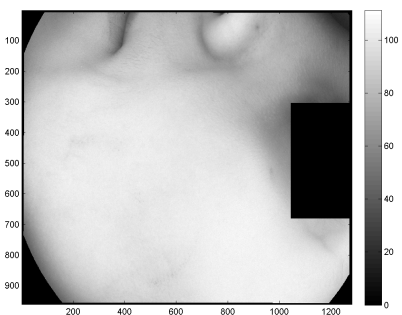
(c) 850 nm



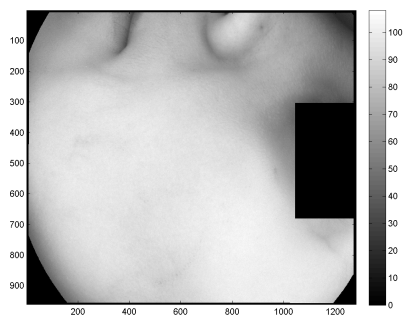
(d) 870 nm



(e) 890 nm



(f) 940 nm



(g) 970 nm

FIGURE B.1 – Exemple d'image multi-spectrale (patient 9001 de la seconde étude clinique).

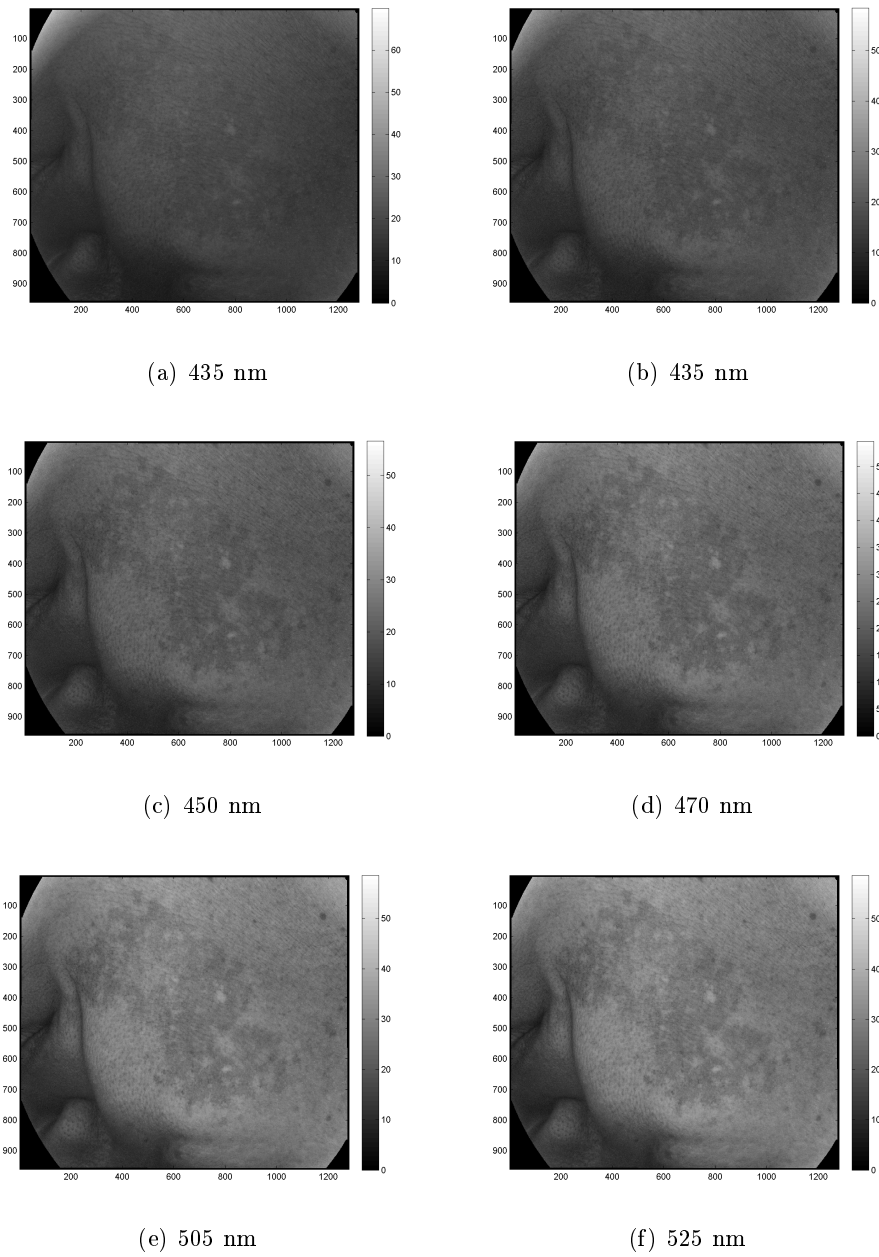
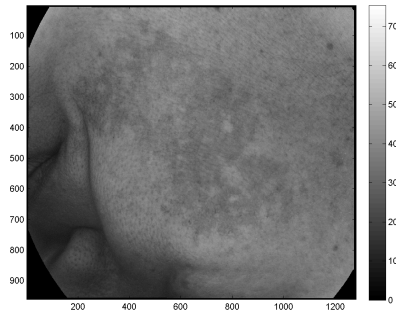
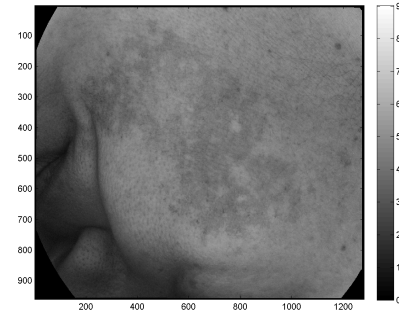


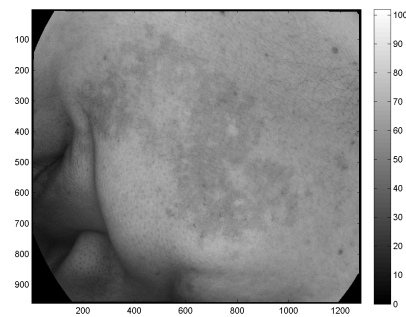
FIGURE B.2 – Exemple d'image multi-spectrale (patient 9015 de la seconde étude clinique).



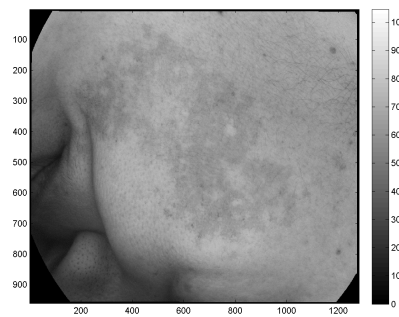
(b) 570 nm



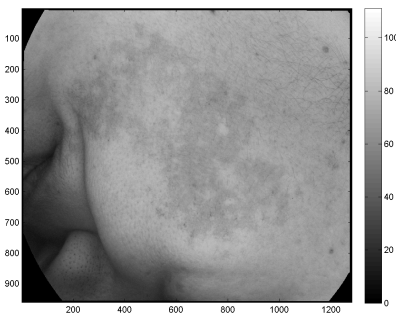
(c) 590 nm



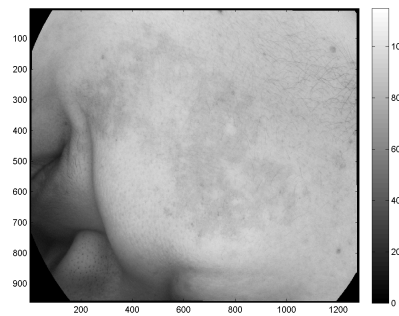
(d) 630 nm



(e) 645 nm



(f) 660 nm



(g) 700 nm

FIGURE B.2 – Exemple d'image multi-spectrale (patient 9015 de la seconde étude clinique).

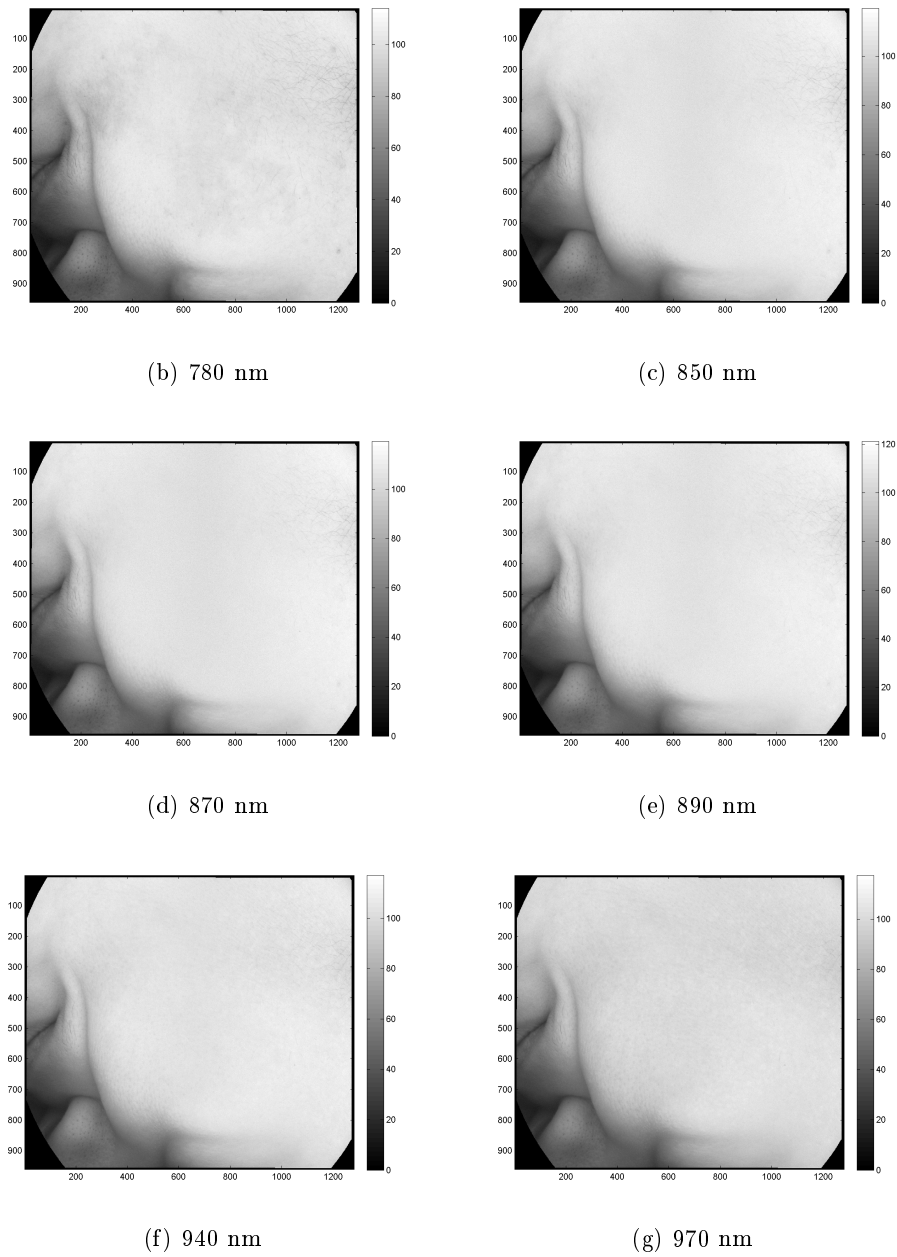
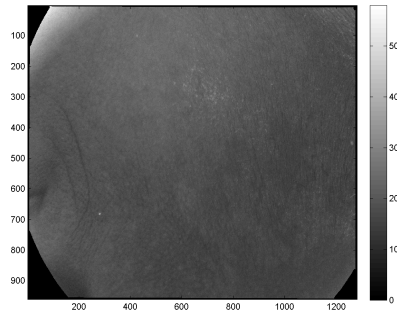
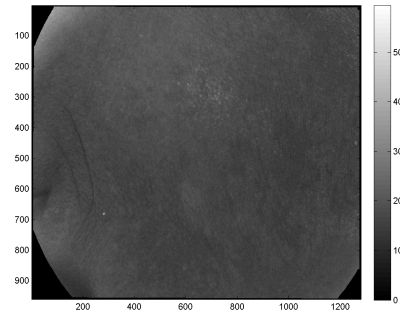


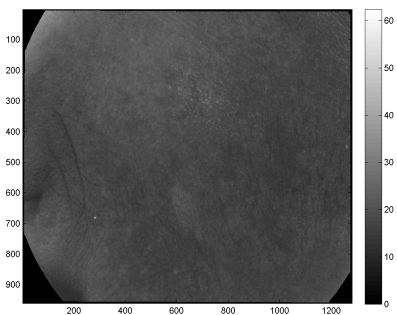
FIGURE B.2 – Exemple d'image multi-spectrale (patient 9015 de la seconde étude clinique).



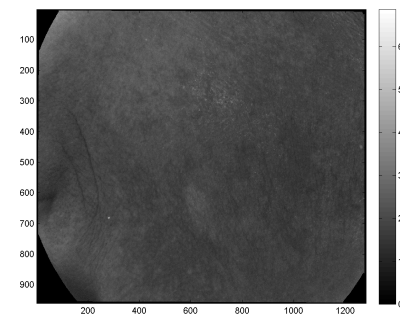
(a) 435 nm



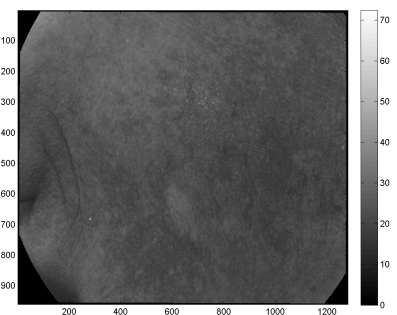
(b) 435 nm



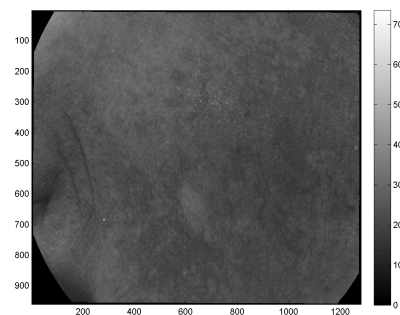
(c) 450 nm



(d) 470 nm



(e) 505 nm



(f) 525 nm

FIGURE B.3 – Exemple d'image multi-spectrale (patient 9024 de la seconde étude clinique).

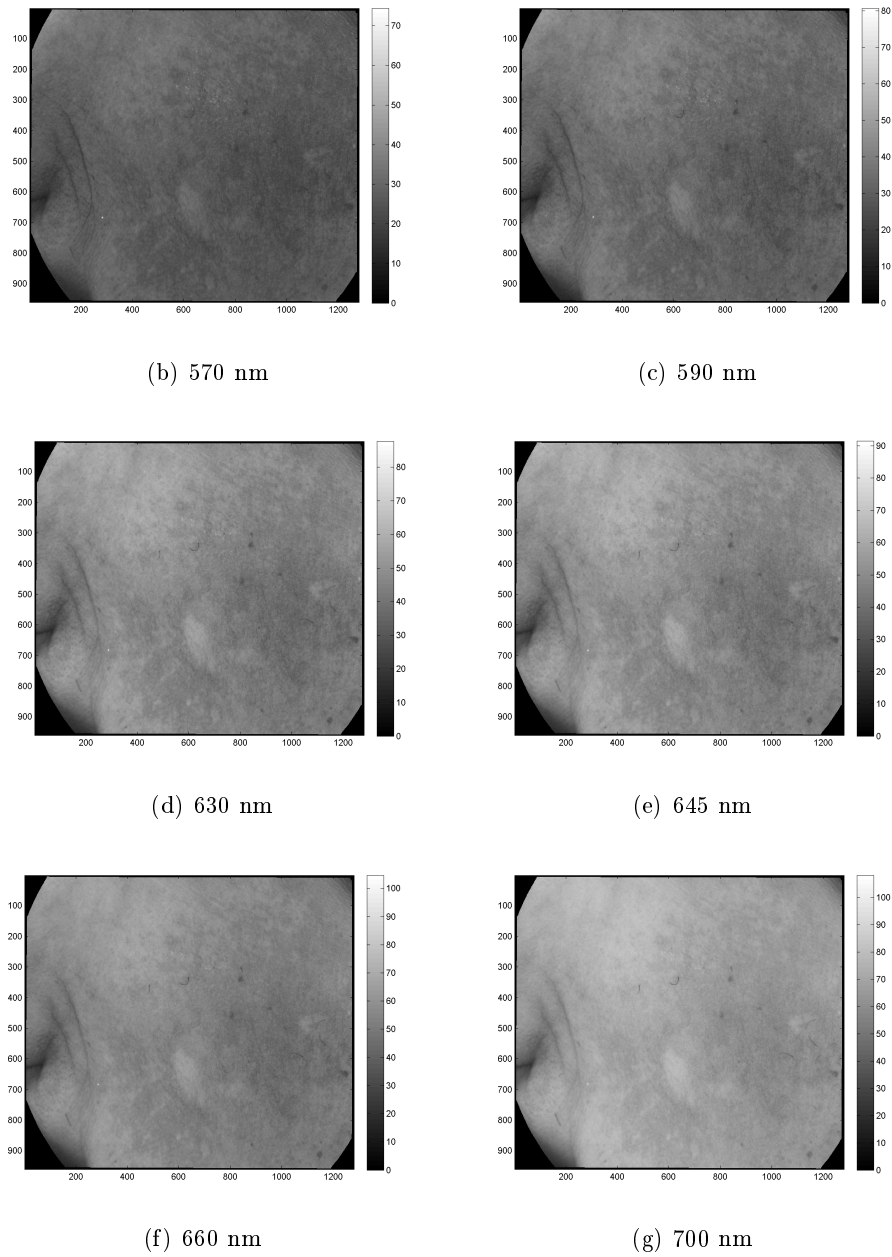


FIGURE B.3 – Exemple d'image multi-spectrale (patient 9024 de la seconde étude clinique).

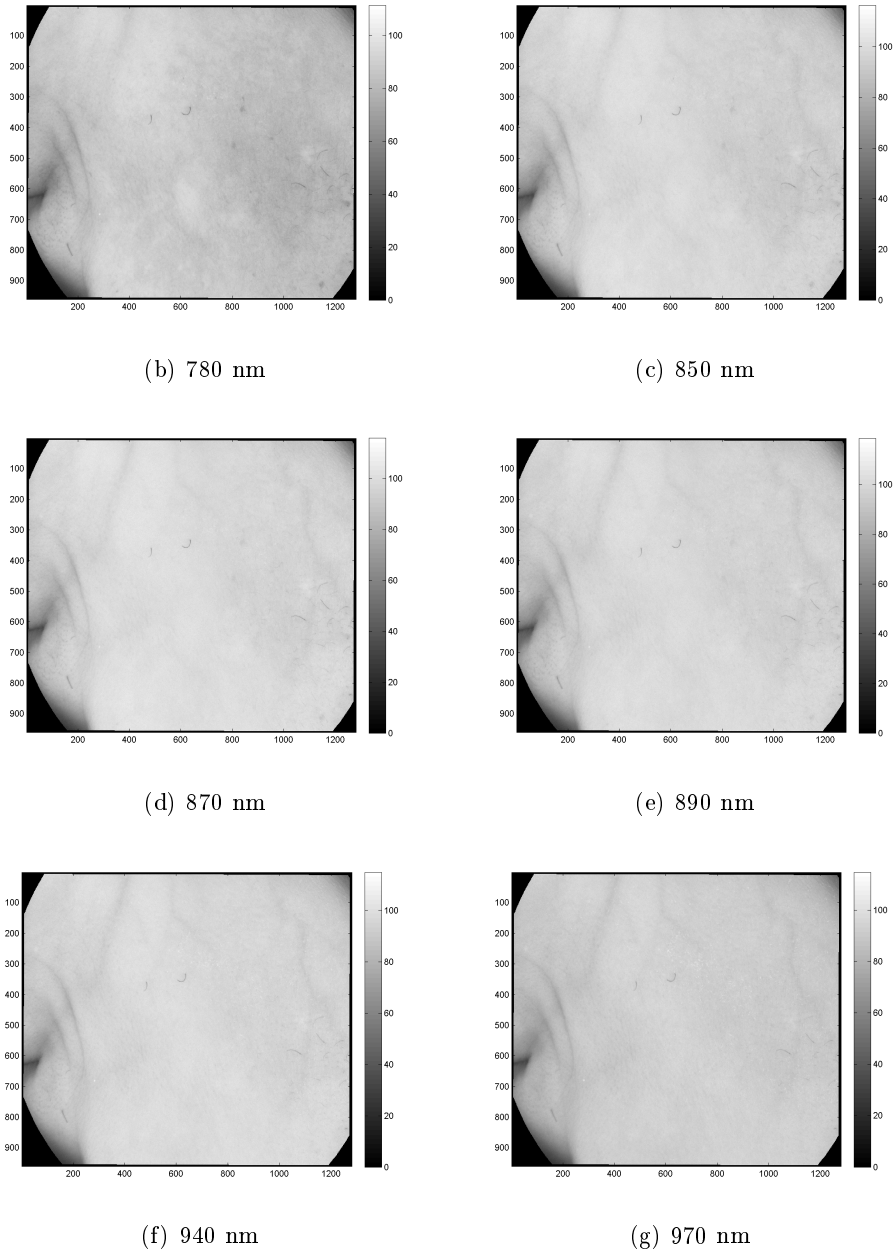


FIGURE B.3 – Exemple d'image multi-spectrale (patient 9024 de la seconde étude clinique).

Estimation de la matrice de mélange par un algorithme de point fixe

C.1 Description de la méthode

Dans [Hyvarinen 1999], Hyvarinen propose un algorithme pour calculer la matrice A qui contient le mélange des sources. Dans cette méthode, on ne va pas chercher à déterminer A , mais W qui est la matrice inverse ou pseudo-inverse de A . On a donc :

$$S_{i,j} = WX_{i,j}. \quad (\text{C.1})$$

Pour estimer W , Hyvarinen, propose de déterminer séparément chacune des sources en utilisant la néguentropie J . On rappelle que l'entropie H d'un vecteur aléatoire y est définie par :

$$H(y) = - \int P(y) \log(P(y)) dy \quad (\text{C.2})$$

avec $P(y)$ la densité de probabilité de la variable aléatoire y .

La néguentropie est la différence entre deux entropies, qui, dans notre problème, vise à mesurer la différence entre l'entropie d'une gaussienne et l'entropie du signal étudié.

$$J(y) = H(y_{Gauss}) - H(y), \quad (\text{C.3})$$

Avec $H(y)$ l'entropie du signal étudié, et $H(y_{Gauss})$ l'entropie d'une variable aléatoire gaussienne de même matrice de covariance que y .

Pour réaliser la séparation de sources et ainsi avoir n sources indépendantes, il faut, grâce à cette néguentropie, minimiser l'information mutuelle I entre les n sources. Cette information mutuelle s'écrit :

$$I(y_1, y_2, \dots, y_n) = J(Y) - \sum_i J(y_i). \quad (\text{C.4})$$

Ainsi, la détermination de la matrice W se fait de manière itérative en minimisant l'information mutuelle entre les composantes pures du signal, ce qui est équivalent à rechercher les directions dans lesquelles la néguentropie est maximisée. On est donc ramené à une sorte de poursuite de projection en utilisant la néguentropie J comme indice de projection.

Pour pouvoir exploiter J comme un indice de projection, Hyvarinen a introduit une approximation sur le maximum d'entropie principale [Hyvarinen 1999] :

$$J(y_i) \simeq c [\mathbf{E}\{G(y_i)\} - \mathbf{E}\{G(\nu)\}]^2 \quad (\text{C.5})$$

Avec \mathbf{E} l'espérance mathématique, G une fonction quelconque non quadratique, ν une variable gaussienne centrée réduite, et c une constante. y_i est le signal étudié, centré réduit pour une des composantes pures.

Avec $y_i = w^t x$ l'équation (C.5) devient :

$$J_G(w) = c [\mathbf{E}\{G(w^t x)\} - \mathbf{E}\{G(\nu)\}]^2 \quad (\text{C.6})$$

Cet indice J_G permet ainsi de calculer les composantes pures séparément. C'est-à-dire de calculer une à une les lignes de la matrice W . Pour éviter de calculer plusieurs fois la même composante, et s'assurer que les sources soient séparées, à chaque itération, on ajoute une contrainte d'orthogonalité entre les lignes de W .

Finalement, le problème d'optimisation proposé s'écrit de la manière suivante :

$$\max_W \sum_{i=1}^n J_G(w_i) \quad (\text{C.7})$$

Sous la contrainte d'orthogonalité :

$$\mathbf{E}\{(w_k^t x)(w_j^t x)\} = 0 \quad (\text{C.8})$$

C.1.1 Choix de la fonction G

Dans [Hyvarinen 1999], Hyvarinen énonce le théorème suivant :

La trace de la matrice de covariance asymptotique de l'estimation de w par optimisation de J_G est maximisée lorsque G est de la forme :

$$G_{opt}(u) = k_1 \log P_i(u) + k_2 u_2 + k_3 \quad (\text{C.9})$$

Avec $P_i(\cdot)$ densité de probabilité du signal s en i et k_1, k_2, k_3 trois constantes.

Ainsi, si l'on modélise le signal s par une densité de probabilité exponentielle,

$$P_\alpha(s) = k_1 \exp(k_2 |s|^\alpha) \quad (\text{C.10})$$

pour $0 < \alpha < 2$ on a une distribution super-gaussienne, pour $\alpha = 2$ une distribution gaussienne, et pour $\alpha > 2$ une distribution sub-gaussienne.

D'après ce théorème, pour G , on choisira donc une fonction de la forme

$$G_{opt}(u) = |u|^\alpha. \quad (\text{C.11})$$

Ainsi, trois indices sont proposés dans [Hyvarinen 1999] :

– Pour des distributions super-gaussiennes :

$$G_1(u) = \frac{1}{\alpha_1} \log(\cosh(\alpha_1 u)) \text{ tel que } 1 \leq \alpha_1 \leq 2 \quad (\text{C.12})$$

– f) Pour des distributions gaussiennes :

$$G_2(u) = \frac{1}{\alpha_2} \exp\left(-\frac{\alpha_2 u^2}{2}\right) \text{ tel que } \alpha_2 \simeq 1 \quad (\text{C.13})$$

– Pour des distributions sub-gaussiennes :

$$G_3(u) = \frac{1}{4} u^4 \quad (\text{C.14})$$

C.1.2 Mise en oeuvre du calcul de W :

L'optimisation de W en utilisant l'indice J_G , peut se faire par descente de gradient ou par poursuite de projection. Ici, on utilise un algorithme de point fixe proposé par [Hyvarinen 1999].

La première étape de cet algorithme consiste à blanchir (ou sphériser) les données. Ainsi on transforme la variable x en une variable x_b telle que la matrice de corrélation de x_b soit la matrice identité :

$$\mathbf{E}\{x_b x_b^t\} = I_d \quad (\text{C.15})$$

La condition de Kuhn-Tucker dit que l'optimisation de $\mathbf{E}\{w^t x\}$ sous la contrainte $\mathbf{E}\{(w^t x)^2\} = \|w\|^2 = 1$ est obtenue lorsque $\mathbf{E}\{xg(w^t x)\} - \mathbf{E}\{w_0^t xg(w_0^t x)\}w = 0$ avec w_0 la valeur de w à l'optimum.

En résolvant cette équation par la méthode de Newton, chacune des colonnes de la matrice W peut être calculée itérativement par :

$$w^+ = \mathbf{E}\{xg(w^T x)\} - \mathbf{E}\{g'(w^t x)\}w \quad (\text{C.16})$$

$$w^* = \frac{w^+}{\|w^+\|} \quad (\text{C.17})$$

Avec w^+ la valeur de w calculée à la nouvelle itération, g la dérivée de G et w^* la nouvelle valeur de w à la fin de l'itération. On remarque qu'une normalisation est ajoutée pour stabiliser l'algorithme.

Une deuxième formulation de cet algorithme est proposée dans [Hyvarinen 1999] pour assurer la convergence. Cette méthode introduit un facteur μ compris entre 0 et 1. Lorsque ce facteur est égal à 1, on est ramené au problème précédent. Ainsi, au fil des itérations, si la convergence est compromise, μ est diminué afin de satisfaire la convergence. En fait, cela permet de passer d'une résolution de type Newton à une descente de gradient :

$$w^+ = w - \mu \frac{\mathbf{E}\{xg(w^t x)\} - \beta w}{\mathbf{E}\{g'(w^t x)\} - \beta} \quad (\text{C.18})$$

$$w^* = \frac{w^+}{\|w^+\|} \quad (\text{C.19})$$

avec

$$\beta = \mathbf{E}\{w^t xg(w^t x)\} \quad (\text{C.20})$$

C.2 Pseudo-algorithme “FastICA”

On note X le signal à analyser. L'image X 3D de taille $[Nl, Nc, Nb]$ est réorganisée sous la forme d'une matrice 2D contenant une bande spectrale par ligne. X est donc de taille $[Nb, Nl \cdot Nc]$

Algorithme 4 Pseudo-algorithme “FastICA”

a) Calcul du sous espace bruit :

- $M = cov(X)$
- $D = M$ diagonalisée
- $E =$ vecteurs propres de M
- Ranger les valeurs propres par ordre décroissant
- Réorganiser E en circonstance
- Tronquer D et E en ne gardant que les valeurs propres significatives

b) estimation de la matrice de mélange :

- Blanchir les données : $X_b = (\sqrt{D})^t X$
- Calculer W^* :

pour $k=1$ à N_b **faire**

tant que $|w_k^* - w_k| > \varepsilon$ **faire**

- initialiser arbitrairement w_k
- projeter le vecteur dans l'espace orthogonal à l'espace engendré par les vecteurs w_k déjà calculés.
- calculer w_k^* la nouvelle valeur de w_k :

$$w^* = \frac{w^+}{\|w^+\|}$$

avec

$$w^+ = w - \mu \frac{\mathbf{E}\{xg(w^t x)\} - \beta w}{\mathbf{E}\{g'(w^t x)\} - \beta}$$

et

$$\beta = \mathbf{E}\{w^t x g(w^t x)\}$$

c) Représentation des données dans la base des composantes pures :

- Faire la projection sur l'espace tout entier : $Y_{i,j} = AS_{i,j}$
 - Restreindre la projection de chaque pixel r en résolvant : $A_0 \vec{Y}_r = \sum_{i=1}^{N_b} \alpha_i A_0 \vec{A}_i$ et $\alpha_0 = 1 - \sum_{i=1}^{N_b} \alpha_i$ où A_i représente le i^{me} point du spectre pur considéré, et Y_r le point issu de la projection du r^{me} pixel sur l'espace des composantes pures tout entier.
-

Pseudo-algorithme JADE

On note X le signal à analyser. L'image X 3D de taille $[Nl, Nc, Nb]$ est réorganisée sous la forme d'une matrice 2D contenant une bande spectrale par ligne. X est donc de taille $[Nb, Nl*Nc]$

Algorithme 5 Pseudo-algorithme "JADE"

a) Calcul du sous espace bruit :

- $M = \text{covariance}(X)$
- $D = M$ diagonalisée
- $E =$ vecteurs propres de M
- Ranger les valeurs propres par ordre décroissant
- Réorganiser E en circonstance
- Tronquer D et E en ne gardant que les valeurs propres significatives

b) estimation de la matrice de mélange :

- Blanchir les données :

$$X_b = (\sqrt{D})^{-1} E^t X, \text{ on note : } W = (\sqrt{D})^{-1} E^t \quad (\text{D.1})$$

- Calculer les cumulants d'ordre 4

$$\mathcal{Q}^X(M) = E\{(X^t M X) X X^t\} - R^X \text{tr}(M R^X) - R^X M R^X - R^X M^t R^X \quad (\text{D.2})$$

avec R^X matrice de corrélation de X et M matrice quelconque (on choisit alors $M = \text{Id}$) - Diagonaliser conjointement des matrices de cumulants d'ordre 4 par l'algorithme de Jacobi, on note V la matrice des vecteurs propres calculée.

- $A = V * W$

c) Représentation des données dans la base des composantes pures :

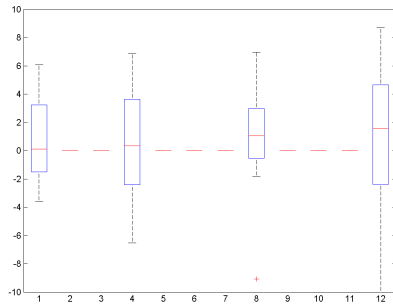
- Faire la projection sur l'espace tout entier $Y_{i,j} = A S_{i,j}$
- Restreindre la projection de chaque pixel r en résolvant :

$$A_0 \vec{Y}_r = \sum_{i=1}^M \alpha_i A_0 \vec{A}_i \text{ et } \alpha_0 = 1 - \sum_{i=1}^M \alpha_i \quad (\text{D.3})$$

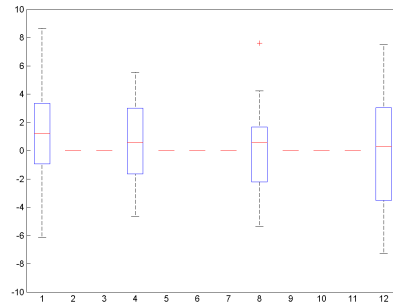
Où A_i représente le $i^{\text{ème}}$ point du spectre pur considéré, et Y_r le point issu de la projection du $r^{\text{ème}}$ pixel sur l'espace des composantes pures tout entier.

Ensemble des tests statistiques pour l'analyse du critère de contraste

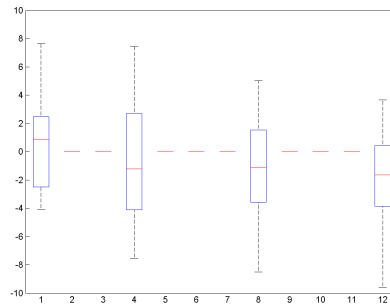
Dans cette annexe, l'ensemble des résultats des tests statistiques effectués pour évaluer les critères de contraste M proposés sont exposés. Pour chaque critère et pour chaque type de normalisation, on calcule les tests de Wilcoxon et de Student, et l'on représente les boîtes à moustache des distributions étudiées.



(a) S_t



(b) Ad_2

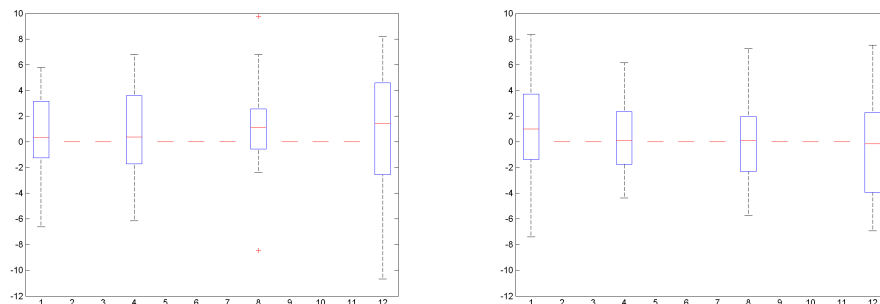
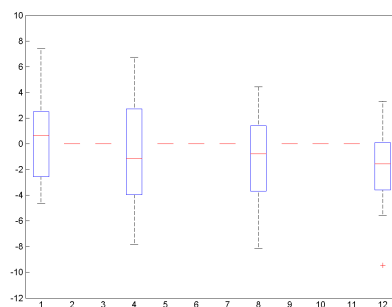


(c) Ad_3

Test	Traitement	$t_1 - t_0$	$t_2 - t_0$	$t_3 - t_0$
Wilcoxon	S_t	$7.959 \cdot 10^{-1}$	$5.014 \cdot 10^{-1}$	$7.173 \cdot 10^{-1}$
	Ad_2	$3.793 \cdot 10^{-1}$	$1.128 \cdot 10^{-2}$	$8.793 \cdot 10^{-2}$
	Ad_3	$9.798 \cdot 10^{-2}$	$3.204 \cdot 10^{-3}$	$5.312 \cdot 10^{-4}$
Student	S_t	$9.209 \cdot 10^{-1}$	$5.977 \cdot 10^{-1}$	$9.071 \cdot 10^{-1}$
	Ad_2	$2.577 \cdot 10^{-1}$	$1.478 \cdot 10^{-2}$	$8.625 \cdot 10^{-2}$
	Ad_3	$1.072 \cdot 10^{-1}$	$4.833 \cdot 10^{-3}$	$2.996 \cdot 10^{-5}$

(d) p-valeurs des tests d'hypothèses

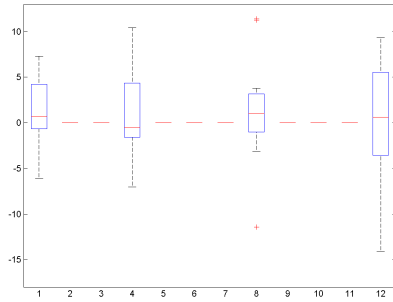
FIGURE E.1 – Résultats des tests statistiques sur la première étude en utilisant la mesure de Luminance comme critère spectral sur l'imagerie multi-spectrale, avec la normalisation de l'équation 2.16. a-c) **abscisse** : temps de mesure $t_0 = 1$, $t_1 = 4$, $t_2 = 8$ et $t_3 = 12$, **ordonnée** : mesure de contraste.

(a) S_t (b) Ad_2 (c) Ad_3

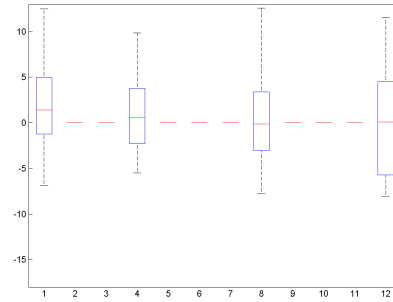
Test	Traitement	$t_1 - t_0$	$t_2 - t_0$	$t_3 - t_0$
Wilcoxon	S_t	$9.9 \cdot 10^{-1}$	$4.379 \cdot 10^{-1}$	$5.694 \cdot 10^{-1}$
	Ad_2	$3.010 \cdot 10^{-1}$	$4.373 \cdot 10^{-2}$	$8.793 \cdot 10^{-2}$
	Ad_3	$7.873 \cdot 10^{-2}$	$2.282 \cdot 10^{-3}$	$5.312 \cdot 10^{-4}$
Student	S_t	$8.299 \cdot 10^{-1}$	$4.823 \cdot 10^{-1}$	$7.859 \cdot 10^{-1}$
	Ad_2	$5.417 \cdot 10^{-1}$	$1.375 \cdot 10^{-1}$	$2.505 \cdot 10^{-2}$
	Ad_3	$8.381 \cdot 10^{-2}$	$3.595 \cdot 10^{-3}$	$2.414 \cdot 10^{-5}$

(d) p-valeurs des tests d'hypothèses

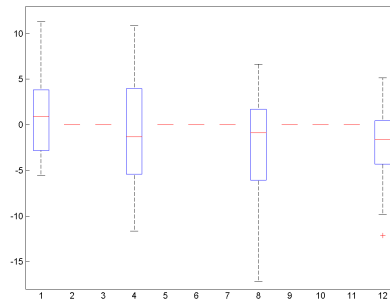
FIGURE E.2 – Résultats des tests statistiques sur la première étude en utilisant la mesure sur la bande à 590nm comme critère spectral sur l'imagerie multi-spectrale, et avec la normalisation de l'équation 2.16. a-c) **abscisse** : temps de mesure $t_0 = 1$, $t_1 = 4$, $t_2 = 8$ et $t_3 = 12$, **ordonnée** : mesure de contraste.



(a) S_t



(b) A_{d2}

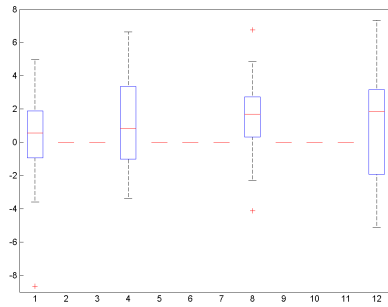
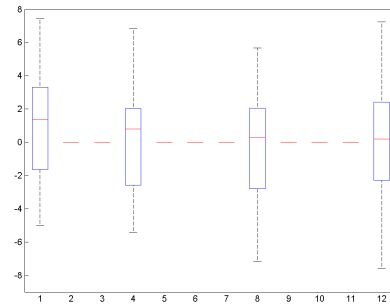
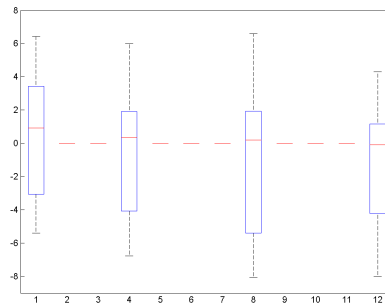


(c) A_{d3}

Test	Traitement	$t_1 - t_0$	$t_2 - t_0$	$t_3 - t_0$
Wilcoxon	S_t	$3.793 \cdot 10^{-1}$	$7.563 \cdot 10^{-1}$	$6.791 \cdot 10^{-1}$
	A_{d2}	$2.343 \cdot 10^{-1}$	$2.618 \cdot 10^{-2}$	$4.373 \cdot 10^{-2}$
	A_{d3}	$4.373 \cdot 10^{-2}$	$3.783 \cdot 10^{-3}$	$9.350 \cdot 10^{-4}$
Student	S_t	$5.397 \cdot 10^{-1}$	$8.734 \cdot 10^{-1}$	$5.310 \cdot 10^{-1}$
	A_{d2}	$1.657 \cdot 10^{-1}$	$1.663 \cdot 10^{-2}$	$4.059 \cdot 10^{-2}$
	A_{d3}	$6.106 \cdot 10^{-2}$	$4.553 \cdot 10^{-3}$	$5.501 \cdot 10^{-5}$

(d) p-valeurs des tests d'hypothèses

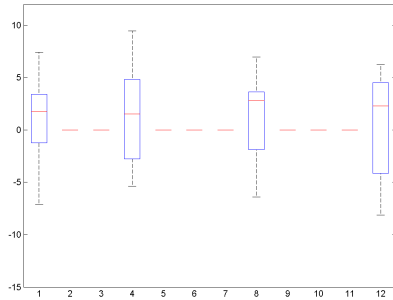
FIGURE E.3 – Résultats des tests statistiques sur la première étude en utilisant la mesure sur la bande à 645nm comme critère spectral sur l'imagerie multi-spectrale, et avec la normalisation de l'équation 2.16. a-c) **abscisse** : temps de mesure $t_0 = 1$, $t_1 = 4$, $t_2 = 8$ et $t_3 = 12$, **ordonnée** : mesure de contraste.

(a) S_t (b) Ad_2 (c) Ad_3

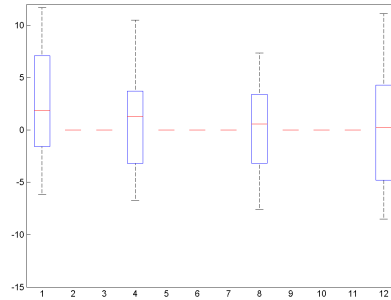
Test	Traitement	$t_1 - t_0$	$t_2 - t_0$	$t_3 - t_0$
Wilcoxon	S_t	$1.476 \cdot 10^{-1}$	$1.089 \cdot 10^{-1}$	$7.563 \cdot 10^{-1}$
	Ad_2	$5.571 \cdot 10^{-2}$	$3.400 \cdot 10^{-2}$	$4.373 \cdot 10^{-2}$
	Ad_3	$8.360 \cdot 10^{-3}$	$3.204 \cdot 10^{-3}$	$9.350 \cdot 10^{-4}$
Student	S_t	$1.685 \cdot 10^{-1}$	$1.340 \cdot 10^{-1}$	$4.332 \cdot 10^{-1}$
	Ad_2	$7.858 \cdot 10^{-2}$	$2.742 \cdot 10^{-2}$	$3.656 \cdot 10^{-2}$
	Ad_3	$3.770 \cdot 10^{-3}$	$1.512 \cdot 10^{-3}$	$1.240 \cdot 10^{-4}$

(d) p-valeurs des tests d'hypothèses

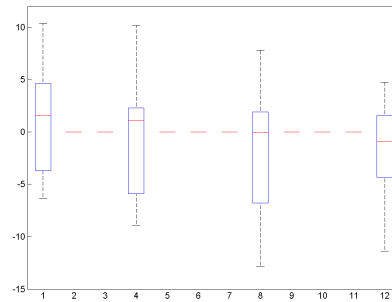
FIGURE E.4 – Résultats des tests statistiques sur la première étude en utilisant la mesure sur la combinaison $b_{590} - b_{405}$ comme critère spectral sur l'imagerie multi-spectrale, et avec la normalisation de l'équation 2.16. a-c) **abscisse** : temps de mesure $t_0 = 1, t_1 = 4, t_2 = 8$ et $t_3 = 12$, **ordonnée** : mesure de contraste.



(a) S_t



(b) Ad_2

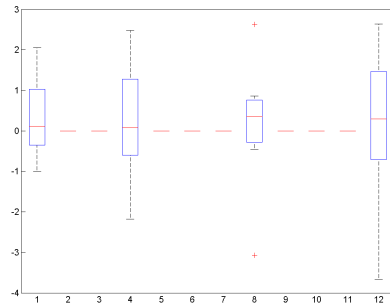
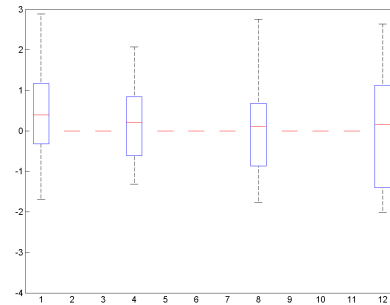
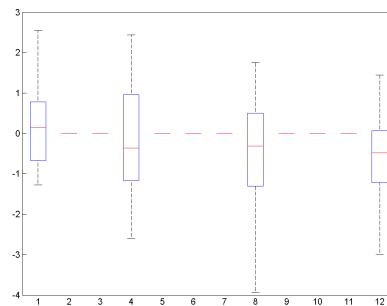


(c) Ad_3

Test	Traitement	$t_1 - t_0$	$t_2 - t_0$	$t_3 - t_0$
Wilcoxon	S_t	$9.176 \cdot 10^{-1}$	$9.176 \cdot 10^{-1}$	$5.349 \cdot 10^{-1}$
	Ad_2	$1.128 \cdot 10^{-2}$	$1.737 \cdot 10^{-2}$	$7.169 \cdot 10^{-3}$
	Ad_3	$1.306 \cdot 10^{-2}$	$2.707 \cdot 10^{-3}$	$1.918 \cdot 10^{-3}$
Student	S_t	$9.805 \cdot 10^{-1}$	$6.960 \cdot 10^{-1}$	$7.932 \cdot 10^{-1}$
	Ad_2	$1.079 \cdot 10^{-2}$	$6.416 \cdot 10^{-3}$	$6.729 \cdot 10^{-3}$
	Ad_3	$8.808 \cdot 10^{-3}$	$1.975 \cdot 10^{-3}$	$2.361 \cdot 10^{-4}$

(d) p-valeurs des tests d'hypothèses

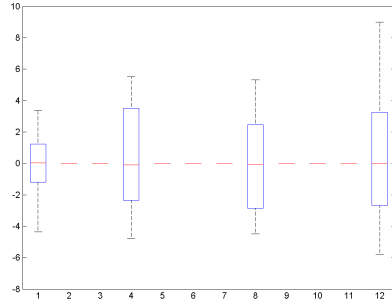
FIGURE E.5 – Résultats des tests statistiques sur la première étude en utilisant la mesure sur la combinaison $b_{645} - b_{405}$ comme critère spectral sur l'imagerie multi-spectrale, et avec la normalisation de l'équation 2.16. a-c) **abscisse** : temps de mesure $t_0 = 1$, $t_1 = 4$, $t_2 = 8$ et $t_3 = 12$, **ordonnée** : mesure de contraste.

(a) S_t (b) Ad_2 (c) Ad_3

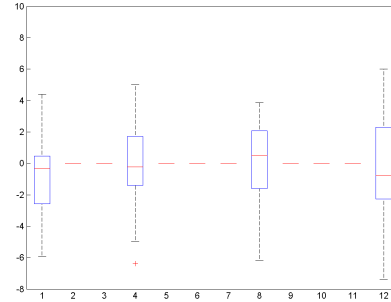
Test	Traitement	$t_1 - t_0$	$t_2 - t_0$	$t_3 - t_0$
Wilcoxon	S_t	$5.694 \cdot 10^{-1}$	$8.767 \cdot 10^{-1}$	$9.587 \cdot 10^{-1}$
	Ad_2	$4.080 \cdot 10^{-1}$	$2.289 \cdot 10^{-2}$	$8.793 \cdot 10^{-2}$
	Ad_3	$7.873 \cdot 10^{-2}$	$5.233 \cdot 10^{-3}$	$9.350 \cdot 10^{-4}$
Student	S_t	$6.609 \cdot 10^{-1}$	$9.168 \cdot 10^{-1}$	$7.639 \cdot 10^{-1}$
	Ad_2	$2.426 \cdot 10^{-1}$	$2.167 \cdot 10^{-2}$	$7.865 \cdot 10^{-2}$
	Ad_3	$9.605 \cdot 10^{-2}$	$5.575 \cdot 10^{-3}$	$4.430 \cdot 10^{-5}$

(d) p-valeurs des tests d'hypothèses

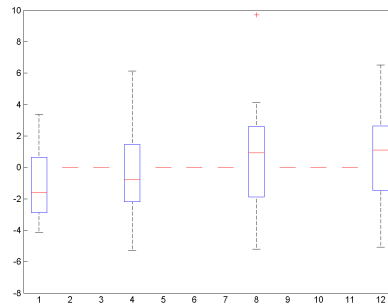
FIGURE E.6 – Résultats des tests statistiques sur la première étude en utilisant la mesure d'ACI en moyenne absolue sans utiliser les bandes infrarouges comme critère spectral sur l'imagerie multi-spectrale, et avec la normalisation de l'équation 2.16. a-c) **abscisse** : temps de mesure $t_0 = 1$, $t_1 = 4$, $t_2 = 8$ et $t_3 = 12$, **ordonnée** : mesure de contraste.



(a) S_t



(b) Ad_2

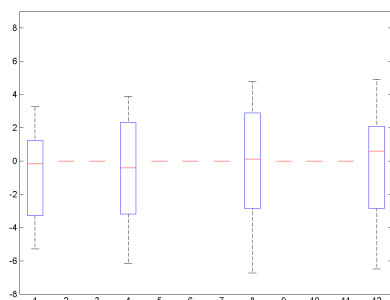
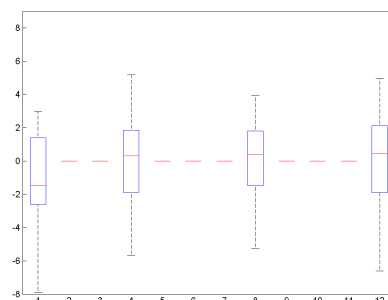
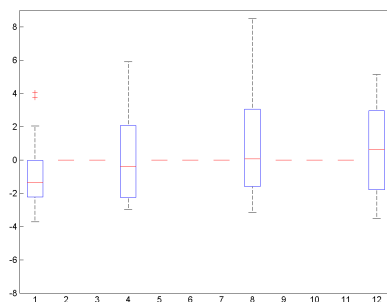


(c) Ad_3

Test	Traitement	$t_1 - t_0$	$t_2 - t_0$	$t_3 - t_0$
Wilcoxon	S_t	$7.959 \cdot 10^{-1}$	$6.791 \cdot 10^{-1}$	$6.416 \cdot 10^{-1}$
	Ad_2	$1.306 \cdot 10^{-2}$	$2.289 \cdot 10^{-2}$	$9.798 \cdot 10^{-2}$
	Ad_3	$1.788 \cdot 10^{-1}$	$7.169 \cdot 10^{-3}$	$1.918 \cdot 10^{-3}$
Student	S_t	$9.209 \cdot 10^{-1}$	$5.672 \cdot 10^{-1}$	$5.347 \cdot 10^{-1}$
	Ad_2	$2.043 \cdot 10^{-2}$	$9.580 \cdot 10^{-3}$	$7.188 \cdot 10^{-2}$
	Ad_3	$1.084 \cdot 10^{-1}$	$5.454 \cdot 10^{-3}$	$4.353 \cdot 10^{-4}$

(d) p-valeurs des tests d'hypothèses

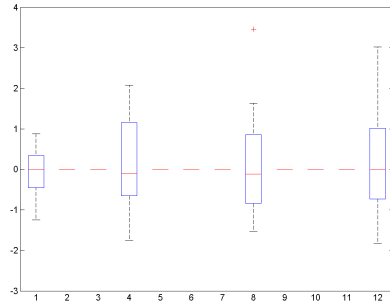
FIGURE E.7 – Résultats des tests statistiques sur la première étude en utilisant la mesure de Luminance comme critère spectral sur l'imagerie multi-spectrale, et avec la normalisation de l'équation 2.13. a-c) **abscisse** : temps de mesure $t_0 = 1$, $t_1 = 4$, $t_2 = 8$ et $t_3 = 12$, **ordonnée** : mesure de contraste.

(a) S_t (b) Ad_2 (c) Ad_3

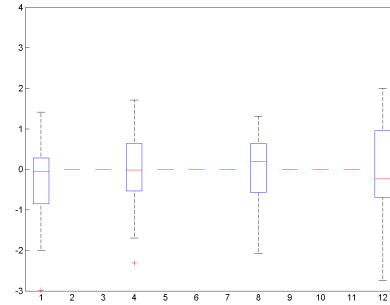
Test	Traitement	$t_1 - t_0$	$t_2 - t_0$	$t_3 - t_0$
Wilcoxon	S_t	$7.173 \cdot 10^{-1}$	$5.349 \cdot 10^{-1}$	$5.014 \cdot 10^{-1}$
	Ad_2	$2.289 \cdot 10^{-2}$	$1.737 \cdot 10^{-2}$	$3.400 \cdot 10^{-2}$
	Ad_3	$1.997 \cdot 10^{-2}$	$1.609 \cdot 10^{-3}$	$9.725 \cdot 10^{-3}$
Student	S_t	$4.897 \cdot 10^{-1}$	$3.298 \cdot 10^{-1}$	$3.492 \cdot 10^{-1}$
	Ad_2	$1.560 \cdot 10^{-2}$	$1.242 \cdot 10^{-2}$	$2.296 \cdot 10^{-2}$
	Ad_3	$1.400 \cdot 10^{-2}$	$1.020 \cdot 10^{-3}$	$7.007 \cdot 10^{-3}$

(d) p-valeurs des tests d'hypothèses

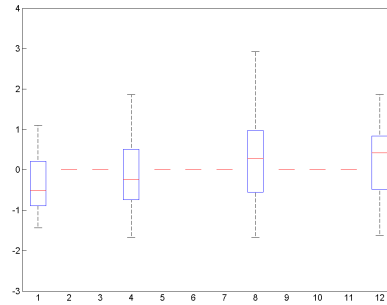
FIGURE E.8 – Résultats des tests statistiques sur la première étude en utilisant la mesure sur la combinaison $b_{590} - b_{405}$ comme critère spectral sur l'imagerie multi-spectrale, et avec la normalisation de l'équation 2.13. a-c) **abscisse** : temps de mesure $t_0 = 1$, $t_1 = 4$, $t_2 = 8$ et $t_3 = 12$, **ordonnée** : mesure de contraste.



(a) S_t



(b) Ad_2

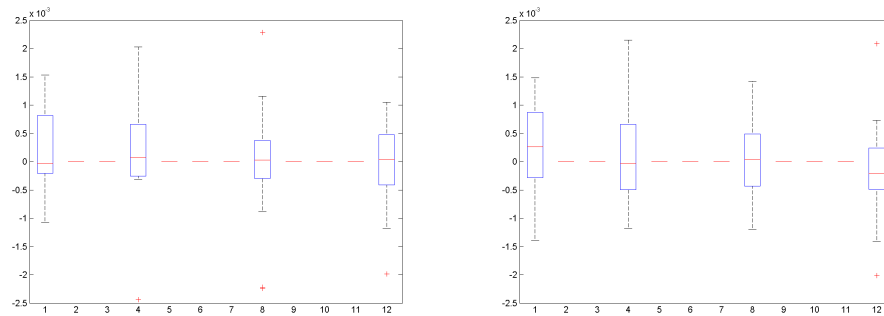
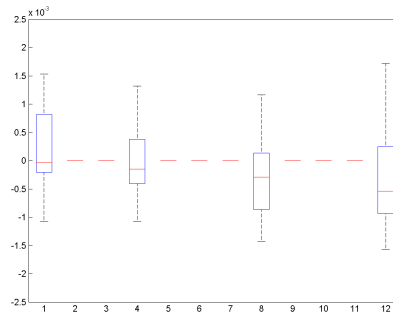


(c) Ad_3

Test	Traitement	$t_1 - t_0$	$t_2 - t_0$	$t_3 - t_0$
Wilcoxon	S_t	$6.416 \cdot 10^{-1}$	$5.694 \cdot 10^{-1}$	$5.014 \cdot 10^{-1}$
	Ad_2	$1.997 \cdot 10^{-2}$	$3.400 \cdot 10^{-2}$	$8.793 \cdot 10^{-2}$
	Ad_3	$1.476 \cdot 10^{-1}$	$7.169 \cdot 10^{-3}$	$1.123 \cdot 10^{-3}$
Student	S_t	$4.259 \cdot 10^{-1}$	$5.253 \cdot 10^{-1}$	$4.036 \cdot 10^{-1}$
	Ad_2	$2.528 \cdot 10^{-2}$	$1.774 \cdot 10^{-2}$	$5.057 \cdot 10^{-2}$
	Ad_3	$8.742 \cdot 10^{-2}$	$5.643 \cdot 10^{-3}$	$1.793 \cdot 10^{-4}$

(d) p-valeurs des tests d'hypothèses

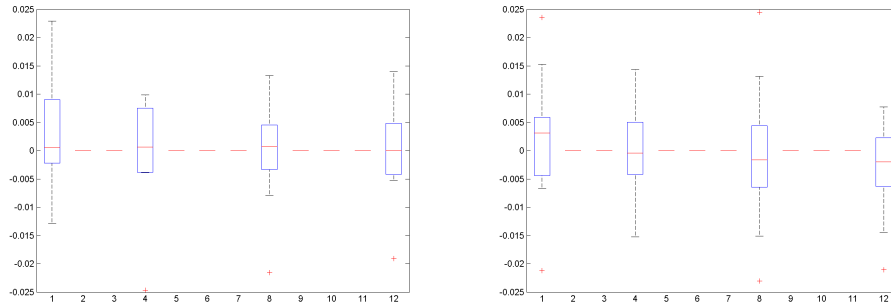
FIGURE E.9 – Résultats des tests statistiques sur la première étude en utilisant la mesure d'ACI moyenne sans utiliser les bandes infrarouges comme critère spectral sur l'imagerie multi-spectrale, et avec la normalisation de l'équation 2.13. a-c) **abscisse** : temps de mesure $t_0 = 1$, $t_1 = 4$, $t_2 = 8$ et $t_3 = 12$, **ordonnée** : mesure de contraste.

(a) S_t (b) A_{d2} (c) A_{d3}

Test	Traitement	$t_1 - t_0$	$t_2 - t_0$	$t_3 - t_0$
Wilcoxon	S_t	$2.552 \cdot 10^{-1}$	$6.416 \cdot 10^{-1}$	$9.176 \cdot 10^{-1}$
	A_{d2}	$6.416 \cdot 10^{-1}$	$1.337 \cdot 10^{-1}$	$4.942 \cdot 10^{-2}$
	A_{d3}	$6.267 \cdot 10^{-2}$	$1.609 \cdot 10^{-3}$	$9.725 \cdot 10^{-3}$
Student	S_t	$3.777 \cdot 10^{-1}$	$5.161 \cdot 10^{-1}$	$9.177 \cdot 10^{-1}$
	A_{d2}	$4.371 \cdot 10^{-1}$	$2.040 \cdot 10^{-1}$	$4.499 \cdot 10^{-2}$
	A_{d3}	$9.408 \cdot 10^{-2}$	$1.008 \cdot 10^{-3}$	$7.457 \cdot 10^{-3}$

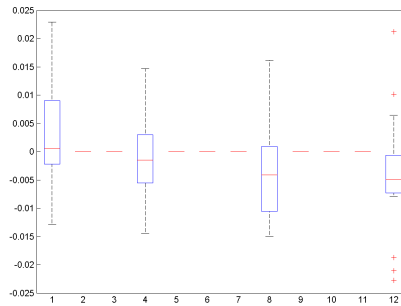
(d) p-valeurs des tests d'hypothèses

FIGURE E.10 – Résultats des tests statistiques sur la première étude en utilisant la mesure de Luminance comme critère spectral sur les mesures de spectrorimètre, et avec la normalisation de l'équation 2.13. a-c) **abscisse** : temps de mesure $t_0 = 1$, $t_1 = 4$, $t_2 = 8$ et $t_3 = 12$, **ordonnée** : mesure de contraste.



(a) S_t

(b) A_{d2}

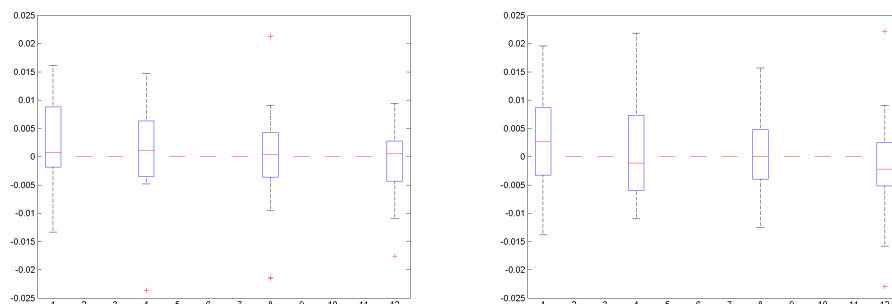
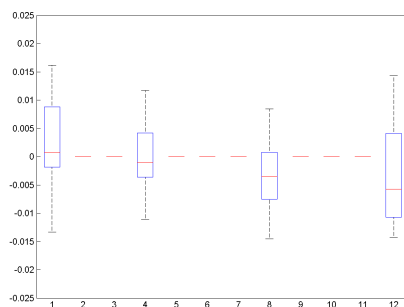


(c) A_{d3}

Test	Traitement	$t_1 - t_0$	$t_2 - t_0$	$t_3 - t_0$
Wilcoxon	S_t	$1.476 \cdot 10^{-1}$	$4.691 \cdot 10^{-1}$	$4.379 \cdot 10^{-1}$
	A_{d2}	$5.694 \cdot 10^{-1}$	$1.961 \cdot 10^{-1}$	$8.793 \cdot 10^{-2}$
	A_{d3}	$1.089 \cdot 10^{-1}$	$4.455 \cdot 10^{-3}$	$1.508 \cdot 10^{-2}$
Student	S_t	$1.378 \cdot 10^{-1}$	$7.099 \cdot 10^{-1}$	$4.271 \cdot 10^{-1}$
	A_{d2}	$6.117 \cdot 10^{-1}$	$2.730 \cdot 10^{-1}$	$1.585 \cdot 10^{-1}$
	A_{d3}	$1.334 \cdot 10^{-1}$	$6.640 \cdot 10^{-3}$	$2.503 \cdot 10^{-2}$

(d) p-valeurs des tests d'hypothèses

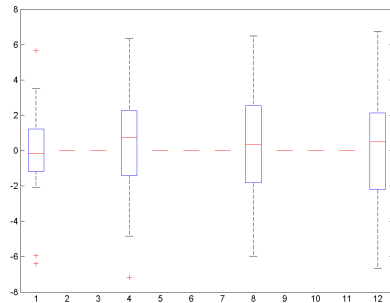
FIGURE E.11 – Résultats des tests statistiques sur la première étude en utilisant la combinaison $b_{590} - b_{405}$ comme critère spectral sur les mesures de spectrorimètre, et avec la normalisation de l'équation 2.13. a-c) **abscisse** : temps de mesure $t_0 = 1$, $t_1 = 4$, $t_2 = 8$ et $t_3 = 12$, **ordonnée** : mesure de contraste.

(a) S_t (b) Ad_2 (c) Ad_3

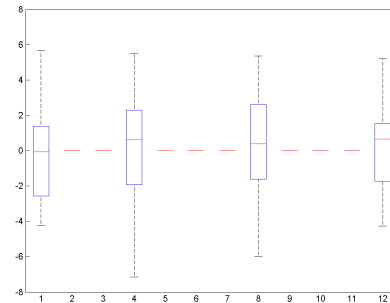
Test	Traitement	$t_1 - t_0$	$t_2 - t_0$	$t_3 - t_0$
Wilcoxon	S_t	$7.959 \cdot 10^{-1}$	$9.587 \cdot 10^{-1}$	$8.793 \cdot 10^{-2}$
	Ad_2	$5.014 \cdot 10^{-1}$	$1.788 \cdot 10^{-1}$	$3.400 \cdot 10^{-2}$
	Ad_3	$2.289 \cdot 10^{-2}$	$1.609 \cdot 10^{-3}$	$4.455 \cdot 10^{-3}$
Student	S_t	$6.535 \cdot 10^{-1}$	$9.859 \cdot 10^{-1}$	$1.653 \cdot 10^{-1}$
	Ad_2	$3.879 \cdot 10^{-1}$	$2.208 \cdot 10^{-1}$	$3.502 \cdot 10^{-2}$
	Ad_3	$6.479 \cdot 10^{-2}$	$1.279 \cdot 10^{-3}$	$1.036 \cdot 10^{-2}$

(d) p-valeurs des tests d'hypothèses

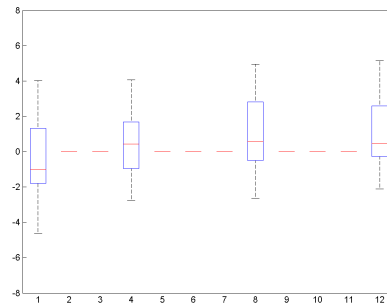
FIGURE E.12 – Résultats des tests statistiques sur la première étude en utilisant la composante ACI comme critère spectral sur les mesures de spectrorimètre, et avec la normalisation de l'équation 2.13. a-c) **abscisse** : temps de mesure $t_0 = 1$, $t_1 = 4$, $t_2 = 8$ et $t_3 = 12$, **ordonnée** : mesure de contraste.



(a) S_t



(b) Ad_2

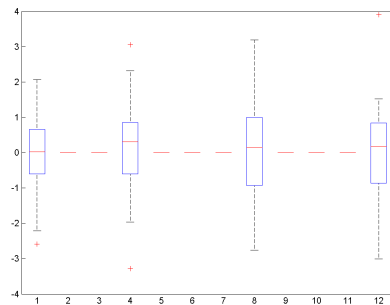
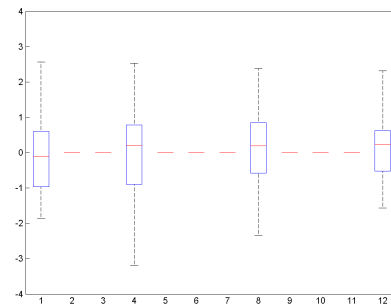
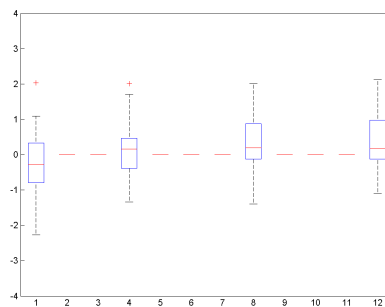


(c) Ad_3

Test	Traitement	$t_1 - t_0$	$t_2 - t_0$	$t_3 - t_0$
Wilcoxon	S_t	4.942 10^{-2}	9.798 10^{-2}	3.519 10^{-1}
	Ad_2	9.587 10^{-1}	2.775 10^{-1}	6.050 10^{-1}
	Ad_3	1.123 10^{-3}	6.430 10^{-4}	6.430 10^{-4}
Student	S_t	5.652 10^{-2}	2.292 10^{-1}	4.201 10^{-1}
	Ad_2	8.452 10^{-1}	2.354 10^{-1}	3.556 10^{-1}
	Ad_3	1.488 10^{-4}	7.102 10^{-6}	1.416 10^{-5}

(d) p-valeurs des tests d'hypothèses

FIGURE E.13 – Résultats des tests statistiques sur la première étude en utilisant la mesure de Luminance comme critère spectral sur l'imagerie couleur, et avec la normalisation de l'équation 2.13. a-c) **abscisse** : temps de mesure $t_0 = 1$, $t_1 = 4$, $t_2 = 8$ et $t_3 = 12$, **ordonnée** : mesure de contraste.

(a) S_t (b) Ad_2 (c) Ad_3

Test	Traitement	$t_1 - t_0$	$t_2 - t_0$	$t_3 - t_0$
Wilcoxon	S_t	$6.267 \cdot 10^{-2}$	$2.775 \cdot 10^{-1}$	$5.349 \cdot 10^{-1}$
	Ad_2	$8.361 \cdot 10^{-1}$	$4.379 \cdot 10^{-1}$	$3.793 \cdot 10^{-1}$
	Ad_3	$2.707 \cdot 10^{-3}$	$1.123 \cdot 10^{-3}$	$9.350 \cdot 10^{-4}$
Student	S_t	$1.059 \cdot 10^{-1}$	$3.133 \cdot 10^{-1}$	$3.888 \cdot 10^{-1}$
	Ad_2	$9.795 \cdot 10^{-1}$	$2.937 \cdot 10^{-1}$	$2.995 \cdot 10^{-1}$
	Ad_3	$1.500 \cdot 10^{-3}$	$1.315 \cdot 10^{-4}$	$2.880 \cdot 10^{-5}$

(d) p-valeurs des tests d'hypothèses

FIGURE E.14 – Résultats des tests statistiques sur la première étude en utilisant la composante ACI comme critère spectral sur l'imagerie couleur, et avec la normalisation de l'équation 2.13. a-c) **abscisse** : temps de mesure $t_0 = 1$, $t_1 = 4$, $t_2 = 8$ et $t_3 = 12$, **ordonnée** : mesure de contraste.

Développement d'un outil logiciel

Cette annexe décrit l'outil logiciel, nommé *MAD2*, développé afin qu'un opérateur puisse réaliser l'analyse d'une étude clinique à partir d'images spectrales. Pour une étude clinique donnée, le logiciel comprend un panneau de contrôle qui permet de lancer les outils d'analyses automatiques ainsi que les outils graphiques qui permettent la correction du recalage des images d'un même patient sur une série temporelle ainsi que le détournage interactif des zones d'intérêt. L'analyse d'une étude clinique se fait en 5 étapes : 1) création d'une nouvelle étude, 2) lancement du recalage et de la classification automatique, 3) classification des zones d'intérêt par l'outil de classification interactif, 4) correction interactive du recalage et 5) lancement de la détection de changement de la pathologie et analyse statistique d'une population de patients sous un même traitement. Chacune de ces 5 étapes est brièvement décrite dans cette annexe.

F.1 Création d'une étude

Lorsque l'on crée une nouvelle étude, la fenêtre illustrée en figure F.1 s'affiche. Cette fenêtre contient un formulaire à remplir afin de donner les informations nécessaires à l'analyse d'une étude clinique. Ces informations sont :

- Le nom de l'étude.
- Le dossier contenant les images multi-spectrales de l'étude.
- La nomenclature utilisée pour identifier les images.
- L'ensemble des temps de mesure que l'on souhaite analyser.
- Le fichier de type excel contenant le décodage de l'étude clinique.
- La combinaison de bandes spectrales caractéristique de la pathologie étudiée.
- L'adresse du dossier dans lequel tous les résultats seront sauvegardés.

Une fois que toutes ces informations sont spécifiées, le logiciel décode l'étude, vérifie que toutes les images sont bien présentes dans le dossier image et ouvre la fenêtre contenant le panneau de contrôle qui permet d'analyser l'étude. Ce panneau de contrôle est illustré en figure F.2. En entête, les informations de l'étude sont écrites : noms des traitements utilisés, nom du comparateur utilisé, nombre de patients pour chaque traitement, et liste des temps de mesure.

F.2 Lancement des processus automatiques

Pour lancer la pré-analyses automatique de l'étude, l'opérateur doit lancer les deux processus "Registration" et "Classification" (voir figure F.2). Ces processus

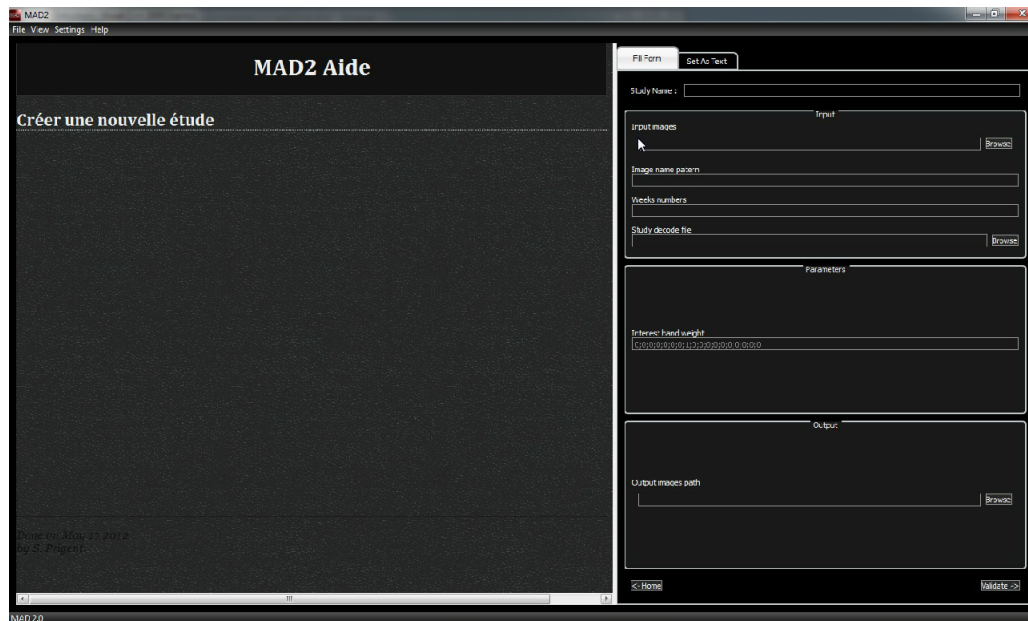


FIGURE F.1 – Fenêtre permettant de spécifier les données nécessaires à l’analyse d’une étude clinique.

sont les plus longs. Pour une étude contenant environ 50 patients (avec 2 images par patient) sur 4 temps de mesure, il faut compter de l’ordre de 20 heures pour le recalage et 5 heures pour la classification. Le logiciel propose également la possibilité de calculer des reconstructions couleur des images multi-spectrales de l’étude afin de pouvoir les visualiser.

F.3 Corrections interactives

Lorsque le recalage et la classification automatiques sont calculés, l’opérateur peut corriger les résultats obtenus à l’aide d’outils graphiques interactifs. Pour la classification, l’outil proposé est illustré en figure F.3. Cet outil contient une barre (à droite) avec la liste des images présent au premier temps de mesure. Pour chacune des images, la bande de plus fort contraste, deux segmentations ainsi qu’une classification par SVM sont proposées. L’opérateur doit alors réaliser une classification finale de la zone d’intérêt en cliquant sur les segments des segmentations ou de la classification SVM. Dans le cas où le SVM et les segmentations ne sont pas satisfaisants, un outil accessible depuis le bouton “Manual Corrections” permet de dessiner un polygone autour de la zone d’intérêt avec la souris. Pour le recalage, l’outil proposé est illustré en figure F.4. Cet outil contient une barre (à droite) avec la liste des images à recalcer. Un coefficient qui correspond à l’erreur quadratique entre l’image référence et l’image recalée sur la zone d’intérêt spécifiée lors de l’étape de classification permet de quantifier la qualité du recalage. Pour des valeurs de cet indice inférieures à 10, le recalage est correct. Pour des indices supérieures à 10 le recalage

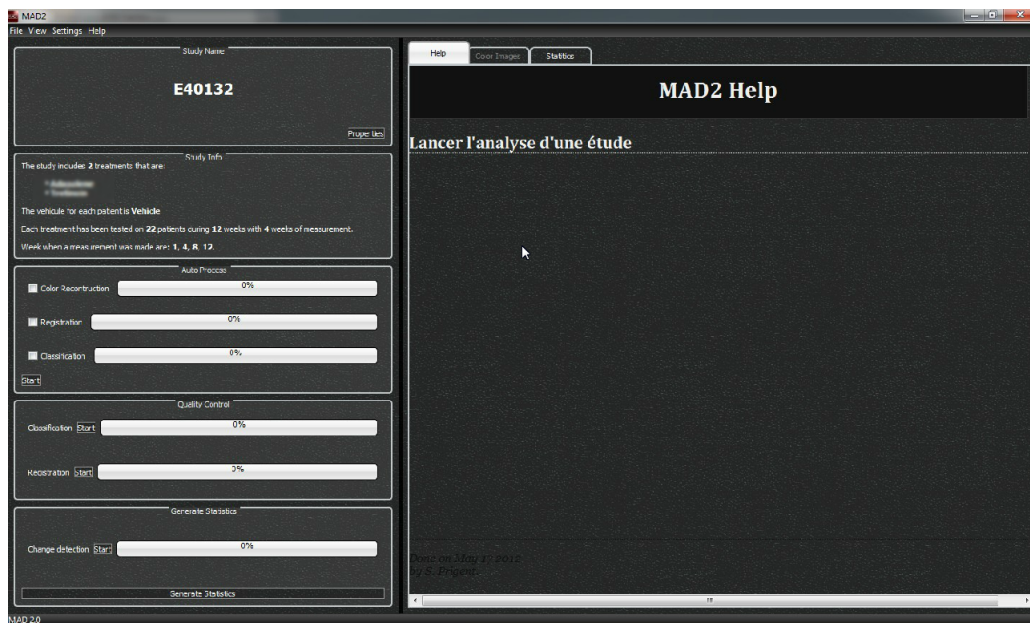


FIGURE F.2 – Fenêtre permettant de lancer les différents algorithmes et outils nécessaires à l’analyse d’une étude clinique.

peut être insuffisant. Pour chaque image à recalcr, un outil permet de visualiser la bande la plus contrastée et de basculer entre image référence et image recalée pour appréhender visuellement la qualité du recalage. Si le recalage est insuffisant, l’opérateur peut le relancer en l’initialisant manuellement. Pour cela une rotation et une translation doivent être spécifiées grâce à l’outil disponible en cliquant sur “Manual Registration”.

F.4 Calcul des sévérités

Lorsque la classification et le recalage sont corrects, l’opérateur peut lancer la détection de changements avec le bouton “Change Detection” sur le panneau de contrôle (voir figure F.2). Cette étape est complètement automatique. Des fichiers contenant les valeurs, les cartographies, et la représentation graphique du MASI différentiel sont alors générés et sauvegardés dans le dossier de l’étude. Ce calcul prend environ 2 heures pour une étude contenant 50 patients (2 images par patient) sur 4 temps de mesure. Une fois le MASI différentiel calculé, le bouton “Generate Statistics” permet de calculer un test de Student et un test de Wilcoxon pour chaque traitement à l’étude et pour chaque semaine de mesure. Ces tests peuvent être faits sur la mesure de contraste et de surface du MASI électronique. Le calcul de ces tests est quasi-instantané, et les résultats sont présentés sous forme d’une table dans la partie droite de la fenêtre du panneau de contrôle (voir figure F.5). Les tableaux des statistiques obtenues pour la seconde étude clinique avec le test de Wilcoxon sont illustrés en figure F.1 pour le critère de contraste et en figure F.2 pour le critère de

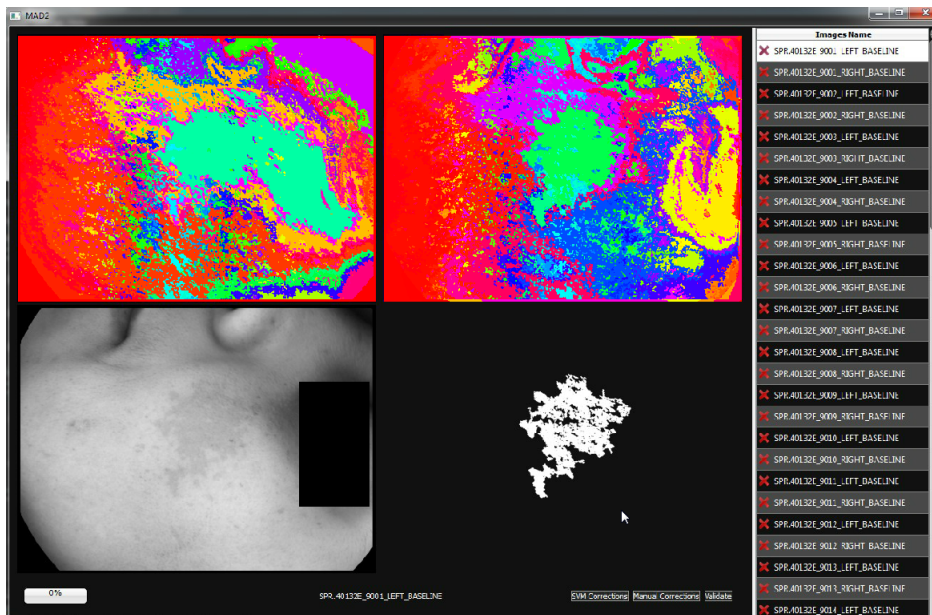


FIGURE F.3 – Fenêtre permettant de réaliser la sélection interactive des zones d'intérêt.



FIGURE F.4 – Fenêtre permettant de contrôler et de corriger le recalage.

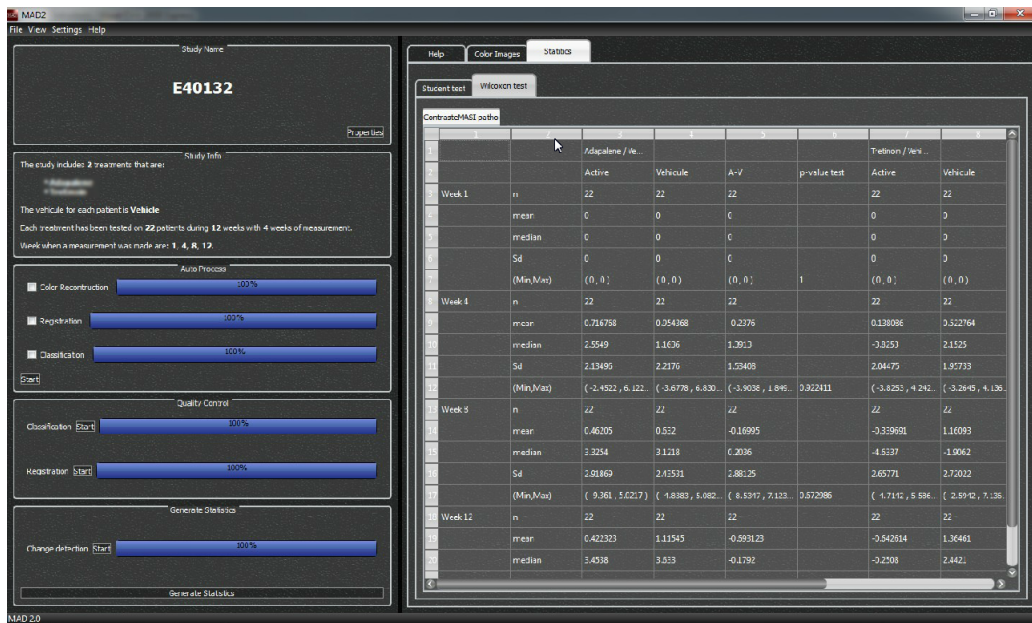


FIGURE F.5 – Affichage des résultats statistiques obtenus sur l'étude clinique.

surface.

TABLE F.1 – Table des statistiques calculées sur la seconde étude clinique pour le critère de contraste. Le test utilisé pour obtenir les p-valeurs est le test de Wilcoxon.

	A / Com- parateur		T / Com- parateur		A-C		p-value test	
	Active	Com- parateur	Active	Com- parateur	A-C	Com- parateur	A-C	p-value test
Week 1	n	22	22	22	22	22	22	
	mean	0	0	0	0	0	0	
	median	0	0	0	0	0	0	
	Sd	0	0	0	0	0	0	
	(Min,Max)	(0, 0)	(0, 0)	(0, 0)	(0, 0)	(0, 0)	(0, 0)	1
Week 4	n	22	22	22	22	22	22	
	mean	0.290364	0.507327	0.097395	-0.016113	0.113509	0.113509	
	median	3.5874	3.1248	-2.4389	0.7414	-3.1803	-3.1803	
	Sd	2.17786	2.34894	1.5879	1.76089	1.44288	1.44288	
	(Min,Max)	(-3.1531, 6.3991)	(-5.2172, 5.4308)	(-2.4389, 3.5322)	(-4.0424, 4.1998)	(-3.1803, 3.0482)	(-3.1803, 3.0482)	0.672986
Week 8	n	22	22	22	22	22	22	
	mean	-0.02237	0.17930	-0.17104	0.81608	-0.98712	-0.98712	
	median	4.0373	4.8238	-4.3251	-2.1578	-2.1673	-2.1673	
	Sd	2.94891	2.17846	2.39179	2.30714	0.972034	0.972034	
	(Min,Max)	(-8.7573, 4.9942)	(-4.1929, 4.8238)	(-5.8633, 3.8133)	(-3.5009, 5.3324)	(-2.3808, 0.6824)	(-2.3808, 0.6824)	0.00073434
Week 12	n	22	22	22	22	22	22	
	mean	-0.01250	0.60377	-0.49827	0.99416	-1.49245	-1.49245	
	median	4.2049	4.2522	0.4	2.3638	-1.9638	-1.9638	
	Sd	2.59523	2.05755	2.7788	1.6476	2.19585	2.19585	
	(Min,Max)	(-5.7822, 6.0847)	(-2.4363, 5.0074)	(-8.2999, 2.9014)	(-2.1933, 3.6693)	(-8.8329, 0.7311)	(-8.8329, 0.7311)	0.00035532

TABLE F.2 – Table des statistiques calculées sur la seconde étude clinique pour le critère de surface. Le test utilisé pour obtenir les p-valeurs est le test de Wilcoxon.

	A / Com- parateur		C / Com- parateur			A / Com- parateur		C / Com- parateur				
	Active	Com- parateur	A-C	p-value test	Active	Com- parateur	A-C	p-value test	Active	Com- parateur	A-C	p-value test
Week 1	n	22	22		22	22	22		22	22	22	
	mean	0	0		0	0	0		0	0	0	
	median	0	0		0	0	0		0	0	0	
	Sd	0	0		0	0	0		0	0	0	
	(Min,Max)	(0, 0)	(0, 0)	1	(0, 0)	(0, 0)	(0, 0)	1	(0, 0)	(0, 0)	(0, 0)	1
Week 4	n	22	22		22	22	22		22	22	22	
	mean	0.18920	0.18030	0.008902	0.17153	0.16984	0.001687		0.17153	0.16984	0.001687	
	median	0.330472	0.34284	-0.012368	0.0198802	0.195542	-0.175662		0.0198802	0.195542	-0.175662	
	Sd	0.124908	0.124513	0.106067	0.104552	0.10159	0.0791098		0.104552	0.10159	0.0791098	
	(Min,Max)	(0.01243, 0.40947)	(0.00871, 0.44038)	(-0.20111, 0.22865)	(0.00309, 0.39039)	(0.00083, 0.33468)	(-0.17566, 0.20744)	0.721	(0.00309, 0.39039)	(0.00083, 0.33468)	(-0.17566, 0.20744)	0.974101
Week 8	n	22	22		22	22	22		22	22	22	
	mean	0.30187	0.24180	0.06006	0.21430	0.37547	-0.16117		0.21430	0.37547	-0.16117	
	median	0.375451	0.712569	-0.337118	0.000458	0.005376	-0.004918		0.000458	0.005376	-0.004918	
	Sd	0.295124	0.333358	0.21594	0.244772	0.301662	0.164003		0.244772	0.301662	0.164003	
	(Min,Max)	(0.02861, 0.92861)	(0.00072, 0.90018)	(-0.33711, 0.60357)	(0.0913702, 0.85119)	(0.00010, 0.98064)	(-0.52501, 0.09408)	0.0913702	(0.0913702, 0.85119)	(0.00010, 0.98064)	(-0.52501, 0.09408)	0.00021468
Week 12	n	22	22		22	22	22		22	22	22	
	mean	0.23564	0.261266	-0.02562	0.21901	0.40773	-0.18871		0.21901	0.40773	-0.18871	
	median	0.434977	0.561416	-0.126439	0.457615	0.731072	-0.273457		0.457615	0.731072	-0.273457	
	Sd	0.244809	0.269626	0.214235	0.202331	0.271475	0.194111		0.202331	0.271475	0.194111	
	(Min,Max)	(0.079259, 0.79259)	(0.00130, 0.72452)	(-0.57509, 0.61143)	(0.09394, 0.69394)	(0.00331, 0.92912)	(-0.56183, 0.15268)	0.144028	(0.09394, 0.69394)	(0.00331, 0.92912)	(-0.56183, 0.15268)	0.00016587

Publications et activités de recherche

Brevets

- Procédé et système d'estimation d'un indice de sévérité différentiel d'une pathologie exprimant une altération cutanée, 2012.
- **OA11017** : Procédé de détermination de l'efficacité d'un traitement et système de traitement d'image associé, 2010.
- **OA11016** : Procédé de détermination par analyse en composantes indépendantes de l'efficacité d'un traitement et système de traitement d'image associé, 2010.
- **OA09438** : Dispositif et procédé de compensation de relief d'images hyper-spectrales, 2009.
- **OA09437** : Procédé et dispositif d'analyse d'images hyper-spectrales, 2009.

Journaux internationaux

- S. Prigent, X. Descombes, D. Zugaj, L. Petit, A.S. Dugaret, P. Martel et J. Zerubia, Skin hyperpigmentation severity evaluation using multispectral images, *Soumis à*, Trans. on Medical Imaging, octobre 2012.

Conférences internationales avec actes

- S. Prigent, X. Descombes, D. Zugaj, P. Martel et J. Zerubia, Spatial multi-scale analysis for skin hyper-pigmentation evolution, *Soumis à* IEEE ISBI'13, San Francisco, avril 2013.
- S. Prigent, D. Zugaj, X. Descombes, P. Martel et J. Zerubia, Estimation of an optimal spectral band combination to evaluate skin disease treatment efficacy using multi-spectral images, IEEE ICIP'11, Bruxelles, sept. 2011.
- S. Prigent, X. Descombes, D. Zugaj, P. Martel et J. Zerubia, Multi-spectral Image Analysis for Skin Pigmentation Classification, IEEE ICIP'10, Hong-Kong, sept. 2010.
- S. Prigent, X. Descombes, D. Zugaj et J. Zerubia, Spectral Analysis and Unsupervised SVM Classification for Skin Hyper-pigmentation Classification, IEEE WHISPERS'10, Reykjavik, juin 2010.

Rapports de recherche

- S. Prigent, X. Descombes, D. Zugaï, L. Petit, A.S. Dugaret, P. Martel et J. Zerubia, Classification of skin hyper-pigmentation lesions with multi-spectral images. Rapport de recherche 8105, INRIA, octobre 2012.

Conférences sans actes

- J. Zerubia, S. Prigent, X. Descombes, A.S. Dugaret, L. Petit, P. Martel, Classification en imagerie multi et hyperspectrale. Un exemple d'application en dermatologie, 43^e Journées de Statistique, Tunis, Mai 2011.

Séminaires invités

- GdR ISIS, Journée “Analyse d'images couleur et multispectrales en biologie et médecine”, Institut Mines Telecom, Telecom Paris Tech, Paris, oct. 2011.
- Workshop de consortium LIRA (Philips R&D, OWI, Fraunhofer Institutes, INRIA), Sophia Antipolis, juin 2011.

Bibliographie

- [Aksoy 2006] S. Aksoy. *Spatial techniques for image classification*. In C.H. Chen, editeur, *Signal and Image Processing for Remote Sensing*, pages 491–513. 2006. (Cité en page 75.)
- [Al Abbadi 2010] N.K. Al Abbadi, N.S. Dahir, M.A. AL-Dhalimi et H. Restom. *Psoriasis Detection Using Skin Color and Texture Features*. *Journal of Computer Science*, vol. 6, pages 648–652, 2010. (Cité en page 2.)
- [Balkrishnan 2003] R. Balkrishnan, A.J. Mcmichael, F.T. Camacho, F. Saltzberg, T.S. Housman, S. Grummer, S.R. Feldman et Chren M.-M. *Development and validation of a health-related quality of life instrument for women with melasma*. *British Journal of Dermatology*, vol. 149, pages 572–577, 2003. (Cité en page 11.)
- [Ball 1965] G.H. Ball et D.J. Hall. *Isodata : a method of data analysis and pattern classification*. In Stanford Univ., Standford, CA, Tech. Rep., 1965. (Cité en page 65.)
- [Ball 2007] J.E. Ball, L.M. Bruce et N.H. Younan. *Hyperspectral Pixel Unmixing via Spectral Band Selection and DC-Insensitive Singular Value Decomposition*. *Geoscience and Remote Sensing Letters, IEEE*, vol. 4, Juillet 2007. (Cité en page 36.)
- [Bandyopadhyay 2005] S. Bandyopadhyay. *Satellite image classification using genetically guided fuzzy clustering with spatial information*. *International Journal of Remote Sensing*, vol. 26, pages 579–593, 2005. (Cité en page 74.)
- [Basseville 1989] M. Basseville. *Distance measures for signal processing and pattern recognition*. *Signal Processing*, vol. 18, pages 349–369, 1989. (Cité en page 79.)
- [Beaulieu 1989] J.-M. Beaulieu et M. Goldberg. *Hierarchy in picture segmentation : a stepwise optimization approach*. *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 11, pages 150–163, 1989. (Cité en page 71.)
- [Bellman 1961] R.E. Bellman. *Adaptive control processes*. Princeton University Press, Princeton, NJ., 1961. (Cité en page 62.)
- [Benediktsson 2005] J.A. Benediktsson, J.A. Palmason et J.R. Sveinsson. *Classification of hyperspectral data from urban areas based on extended morphological profiles*. *IEEE Trans. on Geoscience and Remote Sensing*, vol. 40, pages 480–491, 2005. (Cité en pages 73 et 75.)
- [Beucher 1979] S. Beucher et C. Lantuéjoul. *Use of watersheds in contour detection*. In *International workshop on image processing, real-time edge and motion detection*, 1979. (Cité en page 73.)
- [Bezdek 1981] J. Bezdek. *Pattern recognition with fuzzy objective functions*. Plenum Press, New York., 1981. (Cité en page 65.)

- [Bichsel 1992] M. Bichsel et A. P. Pentland. *A simple algorithm for shape from shading*. IEEE Proceedings of Computer Vision and Pattern Recognition, pages 459–465, 1992. (Cit  en page 91.)
- [Boardman 1994] J. W. Boardman. *Geometric mixture analysis of imaging spectrometry data*. In Int. Geoscience and Remote Sensing Symp., volume 4, 1994. (Cit  en page 38.)
- [Boardman 1995] J. W. Boardman, F.A. Kruse et R.O. Green. *Mapping target signatures via partial unmixing of AVIRIS data*. In in Summaries of JPL Airborne Earth Science Workshop, 1995. (Cit  en pages 38 et 39.)
- [Bruce 2002] L.M. Bruce, C.H. Koger et Jiang Li. *Dimensionality reduction of hyperspectral data using discrete wavelet transform feature extraction*. IEEE Trans. Geoscience and Remote Sensing, vol. 40, Oct. 2002. (Cit  en page 40.)
- [Camps-Valls 2005] G. Camps-Valls et L. Bruzzone. *Kernel-based methods for hyperspectral image classification*. IEEE Trans. on Geoscience and Remote Sensing, vol. 43, pages 1351–1362, 2005. (Cit  en page 69.)
- [Camps-Valls 2006] G. Camps-Valls, L. Gomez-Chova, J. Munoz-Mari, J. Vila-Frances et J. Calpe-Maravilla. *Composite kernels for hyperspectral image classification*. Geoscience and Remote Sensing Letters, vol. 3, pages 93–97, Jan. 2006. (Cit  en page 75.)
- [Cardoso 1999a] J.F. Cardoso. *Blind signal separation : statistical principles*. Proceedings of the IEEE, Special issue on blind identification and estimation, vol. 90, pages 2009–2026, 1999. (Cit  en pages 37 et 46.)
- [Cardoso 1999b] J.F. Cardoso. *High-order Contrasts for Independent Component Analysis*. Neural Computation, vol. 11, pages 157–192, 1999. (Cit  en pages 37, 44, 45, 46 et 47.)
- [Celeux 1992] G. Celeux et G. Govaert. *A classification EM algorithm for clustering and two stochastic versions*. Comput. Stat. Data Anal., vol. 14, pages 315–332, Oct. 1992. (Cit  en page 66.)
- [Chang 2006] C.I Chang et A. Plaza. *A Fast Iterative Algorithm for Implementation of Pixel Purity Index*. IEEE Geoscience and Remote Sensing Letters, vol. 3, Jan. 2006. (Cit  en page 39.)
- [Chang 2011] C. Chang, C.C. Wu et C.T. Tsai. *Random N-Finder (N-FINDR) Endmember Extraction Algorithms for Hyperspectral Imagery*. IEEE Trans. on Image Processing, vol. 20, March 2011. (Cit  en page 38.)
- [Chardon 1991] A. Chardon, I. Cretoi et C. Hourseau. *Skin colour typology and suntanning pathways*. Int J Cosm Sci, vol. 13, pages 191–208, 1991. (Cit  en page 18.)
- [Chuang 2006] K. Chuang, H. Tzeng, S. Chen, J. Wu et T. Chen. *Fuzzy c-means clustering with spatial information for image segmentation*. Computerized Medical Imaging and Graphics, vol. 30, 9–15 2006. (Cit  en page 74.)

- [Collet 2009] C. Collet, B. Pernet et V. Mazet. Panoramic integral-field spectrograph : Ultraspectral data to understand the history of the universe. ISTE Ltd and John Wiley and Sons Inc, 2009. (Cité en page 75.)
- [Comaniciu 2002] D. Comaniciu et P. Meer. *Mean shift : a robust approach toward feature space analysis*. IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence, vol. 24, pages 603–619, 2002. (Cité en page 66.)
- [Comon 1994] P. Comon. *Independent Component Analysis, a new concept?* Signal Processing, Elsevier, vol. 36, no. 3, pages 287–314, Avril 1994. Special issue on Higher-Order Statistics. (Cité en page 44.)
- [Coquerez 1995] J. Coquerez et S. Philipp. Analyse d’images : Filtrage et segmentation. Masson, 1995. (Cité en pages 69 et 70.)
- [Cornuéjols 2009] A. Cornuéjols et L. Miclet. L’apprentissage artificiel : concepts et algorithmes 2ème édition. 2009. (Cité en page 68.)
- [Craig 1994] M.D. Craig. *Minimum-volume transforms for remotely sensed data*. IEEE Trans. Geosci. Remote Sens., vol. 32, pages 542–552, 1994. (Cité en page 38.)
- [Crouzil 2003] A. Crouzil, X. Descombes et J.D. Durou. *A Multiresolution Approach for Shape from Shading Coupling Deterministic and Stochastic Optimization*. IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence, vol. 25, no. 11, pages 1416–1421, November 2003. (Cité en page 91.)
- [Della Murra 2011] M. Della Murra. *Advanced techniques based on mathematical morphology for the analysis of remote sensing images*. In PhD thesis, University of Iceland and University of trento, 2011. (Cité en page 73.)
- [Dell’Acqua 2004] F. Dell’Acqua, P. Gamba, A. Ferrari, J.A. Palmason, J.A. Benediktsson et K. Arnason. *Exploiting spectral and spatial information in hyperspectral urban data with high resolution*. IEEE Geoscience and Remote Sensing Letters, vol. 1, pages 322–326, 2004. (Cité en pages 73 et 75.)
- [Dempster 1977] A.P. Dempster. *Maximum Likelihood from Incomplete Data via the EM Algorithm*. Journal of the Royal Statistical Society. Series B (Methodological), vol. 39, page 1–38, 1977. (Cité en pages 39 et 66.)
- [Descombes 1998] X. Descombes, F. Kruggel et Y. Von Cramon. *Spatio-temporal fMRI analysis using Markov Random Fields*. IEEE Trans. Medical Imaging, vol. 17, pages 1028–1039, 1998. (Cité en page 19.)
- [Dhillon 2005] I.S. Dhillon et S. Sra. *Generalized Nonnegative Matrix Approximations with Bregman Divergences*. In NIPS, 2005. (Cité en page 37.)
- [Dobigeon 2009] N. Dobigeon, S. Moussaoui, M. Coulon, J.Y. Tourneret et A.O. Hero. *Joint Bayesian endmember extraction and linear unmixing for hyperspectral imagery*. IEEE Trans. Signal Processing, vol. 57, no. 11, pages 4355–4368, Nov. 2009. (Cité en page 38.)
- [Du 2007] Z. Du, M.K. Jeong et S.G. Kong. *Band Selection of Hyperspectral Images for Automatic Detection of Poultry Skin Tumors*. IEEE Trans. On Automation Science And Engineering, vol. 4, July 2007. (Cité en page 40.)

- [El-Naqa 2002] I. El-Naqa, Y. Yang, M.N. Wernick, P.N. Galatsanos et R.M. Nishikawa. *A Support Vector Machine Approach for Detection of Microcalcifications*. Trans. on Medical Imaging, vol. 21, pages 1552–1563, 2002. (Cit  en page 69.)
- [Evans 2006] A.N. Evans et X.U. Liu. *A morphological gradient approach to color edge detection*. IEEE Trans. on Image Processing, vol. 15, pages 1454–1463, june 2006. (Cit  en page 74.)
- [Farag 2005] A.A. Farag, R.M. Mohamed et A. El-Baz. *A unified framework for MAP estimation in remote sensing image segmentation*. IEEE Trans. Geos. and Remote Sens., vol. 43, pages 1617–1634, July 2005. (Cit  en page 75.)
- [Fauvel 2007] M. Fauvel. *Spectral and spatial methods for the classification of urban remote sensing data*. In PhD Thesis. Institut National Polytechnique de Grenoble. France, 2007. (Cit  en pages 36, 75 et 89.)
- [Fauvel 2008] M. Fauvel, J.A. Benediktsson, J. Chanussot et J.R. Sveinsson. *Spectral and Spatial Classification of Hyperspectral Data Using SVMs and Morphological Profiles*. IEEE Trans. on Geoscience and Remote Sensing, vol. 46, pages 3804–3814, 2008. (Cit  en page 89.)
- [Finlayson 2002] G.D. Finlayson, S.D. Hordley et M.S. Drew. *Removing Shadows from Images*. In ECCV (4), pages 823–836, 2002. (Cit  en pages 105 et 106.)
- [Finlayson 2006] G.D. Finlayson, S.D. Hordley, C. Lu et M.S. Drew. *On the Removal of Shadows from Images*. IEEE Trans. On Pattern Analysis and Machine Intelligence, vol. 28, pages 59–68, 2006. (Cit  en page 105.)
- [Friedman 1974] J.H. Friedman et J.W. Tukey. *A Projection Pursuit Algorithm for Exploratory Data Analysis*. IEEE Trans. on Computers, vol. C-23, pages 881–890, 1974. (Cit  en page 76.)
- [Garg 2009] V.K. Garg, S. Sinha et R. Sarkar. *Glycolic Acid Peels Versus Salicylic ?Mandelic Acid Peels in Active Acne Vulgaris and Post-Acne Scarring and Hyperpigmentation : A Comparative Study*. Dermatologic Surgery, vol. 35, pages 59–65, 2009. (Cit  en page 9.)
- [Garini 2006] Y. Garini, I.T. Young et G. McNamara. *Spectral imaging : Principles and applications*. Cytometry Part A, vol. 69A, pages 735–747, 2006. (Cit  en pages 13 et 15.)
- [Gomez 2007] D. Gomez, L. K. Harder, B. Ersb ll et J. M. Carstensen. *Precise acquisition and unsupervised segmentation of multi-spectral images*. Computer Vision and Image Understanding, vol. 106, pages 183–193, 2007. (Cit  en page 80.)
- [Gonzalez 2008] R.C. Gonzalez et R.E. Woods. Digital image processing. Prentice Hall, 2008. (Cit  en pages 99, 100 et 101.)
- [Goretta 2009] N. Goretta. *Proposition d’une approche de segmentation d’images hyperspectrales*. In PhD thesis, Universit  Montpellier II , France, 2009. (Cit  en pages 35 et 75.)

- [Green 1988] A.A. Green, M. Berman, P. Switzer et M.D. Craig. *A transformation for ordering multispectral data in terms of image quality with implications for noise removal*. IEEE Trans. Geosciences Remote Sensing, vol. 26, 1988. (Cité en page 36.)
- [Gu 2007] Y. Gu, Y. Liu et Y. Zhang. *A Soft Classification Algorithm based on Spectral-spatial Kernels in Hyperspectral Images*. In International Conference on Innovative Computing, Information and Control, ICICIC, Sept. 2007. (Cité en page 89.)
- [Gupta 2006] A.K. Gupta, M.D. Gover, K. Nouri et S. Taylor. *The treatment of melasma : A review of clinical trials*. Journal American Academy of Dermatology, vol. 55, pages 1048–1065, 2006. (Cité en page 10.)
- [Harris 1990] A.C. Harris et I.L. Weatherall. *Objective evaluation of colour variation in the sand-burrowing beetle Chaerodes trachyscelides White (Coleoptera : Tenebrionidae) by instrumental determination of CIE LAB values*. Journal of the Royal Society of New Zealand, vol. 20, no. 3, pages 1–26, 1990. (Cité en page 123.)
- [Hazel 2000] G. Hazel. *Multivariate Gaussian MRF for multispectral scene segmentation and anomaly detection*. IEEE Trans. on Geoscience and Remote Sensing, vol. 38, pages 1199–1211, 2000. (Cité en page 71.)
- [Hernandez 2009] R.A. Hernandez, M. Strum, W.J. Chau et J.A.Q. Gonzalez. *The Multiple Pairs SMO : A modified SMO algorithm for the acceleration of the SVM training*. In IJCNN : International Joint Conference on Neural Networks, pages 1221 – 1228, June 2009. (Cité en page 87.)
- [Herries 1996] G. Herries, T. Selige et S. Danaher. *Singular value decomposition in applied remote sensing*. In IEE Colloq. Image Process. Remote Sens., pages 51–56, Feb. 1996. (Cité en page 36.)
- [Horn 1970] B. K. P. Horn. *Shape from Shading : A Method for Obtaining the Shape of a Smooth Opaque Object from One View*. In PhD thesis. MIT, 1970. (Cité en page 91.)
- [Huang 2009] X. Huang et L. Zhang. *A comparative study of spatial approaches for urban mapping using hyperspectral rosis images over pavia city, northern italy*. International Journal of Remote Sensing, vol. 30, pages 3205–3221, 2009. (Cité en page 75.)
- [Huck 2010] A. Huck, M. Guillaume et J. Blanc-Talon. *Minimum dispersion constrained nonnegative matrix factorization to unmix hyperspectral data*. IEEE Trans. Geosci. Remote Sens., vol. 48, pages 2590–2602, Juin 2010. (Cité en page 37.)
- [Hughes 1968] G. F. Hughes. *On the mean accuracy of statistical pattern recognizers*. IEEE Trans. on Information Theory, vol. 14, pages 55–63, 1968. (Cité en page 62.)

- [Hurley 2002] M.E. Hurley, I.L. Guevara, R.M. Gonzales et A.G. Pandya. *Efficacy of Glycolic Acid Peels in the Treatment of Melasma*. Archives of Dermatology, vol. 138, pages 1578–1582, 2002. (Cit  en page 11.)
- [Hyvarinen 1999] A. Hyvarinen. *Fast and Robust Fixed-point Algorithms for Independent Component Analysis*. IEEE Trans. on Neural Networks, vol. 10, pages 626–634, 1999. (Cit  en pages 37, 44, 45, 137, 138 et 139.)
- [Ifarraguerri 1999] A. Ifarraguerri et C.I. Chang. *Hyperspectral image segmentation with convex cones*. IEEE Trans. Geosci. Remote Sens., vol. 37, pages 756–770, Mar. 1999. (Cit  en page 38.)
- [Iordache 2010] M. D. Iordache, A. Plaza et J. Bioucas-Dias. *Recent developments in sparse hyperspectral unmixing*. In IEEE Geoscience and Remote Sensing Symposium (IGARSS), pages 1281–1284, 2010. (Cit  en page 37.)
- [Jackson 2002] Q. Jackson et D. Landgrebe. *Adaptive Bayesian contextual classification based on Markov random fields*. IEEE Trans. Geos. and Remote Sens., vol. 40, pages 2454–2463, Nov. 2002. (Cit  en page 75.)
- [Jacobi 2004] U. Jacobi, Chen M., Frankowski G., R. Sinkgraven, M. Hund, B. Rzany, W. Sterry et J. Lademann. *In vivo determination of skin surface topography using an optical 3D device*. Skin Research and Technology, vol. 10, pages 207–214, 2004. (Cit  en page 2.)
- [Jacques 1998] S.L. Jacques. *Skin Optics*. Oregon Medical Laser Center News., Jan 1998. (Cit  en page 22.)
- [Jain 1999] A.K. Jain, M.N. Murty et P.J. Flynn. *Data Clustering : A Review*. ACM Computing Surveys, vol. 31, pages 264–323, Sept. 1999. (Cit  en page 64.)
- [Javaheri 2001] S.M. Javaheri, S. Handa, I. Kaur et B. Kumar. *Safety and efficacy of glycolic acid facial peel in Indian women with melasma*. International Journal of Dermatology, vol. 40, pages 354–357, 2001. (Cit  en page 10.)
- [Jia 2009] S. Jia et Y. Qian. *Constrained nonnegative matrix factorization for hyperspectral unmixing*. IEEE Trans. Geosci. Remote Sens., pages 161–173, Jan. 2009. (Cit  en page 37.)
- [Jimenez 1999] L.O. Jimenez et D.A Landgrebe. *Hyperspectral data analysis and supervised feature reduction via projection pursuit*. IEEE Trans. on Geoscience and Remote Sensing, vol. 37, pages 2653–2667, 1999. (Cit  en pages 77 et 79.)
- [Jimenez 2005] L.O. Jimenez, J.L. Rivera-Medina, E. Rodriguez-Diaz, E. Arzuaga-Cruz et M. Ramirez-Velez. *Integration of spatial and spectral information by means of unsupervised extraction and classification for homogenous objects applied to multispectral and hyperspectral data*. IEEE Trans. on Geoscience and Remote Sensing, vol. 43, pages 844–851, avril 2005. (Cit  en page 71.)
- [Jong 2001] S.M. Jong, T. Hornstra et H.G. Maas. *An integrated approach to the classification of mediteranean land cover types : the SSC method*. International Journal for Applied Earth Observation and Geoinformation, vol. 3, pages 176–183, 2001. (Cit  en page 71.)

- [Judd 1951] D. B. Judd. *Report of U.S. Secretariat Committee on Colorimetry and Artificial Daylight*. In the Twelfth Session of the CIE, Stockholm, 1951. (Cit  en page 123.)
- [Keshava 2001] N. Keshava. *Best Bands Selection For Detection In Hyperspectral Processing*. vol. 5, pages 3149–3152, 2001. (Cit  en page 40.)
- [Kettig 1977] R. Kettig et D. Landgrebe. *Classification of multispectral image data by extraction and classification of homogeneous objects*. IEEE Trans. on geoscience Electronics, vol. 14, pages 12–29, 1977. (Cit  en page 71.)
- [Kim 2008] H. Kim et H. Park. *Nonnegative Matrix Factorization Based on Alternating Nonnegativity Constrained Least Squares and Active Set Method*. SIAM Journal on Matrix Analysis and Applications, vol. 30, page 713, 2008. (Cit  en page 37.)
- [Kim 2011] J. Kim et H. Park. *Fast Nonnegative Matrix Factorization : An Active-set-like Method and Comparisons*. SIAM Journal on Scientific Computing, vol. 33, pages 3261–3281, 2011. (Cit  en page 37.)
- [Kimbrough-Green 1994] CK Kimbrough-Green, CE Griffiths, LJ Finkel, TA Hamilton, SM Bulengo-Ransby, CN Ellis et al. *Topical retinoic acid (tretinoin) for melasma in black patients. A vehicle-controlled clinical trial*. Arch Dermatol, vol. 130, pages 727–33, 1994. (Cit  en page 11.)
- [Kollias 1985] N. Kollias et A. Baqer. *Spectroscopic characteristics of human melanin in vivo*. J Invest Dermatol, vol. 85, pages 38–42, 1985. (Cit  en page 21.)
- [Kotropoulos 1994] C. Kotropoulos et I. Pitas. *Multichannel L filters based on marginal data ordering*. IEEE Trans. on Signal Processing, vol. 42, pages 2581–2595, 1994. (Cit  en page 72.)
- [Lafon 2006] S. Lafon et A.B. Lee. *Diffusion Maps and Coarse-Graining : A Unified Framework for Dimensionality Reduction, Graph Partitioning, and Data Set Parameterization*. IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence, vol. 28, Sept. 2006. (Cit  en page 40.)
- [Landgrebe 1980] D. Landgrebe. *The development of a spectral-spatial classifier for earth observational data*. Pattern Recognition Letters, vol. 12, pages 165–175, 1980. (Cit  en page 71.)
- [Landgrebe 2003] D.A. Landgrebe. *Signal theory methods in multispectral remote sensing*. Hoboken, New Jersey,, 2003. (Cit  en page 38.)
- [Le Borgne 2004] H. Le Borgne. *Analyse de Sc enes Naturelles par Composantes Ind ependantes*. In PhD Thesis. Institut National Polytechnique de Grenoble. France, 2004. (Cit  en page 44.)
- [Lee 1993] C. Lee et D.A. Landgrebe. *Feature extraction based on decision boundaries*. IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence, vol. 15, pages 388–400, Apr 1993. (Cit  en page 38.)
- [Lee 1997] C. Lee et D.A. Landgrebe. *Decision boundary feature extraction for neural networks*. IEEE Trans. on Neural Networks, vol. 8, pages 75–83, Jan 1997. (Cit  en page 38.)

- [Lee 1999] D.D. Lee et H.S. Seung. *Learning the parts of objects by non-negative matrix factorization*. vol. 401, page 788, 1999. (Cité en page 37.)
- [Lee 2001] D.D. Lee et H.S. Seung. *Algorithms for Non-negative Matrix Factorization*. In *Advances in Neural Information Processing Systems*, MIT Press, volume 13, pages 556–562, 2001. (Cité en page 37.)
- [Lennon 2002] M. Lennon. *Méthodes d'analyses d'images hyperspectrales ; Exploitation du capteur aéroporté CASI pour des applications de cartographie agro-environnementales en Bretagne*. In PhD thesis, Université de Rennes 1, France., 2002. (Cité en page 35.)
- [Li 2007] P. Li et X. Xiao. *Multispectral image segmentation by a multichannel watershed-based approach*. *International Journal of Remote Sensing*, vol. 28, pages 4429–4452, 2007. (Cité en page 73.)
- [Lin 2007a] C.J. Lin. *On the Convergence of Multiplicative Update Algorithms for Nonnegative Matrix Factorization*. *IEEE Transactions on Neural Networks*, vol. 18, page 1589, Novembre 2007. (Cité en page 37.)
- [Lin 2007b] C.J. Lin. *Projected Gradient Methods for Non-negative Matrix Factorization*. *Neural Computation*, Octobre 2007. (Cité en page 37.)
- [Linden 2007] S. v. d. Linden, A. Janz, B. Waske, M. Eiden et P. Hostert. *Classifying segmented hyperspectral data from a heterogeneous urban environment using Support Vector Machines*. *Journal of Applied Remote Sensing*, vol. 1, 2007. (Cité en page 75.)
- [Lorette 1999] A. Lorette. *Analyse de Texture par Méthodes Markoviennes et par Morphologie Mathématique : Application à l'Analyse des Zones Urbaines sur des Images Satellitales*. In Thèse de doctorat, Université de Nice Sophia Antipolis, septembre 1999. (Cité en page 65.)
- [Ly 2008] E. Ly, O. Piot, A. Durlach, P. Bernard et M. Manfait. *Polarized Raman microspectroscopy can reveal structural changes of peritumoral dermis in basal cell carcinoma*. *Appl. Spectrosc*, vol. 62, pages 1088–1094, 2008. (Cité en page 2.)
- [Magnain 2009] C. Magnain. *Modélisation de la couleur de la peau et sa représentation dans les œuvres d'art*. In Université Pierre et Marie Curie - Paris 6, Oct. 2009. (Cité en page 8.)
- [Mallat 1989] S. Mallat. *A theory for multi-resolution signal decomposition : The wavelet representation*. *IEEE Trans. Pattern Anal. Machine Intell.*, vol. 11, July 1989. (Cité en page 40.)
- [Mallat 1993] S. Mallat et Z. Zhang. *Matching pursuit with time-frequency dictionaries*. *IEEE Trans. on Signal Processing*, vol. 41, pages 3397–3415, 1993. (Cité en page 79.)
- [Manaloto 1999] R.M.P. Manaloto et T. Alster. *Erbium :YAG Laser Resurfacing for Refractory Melasma*. *Dermatologic Surgery*, vol. 25, pages 121–123, 1999. (Cité en page 11.)

- [Mather 2004] P. Mather. Computer processing of remotely-sensed images : An introduction. John Wiley and sons, 2004. (Cité en page 68.)
- [Maurel 2003] Agnès Maurel. Optique ondulatoire. 2003. (Cité en page 15.)
- [Mercier 2003] G. Mercier et M. Lennon. *Support Vector Machines for hyperspectral image classification with spectral-based kernels*. IEEE Geoscience and Remote Sensing Symposium (IGARSS), pages 288–290, 2003. (Cité en pages 75, 88 et 89.)
- [Miao 2007] L. Miao et H. Qi. *Endmember extraction from highly mixed data using minimum volume constrained nonnegative matrix factorization*. IEEE Trans. on Geoscience and Remote Sensing, vol. 45, pages 765–777, Mars 2007. (Cité en page 37.)
- [Mélissopoulos 1998] A. Mélissopoulos et C. Levacher. La peau : structure et physiologie. 1998. (Cité en pages ix, 3, 4, 5, 6, 7 et 8.)
- [Mood 1974] A. M. Mood, F. A. Graybill et D. C. Boes. Introduction to the theory of statistics. McGraw-Hill, 1974. (Cité en pages 2, 31 et 32.)
- [Moser 2010] G. Moser et S.B. Serpico. *A Markovian generalization of support vector machines for contextual supervised classification of hyperspectral images*. In IEEE Workshop on Hyperspectral Image and Signal Processing : Evolution in Remote Sensing (WHISPERS), June 2010. (Cité en pages 75 et 89.)
- [Moussaoui 2008] S. Moussaoui, H. Hauksdottir, F. Schmidt, C. Jutten, J. Chanussot, D. Brie, S. Douté et J.A. Benediktsson. *On the decomposition of Mars hyperspectral data by ICA and Bayesian positive source separation*. Neurocomputing, vol. 71, pages 2194–2208, 2008. (Cité en page 44.)
- [Nascimento 2005] J. M. P. Nascimento et J. M. Dias. *Vertex component analysis : A fast algorithm to unmix hyperspectral data*. IEEE Trans. Geosci. Remote Sens., vol. 43, pages 898–910, Apr. 2005. (Cité en pages 38 et 39.)
- [Nascimento 2007] J. M. P. Nascimento et J. M. Dias. *Dependent component analysis : A hyperspectral unmixing algorithm*. In Iberian Conf. on Patt. Recognition and Image Analysis, pages 612–619, 2007. (Cité en page 39.)
- [Neville 1999] R.A. Neville, K. Staenz, T. Szeredi, J. Lefebvre et P. Hauff. *Automatic endmember extraction from hyperspectral data for mineral exploration*. In Int. Airborne Remote Sensing Conf. and Exhibition/21st Canadian Symp. Remote Sensing, pages 21–24, Juin 1999. (Cité en page 38.)
- [Noordam 2002] J. C. Noordam et W. V. d. Broek. *Multivariate image segmentation based on geometrically guided fuzzy c-means clustering*. Pattern Recognition Letters, vol. 16, pages 1–11, 2002. (Cité en page 74.)
- [Noyel 2008] G. Noyel. *Filtrage, réduction de dimension, classification et segmentation morphologique hyperspectrale*. In PhD thesis, Ecole des mines de Paris, 2008. (Cité en page 73.)
- [Osuna 1997] E. Osuna, R. Freund et F. Girosi. *Improved Training Algorithm for Support Vector Machines*. In IEEE Neural Networks for Signal Processing (NNSP), 1997. (Cité en page 87.)

- [Paatero 1994] P. Paatero et U. Tapper. *Positive matrix factorization : A non-negative factor model with optimal utilization of error estimates of data values*. Environmetrics, vol. 5, pages 111–126, 1994. (Cité en page 37.)
- [Padilla 2012] P. Padilla, M. López, J. M. Górriz, J. Ramírez, D. Salas-González et Álvarez I. *NMF-SVM Based CAD Tool Applied to Functional Brain Images for the Diagnosis of Alzheimer’s Disease*. Trans. on Medical Imaging, vol. 31, pages 207–215, 2012. (Cité en page 69.)
- [Palubinskas 1998] G. Palubinskas, X. Descombes et F. Kruggel. *An unsupervised clustering method using the entropy minimization*. In Proc. International Conference on Pattern Recognition (ICPR), Brisbane, Australia, août 1998. (Cité en page 64.)
- [Pandya 2011] A.G. Pandya, L.S. Hynan, R. Bhore, F.C. Riley, I.L. Guevara, P. Grimes, J.J. Nordlund, M. Rendon, S. Taylor, R.W. Gottschalk, N.G. Agim et J.P. Ortonne. *Reliability assessment and validation of the Melasma Area and Severity Index (MASI) and a new modified MASI scoring method*. Journal of the American Academy of Dermatology, vol. 64, no. 1, pages 78 – 83.e2, 2011. (Cité en pages ix, 11, 12 et 24.)
- [Pedrycz 1996] W. Pedrycz. *Conditional fuzzy c-means*. Pattern Recognition Letters, vol. 17, pages 625–631, 1996. (Cité en page 74.)
- [Peng 2009] P. Peng, Q.L. Ma et L.M. Hong. *The research of the parallel SMO algorithm for solving SVM*. In International Conference on Machine Learning and Cybernetics, volume 3, pages 1271–1274, Juil. 2009. (Cité en page 87.)
- [Pesaresi 2001] M. Pesaresi et J.A. Benediktsson. *A new approach for the morphological segmentation of high-resolution satellite imagery*. IEEE Trans. on Geoscience and Remote Sensing, vol. 39, pages 309–320, 2001. (Cité en page 73.)
- [Platt 1999] J.C. Platt, B. Schölkopf, C. Burges et A. Smola. *Fast training of support vector machines using sequential minimal optimization*. MIT Press, 1999. (Cité en page 87.)
- [Plaza 2002a] A. Plaza, P. Martinez, R. Perez et J. Plaza. *Spatial/spectral end-member extraction by multidimensional morphological operations*. In IEEE Trans. Geosci. Remote Sens., volume 40, pages 2025–2041, Sep. 2002. (Cité en page 38.)
- [Plaza 2002b] A. Plaza, P. Martinez, R. Perez et J. Plaza. *Spatial/spectral endmember extraction by multidimensional morphological operations*. IEEE Trans. on Geoscience and Remote Sensing, vol. 40, pages 2025–2041, 2002. (Cité en pages 72 et 73.)
- [Plaza 2002c] A. Plaza, P. Martinez, J. Plaza et R. Perez. *Dimensionality reduction and classification of hyperspectral image data using sequences of extended morphological transformations*. IEEE Trans. on Geoscience and Remote Sensing, vol. 43, pages 466–469, 2002. (Cité en page 73.)

- [Plaza 2009] A. Plaza, J. A. Benediktsson, J. Boardman, J. Brazile, L. Bruzzone, G. Camps-Valls, J. Chanussot, M. Fauvel, P. Gamba, A. Gualtieri, M. Marconcini, Tilton J. C. et G. Trianni. *Recent Advances in Techniques for Hyperspectral Image Processing*. Remote Sensing of Environment, 2009. (Cit  en page 69.)
- [Pony 2000] O. Pony, X. Descombes et J. Zerubia. *Classification des images satellitaires hyperspectrales en zone rurale et p riurbaine*. Rapport de recherche 4008, INRIA, 2000. (Cit  en pages 70 et 75.)
- [Rellier 2002] G. Rellier. *Analyse de texture dans l'espace hyperspectral par des m thodes probabilistes*. In PhD thesis, Nice Sophia-Antipolis, France, 2002. (Cit  en pages 35, 44, 46, 71, 79 et 81.)
- [Rellier 2004] G. Rellier, X. Descombes, F. Falzon et J. Zerubia. *Texture Feature Analysis Using a Gauss-Markov Model in Hyperspectral Image Classification*. IEEE Trans. on Geoscience and Remote Sensing, vol. 42, pages 1543–1551, 2004. (Cit  en page 70.)
- [Renza 2012] D. Renza, E. Martinez et A. Arquero. *A New Approach to Change Detection in Multispectral Images by Means of ERGAS Index*. IEEE Geoscience and Remote Sensing Letters, vol. PP, pages 76–80, 2012. (Cit  en page 121.)
- [Riedmann 2003] M. Riedmann et E.J. Milton. *Supervised Band Selection for Optimal Use of Data from Airborne Hyperspectral Sensors*. In IEEE Geoscience and Remote Sensing Symposium (IGARSS), volume 3, 2003. (Cit  en page 38.)
- [Roger 1996] R. E. Roger et J.F. Arnold. *Reliably estimating the noise in AVIRIS hyperspectral imagers*. Int. J. Remote Sensing, vol. 17, pages 1951–1962, 1996. (Cit  en page 36.)
- [Rojo- lvarez 2006] J.L. Rojo- lvarez, J. Bermejo, V. M. Ju rez-Caballero, R. Yotti, C. Cortina, M. A. Garc a-Fern ndez et J. C. Antoranz. *Support Vector Analysis of Color-Doppler Images : A New Approach for Estimating Indices of Left Ventricular Function*. Trans. on Medical Imaging, vol. 25, pages 1037–1043, 2006. (Cit  en page 69.)
- [Sahbi 2008] H. Sahbi, J.-Y. Audibert, J. Rabarisoa et R. Keriven. *Context-dependent kernel design for object matching and recognition*. In IEEE Conf. on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR), 2008. (Cit  en page 75.)
- [Schanda 2007] J. Schanda. *Colorimetry : Understanding the CIE system*. Wiley Interscience, 2007. (Cit  en pages 123 et 125.)
- [Sch lkopf 1998] B. Sch lkopf, A.J. Smola et K.R. M ller. *Nonlinear component analysis as a kernel eigenvalue problem*. Neural Computation, vol. 10, pages 1299–1319, 1998. (Cit  en page 37.)

- [Schowengerdt 1997] R.A. Schowengerdt. Remote sensing : Models and methods for image processing. Second edition. Academic Press, 1997. (Cit  en pages 64 et 68.)
- [Sentelle 2007] C. Sentelle, M. Georgiopoulos, G.C. Anagnostopoulos et C. Young. *On Extending the SMO Algorithm Sub-Problem*. In International Joint Conference on Neural Networks, IJCNN, pages 886–891, Aout 2007. (Cit  en page 87.)
- [Serra 1982] J. Serra. Image analysis and mathematical morphology. Ac. Press, Volume 1, 1982. (Cit  en page 72.)
- [Shubert 2005] S.L. Shubert. *Skin Characterization with High-Frequency Ultrasound*, May 2005. <http://www.cis.rit.edu/education/ugrad/SeniorResearch/Shubert-2005-bs.pdf>. (Cit  en page 2.)
- [Speranskaya 1959] N.I. Speranskaya. *Determination of spectrum color co-ordinates for twenty seven normal observers*. Optics and Spectroscopy, vol. 7, pages 424–428, 1959. (Cit  en page 123.)
- [Stamatas 2004] G. N. Stamatas, B. Z. Zmudzka, N. Kollias et J. Z. Beer. *Non-invasive Measurements of Skin Pigmentation In Situ*. Pigment cell res, vol. 17, pages 618–626, 2004. (Cit  en pages 19 et 20.)
- [Stamatas 2008] G. N. Stamatas, B. Z. Zmudzka, N. Kollias et J. Z. Beer. *In vivo measurement of skin erythema and pigmentation : new means of implementation of diffuse reflectance spectroscopy with a commercial instrument*. British Journal of Dermatology, vol. 159, pages 683–690, 2008. (Cit  en pages 15, 19, 20, 21 et 96.)
- [Stiles 1959] W.S. Stiles et J.M. Birch. *N.P.L. colour matching investigation : final report*. Optica Acta : International Journal of Optics, vol. 6, no. 1, pages 1–26, 1959. (Cit  en page 123.)
- [Stokes 1996] M. Stokes, M. Anderson, S. Chandrasekar et R. Motta. *A Standard Default Color Space for the Internet - sRGB*, 1996. <http://www.w3.org/Graphics/Color/sRGB>. (Cit  en pages 124 et 125.)
- [Tan 2010] K. Tan et P. Du. *Classification of hyperspectral image based on morphological profiles and multi-kernel SVM*. In IEEE Workshop on Hyperspectral Image and Signal Processing : Evolution in Remote Sensing (WHISPERS), June 2010. (Cit  en page 89.)
- [Tarabalka 2009] Y. Tarabalka, J. A. Benediktsson et J. Chanussot. *Spectral-spatial classification of hyperspectral imagery based on partitional clustering techniques*. IEEE Trans. Geos. and Remote Sens., vol. 47, no. 8, pages 2973–2987, 2009. (Cit  en pages 69, 76 et 101.)
- [Tarabalka 2010] Y. Tarabalka, J. Chanussot et J. A. Benediktsson. *Segmentation and classification of hyperspectral images using watershed transformation*. Pattern Recognition, vol. 43, pages 2367–2379, July 2010. (Cit  en page 74.)

- [Tenenhaus 2006] A. Tenenhaus. *Apprentissage dans les espaces de grande dimension. Application à la caractérisation des tumeurs noires de la peau à partir d'images*. In Université Paris 6, Dec. 2006. (Cité en page 69.)
- [Thompson 2009] D. Thompson, R. Castao et M. Gilmore. *Sparse superpixel unmixing for exploratory analysis of CRISM hyperspectral images*. In IEEE Workshop on Hyperspectral Image and Signal Processing : Evolution in Remote Sensing (WHISPERS), 2009. (Cité en page 37.)
- [Tilton 1998] J.C. Tilton. *Image segmentation by region growing and spectral clustering with a natural convergence criterion*. In IEEE Geoscience and Remote Sensing Symposium (IGARSS), volume 4, 1998. (Cité en page 71.)
- [Tilton 2005] J.C. Tilton. *A split-merge method for elimination processing window artifacts in recursive hierarchical segmentation*. In Technical Repors GSC 14994-1, NASA, 2005. (Cité en page 71.)
- [Tsai F. 2006] C.-K. Tsai F. Chang et G.-R. Liu. *Texture analysis for three dimension remote sensing data by 3D GLCM*. In 27th Asian Conference on Remote Sensing, volume Aout, page 176, 2006. (Cité en page 75.)
- [Tsumura 1999] N. Tsumura, H. Haneishi et Y. Miyake. *Independent component analysis of skin color image*. Journal of Optical Society of America A, vol. 16, pages 2169–2176, 1999. (Cité en pages 41 et 58.)
- [Tsumura 2003] N. Tsumura, N. Ojima, K. Sato, M. Shiraishi, H. Shimizu, H. Nabe-shima, S. Akazaki, K. Hori et Y. Miyake. *Image-based skin color and texture analysis/synthesis by extracting hemoglobin and melanin information in the skin*. In ACM SIGGRAPH, volume 22, 2003. (Cité en pages 41 et 105.)
- [Valero 2010] S. Valero, P. Salembier et J. Chanussot. *New hyperspectral data representation using binary partition tree*. In IEEE Geoscience and Remote Sensing Symposium (IGARSS), pages 80–83, 2010. (Cité en page 72.)
- [Vapnik 1982] V. Vapnik. *Estimation of dependences based on empirical data*. Springer-Verlag, 1982. (Cité en page 86.)
- [Vapnik 1998] V. Vapnik. *Statistical Learning Theory*. John Wiley and sons, inc., 1998. (Cité en page 69.)
- [Velasco-Forero 2010] S. Velasco-Forero et J. Angulo. *Spatial structures detection in hyperspectral images using mathematical morphology*. In IEEE Workshop on Hyperspectral Image and Signal Processing : Evolution in Remote Sensing (WHISPERS), 2010. (Cité en page 73.)
- [Velasco-Forero 2011] S. Velasco-Forero et J. Angulo. *Supervised Ordering in \mathbb{R}^p : Application to Morphological Processing of Hyperspectral Images*. IEEE Trans. on Image Processing, vol. 20, pages 3301–3308, 2011. (Cité en page 73.)
- [Wandell 1995] B.A. Wandell. *Foundations of vision*. Sinauer Associates, Incorporated, 1995. (Cité en page 18.)

- [Wang 2008] H. Wang et B. Fei. *A modified fuzzy c-means classification method using multiscale diffusion filtering scheme*. Medical image analysis, 2008. (Cité en page 74.)
- [Weatherall 1992] I.L. Weatherall et B.D. Coombs. *Skin color measurements in terms of CIELAB color space value*. Journal of Investigative Dermatology, vol. 99, pages 468–473, 1992. (Cité en page 18.)
- [Winter 1999a] M. Winter. *Fast autonomous spectral end-member determination in hyperspectral data*. In Conf. on Applied Geologic Remote Sensing, volume 2, pages 337–344, 1999. (Cité en page 38.)
- [Winter 1999b] M. E. Winter. *N-finder : An algorithm for fast autonomous spectral endmember determination in hyperspectral data*. In SPIE Image Spectrometry, pages 266–277, 1999. (Cité en page 38.)
- [Xiong 2011] W. Xiong, C.I. Chang, C.C. Wu, K. Kalpakis et H.M. Chen. *Fast Algorithms to Implement N-FINDR for Hyperspectral Endmember Extraction*. IEEE Journal of Selected Topics in Applied Earth Observations and Remote Sensing, vol. 4, Sept. 2011. (Cité en page 38.)
- [Zammit 2006] O. Zammit, X. Descombes et J. Zerubia. *Burnt area mapping using Support Vector Machines*. International Conference on Forest Fire Research, Figueira da Foz, Portugal, 2006. (Cité en pages 84 et 88.)
- [Zammit 2008] O. Zammit. *Détection de zones brûlées après un feu de forêt à partir d'une seule image satellitaire SPOT 5 par techniques SVM*. In Université de Nice Sophia Antipolis, septembre 2008. (Cité en pages 69 et 74.)
- [Zhang 2010] Z. Zhang et X. Huang. *Object-oriented subspace analysis for airborne hyperspectral remote sensing imagery*. Neurocomputing, vol. 73, pages 927–936, 2010. (Cité en page 71.)
- [Zheng 1991] Q. Zheng et R. Chellappa. *Estimation of illuminant direction, albedo, and shape from shading*. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, vol. 13, pages 680–702, 1991. (Cité en page 91.)
- [Zhou 2007] L. Zhou, F. Xia et Y. Yang. *An improved caching strategy for training*. In International Conference on Intelligent Systems and Knowledge Engineering, 2007. (Cité en page 87.)

Apport de l'imagerie multi et hyperspectrale pour l'évaluation de la pigmentation de la peau

Résumé : L'objectif principal de ce travail de thèse est de développer un score mesurant la pigmentation de la peau à partir d'images spectrales. L'objectif final est de construire un outil plus objectif et au moins aussi performant que les outils cliniques, dans l'évaluation de l'effet des traitements agissant sur l'hyper-pigmentation de la peau. Cet outil a pour vocation à être utilisé dans des essais cliniques.

Le travail se focalise sur le mélasma qui est une pathologie pigmentaire symétrique due principalement à des troubles hormonaux et à l'exposition au soleil. Pour évaluer la sévérité de cette pathologie et son évolution sous traitements, deux types de classification sont proposés. Le premier concerne une classification binaire entre tissu sain et tissu pathologique. Le second consiste à définir différents niveaux de sévérité pour les tissus pathologiques.

La première classification s'inscrit dans le cadre de la classification dans des espaces de grande dimension. Un outil de réduction de dimension associé à un algorithme de classification par séparateurs à vaste marge a été développé. Cet outil est issu d'une comparaison des techniques de poursuite de projection et de séparation de sources, ainsi que des méthodes d'automatisation pour estimer la dimension de l'espace d'arrivée, et l'estimation des différents groupes de bandes spectrales dans le cas de la poursuite de projection.

La seconde classification vise à mesurer un critère clinique de sévérité de l'hyper-pigmentation. Ce critère clinique comprend trois composantes : surface, contraste et homogénéité. La composante de surface découle de la classification entre tissus sains et tissus pathologiques. Une méthodologie d'estimation de combinaison de bandes spectrales tenant conjointement compte de la signature spectrale et de la cinétique de l'effet d'un traitement sur toute une étude clinique est proposée afin d'obtenir un critère de contraste. Pour obtenir un critère d'homogénéité spatiale, une approche fondée sur l'analyse multi-échelles de champs gaussiens et issue de la méthodologie du "statistical parametric mapping" est employée entre deux dates d'acquisition.

Mots clés : Multispectral, hyperspectral, classification, réduction de dimension, séparateurs à vaste marge, inférences statistiques, dermatologie, hyperpigmentation, mélasma.

Contribution of multi and hyperspectral imaging to skin pigmentation evaluation

Abstract : The main objective of this PhD thesis is to develop a score that measures the skin pigmentation using spectral images. The ultimate goal is to build a more objective and at least as powerful as clinical methods for evaluation of treatment effects acting on the skin hyper-pigmentation. This tool is intended to be used in clinical trials.

The work focuses on melasma that is a disease mainly due to hormonal disorders and sunlight exposure. To assess the severity of this disease and its evolution under treatment, we proposed two types of classification. The first one is a binary classification between healthy tissue and pathological tissue. The second one consists in defining different levels of severity for pathological tissues.

The first classification concerns high dimensional spaces. An algorithm for dimensionality reduction associated with a classification by support vector machines has been developed. This method comes with a comparison of projection pursuit and source separation, as well as automated methods to estimate the dimension of the arrival space, and the estimation of different groups of spectral bands in the case of projection pursuit.

The second classification criterion aims at qualifying a clinical severity criterion of hyperpigmentation. This clinical criterion includes three components: area, contrast and homogeneity. The surface component arises from the classification between healthy and pathological tissues. A methodology for estimating combination of spectral bands taking into account the spectral information and the kinetics of the treatment effect on a clinical study is proposed to obtain a contrast criterion. To get a spatial homogeneity criterion, an approach based on multiscale analysis of Gaussian fields adapted from the methodology of statistical parametric mapping is used between two acquisition dates.

Keywords: Multispectral, hyperspectral, classification, data reduction, support vector machines, statistical inferences, dermatology, hyperpigmentation, melasma.
